



anses

Analyse des risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre Hyalomma en France

Avis de l'Anses
Rapport d'expertise collective

Mai 2023



Connaître, évaluer, protéger

Le directeur général

Maisons-Alfort, le 30 mai 2023

AVIS

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

**relatif à l' « analyse des risques pour la santé humaine et animale liés aux
tiques du genre *Hyalomma* en France »**

*L'Anses met en œuvre une expertise scientifique indépendante et pluraliste.
L'Anses contribue principalement à assurer la sécurité sanitaire dans les domaines de l'environnement, du travail et de l'alimentation et à évaluer les risques sanitaires qu'ils peuvent comporter.
Elle contribue également à assurer d'une part la protection de la santé et du bien-être des animaux et de la santé des végétaux et d'autre part à l'évaluation des propriétés nutritionnelles des aliments.
Elle fournit aux autorités compétentes toutes les informations sur ces risques ainsi que l'expertise et l'appui scientifique technique nécessaires à l'élaboration des dispositions législatives et réglementaires et à la mise en œuvre des mesures de gestion du risque (article L.1313-1 du code de la santé publique).
Ses avis sont publiés sur son site internet.*

L'Anses s'est autosaisie le 4 mars 2020 pour la réalisation de l'expertise suivante : analyse des risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France.

1. CONTEXTE ET OBJET DE L'AUTO-SAISINE

Les populations de tiques du genre *Hyalomma* sont considérées en augmentation sur une partie de leur aire de répartition, qui semble s'étendre en Europe depuis la fin du XX^e siècle. La tique *Hyalomma marginatum* est présente en Corse depuis plusieurs décennies et est considérée comme une espèce invasive en France continentale, de récentes publications confirmant son installation sur le littoral méditerranéen. D'autres espèces du genre *Hyalomma* sont également présentes en France : *H. scupense* en Corse et sur le continent, et *H. lusitanicum* sur le continent également, d'après des données récentes.

Cette évolution est préoccupante, car ces tiques sont vectrices de nombreux agents pathogènes responsables de maladies pour l'être humain (notamment du virus de la fièvre

hémorragique de Crimée Congo – FHCC – ou de Rickettsies) et de maladies animales (notamment *Babesia caballi*, responsable de la piroplasmose équine).

Le virus de la FHCC (CCHFV) est responsable, chez l'être humain, de flambées de fièvre hémorragique sévère, dont le taux de létalité varie de 5 à près de 30 %. Une séroprévalence du CCHFV (de l'ordre de 10 %) a été mise en évidence chez des ruminants domestiques en Corse dès 2014-2016, sans qu'aucun cas humain n'ait encore été observé. En 2016, deux cas humains autochtones de FHCC ont été confirmés pour la première fois en Europe de l'Ouest, en Espagne. Une étude rétrospective a montré qu'un cas de FHCC était survenu dans la même province en 2013. Depuis, des cas de FHCC, dont certains mortels, sont rapportés quasiment tous les ans (en 2018, 2020, 2021 et 2022) en Espagne. D'autre part, la circulation du virus est en recrudescence dans la région des Balkans et en Turquie.

C'est pourquoi l'Anses s'est autosaisie le 4 mars 2020 afin d'analyser les risques liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France pour la santé humaine et la santé animale.

L'objectif de cette auto-saisine est de réaliser un état des connaissances sur les tiques du genre *Hyalomma* et les principaux agents pathogènes transmis par ces tiques, ainsi qu'une évaluation de la probabilité d'introduction du virus de la FHCC en France continentale. La présente expertise, s'appuyant sur une recherche bibliographique approfondie, une analyse de la littérature et les connaissances d'experts, avait ainsi pour but de répondre aux questions suivantes :

- 1) Quelles sont les données disponibles sur la présence des tiques du genre *Hyalomma* en France (en métropole et dans les départements et régions d'Outre-mer - DROM) ? Comment améliorer la surveillance de ces tiques [surveillance acarologique active (programmée) et/ou passive (événementielle), à l'aide de projets de science citoyenne tels que CiTique] ? Quels sont les facteurs favorisant leur extension ?
- 2) Quels sont les agents pathogènes pour l'animal et/ou l'être humain susceptibles d'être transmis par les tiques du genre *Hyalomma* (qu'ils soient exotiques ou déjà présents) en France métropolitaine et dans les DROM ?
- 3) Quelle est la probabilité d'introduction du virus de la FHCC en France continentale *via* les tiques *Hyalomma* dans un contexte de changements climatiques et de mondialisation des échanges ?
- 4) Quelles sont les différentes mesures de prévention et de lutte anti-vectorielle possibles contre les tiques du genre *Hyalomma* ? Quelle est leur efficacité ?
- 5) Quelles sont les données disponibles sur les mesures de gestion envisageables en cas de circulation virale (chez l'être humain ou les animaux) ou d'apparition de cas humains de FHCC et leur efficacité ?

2. ORGANISATION DE L'EXPERTISE

2.1. Expertise collective

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

L'expertise relève du domaine de compétences du comité d'experts spécialisé (CES) « Santé et bien-être des animaux » (CES SABA) et du GT « Vecteurs », le CES SABA pilotant l'expertise. L'Anses a confié l'expertise au GT « *Hyalomma* ». Les travaux ont été présentés

au CES et au GT « vecteurs », tant sur les aspects méthodologiques que scientifiques entre juin 2020 et décembre 2022. Ils ont été adoptés par le CES « SABA » le 10 janvier 2023.

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise. Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet : <https://dpi.sante.gouv.fr/>.

2.2. Cadre et limites de l'expertise

Pour répondre aux différentes questions de la saisine, les experts ont :

- dressé la liste de l'ensemble des espèces de tiques du genre *Hyalomma* décrites à ce jour et analysé l'ensemble des agents pathogènes associés à ces tiques dans la littérature ;
- sélectionné une liste restreinte d'espèces les plus susceptibles d'être introduites sur le territoire français et évalué de manière qualitative leurs probabilités d'introduction et d'installation sur le territoire français en envisageant différents scénarios ;
- identifié, après une analyse critique de la littérature, les agents pathogènes transmis par les tiques *Hyalomma* d'intérêt pour le territoire français, notamment le CCHFV auquel a été portée une attention toute particulière dans le cadre de ces travaux, et évalué la probabilité d'exposition des êtres humains et/ou des animaux au CCHFV et aux autres agents pathogènes sur le territoire français ;
- identifié les données et dispositifs de surveillance, de lutte et de prévention existants.

Concernant les probabilités d'exposition aux agents pathogènes transmis par les tiques du genre *Hyalomma*, seule la transmission vectorielle, c'est-à-dire par la piqûre de tique, a été évaluée dans le cadre de la présente expertise. Les autres voies de transmission, comme le contact direct avec du sang infecté, bien qu'évoquées dans le rapport associé à cet avis, n'ont pas été incluses dans l'évaluation.

2.3. Méthodologie et moyens mis en œuvre

- Recherches bibliographiques

L'expertise des membres du GT « *Hyalomma* » a été mobilisée pour la rédaction du rapport. Ceux-ci ont sélectionné les articles et documents les plus pertinents pour documenter ce rapport. Des recherches bibliographiques ont été effectuées pour les sujets nécessitant un approfondissement, tel que la transmission vectorielle des différents agents pathogènes par les tiques du genre *Hyalomma*. Dans ce cas, les recherches bibliographiques ont été menées sur Scopus® et PubMed®.

- Auditions et données complémentaires

Pour compléter les données issues de la littérature scientifique, les membres du GT ont également auditionné des experts extérieurs susceptibles d'apporter des informations et des données utiles à l'expertise (voir liste des personnes auditionnées dans le Tableau 1 p.9 du

rapport) et utilisé les données officielles disponibles (rapports institutionnels, données issues des saisies des douanes, base de données TRACES-NT¹).

- Analyses qualitatives

Afin d'évaluer les différentes probabilités d'introduction des tiques du genre *Hyalomma* et d'exposition aux agents pathogènes sur le territoire français, les experts ont estimé ces probabilités sur la base des niveaux de risque proposés dans le rapport d'expertise de l'AFSSA (2008), pondérés par des indices d'incertitudes.

- Prise en compte des incertitudes

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

3. ANALYSE ET CONCLUSIONS DU CES SABA ET DU GT HYALOMMA

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

3.1. Les tiques du genre *Hyalomma*

3.1.1. Présentation générale

Les tiques du genre *Hyalomma* font partie de la famille des tiques dures (*Ixodidae*). Il en existe 27 espèces, présentes sur l'ensemble du globe, hormis le continent américain et d'Océanie. Leur distribution est conditionnée par leurs préférences écologiques pour les climats secs (xérophilie) avec une période chaude supérieure à trois mois (déserts tropicaux et tempérés, zones désertiques, zones tropicales ouvertes et zones méditerranéennes). Outre l'excès d'humidité, le facteur limitant leur distribution semble être un seuil de température critique pendant une durée définie, paramètres en-deçà desquels leur développement n'est plus possible.

Les tiques du genre *Hyalomma* sont, comme toutes les tiques, des hématophages stricts et présentent trois stases de développement : les larves, les nymphes et les adultes (mâles et femelles). Dans leur majorité, les tiques du genre *Hyalomma* ont un cycle triphasique (chaque stase doit trouver un hôte sur lequel se gorger). Les adultes ont la particularité d'avoir un comportement dit « chasseur » lors de la recherche de leurs hôtes vers lesquels ils se dirigent activement après les avoir repérés (par les vibrations du sol, le gaz carbonique expiré, les odeurs émises, la vue, etc.).

Outre la transmission d'agents pathogènes, les tiques peuvent également, du simple fait de leur piqûre, représenter un danger pour les animaux comme pour les êtres humains en tant qu'ectoparasite (spoliation sanguine). Dans ce cadre, elles ont surtout un impact important en santé animale et peuvent être responsables de pertes économiques conséquentes pour les éleveurs.

¹ TRAdE Control and Expert System New Technology / Système expert de contrôle des échanges Nouvelles Technologies

3.1.2. Rôle de vecteur des tiques du genre *Hyalomma*

Les tiques sont capables de transmettre de très nombreux agents pathogènes (bactéries, parasites et virus), ce qui en fait le deuxième vecteur d'agents pathogènes touchant les humains derrière les moustiques, et le premier vecteur en santé animale au niveau mondial.

Dans la littérature scientifique, de très nombreux agents pathogènes ont été mentionnés comme étant transmis ou potentiellement transmis par des tiques du genre *Hyalomma*. Les experts du GT ont réalisé la synthèse de ces études, en analysant rigoureusement le niveau de preuve de la transmission vectorielle apporté dans chacune d'entre elles (qui varie d'une simple détection d'ADN ou d'ARN dans des tiques collectées dans la nature ou sur des hôtes vertébrés, à une démonstration formelle de la transmission expérimentale d'un hôte vertébré infecté à un autre hôte vertébré, ainsi qu'à des évidences épidémiologiques apportant un niveau de preuve élevé). Ce travail, présenté dans le tableau de l'Annexe 2 du rapport d'expertise, a permis d'identifier les agents pathogènes pour lesquels une transmission d'un hôte infecté à un hôte initialement sain par piqûre de tique *Hyalomma* a été formellement validée expérimentalement. Ces agents pathogènes sont : le virus de la FHCC, le virus de la Peste équine, le virus de l'Encéphalite équine du Venezuela, le virus du West Nile, *Theileria annulata*, *Theileria equi*, *Theileria lestoquardi*, *Theileria ovis*, *Babesia occultans*, *Coxiella burnetii*, *Anaplasma marginale* et *Rickettsia aeschlimannii*.

3.1.3. Espèces installées en France métropolitaine

Trois espèces de *Hyalomma* sont présentes en France : *H. marginatum*, *H. lusitanicum* et *H. scupense*.

Hyalomma marginatum est observée dans tous les pays de la façade méditerranéenne. Elle est installée en Corse depuis au moins 60 ans, et depuis 2015 il est certain que l'espèce est présente en France continentale. Elle est actuellement installée dans diverses régions du pourtour méditerranéen, des Pyrénées-Orientales au Var, mais aussi plus au nord, dans la partie méridionale de l'Ardèche.

Hyalomma scupense a été identifiée en 2014 dans plusieurs communes de Corse. Plus récemment, des collectes ont pu mettre en évidence l'existence de populations de *H. scupense* établies également sur le continent, notamment dans le Gard, l'Hérault et les Bouches-du-Rhône.

Hyalomma lusitanicum n'a été identifiée en France continentale qu'en 2022, dans un seul site de collecte dans les Bouches-du-Rhône. Il est nécessaire de réaliser des campagnes de collecte dans les zones les plus propices à son installation et sur ses hôtes de prédilection, pour confirmer son installation.

Bien que ces trois espèces soient déjà présentes sur le territoire, leur risque d'introduction a été évalué dans le cadre de cette expertise, en complément de l'évaluation de leur expansion. En effet, des tiques *Hyalomma* de ces trois espèces et leurs potentiels agents pathogènes peuvent être introduits dans des zones géographiques favorables aux *Hyalomma* sp. où ces dernières ne sont pas encore présentes, ce qui pourrait favoriser l'installation de nouvelles populations de tiques ou l'introduction d'agents pathogènes.

3.1.4. Surveillance, lutte et prévention contre les tiques du genre *Hyalomma*

Concernant la surveillance des tiques, actuellement, il n'existe pas en France de surveillance programmée à l'échelle de tout le territoire, quelle que soit le genre. Bien que des projets de surveillance ou de recherche aient été mis en place afin de collecter des données à visée de surveillance, ceux-ci ne sont pas fondés sur un dispositif pérenne et ne sont pas représentatifs de l'ensemble du territoire. **La surveillance des tiques du genre *Hyalomma***

(qu'elle soit programmée ou événementielle) est un élément essentiel d'anticipation des risques d'émergence de nouvelles maladies vectorielles. Celle-ci doit être suffisamment sensible pour détecter une potentielle circulation d'agent pathogène avant l'émergence des premiers cas chez l'humain ou l'animal. Cela revêt une importance particulière dans le cas de la FHCC pour laquelle aucun cas humain autochtone n'a pour l'instant été diagnostiqué en France. De plus, pour les virus, une détection chez les tiques peut aussi permettre l'identification de souches virales en circulation, ce qui est utile lorsqu'une virémie faible chez l'humain et l'animal ne le permet pas. Enfin, la surveillance est indispensable pour orienter la lutte anti-vectorielle et évaluer son efficacité.

Pour lutter contre les tiques du genre *Hyalomma*, comme contre les autres genres de tiques, il n'existe pas à l'heure actuelle de méthode ayant démontré une efficacité suffisante. La lutte anti-vectorielle, qui vise à limiter le risque de transmission d'agents pathogènes ou les pertes économiques, est fondée sur une combinaison de mesures physiques, biologiques, écologiques ou chimiques, dénommée « lutte intégrée ». Bien qu'à ce jour la lutte chimique reste prépondérante contre les tiques, cette notion de lutte intégrée tend de plus en plus à s'appliquer dans la lutte contre les tiques. De plus, pour faire face à l'augmentation de la résistance des tiques aux acaricides (quasi exclusivement utilisés et appliqués sur les animaux), il est nécessaire de développer des méthodes alternatives à la lutte chimique comme par exemple la lutte biologique, la lutte écologique, la vaccination anti-tique ou encore les actions visant la réduction du risque de contact. Il faut néanmoins garder à l'esprit que celles-ci devront être adaptées non seulement à la biologie et à l'écologie des espèces concernées pour lesquelles beaucoup de données manquent encore à ce jour, mais aussi aux réalités du terrain en prenant en compte la faisabilité de leur application, ainsi que les attentes et l'acceptabilité de la société civile. Ce n'est qu'avec l'adhésion des populations concernées et dans le cadre d'une lutte intégrée visant à changer les pratiques (élevage, activités humaines dans des zones à risque, etc.), que des solutions de lutte contre les tiques, dont les *Hyalomma* spp., pourront être mises en œuvre.

Concernant la prévention contre les piqûres de tiques pour l'être humain, en l'absence de vaccin² contre la quasi-totalité des virus transmis par les tiques à l'exception du virus de l'encéphalite à tiques (TBEV), **la réduction du risque infectieux consiste à sensibiliser les populations aux facteurs de risque de piqûre et à promouvoir les mesures individuelles de prévention.** La prévention contre les piqûres de tiques repose sur l'éviction des zones à risque lorsque c'est possible ou des mesures préventives mécaniques (port de vêtements protecteurs, etc.) et chimiques (utilisation de répulsifs cutanés avec autorisation de mise sur le marché, etc.). Ces mesures sont applicables pour l'ensemble des tiques dures dont *Hyalomma* spp. Cependant, très peu de données existent quant aux circonstances et aux niveaux d'exposition et quant à l'efficacité de ces mesures de prévention vis-à-vis des tiques du genre *Hyalomma*.

3.2. Évaluation de la probabilité d'introduction de tiques *Hyalomma* sp. en France

L'introduction et la dispersion géographique et des tiques du genre *Hyalomma* sur un nouveau territoire sont dépendantes des mouvements des hôtes qui les transportent au cours de leur repas sanguin. Selon les experts, les possibles modalités d'introduction des tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire français sont : l'introduction par un être humain, l'introduction par des animaux (sauvages ou domestiques) suite à une action de l'être humain (importations légales ou illégales) ou l'introduction par des déplacements naturels d'animaux sauvages

² Au moment de la rédaction de l'avis.

(animaux terrestres et oiseaux), lorsqu'ils se font en provenance d'une zone où des tiques du genre *Hyalomma* sont présentes.

3.2.1. Déroulement de l'évaluation

Les experts du GT ont analysé et documenté les modalités d'introduction des tiques afin d'identifier les modalités les plus à risque et de les évaluer en prenant en compte la provenance géographique des hôtes, la durée des déplacements et l'importance des flux des déplacements. Ils ont ainsi identifié les espèces ou familles d'hôtes vertébrés les plus susceptibles d'être introduites, ainsi que leur provenance. Six modalités « potentiellement à risque d'introduction de tiques », décrites ci-dessous, ont été identifiées. Pour chacune, le scénario le plus probable a été élaboré en construisant une chaîne événementielle permettant l'évaluation de la probabilité d'introduction la plus fine possible (voir Tableau 11, p.86 dans le rapport).

Devant l'absence de données quantitatives robustes, les experts ont réalisé une évaluation qualitative de la probabilité d'introduction en s'inspirant de la méthode Delphi³. Un processus d'évaluation en trois étapes a été élaboré par le GT pour *in fine* évaluer la probabilité d'introduction de tiques en prenant en compte les flux d'hôtes.

Les modalités d'introduction de tiques considérées comme les plus à risque

Sur la base des informations collectées et présentées dans le rapport d'expertise, les experts du GT ont sélectionné les modalités d'introduction suivantes comme étant les plus à risque :

- déplacements d'humains en provenance d'une zone d'endémie ;
- importations légales de bovins en provenance d'Espagne ;
- importations légales de chevaux en provenance d'Espagne ;
- importations illégales de tortues en provenance du Maghreb ;
- importations de gibier sauvage (lagomorphes) en provenance d'Espagne ;
- mouvements d'oiseaux migrateurs en provenance majoritairement d'Afrique.

3.2.2. Analyses qualitatives de la probabilité d'introduction de tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire français

Sur le territoire métropolitain

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* par des oiseaux migrateurs a été estimée comme très élevée (9 sur 9, selon l'échelle ordinale AFSSA 2008⁴ allant de 0 à 9, avec une incertitude⁵ faible). Cette voie d'introduction est la plus communément incriminée par la communauté scientifique quant à l'introduction de tiques *Hyalomma* sp. en Europe. En effet, la probabilité pour un oiseau donné d'être infesté par une larve du genre *Hyalomma* juste avant de partir en migration est faible, mais des millions d'oiseaux viennent chaque année nicher en France ou transitent par la France suivant de nombreux couloirs de migration. Des introductions de tiques, notamment de *H. rufipes* et *H. marginatum*, interviennent ainsi chaque année en France ou dans les pays voisins.

³ La méthode DELPHI est une méthode visant à organiser la consultation d'experts sur un sujet précis, souvent avec un caractère prospectif important.

⁴ [Bdef_01_68.pdf \(anses.fr\)](#), Une méthode qualitative d'estimation du risque en santé animale, voir p.23 du rapport.

⁵ Sur une échelle adaptée des recommandations Anses ([Prise en compte de l'incertitude en évaluation des risques](#)) de quatre niveaux : faible, moyen, élevé et absence de données.

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* par les importations de bovins et de chevaux a été estimée comme peu élevée (6 sur 9, avec une incertitude moyenne). Les importations de bovins ou de chevaux vivants d'Espagne ne concernent qu'entre 4 000 et 8 000 animaux par an, mais ces animaux sont souvent destinés au sud de la France, dont le climat est favorable aux tiques du genre *Hyalomma*. Toutefois, sur la base des données disponibles lors de l'évaluation, il n'est pas possible de connaître l'origine géographique exacte des importations, ce qui rajoute une incertitude quant à la probabilité que les animaux proviennent d'une zone d'endémie. De plus, ces scénarios sont dépendants de la qualité des contrôles vétérinaires, des mesures prises lors des importations (examen, traitement acaricide, etc.) pour lesquels les informations ne sont pas disponibles et de la période d'introduction des animaux.

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* par les importations de lagomorphes (gibier sauvage) a été estimée comme faible (5 sur 9, avec une incertitude élevée). Ces importations sont difficilement quantifiables, mais il existe des preuves d'introductions déclarées et non déclarées de lagomorphes en provenance d'Espagne. Il n'est cependant pas possible de connaître l'origine géographique exacte des importations.

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* par les importations illégales de tortues a été estimée comme très faible (4 sur 9, avec une incertitude élevée). Les importations frauduleuses de tortues sont facilement réalisées et difficilement contrôlables. Toutefois, ces importations étant illégales, elles sont difficilement quantifiables, mais des preuves, comme des saisies douanières, montrent des flux en provenance d'Afrique du nord (principalement de l'Algérie, du Maroc et de Tunisie).

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* par les déplacements humains a été considérée comme minime (2 sur 9, avec une incertitude moyenne). Selon les experts, la probabilité que la tique soit vue et retirée est élevée, les tiques *Hyalomma* sp. adultes susceptibles de se nourrir sur des humains étant de grande taille. Il n'y a eu à ce jour aucun cas recensé en France de tique du genre *Hyalomma* introduite par un humain, et peu de cas documentés à travers le monde. De plus, l'événement "introduction d'une femelle gorgée sur un humain dans une zone favorable à sa survie" semble hautement aléatoire.

Sur les territoires ultramarins

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* dans les départements français d'Amérique ou de l'Océan Indien est estimée comme quasi-nulle à minime (1 à 2 sur 9, avec une incertitude moyenne). Les tiques du genre *Hyalomma* sont absentes de ces territoires. Concernant les départements de La Réunion ou Mayotte, leur isolement géographique et l'absence de voie migratoire d'oiseaux connue entre l'Afrique et Mayotte ou La Réunion font penser que la probabilité la plus élevée d'introduction de tiques concernerait les importations légales ou illégales d'animaux. Des ruminants, notamment des caprins, sont de temps en temps amenés frauduleusement à Mayotte sur des bateaux transportant des personnes migrantes au départ des Comores, mais il n'y a pour le moment aucune espèce du genre *Hyalomma* installée dans cet archipel, bien que des bovins potentiellement infestés soient régulièrement introduits du continent, notamment de Tanzanie.

Concernant les départements français d'Amérique, les Amériques étant indemnes de tiques du genre *Hyalomma* et les échanges légaux ou illégaux d'animaux vivants avec les zones d'endémie de *Hyalomma* sp. considérés comme relativement rares, cette voie d'introduction semble être anecdotique.

Il n'y a pas de voie migratoire connue entre l'Afrique et l'Amérique, toutefois des oiseaux pourraient accidentellement y arriver, porteurs de nymphes de *H. rufipes* notamment, mais cette voie d'introduction est également considérée comme anecdotique.

Identification des tiques les plus susceptibles d'être introduites en France

Compte tenu des six modalités d'introduction évoquées précédemment, des pays d'origine et des hôtes incriminés, les tiques les plus susceptibles d'être introduites en France sont : *H. aegyptium*, *H. anatolicum*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum*, *H. rufipes* et *H. truncatum*, actuellement non présentes en France, ainsi que *H. lusitanicum*, *H. marginatum* et *H. scupense* dont des populations sont déjà installées en France.

3.3. Évaluation de la probabilité d'installation de nouvelles espèces de tiques *Hyalomma* sp. en France

L'introduction d'un ou de plusieurs individus d'une espèce de tique sur un nouveau territoire ne conduit pas systématiquement à l'installation de l'espèce concernée. Pour qu'une espèce de tique soit considérée comme installée, il faut que cette dernière soit capable de se maintenir mais aussi de se reproduire dans son nouvel environnement, puis de se disperser pour investir tous les endroits qui lui sont favorables.

3.3.1. Déroulement de l'évaluation

Du fait que la probabilité d'introduction de ces tiques dans les territoires ultramarins a été estimée de quasi-nulle à minime (voir ci-dessus) et que le climat des îles françaises d'outre-mer et de la Guyane est totalement inadapté aux tiques du genre *Hyalomma*, **les experts ont estimé la probabilité d'installation uniquement pour le territoire français métropolitain et pour les sept espèces non encore présentes sur ce dernier.**

Les différents facteurs à même d'influencer l'installation de nouvelles populations de tiques du genre *Hyalomma* sur un territoire ont été identifiés par les experts. Chacun de ces facteurs a été analysé en fonction de la bio-écologie des sept espèces de *Hyalomma* les plus susceptibles d'être introduites en France : *H. anatolicum*, *H. rufipes*, *H. aegyptium*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum* et *H. truncatum*, et des particularités des différentes modalités d'introduction évoquées précédemment.

Les facteurs influençant l'installation des tiques du genre *Hyalomma* identifiés par les experts sont :

- Facteurs liés aux tiques : espèce introduite, modalités d'introduction de la tique, stase de la tique introduite, état de réplétion de la tique introduite, quantité de tiques introduites.
- Facteurs liés à l'environnement : conditions climatiques adaptées, saison d'arrivée, couvert végétal adapté, présence/densité d'hôtes adaptés.
- Facteurs liés aux mesures de prévention et de gestion mises en œuvre : traitement acaricide, gestion du couvert végétal.

3.3.2. Analyse qualitative de la probabilité d'installation des tiques du genre *Hyalomma* en France métropolitaine

Parmi les facteurs à même d'influencer l'installation de populations de tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire métropolitain français, **les experts estiment que ceux liés à la**

prévention et à la gestion humaine ont un impact très faible, alors que ceux liés aux tiques et à l'environnement sont essentiels. De plus, les changements globaux actuels (réchauffement climatique, urbanisation, déforestation, etc.) pourraient, en générant des conditions propices au développement des tiques, rendre les facteurs environnementaux de moins en moins limitants pour l'installation des populations de tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire.

Ainsi, parmi les tiques du genre *Hyalomma* non présentes sur le territoire français mais à risque d'y être introduites, **les deux espèces les plus susceptibles de s'installer en France métropolitaine en raison du niveau d'adéquation actuel du territoire à leurs exigences climatiques et écologiques sont, selon les experts, *H. rufipes* et *H. aegyptium*, avec toutefois une probabilité d'installation estimée de minime à extrêmement faible (2 à 3 sur 9) pour ces deux espèces avec une incertitude élevée.** La probabilité d'installation pour les autres espèces (*H. anatolicum*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum* et *H. truncatum*) pour les mêmes raisons qu'évoquées ci-dessus, a été estimée de nulle à quasi-nulle (0 à 1 sur 9) avec une incertitude élevée.

3.4. Évaluation de la probabilité d'expansion des espèces de tiques *Hyalomma* sp. déjà présentes en France

Trois espèces de *Hyalomma* sont présentes en France : *H. marginatum*, *H. lusitanicum* et *H. scupense*. Les informations disponibles sur ces tiques, concernant notamment leur distribution actuelle sur le territoire ou les caractéristiques climatiques permettant leur installation, sont très lacunaires et hétérogènes.

Outre le climat et le type d'habitat, d'autres facteurs doivent être pris en compte pour évaluer les possibilités d'installation de ces espèces dans de nouvelles zones géographiques. Ces facteurs, influençant l'expansion des tiques du genre *Hyalomma*, identifiés par les experts sont notamment et principalement des facteurs liés aux hôtes nécessaires à l'accomplissement des phases parasitaires du cycle de la tique, qui vont faire varier les patrons et intensités d'expansion, par les préférences d'hôtes des tiques concernées, la disponibilité de ces hôtes et leur mode de diffusion.

À la lumière des connaissances disponibles et considérant ces facteurs, les experts ont analysé qualitativement la probabilité d'expansion des populations de *H. marginatum*, *H. lusitanicum* et *H. scupense* en France.

Hyalomma marginatum

L'installation récente sur le littoral de la France continentale, observée depuis 2015, a très probablement été permise par l'augmentation avérée des températures estivales. L'espèce est inféodée au climat méditerranéen en Europe. Des études sont conduites sur *H. marginatum* depuis plusieurs années par le Cirad (Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement), qui ont permis de connaître sa bio-écologie, les conditions nécessaires à sa survie et son expansion potentielle. Une récente modélisation, fondée sur des données de terrain a montré que cette tique, qui a une préférence pour les végétations ouvertes de type garrigue ou maquis, n'occupait pas encore toute sa niche écologique potentielle.

Selon les experts, la première expansion probable de *H. marginatum* sera donc de s'établir dans les zones au climat et à la végétation de type méditerranéen encore non infestées. De plus, du fait des changements climatiques en cours, les zones au climat

méditerranéen vont très probablement s'accroître dans les prochaines décennies en augmentant ainsi l'aire de distribution de *H. marginatum*.

Une étude sur l'évaluation des préférences trophiques de *H. marginatum* a conclu qu'elle serait globalement généraliste, avec toutefois des spécificités d'hôtes locales en fonction de la nature et de la composition des communautés d'hôtes disponibles sur place. Du fait de cette grande tolérance et de la diversité des hôtes présents en France, la quête d'un hôte adapté ne constitue *a priori* pas une limitation à son expansion.

Hyalomma lusitanicum

Hyalomma lusitanicum semble être capable de supporter un climat un peu moins chaud que *H. marginatum* et pourrait s'installer dans des zones où les températures sont un peu moins élevées. Toutefois, contrairement à *H. marginatum*, qui est assez généraliste, *H. lusitanicum* est très dépendante de la présence de l'hôte préférentiel des stases immatures, le lapin de garenne (*Oryctolagus cuniculus*), pour s'installer. Les adultes se fixent *a priori* préférentiellement sur les grands ongulés de la faune sauvage, comme en Espagne, où *H. lusitanicum* est quasi exclusivement trouvée sur le cerf élaphe (*Cervus elaphus*). Si son hôte préférentiel à la stase adulte reste le cerf élaphe en France également, son expansion à la stase adulte du fait des mouvements limités des cervidés devrait être faible.

Selon les experts, l'expansion de cette espèce est en conséquence conditionnée au moins autant par la disponibilité de ces hôtes préférentiels (présence de populations de lapins) que par le climat (existence d'un climat suffisamment chaud, particulièrement en milieu d'été).

Hyalomma scupense

Hyalomma scupense est décrite comme endophile (vivant essentiellement à l'abri dans les étables) alors qu'en Corse, où elle est principalement présente, les bovins parasités sont élevés de façon extensive, restant dans les pâturages en extérieur quasiment en permanence. Outre ce paradoxe, les données actuelles ne permettent pas de savoir s'il s'agit de populations ayant un cycle à deux hôtes (diphase) ou à un seul hôte (monophasique ou monoxène), les deux possibilités existant pour cette espèce, dont les trois stases prennent leur repas sur la même espèce d'hôte, essentiellement des bovins. Sa dissémination intervient donc majoritairement par échange, vente ou déplacement d'animaux infestés.

Toutefois, bien que *H. scupense* soit installée en France et essentiellement en Corse, aucune étude sur la bio-écologie de l'espèce, permettant de connaître ses capacités de dispersion, n'a pour l'instant été conduite. **Compte tenu des lacunes concernant la bio-écologie de cette tique et de l'absence d'informations sur les caractéristiques des *H. scupense* installées en France, notamment sur leur caractère endophile ou exophile, selon les experts, il n'est pas possible d'évaluer sa future expansion.**

3.5. La fièvre hémorragique de Crimée-Congo

Parmi les pathogènes que les tiques du genre *Hyalomma* peuvent véhiculer, le GT s'est intéressé particulièrement au CCHFV, qui provoque chez l'être humain des flambées de fièvre hémorragique virale sévère, avec un taux de létalité parfois élevé. La FHCC figure sur la liste de l'Organisation mondiale de la santé (OMS) des maladies infectieuses émergentes les plus importantes, susceptibles de provoquer des épidémies majeures et considérée à l'heure actuelle comme une maladie prioritaire à potentiel pandémique. Cette infection zoonotique

constitue une préoccupation de santé publique dans notre pays, d'autant que l'une des principales espèces de tiques vectrices du virus, *Hyalomma marginatum*, est déjà installée en France.

3.5.1. Le virus de la FHCC

Le CCHFV est un virus enveloppé, composé d'un ARN simple brin, de la famille des *Nairoviridae* et du genre *Orthonairovirus*. Sa distribution se superpose à la localisation des tiques du genre *Hyalomma*, ses réservoirs naturels. C'est l'arbovirus qui présente la plus grande diversité au plan génétique, ce qui revêt une importance cruciale en termes de diagnostic, particularité qui lui a également permis de s'adapter à de nombreux hôtes.

3.5.2. Les modes de transmission du virus

La piqûre d'une tique infectée est considérée comme le principal mode de transmission du CCHFV à ses hôtes vertébrés. Bien que très peu de données existent quant aux modalités précises de la transmission du CCHFV lors de la piqûre (quantité de virus inoculé, durée de fixation de la tique avant inoculation, etc.), en raison notamment des difficultés à travailler avec un tel virus (classé dans la liste des micro-organismes et toxines (MOT) et qui nécessite un laboratoire de biosécurité de niveau 4), un certain nombre d'indices font penser que la transmission de CCHFV intervient très rapidement après la fixation de la tique.

Outre la piqûre d'une tique porteuse du CCHFV, le mode de transmission à l'être humain classiquement rapporté est le contact direct avec le sang ou les fluides corporels d'un animal ou d'un être humain virémique, incluant la transmission nosocomiale.

3.5.3. La maladie

Alors que les animaux infectés sont généralement asymptomatiques, les êtres humains peuvent développer une infection grave. Les symptômes peuvent être bénins et non spécifiques, mais peuvent évoluer vers une phase hémorragique classiquement décrite en quatre phases évolutives : une phase d'incubation, une phase pré-hémorragique, une phase hémorragique et une phase de convalescence, dont la durée et les symptômes associés peuvent varier considérablement. Pour 20 à 50 % des patients, la maladie progresse jusqu'à la phase hémorragique. Le taux de létalité de la FHCC est lié à la sévérité du syndrome hémorragique et varie entre 5 % et 30 % selon les études.

Le diagnostic clinique de l'infection par le CCHFV chez l'être humain est difficile car les symptômes peuvent être évocateurs mais ne sont pas spécifiques. Le diagnostic de certitude est microbiologique par la détection directe par RT PCR (et isolement viral) ou par détection indirecte sérologique et doit être réalisé par le CNR des fièvres hémorragiques virales (Unité de Biologie des infections virales émergentes, Institut Pasteur, Lyon) en France.

À ce jour, **le traitement de la FHCC symptomatique** repose principalement sur les soins de support et sur les mesures d'hygiène renforcées telles que recommandées par le COREB⁶ (Figure 33 du rapport d'expertise, p. 124). La ribavirine est le seul antiviral proposé pour traiter les patients infectés, dans les 48 premières heures suivant l'apparition des symptômes, bien que son efficacité reste discutée.

⁶ Coordination Opérationnelle Risque Épidémique et Biologique : La mission COREB nationale est chargée par la DGS et la DGOS d'assurer l'animation des services de maladies infectieuses et tropicales (SMIT) des établissements de santé de référence (ESR) pour le risque épidémique et biologique (REB).

Les populations les plus à risque d'infection par le CCHFV sont, principalement, les personnes en contact avec les animaux de rente ou évoluant dans des écosystèmes favorables aux tiques, où elles sont exposées aux piqûres de ces dernières, comme les agriculteurs, éleveurs, forestiers, chasseurs, randonneurs, etc. Le personnel soignant, les personnels d'abattoirs, les vétérinaires, les éleveurs et les chasseurs sont également considérés comme des populations à risque de FHCC, pouvant être exposées à du sang ou des fluides corporels d'humains ou d'animaux infectés. Ces derniers représentent d'ailleurs la majorité des cas dans les zones d'endémie comme en Turquie.

En l'absence de vaccin contre la FHCC, outre la protection contre les piqûres de tiques, seules des **mesures de protection** personnelles vis-à-vis des autres voies de contamination permettent de réduire le risque infectieux chez l'humain en diminuant l'exposition au virus.

3.5.4. Le cycle épidémiologique de la maladie

La circulation et le maintien du CCHFV dans la nature se fait selon un cycle enzootique « tiques – animaux vertébrés – tiques ». Les tiques, une fois infectées, restent porteuses du virus toute leur vie par transmission transstadiale, à l'inverse des animaux vertébrés qui ne sont virémiques que de manière transitoire. Ainsi, outre leur rôle de vecteur, les tiques du genre *Hyalomma* constituent également un réservoir du virus dans la nature. Les hôtes vertébrés impliqués dans le cycle de transmission du CCHFV jouent un rôle essentiel car ils introduisent ou disséminent les tiques (infectées ou non) par leurs déplacements, ils amplifient les populations de tiques vectrices et ils répliquent le virus et infectent des tiques.

3.5.5. Épidémiologie descriptive

La FHCC est la maladie transmissible par les tiques qui a la répartition géographique la plus vaste. D'après les données de l'OMS, les cas humains de FHCC se rencontrent principalement en Asie et plus particulièrement en Turquie, en Iran et en Ouzbékistan. Depuis la caractérisation de la maladie, moins de 20 000 cas d'infection par ce virus ont été confirmés à travers le monde. Les cas sont principalement rapportés en Turquie, dans l'est de l'Europe (Russie et Balkans) mais également en Afrique avec des foyers identifiés à l'Ouest (Mauritanie), l'Est (Soudan) et en Afrique du Sud.

Dans le rapport d'expertise, les experts ont choisi de détailler les situations rencontrées actuellement en Espagne, en Turquie, ainsi qu'en Afrique. Ce choix a été fait en raison de l'expérience qu'ont ces régions des épidémies de FHCC, et de leur proximité géographique avec la France ou parce qu'ils pourraient constituer une source d'importation du CCHFV en France.

En Espagne, le virus de la FHCC a été détecté pour la première fois en 2010. Cette détection a précédé la survenue de deux cas autochtones d'infection en 2016. Depuis, des cas sont recensés régulièrement. Il semblerait que la transmission du virus soit causée par la tique *H. lusitanicum* qui présente des taux d'infection supérieurs à *H. marginatum*, et qui, au stade adulte, parasite essentiellement des cerfs, chez qui les séroprévalences pour le virus de la FHCC sont élevées. La faune domestique paraît pour l'heure moins touchée mais moins étudiée également, alors que d'autres espèces de tiques pourraient introduire le virus dans les élevages. Par ailleurs, il est rapporté peu de cas de positivité pour l'espèce *H. marginatum* mais une augmentation de la prévalence chez cette espèce augmenterait les probabilités de survenue de cas humains, car elle est réputée avoir plus d'affinité pour l'être humain que *H. lusitanicum*. Outre les cas humains autochtones attestés, les études récentes conduites en

Espagne invitent à la vigilance pour la France, en raison de la présence avérée du virus au sein de la faune sauvage en France (données acquises au cours de l'expertise) comme en Espagne, avec une situation épidémiologique variable dans l'espace et entre les espèces étudiées.

En Turquie, les premiers cas humains sont apparus en 2002. Depuis, ce pays apparaît comme une zone endémique vis-à-vis de la FHCC avec un nombre de cas oscillant entre 150 et 1 400 chaque année. Depuis son émergence, plus de 10 000 cas ont été diagnostiqués dans le pays. Le taux de létalité est toutefois un peu plus faible (3 à 5 %) que celui qui a pu être rapporté dans certains pays, comme l'Iran. Ceci pourrait être lié à une meilleure reconnaissance des cas, à une prise en charge adéquate des malades ou à la circulation de souches moins virulentes.

À l'échelle du continent africain, des cas de FHCC apparaissent très régulièrement. Le nombre de cas rapportés est sans doute sous-estimé en raison de l'absence de système de surveillance dédié et de moindres capacités diagnostiques. Certains pays, notamment en Afrique occidentale, se trouvent être des zones d'hivernage d'oiseaux dont les voies de migration passent par la France métropolitaine. Cela constitue une voie d'introduction possible du virus sur le territoire français métropolitain.

3.6. Évaluation de la possibilité d'émergence de la FHCC sur le territoire métropolitain français

3.6.1. Situation de la FHCC en France

À ce jour, aucun cas humain de FHCC autochtone n'a été rapporté en France. Cependant, il n'y a eu aucune enquête sérologique menée en France chez l'humain. Toutefois, des sérologies positives au CCHFV sont retrouvées chez des animaux domestiques et des animaux de la faune sauvage dans des proportions suffisantes pour suspecter une circulation virale locale dans plusieurs départements du sud de la France (Haute-Corse, Corse-du-Sud, Hautes-Pyrénées, Pyrénées-Orientales, Hérault, Gard, Bouches-du-Rhône, Alpes-Maritimes). Hormis les départements des Hautes-Pyrénées et des Alpes-Maritimes, les résultats positifs coïncident avec les preuves de la présence de populations locales de *H. marginatum*. Toutefois, les études réalisées jusqu'à ce jour n'ont pas mis en évidence la présence du virus dans les tiques *H. marginatum* collectées, ni dans d'autres espèces de tiques collectées sur des ruminants domestiques et sauvages.

Les experts du GT ont étudié différentes hypothèses qui leurs semblaient les plus plausibles pour expliquer ce contexte épidémiologique particulier. Il est important de noter qu'aucune de ces hypothèses ne permettrait d'expliquer, à elle seule, l'ensemble de la situation française actuelle. Certaines hypothèses peuvent s'appliquer dans une zone particulière et être non valables dans une autre zone, quand plusieurs peuvent également se cumuler dans quelques cas. Ainsi, quatre hypothèses ont été considérées dans le cadre de ce travail.

L'existence d'un virus CCHFV-like inconnu : les méthodes et outils de détection utilisés semblent néanmoins suffisamment fiables pour que cette hypothèse apparaisse peu probable. Toutefois, elle ne peut pas être totalement écartée dans l'état actuel des connaissances.

Les communautés d'hôtes disponibles en France induisent une circulation du CCHFV à bas bruit : les tiques *H. marginatum* auraient à leur disposition des hôtes potentiellement peu aptes à permettre la multiplication du virus et donc à réinfecter de nouvelles tiques vectrices. La probabilité d'infection du vecteur serait de ce fait assez faible au point de ne pas

pouvoir détecter le CCHFV. Ceci n'empêcherait cependant pas l'infection régulière des ruminants au contact des tiques, ce qui expliquerait les séroprévalences non négligeables détectées chez ces animaux.

La possibilité d'un autre vecteur local : la mise en évidence de populations de *H. lusitanicum* en France pose des questions sur son implication dans la circulation de CCHFV. Les piqûres de cette dernière pourraient être grandement responsables de la transmission virale aux animaux vertébrés trouvés séropositifs, notamment dans les zones où *H. marginatum* n'est pas identifiée. Des investigations doivent être menées afin d'identifier ces potentiels vecteurs.

Une circulation virale localisée induisant un biais d'échantillonnage : dans les zones d'estives qui n'ont à l'heure actuelle jamais été échantillonnées pour y rechercher les tiques *Hyalomma*, il est possible que le cycle de transmission du CCHFV soit favorisé par la coexistence de bovins et d'animaux de la faune sauvage (lagomorphes, cervidés, sangliers, etc.). À l'inverse, dans les zones plus basses en altitude où les collectes sont menées, le cycle de transmission n'est pas forcément favorisé parce que les tiques se trouvent au contact de communautés d'hôtes, comme les chevaux, qui ne permettent pas la circulation virale. Dans les deux cas de figure, le risque de transmission à l'être humain reste supposé faible, soit parce qu'il n'est pas présent dans les zones d'estives où le virus circule, soit parce que, à plus basse altitude, le virus est quasi-absent chez les populations de tiques qui peuvent l'infester.

3.6.2. Évolution du risque épidémiologique

Bien qu'aucun cas humain autochtone de FHCC n'ait à ce jour été déclaré sur le territoire, et que les conditions abiotiques et biotiques actuelles en France ne semblent pas favorables à l'émergence et à la survenue régulière de cas de FHCC, la modification de certains facteurs pourrait entraîner un déséquilibre du contexte actuel et rendre favorables les conditions de survenue d'un cas autochtone de FHCC en France.

Les experts, ont, dans ce cadre, identifié et hiérarchisé les facteurs d'émergence en s'inspirant de la méthode Delphi afin d'évaluer leur influence sur l'émergence de la FHCC. Après sélection, sur la base des données de la littérature, 29 facteurs ont été considérés : des facteurs liés au virus de la FHCC, des facteurs liés aux humains et à l'activité humaine, des facteurs liés aux hôtes vertébrés et des facteurs liés aux changements globaux.

Les facteurs de risque considérés comme les plus importants dans l'émergence de la FHCC en France sont :

- la prévalence virale chez les tiques ;
- la prévalence de l'infection dans la faune sauvage et chez les animaux domestiques ;
- la densité et la répartition des hôtes nourriciers ;
- les activités à risque de rencontre avec le vecteur ;
- les températures estivales.

Dans le cas où l'impact d'un des facteurs de risque considéré ici comme important augmenterait, l'attention des gestionnaires de risque devra être aussitôt attirée afin de mettre en place des mesures adéquates. À titre d'exemple, les tiques du genre *Hyalomma* étant déjà largement distribuées dans la zone méditerranéenne, l'augmentation de la prévalence du CCHFV chez les tiques conduiraient à une augmentation du contact entre les tiques infectées et l'être humain, et donc à l'augmentation de la probabilité de survenue d'un cas de FHCC alors qu'aucune mesure de gestion n'est pour l'instant mise en place. C'est pourquoi, des recommandations spécifiques ont été proposées.

3.6.3. Évaluation de la probabilité de transmission vectorielle du CCHFV à l'être humain en France métropolitaine

Une évaluation qualitative de la probabilité d'exposition de la population humaine à des piqûres de tiques infectées a été faite pour la situation actuelle, pour un pas de temps de cinq ans, en se fondant sur les connaissances disponibles à la date de publication du présent avis, et dans les conditions climatiques actuelles. Il convient de noter que cette évaluation a été conduite à la lumière des données disponibles et des connaissances actuelles des experts, qui sont encore très peu avancées sur le contexte français pour évaluer complètement cette probabilité.

Deux circonstances d'exposition ont été considérées par le GT : l'exposition à une souche virale autochtone et l'exposition à une souche virale issue d'une importation en France.

Dans le cas d'une exposition à une souche virale autochtone, malgré la présence de tiques vectrices du genre *Hyalomma* et la probable circulation du CCHFV sur le territoire, du fait des conditions locales actuelles qui maintiennent une prévalence d'infection chez le(s) vecteur(s) très faible, **la probabilité d'une transmission vectorielle autochtone du CCHFV est évaluée par les experts comme très faible à faible (4 à 5 sur 9)** avec une incertitude élevée.

Dans le cas d'une exposition à une souche virale importée par une tique, pour qu'il y ait transmission à un être humain, la tique importée doit être infectée, elle doit ensuite se métamorphoser (conditions climatiques favorables), rencontrer un être humain et le piquer sans que celui-ci ne s'en débarrasse. Ce scénario semble peu probable, c'est pourquoi, **la probabilité actuelle d'une transmission vectorielle ponctuelle suite à l'introduction d'une tique infectée est considérée comme minime (2 sur 9)** avec une incertitude moyenne.

Dans le cas d'une exposition à une souche virale importée par un animal ou un humain infecté, la virémie étant de courte durée, la probabilité pour qu'une tique s'infecte sur cet animal/humain est très faible. Actuellement, **la probabilité d'une transmission vectorielle ponctuelle par des tiques locales et suite à l'introduction d'un hôte (humain ou animal) infecté est considérée comme quasi-nulle à minime (1 à 2 sur 9)** avec une incertitude faible.

Il convient toutefois de noter, que dans la situation actuelle, la souche virale circulant sur le territoire n'ayant pas été caractérisée au niveau génétique, il serait difficile d'établir l'origine et le scénario de la contamination si un cas de FHCC survenait.

3.7. Appréciation de l'exposition aux agents pathogènes autres que le CCHFV susceptibles d'être transmis par les tiques du genre *Hyalomma* en France

Pour cette évaluation, seuls les agents pathogènes pour lesquels il existe des preuves (ou de fortes suspicions) de transmission par des tiques du genre *Hyalomma* ont été considérés. Outre CCHFV, il s'agit des virus du West Nile, de la Peste équine et de l'Encéphalite équine du Venezuela, des parasites *Theileria annulata*, *Theileria equi*, *Theileria lestoquardi*, *Theileria ovis* et *Babesia occultans* et enfin, des bactéries *Coxiella burnetii*, *Anaplasma marginale* et *Rickettsia aeschlimanii*.

L'exposition suite à une piqûre de tique du genre *Hyalomma* sur le territoire français a été appréciée de manière qualitative, au regard des données de la littérature et des connaissances des experts. Il convient de noter que les données sont relativement éparses et hétérogènes pour les agents pathogènes considérés dans ce chapitre, et que les études présentent

également une grande variabilité (méthodes de détection, de collecte, origine géographique, saison, etc.) ne permettant pas forcément leur comparaison.

La synthèse des appréciations de l'exposition des hôtes en France aux agents infectieux pouvant être transmis par les tiques du genre *Hyalomma* spp., telle que définie par les experts, est présentée dans l'Annexe 2 du présent avis.

L'analyse effectuée montre que le danger lié aux tiques du genre *Hyalomma* ne se limite pas à la transmission du CCHFV mais peut concerner la transmission d'autres agents pathogènes, dont notamment des parasites du genre *Theileria* d'importance capitale en santé animale.

Il convient de rappeler que pour les agents pathogènes zoonotiques, l'exposition n'est pas équivalente pour les humains et les animaux, les humains n'étant jamais des hôtes préférentiels pour les tiques du genre *Hyalomma*.

3.8. Conclusions et recommandations du CES SABA et du GT « *Hyalomma* »

3.8.1. Conclusion

Devant l'évolution actuelle de l'aire de répartition à l'échelle mondiale d'espèces de tiques du genre *Hyalomma* estimée préoccupante, le GT « *Hyalomma* » a évalué les risques pour la santé humaine et animale liés à ces dernières. Dans le contexte français, avec la présence de population de tiques *Hyalomma* déjà installées, l'évaluation a porté sur le risque de survenue d'un cas humain autochtone de FHCC suite à une transmission vectorielle.

Suite à cette évaluation, il apparaît qu'une transmission vectorielle du CCHFV par les tiques du genre *Hyalomma* à l'être humain ou aux animaux est possible sur le territoire français.

Cette conclusion repose tout d'abord sur la présence effective de trois espèces du genre *Hyalomma* en France continentale et en Corse, dont *H. marginatum*, vecteur avéré du virus. Sept autres espèces du genre *Hyalomma*, dont plusieurs sont des vecteurs avérés du CCHFV, ont par ailleurs été identifiées comme présentant un risque d'introduction sur le territoire métropolitain.

La voie d'introduction la plus probable est l'arrivée de stases immatures en particulier des espèces *H. marginatum* et *H. rufipes* portées par des oiseaux migrateurs. La probabilité d'introduction d'au moins une tique du genre *Hyalomma* par cette voie est évaluée comme très élevée (9 sur 9 selon l'échelle AFSSA avec une incertitude faible), ce phénomène se produisant chaque année. L'introduction d'au moins une tique adulte, liée à l'activité humaine de déplacements transfrontaliers d'animaux terrestres, a été évaluée comme peu élevée, faible et très faible pour respectivement les bovins ou les équidés, les lagomorphes et les tortues (6, 5 et 4 sur 9, avec une incertitude moyenne à élevée).

En raison de leurs préférences écologiques (climat sec et nécessité de périodes chaudes pour leur développement), l'installation des tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire métropolitain serait favorisée par les changements climatiques actuels et futurs, notamment l'accroissement des températures estivales.

Les tiques du genre *Hyalomma* étant des réservoirs du CCHFV, le risque d'introduction et de diffusion de ce virus est étroitement lié au risque d'introduction et d'installation de tiques originaires de zones géographiques où le virus circule. C'est ainsi que les mouvements d'animaux (oiseaux comme vertébrés terrestres) représentent un risque d'importation de

tiques infectées en provenance d'Afrique de l'Ouest, d'Afrique du Nord, de Turquie ou encore de pays frontaliers comme l'Espagne.

Bien que l'introduction d'une tique infectée par un oiseau migrateur soit considérée par les experts comme le scénario le plus probable, la probabilité d'une transmission vectorielle ponctuelle de CCHFV a été estimée comme minime (2 sur 9 avec une incertitude moyenne) en France métropolitaine. La tique devrait tout d'abord être infectée, se métamorphoser en adulte après s'être détachée dans un milieu et à une période favorable à sa métamorphose et à la rencontre avec un être humain puis piquer ce dernier. L'introduction de tiques par d'autres espèces animales ayant été estimée moins probable, celle du virus par ces autres espèces l'est d'autant moins.

Des enquêtes récentes ont en effet mis en évidence des sérologies positives, chez des animaux domestiques et sauvages, à la fois en Corse et dans sept autres départements méditerranéens suggérant une circulation du CCHFV sur le territoire français.

Aucun cas humain autochtone de FHCC n'a été déclaré à ce jour sur le territoire français et aucune tique n'a jusqu'à présent été identifiée comme porteuse du virus. C'est pourquoi, à la lumière des données disponibles et des connaissances actuelles, et du fait des conditions biotiques et abiotiques locales actuelles qui semblent maintenir une prévalence d'infection *a priori* très faible chez le(s) vecteur(s), la probabilité d'une transmission vectorielle autochtone du CCHFV est à ce jour considérée comme très faible à faible (4 à 5 sur 9 avec une incertitude élevée) en France métropolitaine. Cependant, la modification de certains facteurs biotiques et abiotiques susceptibles d'avoir une influence sur les populations de tiques, le virus ou les populations d'hôtes vertébrés, pourrait rendre possible une transmission vectorielle du virus aux humains.

Les experts du GT soulignent néanmoins le fait que certains des nombreux éléments pris en compte dans les analyses et évaluations réalisées dans le présent rapport et pouvant influencer la présence des tiques du genre *Hyalomma* et l'émergence de cas de FHCC, présentent un niveau d'incertitude élevé en raison d'un nombre limité d'études scientifiques disponibles les concernant.

L'analyse effectuée par le GT montre par ailleurs que le danger lié aux tiques du genre *Hyalomma* ne se limite pas à la transmission du CCHFV mais peut concerner la transmission d'autres agents pathogènes, dont notamment des parasites du genre *Theileria* d'importance capitale en santé animale.

3.8.2. Recommandations

Suite à cette évaluation, des recommandations ont été émises par les experts. L'ensemble des recommandations est présenté en détails dans le rapport d'expertise (chapitre 11, p. 201), seules les grandes lignes sont résumées ci-après.

En matière de surveillance, pour limiter les risques d'introduction, d'installation ou d'expansion des populations de tiques du genre *Hyalomma* en France, les experts recommandent d'améliorer la surveillance des tiques à l'échelle nationale, notamment dans les zones géographiques identifiées comme étant les plus à risque. Pour cela, les experts préconisent l'élaboration de programmes de collectes régulières et standardisées et de mettre à profit des programmes de sciences participatives (comme [signalement tique](#)). Les experts recommandent par ailleurs de renforcer la collaboration des instituts et instances impliqués

dans la surveillance des tiques et/ou de leurs agents pathogènes aussi bien à l'échelle nationale qu'internationale. Outre la surveillance des tiques, les experts recommandent également d'améliorer la surveillance et le diagnostic des animaux vertébrés hôtes des tiques et potentiellement porteurs d'agents pathogènes transmis par les tiques comme CCHFV, notamment pour les animaux en provenance de zones où le virus circule.

Enfin, dans les départements français où les tiques du genre *Hyalomma* sont présentes, les experts préconisent la mise en place d'un système de surveillance sérologique du CCHFV dans la faune sauvage et domestique.

En matière de prévention, pour limiter l'exposition aux piqûres de tiques, les experts recommandent notamment de renforcer les actions d'information et de sensibilisation des citoyens et des professionnels potentiellement exposés aux tiques en général, des risques liés à ces dernières et des mesures de prévention existantes. Plus spécifiquement dans les zones où les tiques *Hyalomma* sp. sont présentes, les experts recommandent d'augmenter les campagnes d'information et de prévention sur ces tiques et des risques liés, en lien avec les Agences régionales de santé concernées. Pour les personnes particulièrement exposées au contact des tiques, les experts insistent sur l'utilisation de méthodes alternatives aux biocides. De même pour l'utilisation raisonnée des traitements acaricides chez les espèces animales les plus particulièrement exposées (chevaux et bovins).

Pour limiter le risque de circulation et de transmission de l'ensemble des agents pathogènes transmis par des tiques du genre *Hyalomma* en France, les experts recommandent de renforcer les actions de sensibilisation vers les professionnels de la santé humaine et de la santé animale sur les risques liés aux agents pathogènes transmis par les tiques, notamment sur le risque d'émergence de la FHCC dans les zones où sont installées les tiques *Hyalomma* sp. en France mais également sur les risques liés aux autres agents pathogènes transmis par les tiques, comme les parasites du genre *Theileria*. Du fait de la probabilité non nulle de survenue d'un cas humain de FHCC en France, les experts recommandent de poursuivre et actualiser régulièrement la préparation des professionnels de santé humaine à la gestion de cas de FHCC.

En matière de lutte contre la FHCC, les experts recommandent de mettre en œuvre les moyens nécessaires pour isoler et caractériser le ou les virus circulant(s) en France. En cas de détection du virus, les experts recommandent la réalisation d'investigations épidémiologiques et virologiques adéquates selon le contexte (identification des facteurs d'exposition possibles, enquêtes collectes de tiques, dépistage des animaux dans l'entourage du cas si nécessaire, analyses sérologiques des contacts, etc.).

Pour les professionnels potentiellement exposés, les experts recommandent de définir des protocoles spécifiques sur leur conduite à tenir et d'appliquer les mesures préventives décrites dans le rapport. Pour améliorer la lutte contre la FHCC et de manière plus large contre les zoonoses, les experts préconisent l'approche *One health* et recommandent l'élaboration et la mise en œuvre d'un plan national d'action « Une seule santé » soutenu par des structures de gouvernance (ministères, agences publiques...).

En matière de recherche, considérant le manque de données actuel, les experts recommandent de développer des projets de recherche visant à mieux comprendre la dynamique spatio-temporelle du CCHFV au sein des populations de tiques et d'animaux vertébrés domestiques et sauvages et d'identifier les facteurs influençant cette dynamique en France. Les experts recommandent également d'intensifier la recherche sur les hôtes des *Hyalomma* sp., notamment sur l'identification et le rôle des espèces de la faune sauvage dans

l'amplification des populations de tiques et/ou des agents pathogènes transmis. Les experts recommandent d'évaluer l'efficacité et la balance bénéfice/risque des différents moyens de lutte et de prévention existants ou à l'étude, mais également de soutenir la recherche sur le CCHFV notamment la recherche de traitements antiviraux contre la FHCC pour en améliorer le pronostic.

4. CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS DE L'AGENCE

Considérant l'augmentation des populations de tiques du genre *Hyalomma* sur une partie de leur aire de répartition, la présence avérée de certaines espèces de ces tiques sur le territoire français et le fait qu'elles soient vectrices de nombreux agents pathogènes responsables de maladies pour l'être humain (notamment la fièvre hémorragique de Crimée-Congo – FHCC) et de maladies animales, l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail s'est saisie dans le but notamment d'estimer la probabilité d'introduction du virus de la FHCC (CCHFV) en France.

L'Agence endosse les conclusions et les recommandations du GT « *Hyalomma* » et du CES SABA relatives à l'« analyse des risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France ».

L'expertise réalisée a mis en évidence qu'une transmission vectorielle de pathogènes à l'être humain (virus de la FHCC notamment) ou aux animaux (parasites du genre *Theileria* par exemple) par les tiques du genre *Hyalomma* est possible sur le territoire métropolitain, la probabilité associée étant toutefois jugée comme faible et plusieurs éléments pris en compte dans son estimation présentant un niveau d'incertitude élevé en raison d'un nombre limité de connaissances et d'études scientifiques disponibles. Au-delà de cette estimation de probabilité, l'Anses considère que le temps long (de 5 à 10 ans) qui s'est écoulé dans des pays aujourd'hui affectés entre les premières détections du CCHFV chez des animaux et l'émergence de cas humains autochtones mérite attention, car il est cohérent avec la présence d'une phase de progression « silencieuse » longue (animaux porteurs asymptomatiques et symptômes non spécifiques), qui ne devrait pas être synonyme d'inaction.

À ce titre, la transmission vectorielle est d'abord rendue possible par le fait que trois espèces du genre *Hyalomma* sont déjà présentes en France continentale et en Corse, dont *H. marginatum*, vecteur avéré du CCHFV. Des sérologies positives au CCHFV chez des animaux domestiques et sauvages suggèrent par ailleurs une circulation du virus sur le territoire français, dont il est nécessaire de mieux cerner les aires géographiques d'emprise afin de bien cibler les actions de lutte anti-vectorielle, de prévention et de surveillance sous la responsabilité des Agences régionales de santé.

Dans une moindre mesure, cette transmission vectorielle pourrait être consécutive à l'introduction de tiques infectées sur le territoire métropolitain par des oiseaux migrateurs provenant de zones géographiques où les pathogènes circulent.

Les tiques du genre *Hyalomma* constituent donc un enjeu important pour la santé humaine, et pour la santé animale, d'autant plus que leur installation et leur extension sur le territoire national devraient être favorisées par les changements climatiques en cours, ces tiques ayant des préférences écologiques pour les climats secs et les périodes chaudes.

L'Anses estime donc nécessaire d'étendre aux tiques du genre *Hyalomma* les campagnes générales d'information et de sensibilisation des citoyens et des professionnels de santé aux problématiques sanitaires en lien avec les tiques. De plus, elle considère comme essentiel la

mise en place d'une surveillance organisée à l'échelle nationale, en priorisant les zones géographiques identifiées comme les plus à risque, et le développement d'outils de détection précoce de la présence de tiques *Hyalomma* sp. et d'identification de la circulation du CCHFV ainsi que de pathogènes à enjeu en santé animale comme *Theileria*), pour permettre d'adapter les mesures de prévention et de gestion des risques. Dans les aires de circulation avérées du CCHFV, une information des professionnels de santé serait également utile pour identifier au plus tôt d'éventuels cas autochtones humains.

Enfin, l'Agence souligne l'importance et la nécessité de mettre en place des programmes de recherches pour, d'une part étudier et mieux comprendre les facteurs influençant l'épidémiologie et la dynamique spatio-temporelle du virus de la FHCC, d'autre part développer de nouvelles molécules antivirales contre celui-ci. À ce titre, les recherches sur les tiques du genre *Hyalomma*, sur le virus de la FHCC et les autres agents pathogènes véhiculés par ces tiques, pourraient être intégrées dans les priorités de recherche sur les maladies infectieuses émergentes (par exemple l'ANRS-MIE⁷). En effet, bien que moins connus du grand public et des professionnels en contact avec des animaux d'élevage, que les moustiques ou les tiques porteurs de la maladie de Lyme, les tiques du genre *Hyalomma* vont devoir rejoindre, de manière régionalement ciblée, la panoplie des dangers à intégrer dans les dispositifs de surveillance, de prévention et de lutte anti-vectorielle afin d'éviter qu'une situation comparable à certains pays affectés ne s'impose en France.

Pr. Benoit Vallet

⁷ Agence nationale de la recherche scientifique – Maladies infectieuses émergentes

MOTS-CLÉS

Tique, *Hyalomma*, *Hyalomma marginatum*, France, Fièvre hémorragique de Crimée-Congo, virus, agent pathogène, vecteur, maladie vectorielle, évaluation de risque, santé animale, santé humaine.

Tick, Hyalomma, Hyalomma marginatum, France, Crimean-Congo hemorrhagic fever, tick-borne virus, pathogen agents, vectors, vector-borne disease, risk assessment, animal health, human health.

CITATION SUGGÉRÉE

Anses. (2023). Avis relatif à l'analyse des risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France. (Saisine 2020-SA-0039). Maisons-Alfort : Anses, 25 p.

ANNEXE 1

Tableau 1 : Synthèse du classement des 27 espèces de tiques *Hyalomma* selon leurs risques d'introduction, d'installation et d'expansion selon les experts du GT.

	Rôle vecteur mis en évidence	Risque pour le territoire français			
		Introduction	Installation	Expansion	
<i>H. albiparvum</i>	non	non			
<i>H. arabica</i>					
<i>H. brevipunctatum</i>					
<i>H. glabrum</i>					
<i>H. hussaini</i>					
<i>H. hystricis</i>					
<i>H. impressum</i>					
<i>H. nitidum</i>					
<i>H. punctatum</i>					
<i>H. rhipicephaloides</i>					
<i>H. turanicum</i>					
<i>H. somalicum</i>					
<i>H. franchinii</i>					
<i>H. kumari</i>					
<i>H. asiaticum</i>	oui	oui	nulle à quasi-nulle		
<i>H. isaaci</i>					
<i>H. schulzei</i>					
<i>H. dromedarii</i>			minime à extrêmement faible		
<i>H. excavatum</i>					
<i>H. impeltatum</i>					
<i>H. truncatum</i>					
<i>H. anatolicum</i>					
<i>H. aegyptium</i>					
<i>H. rufipes</i>					
<i>H. scupense</i>			oui		probable
<i>H. lusitanicum</i>					oui
<i>H. marginatum</i>					oui

ANNEXE 2 :

Tableau 2 : Synthèse des appréciations, sur avis d'expert, de l'exposition des hôtes en France des agents infectieux pouvant être transmis par les tiques du genre *Hyalomma* spp.

Agents infectieux	Espèces hôtes d'intérêt ⁸	Appréciation de l'exposition pour les hôtes (note de 0 à 9)	Incertitude (de 1 à 4)	Argumentaire
<i>Rickettsia aeschlimannii</i>	Êtres humains	Peu élevée à assez élevée (6 à 7/9)	1	Détecté en France Transmission (TO TS) prouvée pour <i>H. marginatum</i> et <i>H. rufipes</i>
<i>Anaplasma marginale</i>	Bovins	Faible (5/9)	1	Détecté en Corse Transmission à l'hôte prouvée par <i>H. excavatum</i> , non présente en France
<i>Coxiella burnetii</i> (fièvre Q)	Bétail et êtres humains	Extrêmement faible (3/9)	2	Détecté en France Transmission (TO, TS) prouvée pour <i>H. lusitanicum</i> , <i>H. scupense</i> , <i>H. aegyptium</i> , <i>H. asiaticum</i> Transmission à l'hôte par voie vectorielle minoritaire
Virus West Nile	Oiseaux, équidés, êtres humains	Minime (2/9)	2	Détecté en France Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. marginatum</i> Transmission à l'hôte par les tiques marginale
Virus de l'encéphalite équine vénézuélienne (VEEV)	Equidés, rongeurs sauvages	Quasi-nulle (1/9)	2	Non Détecté en France, ni en Europe Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. truncatum</i> Transmission à l'hôte par les tiques marginale

⁸ Hôtes présentant des signes cliniques

Agents infectieux	Espèces hôtes d'intérêt ⁸	Appréciation de l'exposition pour les hôtes (note de 0 à 9)	Incertitude (de 1 à 4)	Argumentaire
Virus de la Peste équine (Peste équine)	Equidés	Quasi-nulle (1/9)	2	Non Détecté en France, ni en Europe Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. dromedarii</i> Transmission à l'hôte par les tiques marginale
<i>Theileria annulata</i> (theileriose tropicale ou theileriose méditerranéenne)	Bovins	Peu élevée (6/9)	1	Non Détecté en France, présent en Afrique du Nord Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. anatolicum</i> , <i>H. dromedarii</i> , <i>H. excavatum</i> , <i>H. impeltatum</i> , <i>H. lusitanicum</i> , <i>H. rufipes</i> , <i>H. scupense</i>
<i>Theileria lestoquardi</i> (Theileriose maligne du mouton et de la chèvre)	Chèvres moutons et	Minime (2/9)	1	Non détecté en France, présent en Europe et Afrique du nord Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. anatolicum</i> , endémique en Afrique du Nord
<i>Theileria ovis</i> (theileriose sub-clinique chez les ovins et les caprins)	Chèvres moutons et	Extrêmement faible (3/9)	1	Détecté en France Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. anatolicum</i>
<i>Theileria equi</i> (piroplamose équine)	Équidés	Très faible (4/9)	1	Détecté en France Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. anatolicum</i> , <i>H. dromedarii</i> , <i>H. excavatum</i> , <i>H. lusitanicum</i>
<i>Babesia occultans</i> (babésioses bovines)	Bovins	Minime (2/9)	2	Non détecté en France, présent en Europe et Afrique du Nord Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. rufipes</i>

TO : transmission transovarienne ; TS : transmission transstadiale

**Analyse des risques pour la santé humaine et animale
liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France**

Saisine « n° 2020-SA-0039 Hyalomma »

**RAPPORT
d'expertise collective**

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

« Groupe de travail *Hyalomma* »

Janvier 2023

Citation suggérée

Anses. (2022). Analyse des risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France. (Saisine 2020-SA-0039). Maisons-Alfort : Anses, 300 p.

Mots clés

Tique, *Hyalomma*, *Hyalomma marginatum*, France, Fièvre hémorragique de Crimée-Congo, FHCC, virus, agents pathogènes, vecteur, maladie vectorielle, analyse de risque, santé animale, santé humaine.

Tick, *Hyalomma*, *Hyalomma marginatum*, France, Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF), tick-borne virus, pathogen agents, vector, vector-borne disease, risk analysis, animal health, human health.

Présentation des intervenants

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

GROUPE DE TRAVAIL

Présidente

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

Membres

M. Sylvain BAIZE – Directeur de recherche, Institut Pasteur, Lyon + Virologie, fièvres hémorragiques

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

Mme Alessandra FALCHI – Maître de conférences, Université de Corse, Corte + Epidémiologie, surveillance, émergence, biologie moléculaire

Mme Julie FIGONI – Épidémiologiste - Infectiologue, Santé publique France, Saint-Maurice + Epidémiologie humaine, Surveillance des maladies infectieuses, Maladies transmises par les tiques

M. Thierry HOCH – Ingénieur de recherche INRAE, Nantes + Modélisation, dynamique des populations

Mme Sara MOUTAILLER – Cheffe de projet Recherche, Anses, Maisons-Alfort + Tiques dures, agents pathogènes transmis par les tiques, détection d'agents pathogènes

Mme Alice RAFFETIN – Coordinatrice Centre de Référence Régional des Maladies Vectorielles à Tiques, Paris et région Nord, CHI Villeneuve Saint-Georges + Santé humaine, infectiologie clinique, maladies à tiques

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

M. Frédéric STACHURSKI – chercheur au CIRAD, Montpellier + Acarologie, tiques du genre *Hyalomma*, compétence vectorielle, taxonomie, distribution, bio-écologie, autres vecteurs

Mme Laurence VIAL – Chercheur, CIRAD, Montpellier + Acarologie, tiques du genre *Hyalomma*, compétence vectorielle, taxonomie, distribution, bio-écologie, autres vecteurs

Mme Gwenaël VOURC'H – Directrice de recherche, INRAE, Theix + Epidémiologie des maladies animales et zoonotiques, rôle des espèces réservoirs et caractérisation spatiale du risque

RAPPORTEURS

Mme Monique L'HOSTIS – Professeure retraitée, Oniris Nantes + parasitologie

COMITÉ D'EXPERTS SPÉCIALISÉ

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

- CES Santé et bien-être animal (SABA) – 10 mai 2022, 9 novembre 2022 et 13 décembre 2022

Mandature 2018-2022**Président**

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

Membres (mandature 2018-2022)

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

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

M. Alain BOISSY – Directeur de recherche, INRAE Clermont + bien-être animal

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Mme Carine PARAUD – Anses Niort + parasitologie

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

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

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

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

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

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

Mandature 2022-2026

Président

M. Gilles MEYER – Professeur, Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse - Virologie, immunologie, vaccinologie, maladies des ruminants.

Membres

M. Xavier BAILLY – Ingénieur de Recherche, INRAE Saint Genes Champanelle - Épidémiologie moléculaire, écologie de la santé, épidémio-surveillance, modélisation, bactériologie.

Mme Catherine BELLOC – Professeur, Oniris - École Vétérinaire de Nantes - Infectiologie, approche intégrée de la santé animale, maladies des monogastriques.

M. Stéphane BERTAGNOLI – Professeur, École Nationale Vétérinaire de Toulouse - Virologie, immunologie, vaccination, maladies des lagomorphes.

M. Alain BOISSY – Directeur de Recherche INRAE Clermont-Ferrand – Theix - Bien-être animal.

Mme Séverine BOULLIER – Professeur, École Nationale Vétérinaire de Toulouse – Immunologie, vaccinologie.

M. Henri-Jean BOULOUIS – Retraité, École Nationale Vétérinaire d'Alfort - Bactériologie, diagnostic de laboratoire, immunologie, vaccinologie.

M. Eric CARDINALE – Coordinateur du dispositif de recherche en partenariat One Health Océan Indien, Directeur Adjoint UMR Astre, CIRAD Montpellier - Épidémiologie, Microbiologie, zoonoses, One Health.

Mme Aurélie COURCOUL – Directrice de la Recherche et des Etudes Doctorales, Oniris, Nantes - Épidémiologie, appréciation des risques (modélisation), réglementation.

Mme Alice DE BOYER DES ROCHES – Maître de conférences, VetAgro Sup - Bien-être animal, animaux de rente, douleur, comportement, zootechnie.

Mme Barbara DUFOUR – Professeur émérite, École Nationale Vétérinaire d'Alfort - Épidémiologie, maladies infectieuses, analyse du risque, zoonoses, lutte collective.

M. Veasna DUONG – Chef d'unité de virologie, Institut Pasteur du Cambodge - Virus émergents, zoonoses, diagnostic moléculaire et sérologique, enquête épidémiologique, maladies vectorielles, One Health, Asie.

Mme Emmanuelle GILOT-FROMONT – Professeur, VetAgro Sup – Épidémiologie quantitative, évaluation de risque, interface faune sauvage-animaux domestiques, maladies réglementées.

M. Etienne GIRAUD – Chargé de recherche, INRAE Toulouse – Microbiologie, antibiotiques, antibiorésistance, environnement, écologie microbienne.

M. Lionel GRISOT – Vétérinaire libéral - Médecine vétérinaire, médicament vétérinaire, maladies des ruminants.

Mme Claire GUINAT – Chargée de recherche, INRAE Toulouse - Épidémiologie, génétique (analyses phylodynamiques), maladies infectieuses.

Mme Nadia HADDAD – Professeur, École Nationale Vétérinaire d'Alfort - Infectiologie, maladies réglementées, zoonoses.

Mme Elsa JOURDAIN – Chargée de recherche, INRAE Clermont-Ferrand - Theix - Zoonoses, épidémiologie, interface faune sauvage-animaux domestiques.

M. Hervé JUIN – Ingénieur de recherches, INRAE Centre Poitou-Charentes – Bien-être animal, physiologie et nutrition des volailles

Mme Sophie LE BOUQUIN – LE NEVEU – Cheffe d'Unité Adjointe, Unité Épidémiologie, Santé et Bien-Etre, Anses Ploufragan-Plouzané-Niort - Épidémiologie, évaluation de risque, approche intégrée de la santé animale

Mme Caroline LE MARÉCHAL – Chargée de projet - Responsable LNR Botulisme aviaire, Unité HQPAP, Anses Ploufragan-Plouzané-Niort - Bactériologie, diagnostic de laboratoire, zoonose, botulisme aviaire, clostridies.

Mme Sophie LE PODER – Maître de conférences, École Nationale Vétérinaire d'Alfort - virologie, immunologie, vaccinologie.

M. Yves MILLEMANN – Professeur, École Nationale Vétérinaire d'Alfort – Pathologie des ruminants, infectiologie, antibiorésistance, médicament vétérinaire.

M. Pierre MORMÈDE – Directeur de recherche émérite INRAE - Bien-être animal, stress.

Mme Carole PEROZ – Maître de conférences, VetAgro Sup – Infectiologie, maladies réglementées, approche intégrée de la santé animale.

Mme Claire PONSART – Chef de l'unité des zoonoses bactériennes, Laboratoire de Santé Animale, Anses Maisons-Alfort - Bactériologie, zoonoses, diagnostic de laboratoire.

Mme Céline RICHOMME – Chargée de projets scientifiques, Anses-Laboratoire de la rage et la faune sauvage de Nancy - Épidémiologie, faune sauvage, interface faune sauvage-animaux domestiques, écologie.

M. Claude SAEGERMAN – Professeur, Faculté de Médecine vétérinaire de l'Université de Liège - Épidémiologie, évaluation de risque.

M. Jean-François VALARCHER – Professeur, Swedish university of agricultural sciences (SLU) – Pathologie des ruminants, infectiologie, Immunologie, épidémiologie.

Mme Isabelle VALLÉE – Chef de l'unité BIPAR, Responsable LNR Parasites transmis par les aliments, Anses Maisons-Alfort – Parasitologie, zoonoses, immunologie, diagnostic.

Mme Agnès WARET-SZKUTA – Maître de conférences, École Nationale Vétérinaire de Toulouse – Pathologie porcine, épidémiologie.

Mme Natacha WORONOFF-REHN – Directrice, laboratoire vétérinaire départemental du Doubs – Infectiologie, parasitologie immunologie, biologie moléculaire, diagnostic.

■ GT « vecteurs » – 10 mars 2022 et 7 décembre 2022

Président

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

Membres

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

PARTICIPATION ANSES

Coordination scientifique

Mme Elsa QUILLERY – Coordinatrice d'expertise scientifique – Anses

Mme Johanna FITE – Référente "vecteurs" – Anses

Contribution scientifique

Mme Johanna FITE – Référente “vecteurs” – Anses

Mme Elsa QUILLERY – Coordinatrice d'expertise scientifique – Anses

Secrétariat administratif

M. Régis MOLINET – Anses

AUDITION DE PERSONNALITÉS EXTÉRIURES

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

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

Tableau 1 : liste des personnes auditionnées

Nom	Fonction	Date
Gilles BALANÇA Et Pierre-Yves HENRY	Chercheur ornithologue au CIRAD et Directeur du Centre de Recherches sur la Biologie des Populations d'Oiseaux au MNHN	18 janvier 2021
María Paz SÁNCHEZ- SECOFariñas, Anabel NEGREDO Jose DE LA FUENTE, Jose Francisco RUIZ FONTS, Maria Isabel GARCIA, Fernandez DE MERA Felix VALCARCEL	Chercheurs à l'Instituto de Salud Carlos III (Espagne) Chercheurs à l'Instituto de investigacion en recurso cinegéticos (IREC – Espagne) Chercheur à l'Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA – Espagne)	15 juin 2021

SOMMAIRE

Présentation des intervenants	3
Sigles et abréviations.....	13
Glossaire.....	16
Liste des tableaux	19
Liste des figures.....	21
1 Contexte, objet et modalités de réalisation de l'expertise.....	23
1.1 Contexte	23
1.2 Objet de la saisine	23
1.2.1 Objectifs	23
1.2.2 Limites du champ d'expertise	24
1.3 Modalités de traitement.....	24
1.3.1 Moyens mis en œuvre et organisation.....	24
1.3.2 Méthodologie suivie pour l'expertise.....	24
1.4 Prévention des risques de conflits d'intérêts	27
2 Les tiques du genre <i>Hyalomma</i>.....	28
1. Classification des tiques du genre <i>Hyalomma</i>	28
2.1 Répartition géographique des tiques du genre <i>Hyalomma</i>	29
2.2 Bio-écologie générale des tiques du genre <i>Hyalomma</i>	30
2.3 Rôle pathogène direct.....	32
2.4 Rôle pathogène indirect par transmission vectorielle (avérée ou suspectée) d'agents pathogènes	33
2.4.1 Mécanismes généraux de la transmission vectorielle chez les tiques dures.....	33
2.4.2 Agents pathogènes identifiés comme potentiellement transmis par les tiques du genre <i>Hyalomma</i>	34
3 Les espèces de <i>Hyalomma</i> d'intérêt pour le territoire français.....	37
3.1 Sélection des espèces de <i>Hyalomma</i> d'intérêt pour le territoire français.....	37
3.2 Bio-écologie des tiques du genre <i>Hyalomma</i> d'intérêt pour le territoire français.....	43
3.2.1 Espèces présentes et installées en France	43
3.2.2 Espèces susceptibles d'être introduites en France	53
4 Évaluation de la probabilité d'introduction et d'installation des tiques du genre <i>Hyalomma</i> en France	68
4.1 Introduction de tiques du genre <i>Hyalomma</i>	68
4.1.1 Modalités possibles d'introduction des tiques du genre <i>Hyalomma</i> sur le territoire français	68
4.1.2 Synthèse des connaissances	69
4.1.3 Évaluation de la probabilité d'introduction de tiques du genre <i>Hyalomma</i> en fonction des différentes modalités d'entrée en France métropolitaine	89

4.1.4	Evaluation de la probabilité d'introduction de tiques du genre <i>Hyalomma</i> dans les DROM	95
4.2	Installation de nouvelles espèces de tiques du genre <i>Hyalomma</i> introduites sur le territoire métropolitain français	97
4.2.1	Facteurs influençant l'installation des tiques du genre <i>Hyalomma</i>	97
4.2.2	Estimation de la probabilité d'installation des tiques du genre <i>Hyalomma</i> en France métropolitaine	104
4.3	Expansion possible des populations de tiques du genre <i>Hyalomma</i> déjà présentes en France métropolitaine	106
4.3.1	<i>Hyalomma marginatum</i>	106
4.3.2	<i>Hyalomma lusitanicum</i>	108
4.3.3	<i>Hyalomma scupense</i>	108
5	La fièvre hémorragique de Crimée-Congo	110
5.1	Le cycle épidémiologique de la FHCC	110
5.1.1	Rôle des tiques	110
5.1.2	Rôle des animaux vertébrés	111
5.2	Les modes de transmission du virus	112
5.2.1	Piqûre de tique	112
5.2.2	Autres modes de transmission	114
5.2.3	Populations à risque d'infection par le CCHFV	114
5.3	Le virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo	115
5.3.1	Structure du virus de la FHCC	115
5.3.2	Dose infectieuse du virus de la FHCC	115
5.3.3	Persistance et résistance du virus de la FHCC dans l'environnement	116
5.3.4	Diversité génétique du CCHFV	116
5.3.5	Pathogénie de la FHCC chez l'être humain et l'animal	118
5.4	Manifestations cliniques de la FHCC chez l'être humain et l'animal	119
5.4.1	La fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez l'être humain	119
5.4.2	La fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les animaux vertébrés	122
5.5	Diagnostic et détection du virus FHCC	122
5.5.1	Diagnostic de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez l'être humain	122
5.5.2	Détection du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les tiques (et autres arthropodes)	125
5.5.3	Détection du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les animaux domestiques et sauvages	125
5.6	Prévention et traitements de la FHCC	126
5.6.1	Vaccins	126
5.6.2	Mesures de protection pour réduire le risque infectieux chez l'humain	126

5.6.3	Gestion des cas humains de FHCC en France.....	126
5.6.4	Gestion des personnes ayant eu un contact avec un cas humain de FHCC.....	130
5.6.5	Efficacité des mesures de gestion.....	130
5.7	Épidémiologie descriptive (humaine et animale) et distribution spatio-temporelle de la FHCC	131
5.7.1	Situation en Italie et Espagne (pays proches)	133
5.7.2	Pays fortement touché par l'épidémie : la Turquie.....	135
5.7.3	Pays potentiellement sources d'importation du virus CCHFV en France : Maghreb et Afrique de l'Ouest.....	140
6	La FHCC en France, situation et évaluation de la survenue d'un cas de FHCC sur le territoire français.....	143
6.1	La FHCC en France.....	143
6.1.1	Situation actuelle.....	143
6.1.2	Hypothèses expliquant le contexte épidémiologique	148
6.2	Évolution du risque épidémiologique et évaluation de l'émergence de FHCC sur le territoire métropolitain français	152
6.2.1	Identification des facteurs d'émergence de la FHCC dans le contexte français	153
6.2.2	Hierarchisation des facteurs d'émergence.....	153
6.3	Évaluation de la probabilité de transmission vectorielle du CCHFV à l'être humain en France.....	157
6.3.1	Exposition à une souche virale autochtone (circulation virale en France).....	158
6.3.2	Exposition à une souche virale importée en France	159
7	Appréciation de l'exposition aux agents pathogènes autres que le CCHFV susceptibles d'être transmis par les tiques du genre <i>Hyalomma</i> en France	161
7.1	Bactéries.....	161
7.1.1	<i>Rickettsia</i>	161
7.1.2	<i>Anaplasma</i> et <i>Ehrlichia</i>	163
7.1.3	<i>Coxiella burnetii</i>	164
7.2	Virus autres que CCHFV	165
7.2.1	Virus West Nile.....	166
7.2.2	Virus de l'encéphalite équine du Venezuela	167
7.2.3	Virus de la Peste équine	169
7.3	Parasites.....	170
7.3.1	<i>Theileria</i>	170
7.3.2	<i>Babesia</i>	172
7.4	Conclusion du chapitre	174
8	Surveillance, lutte et prévention	177
8.1	Méthodes de surveillance	177

8.1.1	Surveillance des tiques en France.....	177
8.1.2	Surveillance des tiques à l'échelle internationale et réseaux de surveillance.....	179
8.1.3	Surveillance des agents pathogènes transmis par les tiques.....	181
8.2	Méthodes de lutte contre les tiques.....	183
8.2.1	Lutte chimique.....	184
8.2.2	Lutte biologique.....	185
8.2.3	Lutte génétique	187
8.2.4	Vaccination anti-tique.....	188
8.2.5	Autres pistes	191
8.3	Mesures de prévention contre les piqûres de tiques pour l'être humain	192
9	Analyse des sources d'incertitude.....	194
10	Conclusions du groupe de travail	199
11	Recommandations.....	201
12	Bibliographie.....	207
	Annexe 1 : Lettre de saisine	271
	Annexe 2 : Liste des agents pathogènes évoqués comme transmis ou potentiellement transmis par les espèces de tiques du genre <i>Hyalomma</i> et niveau de preuve apporté	273
	Annexe 3 : Bilan des requêtes TRACES-NT	286
	Annexe 4 : Résultats d'infections expérimentales de vertébrés sauvages et domestiques avec le CCHFV permettant d'estimer leur aptitude à amplifier et retransmettre le virus.....	288
	Annexe 5 : les modèles animaux de la FHCC.....	290
	Annexe 6 : Traitements de la FHCC	292
	Annexe 7 : Vaccination	294
	Annexe 8 : Transmission des genres <i>Hepatozoon</i> et <i>Hemolivia</i>.....	297
	Annexe 9 : Recommandations internationales ou étrangères	298

Sigles et abréviations

ADN : Acide désoxyribonucléique

AES : Accident exposant au sang

AHSV : *African horse sickness virus*

ALAT : Alanine aminotransférase

AM : Arrêté ministériel

AMM : Autorisation de mise sur le marché

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

ANSM : Agence nationale de sécurité du médicament et des produits de santé

AP : Agents pathogènes

ARN : Acide ribonucléique

ARNm : Acide ribonucléique messenger

ASAT : Aspartate amino transférase

CCHFV : Virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo

CDC: *Center for Disease Control and Prevention*

CES : Comité d'experts spécialisé

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

CITES : Convention sur le commerce international des espèces de faune et de flore sauvages menacées d'extinction

CIVD : Coagulation intravasculaire disséminée

CNR : Centre national de référence (en santé humaine)

COREB : Coordination Opérationnelle Risque Épidémique et Biologique

CSP : Code de la santé publique

DDecPP : Direction départementale en charge de la protection des populations

DDT : Direction départementale des territoires

DDT : Dichlorodiphényltrichloroéthane

DEBONEL : *Dermacentor-Borne Necrosis Erythema Lymphadenopathy*

DGAL : Direction générale de l'alimentation

DGE : Direction générale des entreprises

DGOS : Direction générale de l'offre de soins

DGS : Direction générale de la santé

DL50 : Dose létale 50 %

DROM : Département et région d'Outre-mer

DSCE : Document sanitaire commun d'entrée

ECDC : *European Centre for Disease Prevention and Control*

EFSA : *European Food Safety Authority*

ELISA : *Enzyme-linked immunosorbent assay*
ESR : Établissement de santé de référence
FAO : *Food and Agriculture Organization*
FBM : Fièvre boutonneuse méditerranéenne
FDC : Fédération départementale des chasseurs
FFP : *Filtering Facepiece particles* (pièce faciale filtrante)
FHCC : Fièvre hémorragique de Crimée-Congo
FHV : Fièvre hémorragique virale
FNC : Fédération nationale des chasseurs
GIEC : Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat
GT : Groupe de travail
GTV : Groupements techniques vétérinaires
HCSP : Haut Conseil de la santé publique
HRM : *High-resolution melting analysis*
IATA : Association du transport aérien international
Idele : Institut de l'élevage
IFCE : Institut français du cheval et de l'équitation
IFNAR : Récepteur de l'interferon- α/β
Ig : Immunoglobuline
LNR : Laboratoire national de référence (en santé animale, végétale et sécurité sanitaire des aliments)
MEM : Méningoencéphalomyélite virale des équidés
NAC : Nouveaux animaux de compagnie
NP : Nucléoprotéine
OACI : Organisation de l'aviation civile internationale
OFB : Office français de la biodiversité
OGM : Organisme génétiquement modifié
OIE : Office international des épizooties ou Organisation mondiale de la santé animale (WOAH)
OMS : Organisation mondiale de la santé
OMSA : Organisation mondiale de la santé animale
ONCFS : Office national de la chasse et de la faune sauvage
PCF : Poste de contrôle frontalier
PCR : Polymerase chain reaction
PIF : Poste d'inspection aux frontières
PNH : Primate non-humain
REB : Risque épidémique et biologique
REMESA : REseau MEditerranéen de Santé Animale
RESPE : Réseau d'Épidémio-Surveillance en Pathologie Équine

RT-PCR : *Reverse transcription polymerase chain reaction*

SABA : Santé et bien-être des animaux

SAMU : Service d'aide médicale urgente

SAT : *Saliva-assisted transmission*

SENLAT : *Scalp Eschar Associated with Neck Lymphadenopathy After Tick bite*

SFG: *Spotted Fever Group*

SHA : Solution hydro-alcoolique

SIRE : Système d'information relatif aux équidés

SIVEP: Service d'inspection vétérinaire et phytosanitaire aux frontières

STAT-1 : *Signal transducer and activator of transcription 1*

TCA : Temps de céphaline activée

TIBOLA : *Tick Borne Lymphadenitis*

TP : Temps de prothrombine

TRACES-NT : *Trade Control and Expert System New Technology*

UE : Union européenne

UICN : Union internationale pour la conservation de la nature

UV : Ultra-violet

WNV : *West Nile virus*

Glossaire

Anthropophile : Se dit d'une tique qui préfère les êtres humains comme source de repas sanguin par rapport à d'autres animaux.

Arbovirus : (contraction de arthropod-borne virus) Virus transmis par des arthropodes.

Arthropodes : Embranchement d'animaux invertébrés. Les arthropodes (du grec arthron, articulation, et podos, pied) sont caractérisés par un corps segmenté articulé, dont les segments sont munis d'appendices eux-mêmes articulés, et recouvert d'une cuticule rigide. Constituée de chitine dans la majorité des cas, cette cuticule joue le rôle d'un exosquelette, qui est renouvelé au moment des mues. Les arthropodes regroupent les sous-embranchements des hexapodes (dont les insectes), des crustacés, des chélicérates (dont les arachnides) et des myriapodes.

Autochtone : Une espèce est considérée autochtone si elle est originaire de la zone considérée, par opposition à une espèce allochtone ou exotique ; un cas de maladie autochtone se dit d'un hôte vertébré qui a contracté la maladie dans la zone considérée, par opposition à un cas importé ou introduit.

Asthénie : Fatigue importante.

Broutard : Jeune bovin d'une race à viande élevé au lait maternel et à l'herbe au pâturage jusqu'à son sevrage.

Capacité vectorielle : La capacité vectorielle est l'aptitude d'un vecteur à transmettre un agent pathogène à un moment donné et dans une région définie. La capacité vectorielle dépend de conditions extrinsèques telles que l'humidité, la température, l'abondance du vecteur, ses préférences trophiques, etc. (elle s'étudie sur le terrain).

Clade : C'est un groupement de plusieurs embranchements de plantes ou d'animaux ayant une organisation et une origine communes.

co-feeding (co-repas) : Gorgement simultané de tiques sur un même hôte. Si une de ces tiques est porteuse d'un agent infectieux (type viral par exemple), ce type de gorgement peut permettre la transmission de l'agent infectieux directement de la tique infectée aux autres tiques sans pour autant que l'hôte soit porteur de l'agent infectieux, notamment au niveau sanguin.

Compétence vectorielle : La compétence vectorielle correspond à l'aptitude intrinsèque d'un vecteur à acquérir l'agent pathogène lors d'un repas sanguin sur un hôte infecté, à permettre la multiplication de cet agent et à le retransmettre (la compétence vectorielle s'étudie en laboratoire).

Cycle de développement :

Cycle monophasique : Le cycle monophasique est le plus simple puisqu'il comporte une unique phase parasitaire, la tique effectuant ses trois repas, et ses deux métamorphoses, sur le même animal sans retour au sol (**tiques monotropes – monoxènes**).

Cycle diphasique : Le cycle diphasique comporte deux phases parasitaires, larve et nymphe effectuant leur repas sur le même animal alors que l'adulte se nourrit sur un autre hôte, après que la nymphe a réalisé sa métamorphose au sol (**tiques ditropes – dixènes**).

Cycle triphasique : Le cycle triphasique comporte trois phases parasitaires, une pour chaque stade de développement de la tique. Ainsi larve, nymphe et adulte se nourrissent sur trois animaux différents (**tiques télotropes – trixènes**).

Diapause : La diapause est une forme de vie ralentie, génétiquement déterminée, une phase d'arrêt du développement pendant des périodes défavorables de l'environnement. Cet important mécanisme adaptatif permet aux animaux de résister et de survivre aux variations saisonnières de l'habitat telles que les basses températures hivernales, les fortes chaleurs estivales, les périodes de sécheresse ou encore d'absence de nourriture. La diapause permet également de synchroniser les différents stades du cycle de vie avec celui des saisons.

Ditrope : Les tiques ditropes (dixènes) présentent des préférences trophiques différentes entre la stase adulte et les stases immatures. Généralement, ces tiques ditropes ont un tropisme qui concerne deux groupes d'hôtes, la larve et la nymphe sont endophiles et vivent dans les abris de leurs hôtes (surtout les petits rongeurs) et au stade adulte, elles deviennent exophiles et parasitent les grands mammifères vivant dans le milieu extérieur.

Dugongs : Mammifère marin herbivore, proche parent des lamantins, aussi appelé halicore.

Effet de dilution : Réduction de la prévalence locale d'un agent infectieux du fait de la présence d'une espèce réservoir non compétente qui réduit le taux de transmission vers des espèces réservoirs compétentes.

Endophile : En entomologie, se dit d'un arthropode ayant pour gîtes de repos des abris constitués par l'habitat de son hôte comme l'intérieur des habitations, des étables ou des porcheries, des poulaillers, des terriers, etc. Se dit des tiques qui vivent dans les microhabitats fermés (fissures de murs, nids, terriers, etc.).

Estive : Pâturage de montagne exploité en été.

Exanthème (ou Rash) : Eruption cutanée de courte durée survenant au cours d'une maladie fébrile.

Exophile : Les tique exophiles évoluent dans des écosystèmes dit ouverts ou semi-ouverts très variés tels que les forêts, les prairies, les savanes, mais également en zone péri-urbaine, dans les parcs et jardins publics.

Ictère : Coloration jaune de la peau et des muqueuses due à l'accumulation de bilirubine (pigment jaune excrété par le foie dans la bile)

Leucopénie: Diminution du nombre de leucocytes (globules blancs) dans le sang.

Méthode du drap : Méthode de collecte des tiques consistant à trainer une pièce de tissu du genre flanelle au sol, ce qui permet la collecte des tiques à l'affût dans la végétation.

Purpura : Le purpura se caractérise par des taches hémorragiques cutanées non effaçables à la vitropression, liées à l'extravasation des hématies hors des vaisseaux de la peau traduisant soit une anomalie des plaquettes, soit une anomalie des vaisseaux.

Pétéchie : Petite tache hémorragique cutanée de couleur rouge à violacée.

Psittaciformes : Les Psittaciformes représentent un ordre d'oiseaux tropicaux qui regroupe par exemple les perroquets, perruches, cacatoès, loris ou conures.

Spéciation : La spéciation est, en biologie, le processus évolutif par lequel de nouvelles espèces se forment. Les espèces s'individualisent à partir de populations appartenant à une espèce d'origine. La spéciation résulte de la dérive génétique et de la sélection naturelle, qui sont les deux moteurs de l'évolution.

Spéciation cryptique : Processus évolutif aboutissant à un groupe de plusieurs espèces distinctes bien que morphologiquement identiques.

Stade : En acarologie, mues successives sans métamorphose au sein de chaque stase.

Stases : En acarologie, chaque étape de développement d'une tique (larve, nymphe ou adulte) est dénommée « stase ». Par dérive, les stases peuvent également être appelées stades.

Stases immatures : Les stases immatures des tiques sont les stases larvaire et nymphal, dont les organes reproducteurs ne sont pas encore fonctionnels.

Sympatrie : la sympatrie désigne l'existence de deux espèces phylogénétiquement proches, vivant sur un même territoire, mais ne s'hybridant pas.

Télotrope : Le tropisme d'hôtes des tiques télotropes (ou trixènes) s'exerce envers une espèce animale hôte différente pour chacune des phases parasitaires. Les tiques télotropes sont celles dont les stades immatures peuvent se gorger aussi bien sur les hôtes infestés par les adultes que sur des hôtes différents.

Thermophile : Caractérise des organismes qui nécessitent une température élevée pour vivre.

Thrombocytopenie : La thrombocytopenie est un trouble causé par une baisse du nombre de plaquettes (thrombocytes) dans le sang. Les thrombocytes aident le sang à coaguler. Cette baisse peut être secondaire à une production insuffisante de plaquettes par la moelle osseuse.

TRACES-NT (Trade Control and Expert System) : C'est un réseau vétérinaire sanitaire de certification et de notification sous la responsabilité de la Commission Européenne. Ce réseau assure la traçabilité et le contrôle de l'ensemble des produits d'origine animale et des animaux vivants lors de leurs mouvements et importations en Europe.

Transmission transovarienne : Un agent pathogène est transmis de la femelle à sa descendance.

Transmission transstadiale : un agent pathogène est transmis d'une stase de développement à la ou les suivantes.

Xérophile : se dit d'une espèce vivante vivant dans des milieux très pauvres en eau

Zoo-anthropophile : en entomologie, se dit d'un arthropode hématophage qui peut obtenir son repas de sang sur l'Homme et sur l'animal. On définit alors un degré anthropophile par estimation de la fréquence de ses repas sur l'Homme par rapport à celle sur animal.

Zoonose : infection ou maladie pouvant se transmettre naturellement des animaux vertébrés à l'Homme, et vice-versa (OMS).

Liste des tableaux

Tableau 1 : liste des personnes auditionnées.....	1
Tableau 2 : Valeurs chiffrées utilisées pour chaque qualificatif de probabilité et correspondance avec les valeurs ordinales.....	26
Tableau 3 : Modalités d'expression, de qualification et d'attribution des « indices d'incertitudes » de la notation.....	27
Tableau 4 : Agents pathogènes pour lesquels une transmission d'un hôte infecté à un hôte initialement sain par piqûre de tique <i>Hyalomma</i> a été validée expérimentalement.....	36
Tableau 5 : Caractéristiques bio-écologiques des 27 espèces du genre <i>Hyalomma</i> et critères de sélection des espèces d'intérêt pour les territoires français.....	38
Tableau 6 : Bilan des données TRACES-NT sur le devenir des bovins vivants importés (BVI) en France en 2019 et 2020.....	75
Tableau 7 : Importations françaises par type de bovins vivants en provenance d'Espagne sur la période 2019-2021.....	77
Tableau 8 : Importations de chevaux en provenance de l'Union européenne (UE) et d'Espagne en 2019 et 2020.....	78
Tableau 9 : Synthèse des saisies par types d'animaux vivants d'après le registre des douanes françaises de 2018 à 2020, selon leur classification.....	83
Tableau 10 : Saisies de reptiles dont tortues vivantes de 2018 à 2020.....	84
Tableau 11 : Scénarios les plus probables d'introduction de <i>Hyalomma</i> sp. en France métropolitaine tel que définis par les experts.....	90
Tableau 12 : Synthèse de l'estimation des probabilités d'introduction de tiques du genre <i>Hyalomma</i> sp. en France métropolitaine par le biais des êtres humains ou des animaux et de l'incertitude associée.....	93
Tableau 13 : Liste des facteurs pouvant influencer l'installation de populations de tiques du genre <i>Hyalomma</i> sur un nouveau territoire.....	98
Tableau 14 : Synthèse de l'évaluation de la probabilité d'installation de sept espèces du genre <i>Hyalomma</i> non présentes en France métropolitaine mais estimées à risque d'introduction sur le territoire : <i>H. anatolicum</i> , <i>H. rufipes</i> , <i>H. aegyptium</i> , <i>H. dromedarii</i> , <i>H. excavatum</i> , <i>H. impeltatum</i> et <i>H. truncatum</i>	104
Tableau 15 : Les différentes souches du CCHFV en fonction des classifications.....	117
Tableau 16 : Données relatives à la situation de la FHCC en Afrique de l'Ouest.....	141
Tableau 17 : Échelle des scores attribués à chaque facteur de risque.....	153
Tableau 18 : Liste des facteurs de risque et de leurs classements selon l'avis des experts en fonction de leurs impacts sur l'émergence de la FHCC en France.....	155
Tableau 19: Éléments permettant de réaliser l'évaluation des risques de transmission vectorielle* de CCHFV.....	158
Tableau 20 : Synthèse des appréciations, sur avis d'expert, de l'exposition des hôtes en France des agents infectieux pouvant être transmis par les tiques du genre <i>Hyalomma</i> spp.....	175
Tableau 21 : Typologie des incertitudes.....	194

Liste des figures

Figure 1 : Position systématique du genre <i>Hyalomma</i> au sein de l'ordre des <i>Ixodida</i>	28
Figure 2 : Classification phylogénétique des tiques du genre <i>Hyalomma</i>	29
Figure 3 : Répartition globale des tiques du genre <i>Hyalomma</i>	30
Figure 4 : Représentation schématique de l'acquisition et de la transmission salivaire d'agents pathogènes par une tique lors d'un repas sanguin	34
Figure 6 : Distribution de <i>Hyalomma marginatum</i>	46
Figure 7 : Distribution de <i>H. marginatum</i> en France continentale	47
Figure 8 : Distribution de <i>Hyalomma scupense</i>	50
Figure 9 : Distribution de <i>H. scupense</i> en France	51
Figure 10 : Distribution de <i>Hyalomma aegyptium</i>	54
Figure 11 : Distribution de <i>Hyalomma anatolicum</i>	56
Figure 12 : Distribution de <i>Hyalomma dromedarii</i>	59
Figure 13 : Distribution de <i>Hyalomma excavatum</i>	61
Figure 14 : Distribution de <i>Hyalomma impeltatum</i>	62
Figure 15 : Distribution de <i>Hyalomma rufipes</i>	64
Figure 16 : Distribution de <i>Hyalomma truncatum</i>	66
Figure 17: Schéma événementiel des différentes modalités possibles d'introduction des tiques du genre <i>Hyalomma</i> sur le territoire français	69
Figure 18 : Importations de bovins vivants en France en provenance (a) de l'Union européenne (UE) et (b) d'un pays-tiers (hors UE) sur la période 2019-2021	73
Figure 19 : Destination des bovins non destinés à la boucherie importés vivants en France en 2019. Part des importations pour l'élevage (reproduction, en bleu), la production (production laitière et engraissement, en rouge) et la transhumance (en vert).	74
Figure 20 : Départements de destination des importations de bovins vivants (gros bovins et veaux destinés à l'engraissement) en France en provenance d'Espagne.....	75
Figure 21 : Nombre de chevaux importés en France en 2018 en fonction des pays d'origine (hors chevaux de course).	78
Figure 22 : Part relative des importations de chevaux en France en fonction des pays exportateurs de l'UE et de la Suisse en 2019 (hors chevaux de course).	79
Figure 23 : Départements de destination des chevaux vivants (équidés enregistrés) importés en France en provenance d'Espagne en 2019.	80
Figure 24 : Représentation schématique des (a) deux grands axes de migration à travers la France ; (b) de l'axe Afrique-Europe.....	88
Figure 25 : Typologie climatique du territoire français en huit classes	101
Figure 26 : Carte des climats en France selon la classification de Köppen (a) pour la période de 1980 à 2016, et (b) les prévisions d'évolution pour la période 2070-2100.....	102
Figure 27 : Probabilité de présence de <i>H. marginatum</i> dans le sud de la France, prédite par modélisation	107
Figure 28 : Cycle général de transmission du virus de la FHCC impliquant les tiques du genre <i>Hyalomma</i> (illustration pour <i>H. marginatum</i>).....	110

Figure 29 : Représentation schématique de la structure du virus de la FHCC	115
Figure 30 : Les quatre phases de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez l'être humain	120
Figure 31 : Tests diagnostiques disponibles en fonction de la virémie ou de la présence d'anticorps lors d'une infection par le CCHFV	123
Figure 32 : Algorithme du diagnostic moléculaire pour les patients suspectés d'infection par la FHCC	124
Figure 33 : Prise en charge symptomatique d'un patient présentant une FHCC prouvée ou suspectée.....	128
Figure 34 : Logigramme décisionnel proposé par le Haut conseil de la santé publique suite à la suspicion d'un cas de fièvre hémorragique virale telle que la FHCC.....	129
Figure 35 : Répartition des cas et de la présence du virus de la FHCC dans le monde.....	132
Figure 36 : répartition des études sérologiques réalisées sur animaux, avec identification des pays où la sérologie s'est avérée positive	133
Figure 37 : Régions où des cas humains de CCHFV ont été observés (triangle) et où des pools de tiques positives ont été identifiées en Espagne.	134
Figure 38 : Évolution des cas de FHCC en Turquie.....	136
Figure 39 : Distribution des cas pour l'année 2008 en Turquie	137
Figure 40 : Valeur de séroprévalences en population générale pour différentes provinces de Turquie.....	138
Figure 41 : Distribution de la séroprévalence chez des ruminants dans différentes provinces de Turquie. Incidence des cas de FHCC entre 2002 et 2014 dans ces mêmes provinces..	139
Figure 42 : Niveaux d'exposition au CCHFV en Afrique.....	142
Figure 43 : Résultats de sérologie FHCC sur bovins, ovins et caprins en 2014-2016 et bovins seulement en 2019-2020. Les séroprévalences sont indiquées par communes, de rose pour moins de 5 % à rouge foncé si supérieures à 80 %. En gris, les communes non échantillonnées.	145
Figure 44 : Résultats de sérologie FHCC sur bovins dans huit départements du sud de la France continentale.....	146
Figure 45 : Résultats positifs des sérologie FHCC sur des sérums issus de la faune sauvage dans huit départements (Haute-Corse non montrée sur la carte) du sud de la France.	147
Figure 46 : Cycle présumé de transmission enzootique du virus de la FHCC en France impliquant <i>H. marginatum</i> et ces différents hôtes vertébrés.	149
Figure 47 : Classement des différents facteurs de risque d'émergence de la FHCC en France selon leur ordre d'importance.	156
Figure 48 : Cartes représentant les témoignages de présence de tiques du genre <i>Hyalomma</i> (a) en 2020 (entre le 11/05 et le 03/09) et (b) en 2021 (entre le 25/02 et le 11/08).	179
Figure 49 : Carte présentant les pays ayant mis en place un système de surveillance des tiques, active ou passive, sur la période 2016-2020 parmi les pays membres du réseau VectorNet (50 pays concernés)	180

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

1.1 Contexte

Les populations de tiques du genre *Hyalomma* sont considérées en augmentation sur une partie de leur aire de répartition, qui semble s'étendre en Europe depuis la fin du XX^e siècle. La tique *Hyalomma marginatum* est présente en Corse depuis plusieurs décennies (Grech-Angelini *et al.* 2016). *Hyalomma marginatum* est considérée comme une espèce de tique invasive en France continentale, de récentes publications confirmant son installation sur le littoral méditerranéen (Vial *et al.* 2016; Stachurski et Vial 2018; Bahet *al.* 2022). D'autres espèces de *Hyalomma* sont également présentes en France, *H. scupense* en Corse (Grech-Angelini, 2016) et sur le continent (Vial et Stachurski, comm. pers.), et des données récentes montrent que *H. lusitanicum* serait également installée en France continentale (Stachurski, comm. pers.).

Cette évolution est préoccupante, car ces tiques sont vectrices de nombreux agents pathogènes responsables de maladies pour l'être humain (notamment du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo – FHCC – ou de Rickettsies) et de maladies animales (notamment *Babesia caballi* responsable de la piroplasmose équine).

Le virus de la FHCC (CCHFV) est responsable, chez l'être humain, de flambées de fièvre hémorragique sévère, dont le taux de létalité varie de 5 à près de 30 % (Spengler, Bergeron, et Spiropoulou 2019). Une séroprévalence du CCHFV de l'ordre de 10 % aurait récemment été mise en évidence chez les ruminants domestiques en Corse, sans qu'aucun cas humain n'ait encore été observé (Grech-Angelini *et al.* 2020). En 2016, deux cas autochtones de FHCC ont été confirmés à Madrid (Negredo *et al.* 2017), pour la première fois en Europe de l'Ouest. Une étude rétrospective, menée en 2020, a montré qu'un cas de FHCC était survenu dans la même province en 2013 (Negredo *et al.* 2021). Depuis, des cas de FHCC, dont certains mortels, sont rapportés quasiment tous les ans en Espagne (2018, 2020, 2021, 2022). De plus, la circulation du virus est en recrudescence dans la région des Balkans et en Turquie.

Aussi, l'Anses s'est autosaisie le 4 mars 2020 pour analyser les risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France.

1.2 Objet de la saisine

1.2.1 Objectifs

L'objectif de cette auto-saisine était de réaliser un état des connaissances sur les tiques du genre *Hyalomma* et les principaux agents pathogènes transmis par ces tiques, ainsi qu'une évaluation de la probabilité d'introduction du virus de la FHCC en France continentale.

Ainsi, la présente expertise, en s'appuyant sur une recherche documentaire, une analyse de la littérature et les connaissances des experts du groupe de travail (GT) « *Hyalomma* » avait pour but de répondre aux questions suivantes :

- 1) Quelles sont les données disponibles sur la présence des tiques du genre *Hyalomma* en France (en métropole et dans les départements et régions d'Outre-mer – DROM) ? Comment améliorer la surveillance de ces tiques (surveillance acarologique active

- (programmée) et/ou passive (événementielle), avec l'aide de projets de science citoyenne tels que CiTique) ? Quels sont les facteurs favorisant leur extension ?
- 2) Quels sont les agents pathogènes pour l'animal et/ou l'être humain susceptibles d'être transmis par les tiques du genre *Hyalomma* (qu'ils soient « exotiques » ou déjà présents) en France métropolitaine et dans les DROM ?
 - 3) Quelle est la probabilité d'introduction du virus de la FHCC en France continentale *via* les tiques *Hyalomma* dans un contexte de changements climatiques et de mondialisation des échanges ?
 - 4) Quelles sont les différentes mesures de prévention et de lutte anti-vectorielle possibles contre les tiques du genre *Hyalomma* ? Quelle est leur efficacité ?
 - 5) Quelles sont les données disponibles sur les mesures de gestion envisageables en cas de circulation virale (chez l'être humain ou les animaux) ou d'apparition de cas humains de FHCC et leur efficacité ?

1.2.2 Limites du champ d'expertise

Concernant les probabilités d'exposition aux agents pathogènes transmis par les tiques du genre *Hyalomma*, l'expertise ne s'est intéressée qu'aux voies de transmission impliquant des tiques, notamment la piqûre de tique. Les autres voies de transmission, comme le contact direct avec du sang infecté, bien qu'évoquées dans le rapport, n'ont pas été évaluées.

1.3 Modalités de traitement

1.3.1 Moyens mis en œuvre et organisation

L'Anses a confié au groupe de travail « *Hyalomma* », rattaché au comité d'experts spécialisé – CES « SABA », l'instruction de cette saisine. Les travaux d'expertise du groupe de travail ont été soumis régulièrement au GT « vecteurs » et au CES tant sur les aspects méthodologiques que scientifiques. Le rapport produit par le groupe de travail tient compte des observations et éléments complémentaires transmis par les membres du CES. Ces travaux sont ainsi issus d'un collectif d'experts aux compétences complémentaires.

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

1.3.2 Méthodologie suivie pour l'expertise

Pour répondre aux différentes questions de la saisine, les experts ont :

- dressé la liste de l'ensemble des tiques du genre *Hyalomma* décrites à ce jour et analysé l'ensemble des agents pathogènes associés à ces tiques dans la littérature (Annexe 3) ;
- sélectionné une liste restreinte d'espèces les plus susceptibles d'être introduites sur le territoire français (Chapitre 3) et évalué de manière qualitative leurs probabilités d'introduction et d'installation sur le territoire français en envisageant différents scénarios (Chapitre 4) ;
- identifié, après une analyse critique de la littérature, les agents pathogènes transmis par les tiques *Hyalomma* d'intérêt pour le territoire français, notamment le virus de la

fièvre hémorragique de Crimée-Congo (CCHFV) auquel a été portée une attention toute particulière dans le cadre de ces travaux (Chapitre 5), et évalué la probabilité d'exposition des êtres humains et/ou des animaux au CCHFV (Chapitre 6) et aux autres agents pathogènes (Chapitre 7) sur le territoire de la France continentale ;

- analysé les données et dispositifs de surveillance, de lutte et de prévention existants (Chapitre 8).

1.3.2.1 Recherches bibliographiques

La réalisation des travaux s'est principalement appuyée sur la synthèse et l'analyse critique des données publiées dans la littérature (articles scientifiques).

L'expertise des membres du GT « *Hyalomma* » a été mobilisée pour la rédaction de ce rapport. Ceux-ci ont sélectionné les articles et documents les plus pertinents pour documenter ce rapport. Des recherches bibliographiques ont été effectuées pour les sujets nécessitant un approfondissement, tel que la transmission vectorielle des différents agents pathogènes par les tiques du genre *Hyalomma*. Dans ce cas, les recherches bibliographiques ont été menées sur Scopus et PubMed.

1.3.2.2 Auditions et données complémentaires

Pour compléter ces données, les membres du groupe de travail ont également auditionné des experts extérieurs susceptibles d'apporter des informations et des données complémentaires utiles pour l'expertise (voir liste des personnes auditionnées dans le Janvier 2023, p 1) et utilisé les données disponibles (rapports, données issues des saisies des douanes, base de données TRACES-NT¹).

1.3.2.3 Analyses qualitatives

Afin d'évaluer les différentes probabilités d'introduction des tiques du genre *Hyalomma* et d'exposition aux agents pathogènes sur le territoire français, les experts se sont prononcés sur les niveaux de probabilités en utilisant les définitions des niveaux de risque proposés dans le Tableau 2, pondérés par les indices d'incertitudes décrits dans le Tableau 3.

¹ TRACES-NT (*Trade Control and Expert System*) est un réseau vétérinaire sanitaire de certification et de notification sous la responsabilité de la Commission Européenne. Il assure la traçabilité et le contrôle de l'ensemble des produits d'origine animale et des animaux vivants lors de leurs mouvements et importations en Europe.

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

Source: AFSSA 2008²

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

² <https://www.anses.fr/fr/system/files/SANT-Ra-MethodeRisque.pdf>

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

Source : adapté d'après les recommandations Anses (Anses 2016)

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

1.4 Prévention des risques de conflits d'intérêts

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

Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet <https://dpi.sante.gouv.fr/>.

2 Les tiques du genre *Hyalomma*

1. Classification des tiques du genre *Hyalomma*

Les tiques font partie de l'embranchement des *Arthropoda*, du sous-embranchement des *Chelicerata*, de la classe des *Arachnida*, la sous-classe des acariens et l'ordre des *Ixodida*. En tant qu'arachnides, elles possèdent quatre paires de pattes (à l'exception des larves qui n'en ont que trois), un corps divisé en deux parties (l'idiosome et le capitulum), des yeux simples, mais ni antennes ni ailes. Au sein des *Ixodida*, les tiques sont classées dans trois familles : les tiques molles (*Argasidae* ; environ 190 espèces), les tiques dures (*Ixodidae* ; environ 700 espèces) et les *Nutalliellidae* (comprenant un seul genre et une seule espèce, *Nutalliella namaqua*). Les tiques dures sont divisées en sous-familles dont celle des *Rhipicephalinae* à laquelle appartiennent les tiques du genre *Hyalomma* (Figure 1).

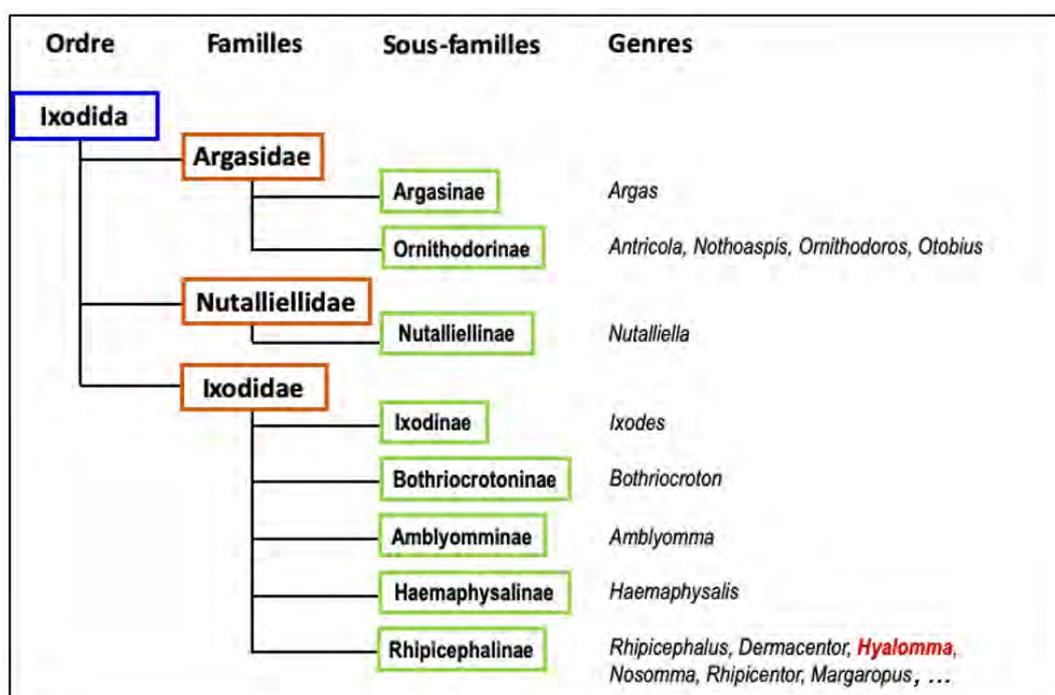


Figure 1 : Position systématique du genre *Hyalomma* au sein de l'ordre des *Ixodida*.
(Source : d'après Guglielmono *et al.* (2010))

Sands *et al.* (2017) font l'hypothèse que l'histoire évolutive du genre *Hyalomma* serait le fruit de la tectonique des plaques et des changements climatiques majeurs survenus en Afrique et en Eurasie, qui auraient créé, ou au contraire fait disparaître, des ponts terrestres permettant des migrations d'hôtes vertébrés entre les continents. L'ancêtre commun des *Hyalomma* spp. serait apparu il y a environ 36 millions d'années dans l'écozone orientale. Il y aurait eu ensuite dispersion et diversification dans les régions orientale, paléarctique et afrotropicale au début du Miocène (il y a environ 20 millions d'années).

Il y a actuellement consensus des spécialistes pour considérer comme valide, au sein du genre *Hyalomma*, une liste de 27 espèces, qui a été détaillée en 2010 (Guglielmono *et al.* 2010), et prend en compte les travaux phylogéographiques réalisés par Horak, Camicas et Keirans (2002), ainsi que ceux de Apanaskevich et Horak (2008) redécrivant de nombreuses espèces et réhabilitant certains noms (Figure 2).

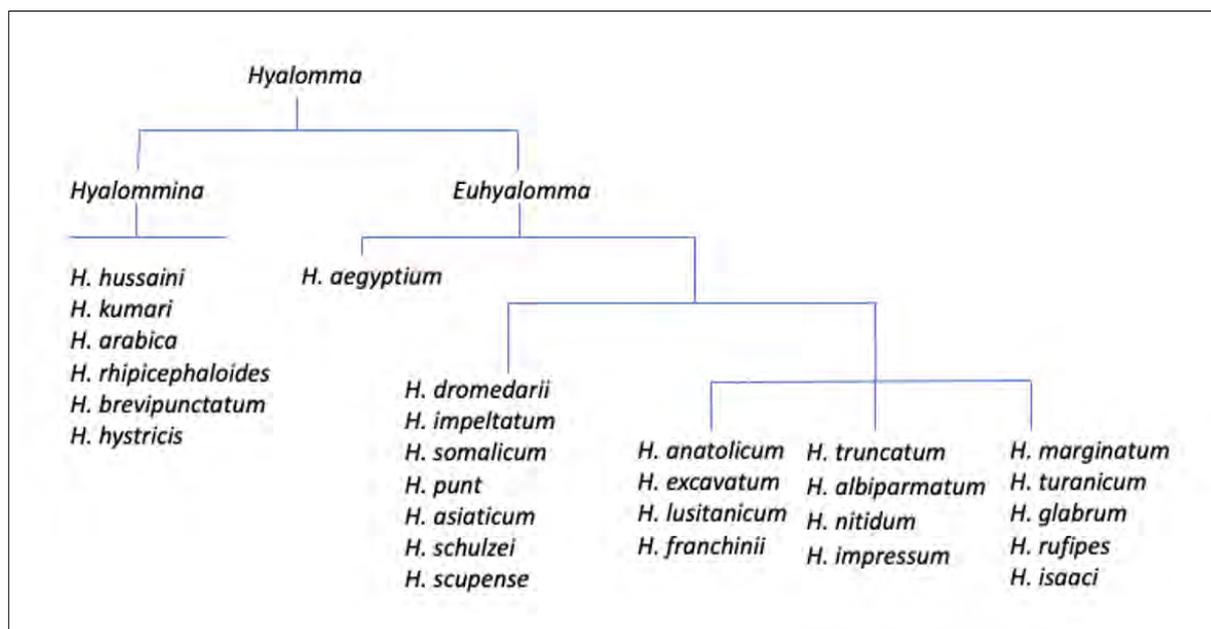


Figure 2 : Classification phylogénétique des tiques du genre *Hyalomma*.

(Source : Sands *et al.* 2017)

Plusieurs observations concernant le niveau intraspécifique laissent penser que la taxonomie des tiques du genre *Hyalomma* pourrait encore évoluer. Il a été par exemple observé de la spéciation cryptique³ au sein de *H. rufipes* et de *H. truncatum*, des espèces possédant des aires géographiques très larges (Cangi *et al.* 2013; Sands *et al.* 2017). À l'inverse, au Pakistan, *H. marginatum* et certaines *H. turanicum* présentent des séquences génétiques similaires alors que leurs caractères morphologiques diffèrent, ce qui peut suggérer une spéciation très récente entre ces deux espèces. Il a aussi été rapporté des possibilités d'hybridation entre des espèces morphologiquement distinctes, telles que *H. dromedarii* et *H. truncatum* avec *H. rufipes* (Rees, Dioli, et Kirkendall 2003).

2.1 Répartition géographique des tiques du genre *Hyalomma*⁴

Les tiques du genre *Hyalomma* sont présentes dans l'ensemble de l'Ancien Monde et absentes du continent américain et d'Océanie. Leur répartition globale actuelle est représentée sur la Figure 3. La distribution originelle des espèces du genre *Hyalomma*, conditionnée par leurs préférences écologiques pour les climats secs avec une période chaude supérieure à trois mois, est regroupée autour des déserts tropicaux du Sahara, des zones désertiques du Proche-Orient, et des déserts tempérés d'Asie centrale. À partir de ces régions, les tiques du genre *Hyalomma* ont gagné les zones tropicales ouvertes d'Asie et d'Afrique, et les zones méditerranéennes.

³ Processus évolutif aboutissant à un groupe de plusieurs espèces distinctes bien que morphologiquement identiques.

⁴ Selon les experts, il n'existe pas de synthèse récente sur la biologie et l'écologie des tiques du genre *Hyalomma*. En conséquence, les § 2.2 et 2.3 de ce chapitre sont basés en grande partie sur le tapuscrit de l'ouvrage de Pierre-Claude Morel « Les tiques d'Afrique et du bassin méditerranéen » (Morel 2003), inachevé au moment de son décès (1996), non publié mais édité sous forme de CD-Rom par le CIRAD en 2003. Ce document comprend 210 pages sur les tiques du genre *Hyalomma*, dont des chapitres de généralités et des monographies de la plupart des espèces, synthétisant les travaux réalisés jusqu'en 1995 sur ces tiques notamment en Afrique et par les chercheurs russes (ou soviétiques) puisque plusieurs espèces de *Hyalomma* sont présentes dans la partie méridionale de l'ancienne Union Soviétique.

Les formations végétales favorables aux tiques du genre *Hyalomma* sont très ouvertes, voire dénudées : steppes semi-désertiques sahariennes, somaliennes, kalahariennes, arabo-persiques ou tourano-mongoles ; steppes xérophytes méditerranéennes, sahéliennes, somaliennes, arabo-persiques ou du Karoo (Afrique du Sud et Namibie) ; maquis méditerranéen, maquis du Cap ; savanes soudaniennes, rhodésiennes, angolaises. En dehors de ces zones, des populations localisées de *Hyalomma* spp. peuvent habiter l'étage pré-méditerranéen ou caucasien et les savanes subéquatoriales. La raréfaction ou l'absence de tiques du genre *Hyalomma* dans les zones équatoriales est corrélative de ces préférences écologiques.

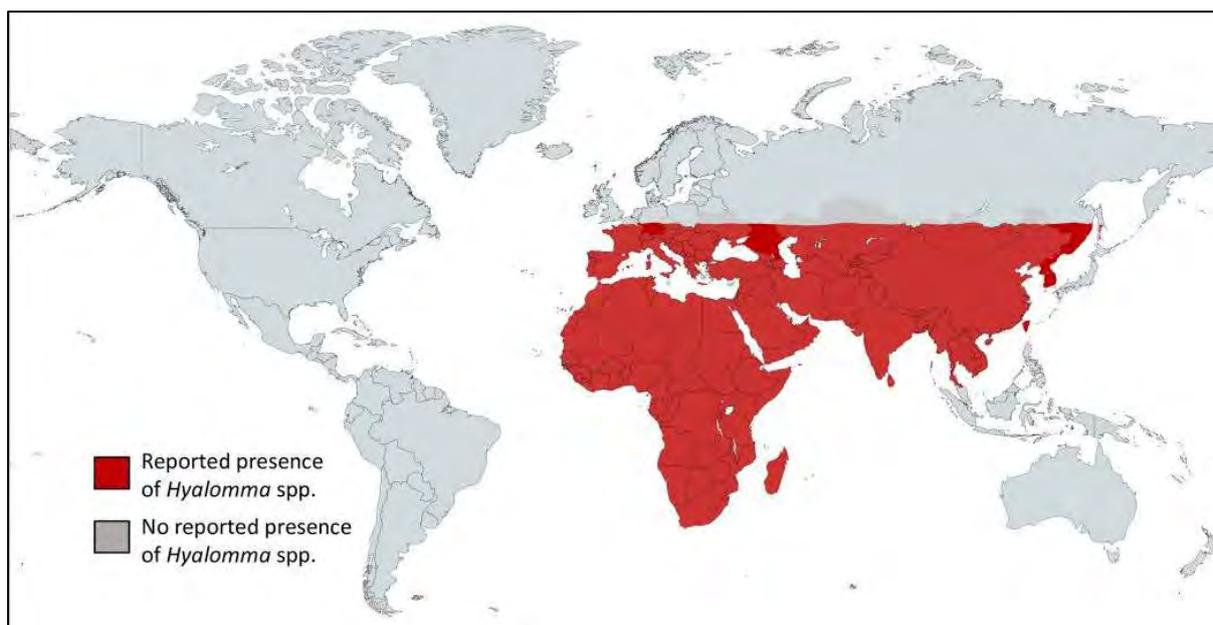


Figure 3 : Répartition globale des tiques du genre *Hyalomma*

(Source : Bonnet *et al.* 2022) Il est à noter que la distribution des tiques du genre *Hyalomma* n'est pas homogène dans l'ensemble de la zone rouge. Pour les tiques d'intérêt pour le territoire français, leurs distributions respectives sont détaillées et précisées dans le chapitre 3.

2.2 Bio-écologie générale des tiques du genre *Hyalomma*

La bio-écologie des espèces de *Hyalomma* d'intérêt pour le territoire français sera détaillée pour chacune d'entre elles dans le Chapitre 3. Ne sont abordées ici que des généralités communes au genre *Hyalomma*.

Comme toutes les tiques, celles du genre *Hyalomma* sont des hématophages stricts dont la vie est rythmée par l'alternance de phases « libres » et de phases parasitaires au cours desquelles elles prennent leurs repas de sang sur leurs hôtes vertébrés. Elles présentent trois stases de développement : les larves, les nymphes et les adultes (mâles et femelles). À l'instar des autres tiques dures, les tiques du genre *Hyalomma* ne prennent **qu'un repas sanguin par stase** avant de se métamorphoser (larve et nymphe) ou, après fécondation, de pondre des œufs (femelle).

Dans leur majorité, les tiques du genre *Hyalomma* ont un **cycle triphasique** : chacune des trois stases doit trouver un hôte sur lequel se gorger et dont elle se détachera ensuite. Certaines sont cependant **diphases** comme celles du groupe *marginatum*, larves et nymphes prenant leurs repas de sang sur le même hôte, la métamorphose larvaire se déroulant sur cet hôte, et une espèce, *H. scupense*, est **monophasique** (les trois stases

restent sur le même hôte). Les tiques du genre *Hyalomma* se nourrissent sur des hôtes vertébrés domestiques ou sauvages. Les êtres humains, en s'introduisant dans l'écosystème de ces hôtes, peuvent devenir des hôtes accidentels des tiques (Swanepoel *et al.* 1998). Elles sont généralement **ditropes**, les adultes présentant des préférences trophiques différentes des stases immatures (larves et nymphes). Les hôtes de ces dernières sont la plupart du temps de petits vertébrés, alors que les adultes se gorgent principalement sur les grands ongulés. Le cycle des tiques du genre *Hyalomma* est dit **endo-exophile** car les immatures sont généralement endophiles (habitat abrité comme des terriers) et les adultes exophiles (habitat semi-ouvert à ouvert). Ces derniers présentent généralement **un comportement dit « chasseur » lors de la recherche de leurs hôtes** vers lesquels ils se dirigent activement après les avoir repérés (par les vibrations du sol, le gaz carbonique expiré et les odeurs émises, la vue, etc).

Le genre *Hyalomma* comprend les espèces les plus **xérophiles** parmi l'ensemble des tiques, et présente l'adaptation la plus poussée aux climats désertiques tropicaux chauds ou tempérés. L'existence d'une saison sèche annuelle est une nécessité remarquable pour ces tiques : les populations de *Hyalomma* spp. sont absentes des climats subéquatoriaux ou équatoriaux ou des climats tempérés où le régime des pluies est trop abondant et régulier. Outre l'excès d'humidité, le facteur limitant leur distribution semble être un seuil de température critique pendant une durée définie, paramètres en-deçà desquels leur développement n'est plus possible (Morel 2003). Pour chaque stase de chaque espèce, il serait donc possible de déterminer le nombre de degrés-jours nécessaire au développement de la phase en question (Morel 2003).

Les adultes des tiques du genre *Hyalomma* dont l'habitat typique correspond aux climats tropicaux secs (*H. impeltatum*, *H. dromedarii*, *H. rufipes*) ne présentent pas de périodes d'activité particulière, les adultes pouvant être trouvés sur leurs hôtes toute l'année. Les populations de ces mêmes espèces, sous des conditions climatiques légèrement différentes, par exemple dans les savanes subtropicales, ne sont actives que pendant la saison sèche et se raréfient au cours des mois pluvieux. Les tiques du genre *Hyalomma* dont l'habitat normal correspond aux savanes subtropicales (*H. impressum* et *H. nitidum*, par exemple) présentent un pic d'activité de la stase adulte pendant la saison pluvieuse, bien qu'on puisse aussi les observer en saison sèche. En région méditerranéenne, la plupart des tiques du genre *Hyalomma* sont des tiques actives au printemps et en été, la durée de la période d'activité variant suivant la latitude. La seule espèce à activité proprement hivernale est *H. scupense*, plus particulièrement les populations les plus septentrionales de cette espèce dont toutes les stases se succèdent sur les herbivores en un cycle monophasique de novembre (larves) à mars (adultes) (Morel 2003). Toutefois, les populations de *H. scupense* vivant en Afrique du nord ont un cycle différent : les immatures infestent les bovins en automne, et les adultes au printemps et en été (Walker 2003; Gharbi et Darghouth 2014).

Pour les immatures, il est également difficile d'établir des généralités. Dans certains cas (*H. truncatum*, *H. rufipes*), les immatures sont présents surtout pendant les mois secs de l'automne et du printemps. Dans d'autres cas, on les observera uniquement en été, pendant les mois les plus chauds (*H. marginatum* en France, *H. impeltatum* en Egypte). Pour certaines espèces (*H. franchinii*, *H. dromedarii*), il ne semble pas y avoir de variations saisonnières marquées, les tiques étant potentiellement observées tout au long de l'année.

La plus grande partie des adultes de tiques du genre *Hyalomma* se fixe sur les zones à peau fine des ongulés, surtout dans la région génito-mammaire, et autour de l'anus (sites de

prédilection). On peut parfois les retrouver aussi sur la poitrine, l'ars⁵ et le fanon⁶, ou entre les crins du touppillon caudal. La localisation sur les membres, le dos, la croupe ou l'encolure est peu fréquente. Sur les rongeurs, les immatures se gorgent sans site de prédilection particulier, quand les immatures des tiques du genre *Hyalomma* du groupe *marginatum* sont habituellement fixés sur la tête des oiseaux. Les *H. aegyptium* se fixent sur la peau souple des régions axillaires ou inguinales des tortues.

2.3 Rôle pathogène direct

Même en l'absence de transmission d'agents pathogènes, les tiques peuvent, du simple fait de leur piqûre, représenter un danger pour les animaux comme pour l'être humain en tant qu'**ectoparasite**. Dans ce cadre, elles ont surtout un impact important en santé animale et peuvent être responsables de pertes économiques conséquentes pour les éleveurs.

Lors de leur fixation pour la prise de leur repas de sang, les tiques insèrent leurs pièces buccales dans la peau de l'hôte vertébré, perforant et dégradant ainsi la peau de l'animal, ce qui peut générer des pertes économiques pour l'industrie du cuir. De plus, les longues pièces buccales des *Hyalomma* spp. génèrent de sérieuses plaies chez leurs hôtes lors des piqûres. Ces plaies sont d'autant plus importantes que les tiques du genre *Hyalomma* adultes ont tendance à se regrouper dans quelques sites de prédilection de faible dimension. Ces plaies peuvent secondairement être colonisées par des bactéries, ou par des larves de diptères à l'origine de myiases, risque accentué par le contexte d'immunodépression locale due à la salive de la tique (Jongejan et Uilenberg 1994). Cela a notamment été montré pour *H. truncatum* dont les piqûres génèrent des nécroses qui favorisent des infections secondaires et attirent les diptères *Chrysomya bezziana* provoquant ainsi une myiase (Walker 2003).

De plus, le repas sanguin des tiques dures étant extrêmement long (jusqu'à plus de 10 jours pour des adultes) et volumineux (jusqu'à 200 fois leur poids à jeun pour les femelles de certaines espèces), une infestation massive aura pour conséquence un fort affaiblissement de l'hôte à cause de la spoliation sanguine et de l'anémie induite, avec un impact sur la production de lait et de viande et sur la sensibilité de l'animal vis-à-vis d'infections diverses. Aucune étude spécifique ne semble avoir été réalisée sur les pertes directes (réduction de la croissance ou de la production laitière) causées par les tiques du genre *Hyalomma*. En revanche, plusieurs études, réalisées en Zambie (Pegram et Oosterwijk 1990) ou au Cameroun (Stachurski *et al.* 1993), ont permis d'évaluer les pertes dues à une autre tique à rostre long, *Amblyomma variegatum*. Ces travaux ont montré que le gorgement de chaque femelle d'*A. variegatum* entraînait une réduction d'environ 50 grammes du poids, bien supérieure au volume de sang absorbé par la tique.

Hyalomma truncatum est aussi, chez les animaux, à l'origine d'une affection nommée *sweating sickness* ou « dyshidrose à tiques » due à des toxines présentes dans sa salive. Après une période d'incubation de 4 à 11 jours, les signes apparaissent soudainement et comprennent une hyperthermie, de l'anorexie, de l'apathie, des écoulements au niveau des yeux et du nez, une hyperémie des muqueuses visibles, de la salivation, une nécrose de la muqueuse buccale et une hyperesthésie (Dolan et Newson 1980). Seules les populations de *H. truncatum* d'Afrique australe sont responsables de cette maladie, alors que l'espèce est également présente en Afrique de l'ouest et centrale. Cette différence pourrait être due à un phénomène

⁵ Partie du cheval située à la jonction des membres antérieurs et du poitrail.

⁶ Le fanon est le pli de peau qui pend sous le cou de certains bovins, notamment des zébus.

de spéciation cryptique en cours.

Les tiques du genre *Hyalomma* peuvent également être à l'origine de réactions allergiques chez l'être humain. Ainsi, un choc anaphylactique suite à une piqûre de *H. marginatum* a été rapporté avec une identification, chez le patient, d'immunoglobulines E (IgE) reconnaissant des protéines salivaires de la tique (mais sans réaction anti-*alpha*-Galactose) (Mateos-Hernández *et al.* 2017). Enfin, quelques cas de paralysie localisée ont été également rapportés suite à la fixation de tiques du genre *Hyalomma* adultes sur un être humain, comme cela a été rapporté pour d'autres espèces de tiques (Borawski *et al.* 2018). Ainsi, une paralysie faciale asymétrique accompagnée d'une douleur locale a été observée chez une personne suite à la fixation d'une femelle *Hyalomma* sp., d'une espèce non précisée, dans le conduit auditif (Dogan *et al.* 2013).

2.4 Rôle pathogène indirect par transmission vectorielle (avérée ou suspectée) d'agents pathogènes

2.4.1 Mécanismes généraux de la transmission vectorielle chez les tiques dures

Outre leur impact direct en tant qu'ectoparasites, les tiques sont, au niveau mondial, le deuxième vecteur d'agents pathogènes touchant les humains derrière les moustiques, et le premier vecteur d'agents pathogènes en santé animale (de la Fuente *et al.* 2008; Jones *et al.* 2008). Ce sont les arthropodes capables de transmettre la plus grande variété d'agents pathogènes incluant des bactéries, des parasites (protozoaires, helminthes) et des virus (de la Fuente *et al.* 2017). Néanmoins, comme l'ensemble des vecteurs, les tiques ne transmettent pas ces agents pathogènes comme de simples « seringues ». Chaque espèce, voire chaque population de tiques, possède une **compétence vectorielle** qui correspond à son aptitude intrinsèque à acquérir l'agent pathogène en se gorgeant sur un hôte infecté, à permettre la multiplication de cet agent et à le retransmettre (la compétence vectorielle s'étudie en laboratoire). À cette compétence vectorielle s'ajoute l'ensemble des facteurs extérieurs à même d'influencer la transmission et définissant ainsi la **capacité vectorielle** qui est l'aptitude d'un vecteur à transmettre un agent pathogène à un moment donné et dans une région définie (Rodhain et Perez 1985). La capacité vectorielle dépend de conditions extrinsèques telles que l'humidité, la température, l'abondance du vecteur, ses préférences trophiques, etc. (elle s'étudie sur le terrain).

C'est au cours de leurs repas sanguins que les tiques peuvent acquérir des agents pathogènes présents chez des hôtes vertébrés infectés. Plusieurs voies de **transmission à l'hôte vertébré** sont alors possibles, *via* un dépôt sur la peau de l'hôte (*via* les fèces ou par écrasement), ou *via* l'injection de salive qui accompagne le repas sanguin et qui représente la voie de transmission prépondérante chez les tiques (Figure 4) (Moutailler *et al.* 2016).

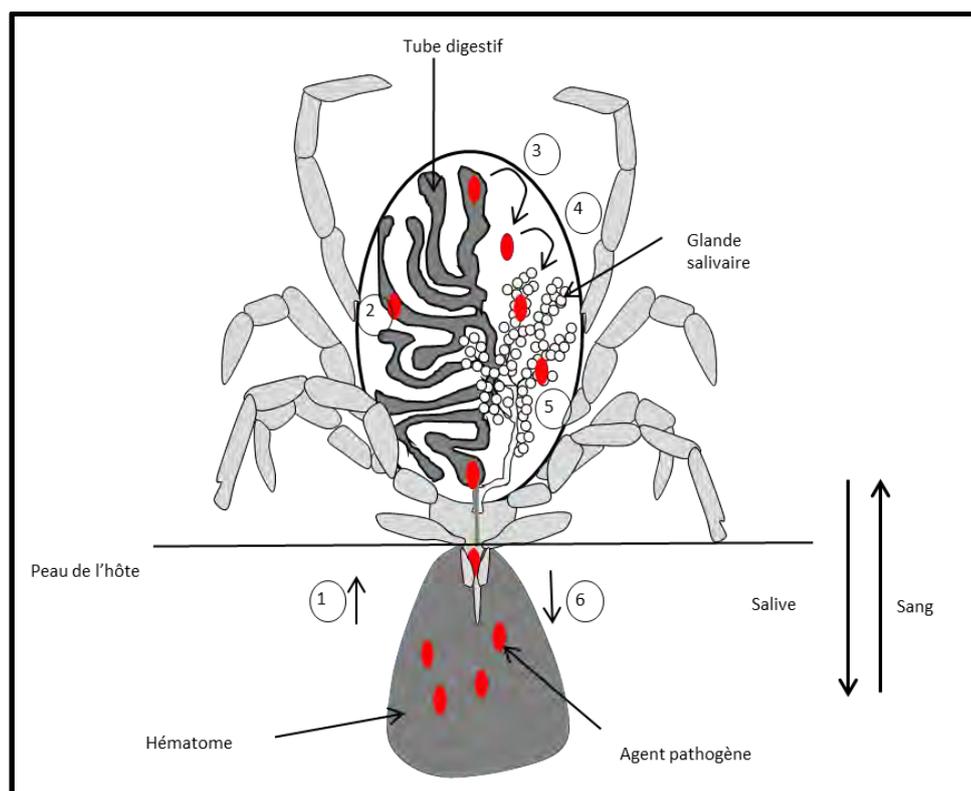


Figure 4 : Représentation schématique de l'acquisition et de la transmission salivaire d'agents pathogènes par une tique lors d'un repas sanguin

(Source : D'après Šimo *et al.* (2017)). Les agents pathogènes (AP) sont ingérés par la tique au cours du repas sanguin et envahissent l'intestin (1) ; certains AP vont rester dans l'intestin jusqu'à la prochaine métamorphose (2), d'autres vont franchir immédiatement la barrière épithéliale pour se disséminer dans le corps de la tique (3) ; les AP vont coloniser les glandes salivaires (4) et s'y multiplier (5) pour ensuite être transmis lors du repas sanguin de la stase suivante *via* la sécrétion salivaire dans la piqûre (6).

Au sein de la population de tiques, un agent pathogène peut être transmis d'une stase de développement à la ou les suivantes par **transmission transstadiale** (indispensable pour qu'il y ait transmission à des hôtes vertébrés chez les tiques dures qui ne prennent qu'un repas de sang par stase), de la femelle à sa descendance par **transmission transovarienne**, d'une tique à l'autre par **transmission sexuelle** entre mâles et femelles, ou par le phénomène de « **co-feeding** ». Dans ce dernier cas, une tique infectée par un agent pathogène peut le transmettre à une tique « saine » se gorgeant à proximité, et ce même en l'absence d'infection systémique de l'hôte vertébré (Pérez-Eid 2007).

2.4.2 Agents pathogènes identifiés comme potentiellement transmis par les tiques du genre *Hyalomma*

De très nombreux agents pathogènes – parasites, viraux ou bactériens – ont été mentionnés dans la littérature scientifique comme étant transmis ou potentiellement transmis par des tiques du genre *Hyalomma*. La synthèse de ces études, avec le niveau de preuve de la transmission vectorielle (qui varie d'une simple détection d'ADN ou d'ARN dans des tiques collectées dans la nature ou sur des hôtes vertébrés, à une démonstration formelle de la transmission expérimentale d'un hôte vertébré infecté à un hôte vertébré, ainsi que des

évidences épidémiologiques apportant un niveau de preuve élevé – voir Encadré 1) est présentée dans le tableau de l'Annexe 2.

Encadré 1 : Niveau de preuve pour valider une transmission vectorielle

La seule détection d'ADN ou d'ARN chez une tique collectée dans l'environnement ou sur un hôte vertébré ne valide en rien une transmission vectorielle. Elle indique seulement que la tique s'est gorgée sur un animal infecté. Bien qu'une telle détection chez des tiques non gorgées soit plus indicative qu'une détection chez des tiques gorgées, il faut garder à l'esprit que, l'ADN étant très résistant, il est possible de détecter chez une tique de l'ADN provenant des restes du repas sanguin de la stase précédente (Léger *et al.* 2015).

La détection d'ARNm pour des agents pathogènes à ADN, reflétant *a priori* la présence d'un organisme vivant, présente quant à elle un niveau de preuve supplémentaire mais non suffisant malgré tout. Dans certains cas, des preuves indirectes, telles qu'une co-occurrence d'un agent pathogène donné chez une espèce de tique et chez les hôtes vertébrés infestés, des co-infections avec des agents pathogènes connus pour être transmis par les tiques, ou encore l'apparition d'une maladie suite à des piqûres de tiques, peuvent représenter des indices épidémiologiques notables. La démonstration d'une transmission transstadiale et/ou transovarienne, qui valide l'existence d'un développement de l'agent pathogène chez les tiques, représente quant à elle une indication très marquante en faveur d'une transmission vectorielle. Néanmoins, seule la validation de l'aptitude d'une espèce de tique à acquérir un agent pathogène sur un hôte infecté, à permettre son développement/sa multiplication, puis à le transmettre à la faveur d'un nouveau repas sanguin à un nouvel hôte représente une preuve formelle de la compétence vectorielle vis-à-vis d'un agent pathogène donné. Malheureusement, très peu d'expériences de compétence vectorielle ont été conduites en raison des difficultés rencontrées lors de la réalisation des cycles complets en conditions expérimentales (nécessité de disposer de tiques « saines », d'hôtes vertébrés adaptés à la fois aux tiques et aux agents pathogènes - ou d'avoir à disposition une technique efficace de gorgement artificiel des tiques -, d'une culture de l'agent pathogène, des niveaux de biosécurité requis...).

Pour établir le Tableau 4, les experts se sont basés sur la liste des 27 espèces de *Hyalomma* décrites selon Guglielmo *et al.* (2010). Les espèces pour lesquelles aucun élément ne permet à ce jour de démontrer un potentiel rôle de vecteur, n'ont pas été incluses. Il s'agit des espèces *H. albiparvum*, *H. arabica*, *H. brevipunctatum*, *H. glabrum*, *H. hystricis*, *H. nitidum*, *H. punctatum*, *H. rhipicephaloides*, *H. franchinii* et *H. kumari*.

Pour la recherche bibliographique, les termes "*Hyalomma*" et "[agent pathogène recherché]" (l'ensemble des micro-organismes dont la transmission par des tiques a été rapportée dans la littérature scientifique, toutes espèces confondues, avec exclusion *de facto* des symbiontes) ont été recherchés avec l'opérateur booléen « AND » dans les bases de données Pubmed et Scopus. Le nombre de références pour chacune de ces deux bases de données est indiqué dans le tableau.

Les experts ont également inclus dans leurs recherches bibliographiques les noms d'espèces de *Hyalomma* toujours valides et ceux ayant été utilisés pendant quelques décennies mais abandonnés depuis en faveur des noms actuellement employés. Ainsi, ont également été considérées dans ce tableau :

- *Hyalomma plumbeum* Panzer, 1975 : nom utilisé principalement dans les pays de l'ancienne union soviétique ; cette tique a été reclassée plus récemment comme *H. marginatum* (Apanaskevich et Horak 2008) ;

- *Hyalomma detritum* Schulze, 1919, qui a été reclassée comme *H. scupense* (Guglielmone *et al.* 2009), tout comme *H. uralense* et *H. volgense*.

À noter que les données identifiées pour *H. savignyi* n'ont pas été considérées par les experts, bien que cette tique ait été reclassée comme *H. lusitanicum*. Le nom de *H. savignyi* ayant été donné de manière générique à une espèce comprenant différentes sous-espèces, les données pourraient correspondre tout aussi bien à *H. lusitanicum* qu'à *H. anatolicum*, *H. impeltatum*, *H. impressum*, *H. marginatum* ou *H. truncatum*.

Pour beaucoup d'agents pathogènes, le niveau de preuve apporté par la littérature scientifique n'est pas considéré comme suffisant par les experts du GT pour valider l'existence formelle d'une transmission vectorielle. Cette dernière n'a en effet été expérimentalement validée que pour les agents pathogènes mentionnés dans le Tableau 4. Pour les protozoaires des genres *Hemolivia* et *Hepatozoon*, l'infection d'un nouvel hôte a été rapportée via l'ingestion d'une tique infectée. Cette transmission ne se produit donc pas à la faveur d'une piqûre lors de la prise d'un repas sanguin et ne peut être considérée comme une transmission vectorielle suivant la définition acceptée de cette dernière.

Tableau 4 : Agents pathogènes pour lesquels une transmission d'un hôte infecté à un hôte initialement sain par piqûre de tique *Hyalomma* a été validée expérimentalement

Seules les espèces considérées comme d'intérêt par les experts du GT sont présentées.

	<i>H. anatolicum</i>	<i>H. aegyptium</i>	<i>H. dromedarii</i>	<i>H. excavatum</i>	<i>H. impeltatum</i>	<i>H. lusitanicum</i>	<i>H. marginatum</i>	<i>H. rufipes</i>	<i>H. scupense</i>	<i>H. truncatum</i>
Virus de la FHCC			X		X		X	X		X
Virus de la Peste équine africaine			X							
Virus de l'Encéphalite équine du Venezuela										X
<i>Theileria annulata</i>	X		X	X		X			X	
<i>Theileria equi</i>	X			X						
<i>Theileria lestoquardi</i>	X									
<i>Theileria ovis</i>	X									
<i>Babesia occultans</i>								X		
<i>Coxiella burnetii</i>		X								
<i>Anaplasma marginale</i>				X						
<i>Rickettsia aeschlimannii</i>							X	X		

Les agents pathogènes susmentionnés, outre CCHFV, sont présentés et l'exposition à ces derniers suite à une piqûre de tique *Hyalomma* sp. en France a été appréciée dans le chapitre 7 du présent rapport.

3 Les espèces de *Hyalomma* d'intérêt pour le territoire français

3.1 Sélection des espèces de *Hyalomma* d'intérêt pour le territoire français

Le Tableau 5 présente les principales caractéristiques bio-écologiques (répartition géographique, préférences trophiques et écologiques) des 27 espèces du genre *Hyalomma*, ainsi que les critères utilisés pour sélectionner les tiques qui méritent d'être étudiées en lien avec un risque pour le territoire français, à savoir :

- rôle de vecteur d'agents pathogènes ;
- présence sur les territoires français ;
- proximité géographique avec les territoires français ;
- introduction possible sur les territoires français par les hôtes terrestres* ;
- introduction possible sur les territoires français par les oiseaux migrateurs ;
- adéquation actuelle des territoires français avec les exigences climatiques/écologiques de l'espèce de tique du genre *Hyalomma*.

*Concernant ces hôtes, les informations relatives aux espèces hôtes sauvages sont limitées du fait de la difficulté de les examiner.

À partir des données recensées dans le Tableau 5, dix espèces de tiques du genre *Hyalomma* ont été retenues comme étant d'intérêt car répondant positivement à au moins deux de ces critères en plus d'être vectrices d'agents pathogènes : *H. aegyptium*, *H. anatolicum*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum*, *H. rufipes* et *H. truncatum*, ainsi que *H. marginatum*, *H. scupense* et *H. lusitanicum* déjà présentes sur le territoire français.

Tableau 5 : Caractéristiques bio-écologiques des 27 espèces du genre *Hyalomma* et critères de sélection des espèces d'intérêt pour les territoires français.

Les espèces sélectionnées sont mentionnées en grisé.

Les (1), (2) et (3) détaillés ci-dessous correspondent aux chiffres en exposant dans la première ligne du tableau.

(1) Les données présentées dans le tableau sont essentiellement basées sur le manuscrit de l'ouvrage de Pierre-Claude Morel « Les tiques d'Afrique et du bassin méditerranéen », et les ouvrages de Walker (2003) et Estrada-Peña *et al.* (2004). Les codes suivants sont utilisés pour décrire les hôtes ; en cas de nécessité, des précisions sont apportées.

- ONG (grands ongulés) ou, plus spécifiquement, RUM (ruminants), BV (bovins), OV (ovins), CP (caprins), DR (dromadaires), CV (chevaux), SD (suidés dont SG : sangliers)
- PMM (petits mammifères) ou, plus spécifiquement, RG (rongeurs myomorphes : rats, souris, gerbilles, etc), LG (lagomorphes : lièvres et lapins), HR (hérissons), INV (autres insectivores, notamment musaraignes)
- CN (chiens) ; O (oiseaux, notamment ceux fréquemment au sol) ; REP (reptiles dont LZ : lézards)

(2) Le rôle vecteur n'est mentionné que lorsque celui-ci a été formellement démontré vis-à-vis d'au moins un agent pathogène (voir Annexe 2 et Encadré 1)

(3) Les introductions ou disséminations de tiques dépendent des déplacements de leurs hôtes. Elles peuvent se faire **via les hôtes terrestres (T)**, introductions d'animaux domestiques (bovins, ovins, chevaux...) pour des raisons commerciales ou événementielles (compétitions ou expositions) ou introductions d'animaux sauvages frauduleuses ou non (sangliers, lièvres, faisans, Nouveaux Animaux de Compagnie...), ou **via les oiseaux migrateurs (O)**.

Espèce	Répartition géographique ¹	Hôtes des immatures (I) et des adultes (A) ¹	Exigences climatiques ; M = méditerranéen·ne ¹	Rôle vecteur ²	Présence sur les territoires français	Proximité géographique	Introduction possible ³	Adéquation actuelle aux exigences climatique et écologiques de l'espèce
<i>H. aegyptium</i>	De la région méditerranéenne à l'est de la Chine <i>via</i> le Caucase. Mentionnée en Grèce, Albanie, Italie	I : tortues, O (et à un moindre degré, PMM et REP) A : tortues (et HR)	Endophile et thermophile (au moins 4 mois avec T° _{moyenne} > 20°C. Zones sèches M et steppe asiatique, mais pas zones désertiques	oui	oui (identification d'un mâle sur une tortue en Corse en 2004)	oui	oui (T et O)	moyenne : aurait besoin d'un mois d'été avec T° moyenne > 25°C
<i>H. albiparatum</i>	Afrique de l'Est (Kenya, Tanzanie)	I : RG, LG, O A : ONG (notamment BV)	Steppes boisées somaliennes. Pluviométrie entre 250 et 750 mm.	non	non	oui (Mayotte, La Réunion)	non	non

Espèce	Répartition géographique ¹	Hôtes des immatures (I) et des adultes (A) ¹	Exigences climatiques ; M = méditerranéen·ne ¹	Rôle vecteur ²	Présence sur les territoires français	Proximité géographique	Introduction possible ³	Adéquation actuelle aux exigences climatique et écologiques de l'espèce
<i>H. anatolicum</i>	Afrique du Nord et de l'Est, Turquie et Moyen-Orient, Asie (de l'Afghanistan à l'Inde)	I et A : ONG	Adaptée aux zones arides steppiques voire désertiques de M et d'Asie (200-500 mm). Thermophile : moyenne en juillet-août > 28°C (même si gel en hiver). Mais comme endophile, assez indépendante du climat	oui	non	oui	oui (T)	non mais tique endophile
<i>H. arabica</i>	Yémen et Arabie Saoudite	I : RG A : OV,CP	Non documenté	non	non	non	non	?
<i>H. asiaticum</i>	Asie (de la Turquie à la Chine)	I : RG, LG, HR, INV A : ONG (notamment DR et OV)	Steppes semi-désertiques à boisées à très forte amplitude thermique (comme au Sahara avec plusieurs mois de gel en hiver). Endophile (terriers) pour femelles et I gorgés. Plutôt proche des bassins fluviaux	oui	non	non	oui (T)	non
<i>H. brevipunctatum</i>	Inde, Sri-Lanka, Pakistan	I : RG, INV A : ONG et cervidés	Non documenté	non	non	non	non	?
<i>H. dromedarii</i>	De l'Inde et la Chine orientale à la péninsule arabique. Afrique du nord-est, et régions sahéliennes de l'Afrique de l'Ouest et centrale	I : RG, O, REP, HR et ONG A : ONG domestiques et sauvages	Adaptée aux zones d'extrême sécheresse, mais surtout présente dans les oasis. Steppes désertiques à boisées. Pas présente dans les zones désertiques froides	oui	non	oui	oui (T et O)	faible
<i>H. excavatum</i>	De l'Afrique du Nord à l'Afghanistan, Grèce, Turquie, îles Canaries, Sicile, Balkans	I : RG, LG, INV A : ONG	Steppes sèches M et asiatiques. Zones pré-désertiques. L'isotherme de 27°C en juillet est la limite nord	oui	non	oui	oui (T)	non
<i>H. franchinii</i>	Partie orientale de la région sud-méditerranéenne	I : LZ, RG A : ONG	Zones désertiques (type éboulis rocheux) ; pluviométrie < 100-200 mm	non	non	oui	oui (T)	non

Espèce	Répartition géographique ¹	Hôtes des immatures (I) et des adultes (A) ¹	Exigences climatiques ; M = méditerranéen·ne ¹	Rôle vecteur ²	Présence sur les territoires français	Proximité géographique	Introduction possible ³	Adéquation actuelle aux exigences climatique et écologiques de l'espèce
<i>H. glabrum</i> (proche de <i>H. marginatum</i>)	Afrique du Sud	I : LG, O A : ONG sauvages (notamment zèbres), CN	Steppe du Karoo. Pluviométrie entre 125 et 375 mm ; tolère le gel (5 mois/an) et les zones très chaudes	non	non	non	non	non
<i>H. hussaini</i>	Inde, Pakistan	I : RG, INV A : ONG	Non documenté	non	non	non	non	?
<i>H. hystricis</i>	Inde	I et A : porc-épic	Non documenté	non	non	non	non	?
<i>H. impeltatum</i>	De l'Afrique du Nord au Pakistan. Turquie. Afrique subsaharienne (du Sénégal à la Somalie)	I : RG, LG, HR, LZ, O A : ONG	Régions arides et semi-arides. Très abondante entre 100 et 500 mm	oui	non	oui	oui (T)	faible
<i>H. impressum</i>	De l'Afrique subsaharienne de l'ouest à l'Ethiopie (pas au Maghreb)	I : RG et HR A : ONG (notamment BV).	Zones de savane et steppes à pluviométrie comprise entre 200 et 1250 mm. I endophiles.	non	non	non	non	faible
<i>H. isaaci</i> (proche de <i>H. marginatum</i>)	Inde, Pakistan, Afghanistan, Birmanie, Népal	I : O A : ONG, CN	Probablement mêmes écosystèmes que <i>H. marginatum</i> .	oui	non	non	non	oui
<i>H. kumari</i>	Inde, Pakistan, Afghanistan	I : RG, INV A : RUM mais aussi CV, CN, tigre	Non documenté	non	non	non	non	?
<i>H. lusitanicum</i>	Méditerranée occidentale	I : lapins (à un moindre degré RG) A : RUM domestiques et sauvages, CV, SG	Forêts et maquis M sec mais aussi plus tempérées. Climat M moyen : au sud des isothermes 22-23°C en juillet.	oui	oui (France continentale en 1950, étang de Berre en 2022)	oui	oui (T)	oui

Espèce	Répartition géographique ¹	Hôtes des immatures (I) et des adultes (A) ¹	Exigences climatiques ; M = méditerranéen·ne ¹	Rôle vecteur ²	Présence sur les territoires français	Proximité géographique	Introduction possible ³	Adéquation actuelle aux exigences climatique et écologiques de l'espèce
<i>H. marginatum</i>	Afrique du Nord, Méditerranée, Europe orientale, mer Noire, Caspienne et Proche-Orient	I : O, LG, HR A : ONG	Limite nord : isotherme de 24°C en juillet. Entre 375 et 750 mm de pluie. Végétation favorable très diverse (car deux hôtes). Nécessité d'été chaud et sec. Ne résiste pas à climat désertique	oui	oui (Corse et France continentale, en climat méditerranéen)	oui	oui (T et O)	oui
<i>H. nitidum</i>	Sub-saharienne, du Sénégal à la RCA	I : RG, LG A : ONG	Très semblable à <i>H. truncatum</i> mais présente dans zones plus humides d'Afrique de l'Ouest et centrale	non	non	non	non	moyenne
<i>H. punt</i>	Somalie, Ethiopie	I : inconnus A : RUM, gazelles	Non documenté	non	non	non	non	?
<i>H. rhipicephaloides</i>	Méditerranéenne orientale	I : inconnus A : OV, CP, gazelles.	Non documenté	non	non	non	non	?
<i>H. rufipes</i> (proche de <i>H. marginatum</i>)	Afrique subsaharienne, mer rouge. Fréquentes introductions en Europe, y compris septentrionale	I : O, LG A : ONG	Savanes et steppes sèches (250-750 mm). Si plus humide, maintien possible uniquement si saison sèche suffisamment longue	oui	non	oui (Mayotte, La Réunion ; a été introduite à plusieurs reprises en France continentale ?)	oui (T et O)	moyenne
<i>H. schulzei</i>	Péninsule arabique, Pakistan, Afghanistan, Iran, Iraq, Syrie, Egypte	I : RG, LG, HR A : RUM (notamment DR)	Climat désertique, avec saison très chaude et saison froide, mais ne supporte pas le gel prolongé	à confirmer	non	non	non	non

Espèce	Répartition géographique ¹	Hôtes des immatures (I) et des adultes (A) ¹	Exigences climatiques ; M = méditerranéen·ne ¹	Rôle vecteur ²	Présence sur les territoires français	Proximité géographique	Introduction possible ³	Adéquation actuelle aux exigences climatique et écologiques de l'espèce
<i>H. scupense</i>	De l'Europe de l'Ouest et l'Afrique du Nord à l'est de la Chine et au nord de l'Inde	I et A : ONG (essentiellement BV)	Climat M ou en bordure des déserts tropicaux ou tempérés d'Asie. Pluviométrie jusqu'à 800-900 mm pour forme ex-detritum, au moins 750 mm et climat tempéré pour forme ex-scupense (exception pour <i>Hyalomma</i>). En partie protégée des variations du climat puisque souvent dans les habitats	oui	oui (Corse et sporadiquement France continentale)	oui	oui (T)	oui
<i>H. somalicum</i>	Somalie, Ethiopie, Yémen, Arabie Saoudite	I : inconnus A : ONG (notamment DR)	Non documenté	non	non	non	non	?
<i>H. truncatum</i>	Afrique Sub-Saharienne, Yémen	I : LG et RG A : ONG domestiques et sauvages (girafes, antilopes, buffles)	En Afrique australe, limitée aux zones inférieures à 750 mm.	oui	non	oui (Mayotte, La Réunion)	oui (T)	moyenne
<i>H. turanicum</i> (proche de <i>H. marginatum</i>)	Péninsule Arabique, Asie de l'ouest	I : O et LG A : ONG	Steppes asiatiques. Limitée au nord par isotherme de 24°C en juillet. 400 mm pluies annuelles. Longue saison sèche, mais supporte aussi le gel	non	non	non	non	faible

3.2 Bio-écologie des tiques du genre *Hyalomma* d'intérêt pour le territoire français

3.2.1 Espèces présentes et installées en France

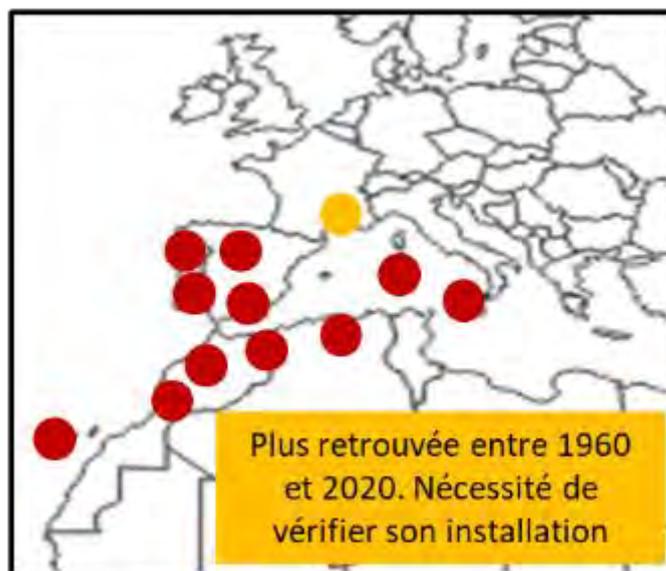
3.2.1.1 *Hyalomma lusitanicum*

❖ Distribution géographique

Hyalomma lusitanicum est une espèce cantonnée à l'ouest du bassin méditerranéen (Morel 2003; Walker 2003; Apanaskevich, Santos-Silva, et Horak 2008) (Figure 5). On la retrouve en Algérie (Yousfi-Monod et Aeschlimann 1986) et au Maroc (Bailly-Choumara, Morel, et Rageau 1976), où elle ne serait toutefois jamais abondante (Walker, 2003), dans la péninsule ibérique (Santos-Silva *et al.* 2011; Valcárcel *et al.* 2016), en Sicile (Torina *et al.* 2006) et en Sardaigne (Chisu *et al.* 2018). En Espagne, son abondance est croissante, au moins sur les cerfs examinés lors de diverses études (Valcárcel *et al.* 2020). Elle vient d'être retrouvée à Malte, sans doute à la faveur de l'introduction de bovins en provenance d'Espagne (Hornok *et al.* 2020). En 1959, Morel (1959) la décrivait en France sous le nom de *Hyalomma excavatum lusitanicum*, indiquant l'avoir observée en Camargue, dans le Var et les Pyrénées-Orientales (d'autres spécimens auraient été des *H. excavatum sensu stricto*). Apanaskevich *et al.* (2008), qui ont redécrit l'espèce, mentionnent avoir examiné des *H. lusitanicum* de France, mais sans préciser leur provenance.

La présence de *H. lusitanicum* en France continentale n'est confirmée que depuis quelques mois, et uniquement dans un seul site des Bouches-du-Rhône. En effet, suite à l'appel à témoignages publié dans la presse, deux femelles, collectées en 2020 au sud de l'étang de Berre et transmises au Centre de coordination internationale en recherche agronomique pour le développement (Cirad), se sont révélées être des *H. lusitanicum* (validation morphologique et génétique). Il serait nécessaire de faire des campagnes de collecte dans les zones les plus probables d'installation de la tique, et sur ses hôtes de prédilection, pour avoir des informations à jour.

Quoi qu'il en soit, c'est une tique restreinte au maquis méditerranéen moyen ou chaud de l'ouest de la Méditerranée. Elle s'accommoderait mieux des habitats de forêt méditerranéenne que *H. marginatum* qui, elle, préférerait les steppes (Valcárcel *et al.* 2020). C'est la seule espèce de *Hyalomma* ditrope présente sous le climat méditerranéen moyen, c'est-à-dire jusqu'à l'isotherme⁷ de juillet des 22-23°C (les autres espèces de *Hyalomma* ditrope sont établies au sud d'un isotherme de juillet plus élevé, 24°C ou 25°C, ou même 28°C). La distribution de *H. lusitanicum* est liée à celle du Lapin de garenne (*Oryctolagus cuniculus*), hôte préférentiel des immatures (Morel 2003). Les larves et les nymphes sont généralement



⁷ Une isotherme est, sur une carte météorologique, une ligne ou une frontière fictive le long de laquelle la température est constante pendant une période donnée.

confinées au terrier de lapins (Morel 2003). Les adultes sont en revanche exophiles et se tiennent soit au sol, soit sur la végétation basse, épineuse et sclérophylle du maquis sur laquelle ils peuvent monter (Valcárcel *et al.* 2020), à proximité des terriers de lapins, ce qui justifie qu'*H. lusitanicum* se retrouve également sur les terres salées des deltas (Morel 2003). Le fait que les adultes de *H. lusitanicum* puissent être en attente dans la végétation explique qu'ils soient parfois collectés en grande quantité par la méthode du drap⁸. Plus de 1000 adultes de *H. lusitanicum* ont ainsi été collectés par cette méthode lors d'une étude faite sur l'île de Grande Canarie (Bolaños-Rivero *et al.* 2017).

❖ Hôtes

Les cervidés, mais également les autres ongulés (bovins, équins, suidés...), sont les hôtes préférentiels des adultes de *H. lusitanicum* (Santos-Silva *et al.* 2011) qui préféreraient cependant la faune sauvage aux animaux domestiques (Valcárcel *et al.* 2020). Ils peuvent aussi être rencontrés exceptionnellement sur des carnivores, des insectivores comme le Hérisson commun (*Erinaceus europaeus*), des lagomorphes, l'être humain (elle est réputée moins « agressive » que *H. marginatum* (Valcárcel *et al.* 2020) toutefois les récents cas de FHCC recensés en Espagne sont majoritairement attribués à des piqûres de *H. lusitanicum* par les chercheurs espagnols), mais également sur divers oiseaux : Autruche (genre *Struthio*), Grosbec casse-noyaux (*Coccothraustes coccothraustes*), Hibou grand-duc (*Bubo bubo*). Il s'agit cependant à chaque fois d'une seule tique observée sur un seul individu, donc d'une observation contingente (Santos-Silva *et al.* 2011).

Les tiques immatures se gorgent préférentiellement sur le Lapin de garenne, bien qu'on puisse les observer sur d'autres hôtes (Apanaskevich *et al.* 2008) : Lièvre d'Europe (*Lepus europaeus*), plusieurs espèces de rongeurs (Lérot commun, *Eliomys quercinus*), le rat (genre *Rattus*), Hérisson commun (*Erinaceus europaeus*), mais aussi le chien (*Canis lupus familiaris*), Renard roux (*Vulpes vulpes*), divers mustélidés. Pour ces auteurs, la mention de larves ou nymphes de *H. lusitanicum* sur oiseaux domestiques ou bovins est peut-être erronée et devrait être vérifiée. L'étude de Santos-Silva (2017) suggère elle aussi que les oiseaux ne sont qu'exceptionnellement infestés par les immatures de *H. lusitanicum* : ils ne seraient donc pas un bon moyen de dispersion de l'espèce (Valcárcel *et al.* 2020). Calvete *et al.* (2003) ont d'ailleurs examiné plus de 200 Perdrix grises (*Perdix perdix*) en Espagne, dans une zone où *H. lusitanicum* abonde, mais n'ont trouvé qu'une seule *H. lusitanicum* (dont la stase n'a pas été mentionnée). Pourtant, sur Grande Canarie, 27 *H. lusitanicum* (stades non précisés) auraient été collectés sur des oiseaux, dont une seule espèce est mentionnée, l'Œdicnème criard (*Burhinus oedicnemus*) (Bolaños-Rivero *et al.* 2017). Valcárcel *et al.* (2016) affirment quant à eux que les nymphes peuvent se nourrir sur les cervidés, comme les adultes. Pour cette raison, ils pensent que *H. lusitanicum* devrait plutôt être considérée comme une tique télotrope⁹ que comme une tique ditrope (Valcárcel *et al.* 2020).

❖ Cycle de développement

Le cycle de *H. lusitanicum* est ditrope (voire télotrope, selon certains auteurs) et triphasique (Morel 2003), avec une seule génération par an. Les adultes parasitent leurs hôtes quasiment toute l'année, avec un maximum de mai à juillet, et une diminution du niveau d'infestation assez marquée entre novembre et janvier. En période très chaude, ces adultes restent inactifs pendant la majeure partie de la journée, cachés à l'ombre des arbres, mais redeviennent actifs en soirée et la nuit (Valcárcel *et al.* 2020). Il semble qu'il puisse y avoir un second pic d'infestation, moins marqué, à l'automne (Walker 2003). Cela a été observé en Sicile (Torina *et al.* 2006) et en Espagne sur les cerfs, peut-être en lien avec les regroupements qui interviennent au moment du rut (Valcárcel *et al.* 2020). Les tiques adultes passent généralement l'hiver à jeun, dissimulées dans la litière du sol. Les mâles pourraient

⁸ Une pièce de tissu du genre flanelle est traînée au sol, ce qui permet la collecte des tiques à l'affût dans la végétation.

⁹ Les stades immatures d'une tique télotrope peuvent se gorgier aussi bien sur les hôtes infestés par les adultes que sur d'autres espèces hôtes, alors que ceux d'une tique ditrope parasitent des hôtes différents de ceux infestés par les adultes.

également rester fixés sur leurs hôtes pendant cette période froide (Valcárcel *et al.* 2016). Des femelles gorgées ont également été retrouvées toute l'année sur les cerfs suivis, mais celles qui se détachent en période froide ne pondent pas, patientant jusqu'au printemps (diapause morphogénique) ; il n'a pas été possible de déterminer si les larves et les nymphes avaient également la possibilité de survivre à l'hiver (Valcárcel *et al.* 2020).

Les immatures¹⁰ sont actifs au printemps et en été (Santos-Silva et Vatansever 2017). Au Maroc, des observations dans les années 1990 avait montré que les larves étaient actives plus tôt que les nymphes : elles étaient retrouvées sur les lapins de garenne entre mai et octobre, alors que les nymphes infestaient ces mêmes hôtes seulement à partir de juillet (Morel 2003). D'après les ornithologues, à cette période de l'année, aussi bien au Maroc qu'en péninsule ibérique, les oiseaux migrateurs sont déjà passés : ils ne pourraient donc pas s'infester et disséminer les tiques immatures s'ils constituaient des hôtes habituels, ce qui en outre ne semble pas être le cas (Valcárcel *et al.* 2020).

Les tiques adultes se fixent sur tout le corps de leurs hôtes, et pas seulement sur les zones habituelles de gorgement des tiques du genre *Hyalomma* (région péri-anale et aine-mamelle-scrotum). Valcárcel *et al.* (2016) en ont ainsi retrouvés en nombre important sur la nuque et la tête des cerfs. La grande différence entre *H. marginatum* et *H. lusitanicum* est que cette dernière ne fait habituellement pas d'agrégats sur les sites de fixation, comme le fait *H. marginatum* (Valcárcel *et al.* 2020). Quant aux larves et aux nymphes, elles tendent à se regrouper sur les oreilles des lapins.

3.2.1.2 *Hyalomma marginatum*

Hyalomma marginatum est présente en Europe depuis des décennies. L'espèce fait l'objet d'une surveillance de la part de l'*European Center for Disease Prevention Control* (ECDC) qui publie régulièrement des cartes de distribution incluant les observations des équipes travaillant sur cette tique. La dernière carte¹¹ en date, de mars 2022, prend ainsi en compte les travaux de l'équipe du Cirad étudiant *H. marginatum* puisqu'y figurent les résultats des enquêtes faites dans des structures équestres du littoral méditerranéen et les signalements connus de présence de la tique en France (Figure 5). L'ECDC a d'autre part publié une compilation des connaissances sur *H. marginatum*¹². En 2010, un panel d'experts a élaboré pour l'*European Food Safety Authority* (EFSA) un rapport sur le « Rôle des tiques vectrices dans l'épidémiologie de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo et de la peste porcine africaine en Eurasie » (EFSA 2010). Enfin, l'espèce est élevée depuis quatre ans à l'insectarium du Cirad, à Montpellier, et fait l'objet, sur le terrain et en laboratoire, de divers suivis et études dont les résultats sont pour le moment disponibles essentiellement dans des rapports destinés au ministère en charge de l'Agriculture. Les informations provenant de ces diverses sources sont agrégées ci-dessous à celles des publications « classiques » disponibles.

¹⁰ Les stades immatures des tiques sont les stades larvaire et nymphal, dont les organes reproducteurs ne sont pas encore fonctionnels.

¹¹ <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/hyalomma-marginatum-current-known-distribution-march-2022>

¹² <https://www.ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/facts/tick-factsheets/hyalomma-marginatum>

❖ Distribution géographique

En Europe, *H. marginatum* est observé dans tous les pays de la façade méditerranéenne, de l'Espagne à la Turquie, où son abondance se serait considérablement accrue depuis les années 1990 (Vatansever *et al.* 2007) (Figure 5).

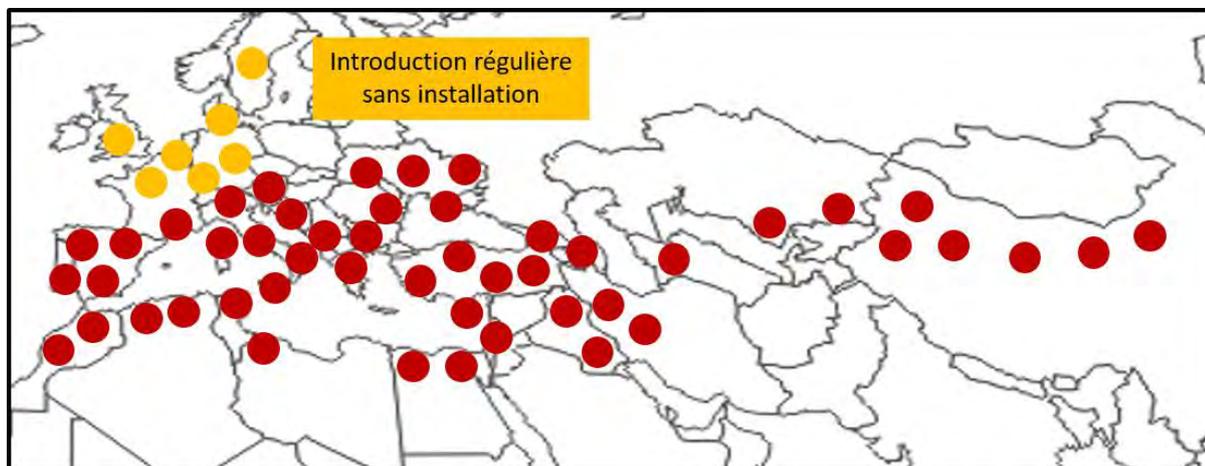


Figure 5 : Distribution de *Hyalomma marginatum*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature. Les points rouges correspondent à des signalements de populations installées alors que les points oranges correspondent à des introductions individuelles régulières sans installation.

Hyalomma marginatum est aussi présente au Portugal, en Macédoine du nord, en Bulgarie, en Roumanie, en Ukraine (Santos-Silva et Vatansever, 2017), et plus généralement dans toutes les régions comprises entre la mer Noire et la mer Caspienne (carte ECDC). Il y aurait d'autre part des populations établies dans le Tessin (sud de la Suisse) et en Hongrie (Figure 5). Dans la plupart des pays européens situés plus au nord, *H. marginatum* est régulièrement observée, soit sur des oiseaux migrateurs arrivant au printemps, soit sur des chevaux, des bovins, des humains, ou même au sol. Elle a ainsi été signalée au Royaume-Uni (Jameson *et al.* 2012), aux Pays-Bas (Uiterwijk *et al.* 2021), en Suède (Grandi *et al.* 2020), en Allemagne (Chitimia-Dobler *et al.* 2019), en Pologne (Nowak-Chmura 2014), en République tchèque et en Slovaquie (Capek *et al.* 2014).

En Afrique, *H. marginatum* est présente au Maghreb, du Maroc à l'Égypte (Walker 2003 ; Santos-Silva et Vatansever, 2017). En revanche, les observations faites au sud du Sahara sont sans doute, comme en Europe du nord, la conséquence du transport d'immatrices par des oiseaux (Apanaskevich et Horak, 2008). Cette hypothèse est confortée par la capture de très nombreux oiseaux infestés par des immatures de *H. marginatum* en Égypte, à l'automne (Nuorteva et Hoogstraal 1963). Pourtant, bien que les migrations d'oiseaux transportent ainsi chaque année un nombre considérable de nymphes vers le sud, on ne constate pas d'établissement stable de l'espèce en Afrique subsaharienne (Apanaskevich et Horak, 2008). En Asie, l'espèce est signalée au Proche- et au Moyen-Orient, jusqu'en Iraq, Iran (Biglari *et al.* 2018; Choubdar *et al.* 2019) et au Turkménistan (Apanaskevich et Horak, 2008). Elle a récemment été observée au Kazakhstan (Yang *et al.* 2021) et en Chine (régions de Mongolie intérieure (Gaowa *et al.* 2018) et du Gansu (Guo *et al.* 2019).

Hyalomma marginatum est installée en Corse depuis au moins 60 ans (Morel 1959). Sur le continent, quelques individus ont été mentionnés régulièrement, par exemple dans les années 1950 dans le massif de l'Esterel (Morel 1959), mais il est probable que ces observations aient été consécutives à l'introduction de nymphes par les oiseaux migrateurs, comme c'est le cas actuellement dans les pays

du nord de l'Europe. En revanche, depuis 2015, il est certain que l'espèce est présente en France continentale (Vial *et al.* 2016). Elle est actuellement installée dans diverses régions du pourtour méditerranéen, des Pyrénées-Orientales au Var (Stachurski et Vial, 2018), mais aussi plus au nord, dans la partie méridionale de l'Ardèche (Figure 6).

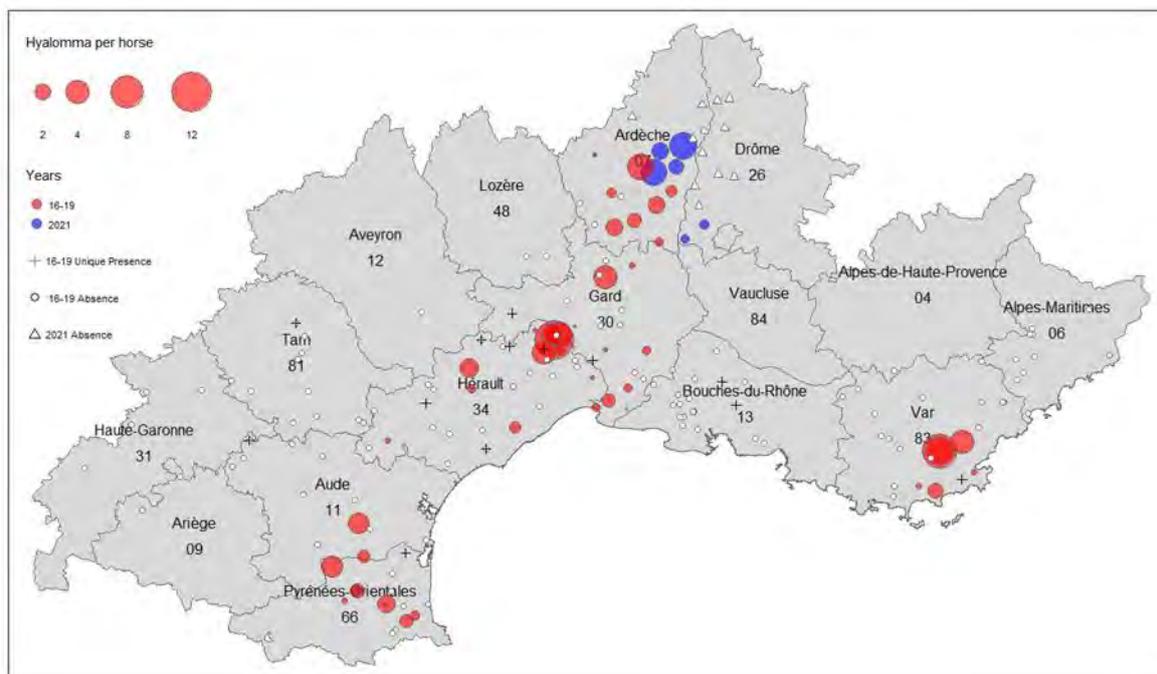


Figure 6 : Distribution de *H. marginatum* en France continentale

Source : d'après Bah *et al.* (2022)

Morel (2003) avait analysé comme suit la distribution de *H. marginatum* alors que l'espèce n'était pas encore installée en France. « Cette tique est caractéristique du climat méditerranéen chaud et des zones de passage de ce climat au semi-désert tropical. Dans la partie occidentale du bassin, la distribution de l'espèce correspond à l'étage méditerranéen sclérophylle sempervirent chaud et à la steppe méditerranéenne à alfa¹³. À proximité de ces zones ou à l'intérieur de celles-ci, l'espèce se retrouve dans les formations boisées, par exemple à l'étage méditerranéen des chênes à feuilles caduques. En Méditerranée orientale, divers types d'habitat analogues abritent également *H. marginatum*. Toutefois, dans la steppe semi-désertique du Proche-Orient, les populations sont restreintes aux zones de culture bordant les grands fleuves (Tigre, Euphrate, delta du Nil). Enfin, autour de la mer Noire et sur le Caucase, on retrouve l'espèce dans de nombreux habitats, y compris les steppes de montagne du Caucase (jusqu'à 2000 m d'altitude). L'espèce présente toutefois son maximum d'abondance dans les zones de piémont (400-500 m) ou de faible altitude (900-1000 m), et est absente, en Crimée, de l'étage des conifères ».

« Les types d'habitat de *H. marginatum* sont donc très nombreux et divers. Cela tient sans doute au cycle diphasique de cette tique qui la rend indépendante de l'écosystème pour une partie de son cycle. Cette tique manifeste toutefois une thermophilie nette, ce qui empêchait jusqu'à récemment sa présence pérenne en France méridionale où la tique ne trouvait jusqu'alors pas les conditions nécessaires à son installation, notamment en ce qui concerne les possibilités d'ovogenèse et d'embryogenèse. En effet, d'une façon générale, beaucoup plus que par le froid, l'extension d'une espèce est limitée par les conditions thermiques minimales nécessaires aux diverses phases

¹³ Les steppes à alfa (*Stipa tenacissima*) sont l'un des écosystèmes les plus représentatifs des zones semi-arides du bassin méditerranéen.

d'organogénèse. Or, dans le midi de la France, l'étage méditerranéen est légèrement plus frais que dans l'ensemble de cette zone. Plus particulièrement, l'isotherme des 24°C de juillet ne comprend que des étendues limitées du maquis méditerranéen français alors que l'aire de distribution de *H. marginatum* se situe au sud de cet isotherme. Sur le pourtour de la mer Noire, où le climat passe au type continental, si les hivers sont plus froids que dans le maquis méditerranéen, les étés sont aussi chauds, ce qui justifierait la présence de cette espèce en Crimée et en Roumanie, qui sont situés à la latitude du Massif Central français, alors qu'elle est absente de la France méditerranéenne ».

D'après les relevés météorologiques disponibles, une proportion de plus en plus importante du littoral méditerranéen français est située au sud de l'isotherme de 24°C en juillet. Cette légère modification du climat pourrait expliquer que la tique, probablement régulièrement introduite depuis des siècles par des oiseaux migrateurs, ait pu « enfin » trouver les conditions permettant son installation.

Du point de vue de la pluviométrie, « l'aire de distribution de l'espèce ne reçoit jamais plus de 750 mm de pluies annuelles. Elle est d'autre part limitée par la sécheresse car elle disparaît en-dessous de 375 mm de pluies annuelles. Son existence dans des régions situées sous cette limite est obligatoirement liée à des conditions d'humidité locale telles que des zones de cultures irriguées ou la végétation riveraine des cours d'eau » (Morel 2003).

❖ Hôtes

Les hôtes des *H. marginatum* adultes sont essentiellement les ongulés, domestiques et sauvages (Walker, 2003; Santos-Silva et Vatansever, 2017). Pour certains auteurs, ce sont les bovins qui sont les hôtes préférentiels (Santos-Silva et Vatansever, 2017). D'ailleurs, lors d'une modélisation de la dynamique de la FHCC en Turquie, les bovins ont été considérés comme les hôtes principaux des tiques adultes (Hoch *et al.* 2018). Toutefois, en Corse, il a été observé que les chevaux étaient plus infestés par *H. marginatum* que les bovins vivant dans les mêmes zones (Grech-Angelini *et al.* 2016), raison pour laquelle les enquêtes destinées à identifier les régions où est installée l'espèce en France continentale se sont concentrées sur les structures équestres (Stachurski et Vial, 2018). Les autres animaux sur lesquels les adultes de *H. marginatum* peuvent être observés sont les chèvres et les moutons, les sangliers et les porcs, les cervidés, les ânes, mais aussi plus exceptionnellement les chiens et les autres carnivores (Santos-Silva *et al.* 2011).

Quant aux immatures, suivant les régions et les biotopes, ils infestent préférentiellement les lagomorphes (lapins et surtout lièvres, considérés comme leurs hôtes principaux en Turquie (Hoch *et al.* 2018)), les hérissons (Walker 2003) et les oiseaux, notamment les oiseaux fréquemment au sol (ou *ground-dwelling birds* pour les anglophones) appartenant à de très nombreuses familles (Santos-Silva et Vatansever, 2017). Les merles, les cailles ou sans doute les perdrix, comme observé en Iran (Hosseini-Chegeni, Asadi et Tavakoli 2019), font partie des oiseaux fortement infestés. En capturant en automne les oiseaux migrateurs revenant d'Europe orientale et d'Asie, Hoogstraal *et al.* (1963) avaient trouvé des larves et des nymphes de *H. marginatum* sur des *Phasianidae* (Caille des blés – *Coturnix coturnix*), des *Strigidae* (Hibou petit-duc – *Otus scops*) et de très nombreux passereaux : Lorient d'Europe (*Oriolus oriolus*), Tarier des prés (*Saxicola rubetra*), Traquet motteux (*Oenanthe oenanthe*), Rossignol philomèle (*Luscinia megarhynchos*), Rougequeue à front blanc (*Phoenicurus phoenicurus*), Fauvette à tête noire (*Sylvia atricapilla*), Pouillot fitis (*Phylloscopus trochilus*), Gobemouche gris (*Muscicapa striata*), Pipit des arbres (*Anthus trivialis*), Pipit rousseline (*Anthus campestris*), Pie-grièche écorcheur (*Lanius collurio*), Pinson des arbres (*Fringilla coelebs*), Bruant cendrillard (*Emberiza caesia*), etc. La liste établie par Santos-Silva *et al.* (2011) comprenait aussi des rapaces nocturnes (Hibou grand-duc – *Bubo bubo*, Chevêche d'Athéna – *Athene noctua*, Chouette hulotte – *Strix aluco*, etc.), des rapaces diurnes (Milan noir – *Milvus migrans*, Milan royal – *Milvus milvus*, Buse variable – *Buteo buteo*, Faucon crécerelle – *Falco tinnunculus*, Aigle botté – *Hieraaetus*

pennatus, etc.), le Pigeon ramier (*Columba palumbus*) et des passereaux migrateurs, partiellement migrateurs ou sédentaires (Verdier d'Europe – *Chloris chloris*, Mésange charbonnière – *Parus major*, Mésange bleue – *Cyanistes caeruleus*, Merle noir – *Turdus merula*, etc.). Une étude réalisée près de Montpellier a permis de retrouver des larves et des nymphes de *H. marginatum* sur huit des 25 espèces d'oiseaux capturés, notamment sur Rouge-gorge familier (*Erithacus rubecula*), Rossignol philomèle, Mésange charbonnière, Pinson des arbres, Grive musicienne (*Turdus philomelos*), Merle noir. C'est cette dernière espèce qui était la plus infestée puisque 60 % de la trentaine de merles capturés pendant la période d'activité des larves portaient des immatures de *H. marginatum*.

Sur leurs hôtes, les *H. marginatum* adultes se fixent dans la région péri-anale, sur la mamelle ou le scrotum, entre les pattes arrières. Contrairement aux *H. lusitanicum*, elles ont tendance à s'agréger (Valcárcel *et al.* 2020), formant parfois des amas de plusieurs dizaines de tiques. Les humains sont fréquemment piqués par *H. marginatum* (Santos-Silva et Vatansever, 2017). Les tiques immatures se fixent essentiellement sur la tête (hérissons, oiseaux), en particulier sur les oreilles (lagomorphes) (Walker 2003). Les rongeurs, qui sont les hôtes principaux de nombreuses espèces de *Hyalomma*, n'ont jamais été mentionnés comme hôtes des larves et nymphes de *H. marginatum*.

❖ Cycle de développement

Le cycle de *H. marginatum* est ditrope et diphasique (Walker, 2003). Les hôtes des immatures sont infestés pendant au moins 15 à 20 jours, puisque la métamorphose larvaire se déroule sur eux, ce qui explique de grandes capacités de dispersion des nymphes par les oiseaux, notamment au moment des migrations. Les femelles, elles, se gorgent en environ une semaine sur leurs hôtes ongulés. Tous les stades libres (adultes à jeun, femelles gorgées et larves à jeun) sont exophiles, présents au niveau du sol ou dans la végétation basse (Morel 2003).

Des suivis ont été réalisés en France dans un grand domaine méditerranéen à la limite du Gard et de l'Hérault où vit librement un troupeau d'une douzaine de chevaux. Il a été constaté que les adultes se fixent à partir de la mi-mars, que le pic d'infestation intervient dans la deuxième quinzaine de mai, puis que l'infestation décroît lentement pour n'être plus que résiduelle à partir de fin juillet. En Sicile, la décroissance des effectifs de tiques adultes sur les hôtes semble moins marquée car des individus sont observés pendant toute l'année (Torina *et al.* 2006).

Les nymphes, gorgées en été, se métamorphosent rapidement en adultes du fait de la température régnant à cette période de l'année dans les régions où *H. marginatum* est endémique. Des adultes à jeun sont donc présents dans la garrigue montpelliéraine dès le mois de juillet, cachés dans la litière, mais ils restent inactifs, subissant une diapause de comportement. Cela a également été observé en Espagne (Valcárcel *et al.* 2020). Ce n'est qu'au printemps suivant qu'ils se mettront en quête d'hôtes. Les nymphes se détachant trop tardivement de leurs hôtes n'arriveront pas, quant à elles, à se métamorphoser avant que la température ne chute sous le seuil permettant leur développement, estimé à environ 15°C (Emelyanova, 2005¹⁴, citée par (J. S. Gray *et al.* 2009)) et mourront. C'est sans doute ce qui limite l'extension de la tique pour le moment : si les nymphes gorgées sont disséminées dans une région où la température estivale est insuffisante pour permettre leur métamorphose rapide, elles disparaîtront et il n'y aura pas d'adultes vivants dans le milieu après l'hiver. Cette configuration est également celle décrite pour les populations d'Europe orientale ; en Espagne et au Maghreb, où la niche écologique de l'espèce serait en revanche conditionnée plutôt par la pluviométrie que par les températures automnales (J. S. Gray *et al.* 2009).

¹⁴ Article en russe

3.2.1.3 *Hyalomma scupense*

La situation taxonomique de cette tique, longtemps confuse et fluctuante, a été résumée récemment dans un article qui conclut que *H. scupense* est le nom valide de cette espèce qui était pourtant auparavant généralement regardée comme une sous-espèce de *H. detritum* (Apanaskevich, Filippova, et Horak 2010). En fait, ces deux tiques avaient été décrites en 1919 par le même auteur qui les avait considérées comme distinctes en se fondant sur leur biologie, l'une ayant un cycle à deux hôtes, l'autre à un seul hôte. Les dernières listes de tiques *Ixodidae*, par exemple celle de Guglielmono et Nava (2014), confirment cette synonymie et l'antériorité du nom de *H. scupense* par rapport à *H. detritum*.

❖ Distribution géographique

Hyalomma scupense est répandue depuis l'Espagne et l'Afrique du nord jusqu'en Asie centrale (Kirghizstan, Ouzbékistan, Kazakhstan etc.), en Chine et dans la partie septentrionale de l'Inde, en passant par le Proche- et le Moyen-Orient (D. A. Apanaskevich, Filippova, et Horak 2010) (Figure 7). En Afrique, elle est connue du Maroc à l'Égypte (à l'exception de la Libye) et au Soudan (Walker 2003). Sa présence actuelle dans ce pays a toutefois récemment été mise en doute car seuls quelques individus avaient été collectés dans les années 1950, peut-être suite à une introduction de bovins infestés, et il ne semble plus y avoir d'observation de l'espèce depuis (Gharbi et Darghouth, 2014). En Europe, en plus de l'Espagne, elle est aussi présente en Italie, dans les Balkans (Albanie, Serbie, Croatie, Monténégro, Macédoine du Nord, Grèce, etc.), et autour de la mer Noire (Roumanie, Ukraine, régions méridionales de la Russie, Caucase – (Vatansever 2017). Elle a donc une distribution très large.

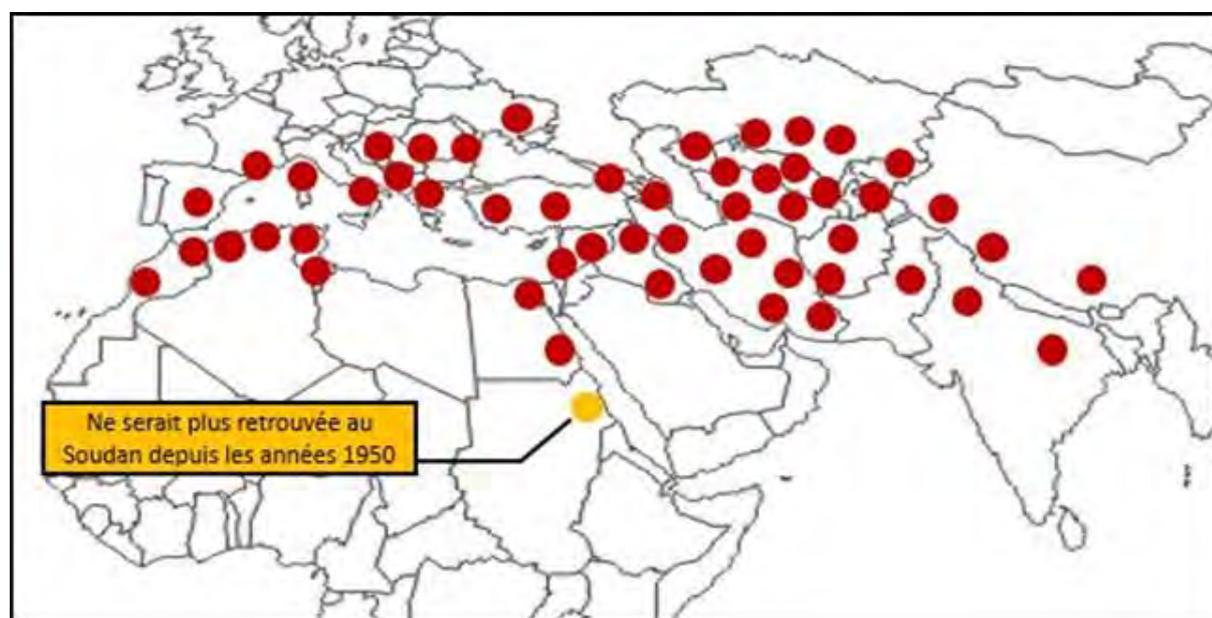


Figure 7 : Distribution de *Hyalomma scupense*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature.

En 2014, la tique a été identifiée dans plusieurs communes de Corse, en majorité dans la moitié nord de l'île (Grech-Angelini *et al.* 2016) (Figure 8). On ne sait pas comment *H. scupense* a été introduit en Corse. L'île toscane de Pianosa, située à quelques quarante kilomètres à l'est de Bastia, près de l'île d'Elbe, est également infestée par *H. scupense* (Tomassone *et al.* 2013). Mais cela ne constitue pas une explication suffisante car cette tique n'infeste habituellement pas les oiseaux (voir ci-

dessous). Bien qu'elle ne soit pas citée par Morel en 1959 (Morel 1959), Apanaskevich, Filippova, et Horak (2010) mentionnaient avoir examiné des tiques de France dans leur redescription de *H. scupense*. Par ailleurs, Pérez-Eid (2007) écrit que « des collectes isolées, résultant d'introductions accidentelles, sont signalées [...] dans divers pays d'Europe, y compris la France ». Plus récemment, un mâle de *H. scupense* a été collecté en 2007 sur un cheval dans le Gard (Vial *et al.* 2016). Depuis, d'autres tiques de l'espèce ont été retrouvées sur un cheval des Bouches-du-Rhône et dans un élevage bovin de l'Hérault. Une dizaine de tiques de *H. scupense*, mâles et femelles, y ont été collectées, dont l'identification a été établie par séquençage du gène de la Cytochrome c oxydase I ou COI (Huber, comm. pers.). Il semble donc bien y avoir des populations de *H. scupense* établies en France, non seulement en Corse, mais également sur le continent.

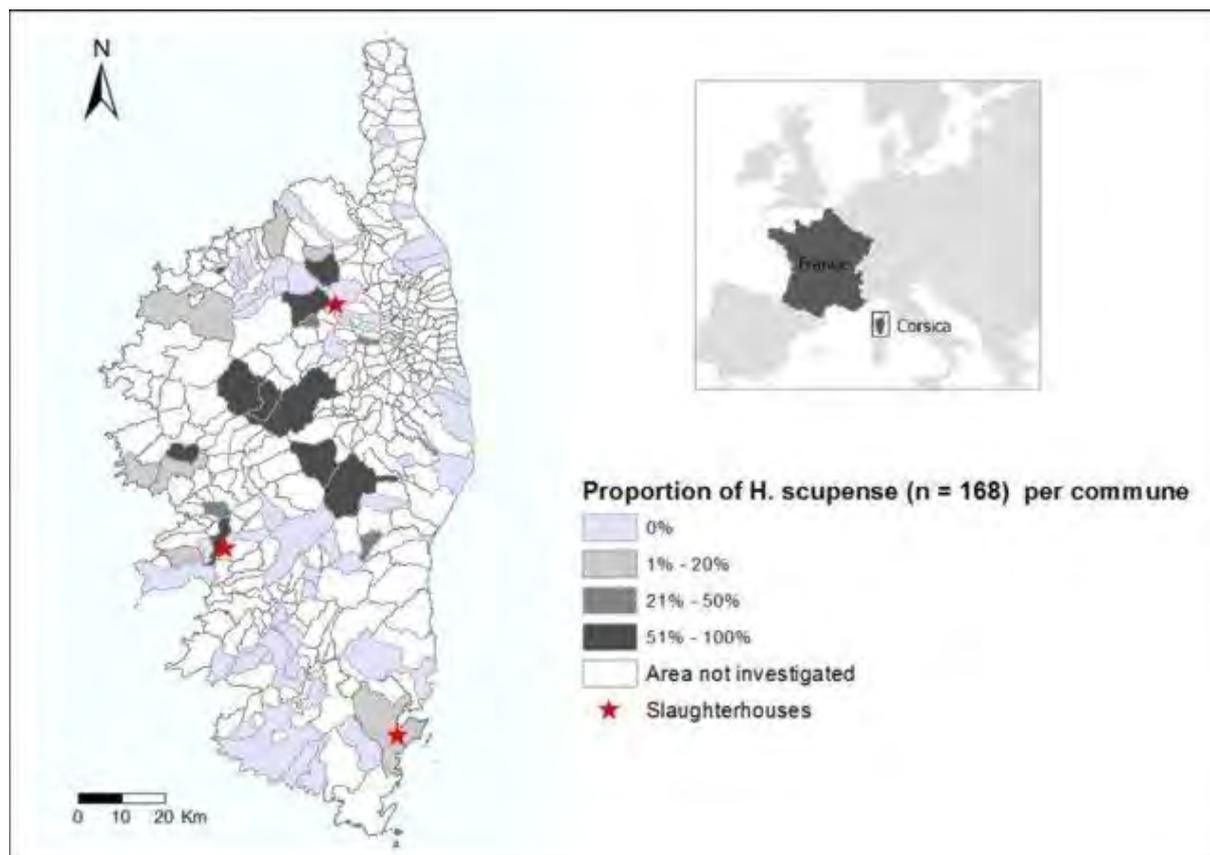


Figure 8 : Distribution de *H. scupense* en France

Source : D'après Grech-Angelini *et al.* (2020)

Pour Morel (2003), les populations de *H. scupense* diphasiques ont une « distribution méridionale par rapport aux populations de *H. scupense* monophasiques, plus septentrionales ». Pour lui, il pourrait s'agir d'une « différenciation de populations en rapport avec la climatologie et la biogéographie ». Sur l'aire de distribution des populations diphasiques de *H. scupense*, « le climat dominant est du type méditerranéen ou du type de transition avec les déserts tropicaux d'Afrique ou les déserts tempérés d'Asie centrale. La pluviométrie n'excède jamais 800 à 900 mm par an. Les conditions domestiques, en étable, préservent l'espèce d'une trop grande humidité dont elle souffrirait dans les conditions naturelles dans les zones présentant une telle pluviométrie. Ce même phénomène [protection par les conditions régnant dans les bâtiments] intervient en sens inverse et lui permet de subsister dans les régions pré-désertiques où elle ne pourrait naturellement pas survivre. La distribution des populations monophasiques de l'espèce est quant à elle caractéristique des climats tempérés moyens ou froids,

avec des pluviosités d'au moins 750 mm annuels. Ces particularités constituent une exception pour une espèce du genre *Hyalomma*. Le cycle monophasique et l'habitat domestique, isolé des facteurs climatiques naturels, expliquent cette particularité. L'aire de distribution des populations monophasiques se présente comme une bande d'orientation est-ouest, contiguë par le sud à l'aire de distribution des populations diphasiques. » (Morel 2003).

❖ Hôtes

Toutes les populations de cette espèce, celles à un hôte comme celles à deux hôtes, sont à tendance monotrope marquée, se gorgeant essentiellement sur les bovins. On peut toutefois également les retrouver sur chevaux, ânes, petits ruminants, dromadaires et buffles et, mais très rarement, sur chiens, porcs ou quelques animaux sauvages (chevreuils, cerfs, renards, sangliers, lièvres...) ((Apanaskevich, Filippova, et Horak 2010; Gharbi et Darghouth, 2014). Pour Apanaskevich, Filippova, et Horak (2010), les adultes *H. scupense* infestent fréquemment les êtres humains ; pour Gharbi et Darghouth (2014), les êtres humains sont au contraire exceptionnellement piqués par cette espèce, au même titre que les chiens ou les porcs (*Sus domesticus*). Cette liste d'hôtes d'où sont absents les oiseaux et où prédominent les animaux domestiques laisse supposer que les « introductions accidentelles » en France mentionnées par Pérez-Eid (2007) sont dues essentiellement à des mouvements d'animaux, notamment de bovins. Mais il se pourrait aussi que *H. scupense* soit présent depuis des décennies en faible quantité dans différentes régions ou dans un petit nombre d'élevages et soit de ce fait passé inaperçu.

❖ Cycle de développement

Cette espèce de *Hyalomma* a donc la particularité d'avoir des populations monophasiques et d'autres populations à deux hôtes. Toutes ont cependant la caractéristique d'être majoritairement endophiles, l'infestation se déroulant généralement dans les bâtiments d'élevage (Walker, 2003; Gharbi et Darghouth, 2014). C'est en cela que la découverte de *H. scupense* en Corse était surprenante. En effet, sur l'île, les bovins sont généralement élevés de manière extensive et ne sont que rarement gardés en étable (Grech-Angelini *et al.* 2016).

Dans la forme diphasique, les adultes infestent leurs hôtes à partir de la fin du printemps et en été (pic en juin-juillet). Après détachement, les femelles se cachent généralement dans les anfractuosités des bâtiments pour pondre. Il a été montré qu'il n'y a ni ponte ni embryogenèse si la température est inférieure ou égale à 16°C (Gharbi et Darghouth, 2014). D'ailleurs, les quelques femelles gorgées en fin d'été ou en début d'automne ne pondent qu'au printemps suivant (Morel 2003). Dans les populations exophiles décrites en Asie centrale, les femelles gorgées, qui peuvent se détacher aussi bien la nuit que le jour, parfois sous des températures caniculaires, recherchent après détachement des endroits ombragés, ou s'enfoncent dans la terre, se déplaçant parfois à plusieurs reprises jusqu'à trouver un site abrité favorable à leur ponte : fissures dans le sol, espaces sous la litière végétale des prairies (Morel 2003). Les larves se fixent à partir de septembre et jusqu'en novembre. En fin d'été, il est donc possible de trouver sur des animaux aussi bien des immatures que des adultes, ce qui est important dans l'épidémiologie de la theilériose bovine tropicale due à *Theileria annulata* (Gharbi et Darghouth, 2014). La phase immature (gorgement de la larve, métamorphose larvaire, gorgement de la nymphe) dure en moyenne 16 jours (Gharbi et Darghouth, 2014). Comme les femelles gorgées entrant en ponte, les nymphes gorgées se cachent dans les anfractuosités des murs des étables, dans les entrepôts de matériel qu'on y trouve, sous les bouses séchées, où elles subissent une diapause de deux à huit mois avant de se métamorphoser en adultes (Walker 2003; Gharbi et Darghouth, 2014). Si elles se détachent à l'extérieur, les nymphes s'abritent de préférence dans les rochers et les pierrailles ou au pied des arbres, soit tous types de gîtes exposés au soleil, ce qui favorise la métamorphose au retour de la saison chaude (Morel 2003). Alors que pour *H. marginatum* ce sont les adultes à jeun qui passent l'hiver en diapause comportementale, pour *H. scupense*,

majoritairement endophile, ce sont les nymphes gorgées qui attendent, dans les bâtiments, que la température soit de nouveau suffisamment élevée pour permettre leur métamorphose.

Dans les zones les plus septentrionales de l'aire de répartition de *H. scupense* (Ukraine, Caucase), où les populations sont monophasiques, l'infestation intervient en hiver (on trouve des larves fixées sur les bovins à partir de novembre) et au début du printemps (Morel 2003). Expérimentalement, en élevage, la durée du cycle complet sur l'animal (de la larve à jeun à la femelle gorgée) est d'environ un mois. Les adultes apparaissent ainsi dès le mois de décembre. Cependant, durant l'hiver, ils se déplacent dans le pelage sans se fixer et effectuent leur repas au plus tôt en mars (Morel 2003). Pour cet auteur, « le passage du cycle de type diphasique au type monophasique semble en relation avec l'abaissement de la moyenne thermique annuelle correspondant aux aires respectives de distribution des deux populations. Cette modification cyclique aurait entraîné une répartition différente des phases libres et des phases parasitaires au cours de l'année, avec groupement de ces dernières en une seule période, pendant l'hiver, permettant à l'ovogenèse et à l'embryogenèse d'avoir lieu durant les mois plus chauds. Il n'est évidemment pas possible de savoir si ce sont les conditions climatiques qui ont entraîné une modification de comportement chez *H. scupense*, ou si au contraire les possibilités d'adaptation de ce comportement ont permis l'extension de l'espèce à des régions théoriquement moins favorables. » Les possibilités d'adaptation permettent aux espèces d'évoluer dans leur comportement afin de subir les modifications de l'environnement, jusqu'à simplifier le cycle pour s'adapter. C'est la phénologie caractéristique du cycle monophasique, avec infestation par les adultes entre novembre et avril, qui a été observée en Corse (Grech-Angelini *et al.* 2016). Se pourrait-il que des populations provenant d'Europe orientale aient été introduites en France ? Ou cela dénote-t-il de la capacité d'adaptation de cette espèce ?

Les adultes se fixent préférentiellement dans les zones classiquement infestées par les *Hyalomma* (région péri-anale, mamelle et scrotum, face intérieure des cuisses). Les larves parasitent plutôt les épaules et l'encolure (Walker 2003).

3.2.2 Espèces susceptibles d'être introduites en France

3.2.2.1 *Hyalomma aegyptium*

❖ Distribution géographique

L'espèce *Hyalomma aegyptium* est présente au Maghreb (Bailly-Choumara, Morel, et Rageau 1976), sur la rive nord de la Méditerranée (notamment en Turquie (Akveran *et al.* 2020), en Grèce, Bulgarie et Roumanie (Siroký *et al.* 2006), au Proche et au Moyen-Orient (Syrie, Irak, Iran, Pakistan) et en Asie Centrale (Tadjikistan, Ouzbékistan) (Figure 9). L'aire d'extension de *H. aegyptium* coïncide avec celle des tortues terrestres du genre *Testudo* qu'elle infeste. Les habitats concernés sont les steppes méditerranéennes chaudes, persiques, et semi-désertiques d'altitude d'Asie.



Figure 9 : Distribution de *Hyalomma aegyptium*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature.

L'aire de distribution de *H. aegyptium* est ainsi caractérisée par une relative sécheresse bien que la pluviométrie annuelle puisse atteindre 750 mm dans certaines des régions infestées. La tique est toutefois absente des zones désertiques proprement dites mais, dans les zones endémiques, il existe toujours une longue saison sèche et chaude estivale (au moins quatre mois de température journalière supérieure à 20°C), ce qui rejoint les caractéristiques générales des *Hyalomma*. L'isotherme de 25°C en juillet semble marquer la limite septentrionale d'extension de l'espèce qui est, par ailleurs, absente des zones où il gèle plus de 30 jours par an (Morel 2003).

❖ Hôtes

Les hôtes principaux de *H. aegyptium* sont la Tortue grecque (*Testudo graeca*) et la Tortue des steppes (*T. horsfieldi*) et, à un moindre degré, la Tortue bordée (*T. marginata*) et la Tortue d'Hermann (*Testudo hermanni*) (Siroký *et al.* (2006). La présence de ces tortues est prépondérante pour expliquer l'abondance de la tique. Ainsi, en Algérie, la prévalence d'infestations était très variable (9 % vs 85 à 100 %) entre un des sites étudiés et les trois autres, mais seule la densité estimée des tortues dans les diverses zones semblait pouvoir expliquer les variations observées, alors qu'aucune des variables climatiques considérées n'était explicative (Tiar *et al.* 2016). Sur toutes ces tortues, les tiques se fixent uniquement sur la peau souple, au niveau de la région axillaire ou inguinale. Pour (Siroký *et al.* (2006), le fait que la Tortue d'Hermann ne soit qu'un hôte alternatif et non majeur de la tique pourrait être dû à une coévolution de *H. aegyptium* et du clade¹⁵ *T. graeca* – *T. marginata* (proches phylogénétiquement), mais peut-être aussi aux traits de vie des différentes espèces. Ils n'indiquent cependant pas quelles sont les caractéristiques qui pourraient favoriser le parasitisme par *H. aegyptium*. Cette plus forte infestation de la Tortue grecque par rapport à la Tortue d'Hermann a été observée dans divers pays balkaniques (Cheylan 2001). La collecte d'un mâle de *H. aegyptium* sur une Tortue d'Hermann corse (Matsumoto *et al.* 2004) pourrait alors être due soit à l'introduction d'une tique immature par un oiseau car, bien que caractéristique des tortues terrestres, *H. aegyptium* peut néanmoins infester d'autres vertébrés, soit à l'importation d'une tortue infestée, comme cela a été noté en Espagne (Andrei Daniel Mihalca 2015). L'importation frauduleuse de tortues est, du reste,

¹⁵ Un clade est un groupement de plusieurs embranchements de plantes ou d'animaux ayant une organisation et une origine communes.

rendue responsable de la découverte récente, à Malte, de deux mâles de *H. aegyptium* sur une Tortue grecque et de deux autres mâles sur une *T. kleinmanni* (la Tortue d'Égypte, classée en « danger critique d'extinction » par l'UICN). Ce serait d'ailleurs la première fois que la tique est récoltée sur cette espèce de tortue (Sultana Loporto *et al.* 2018).

La spécificité de l'espèce n'est pas absolue. Des immatures ont été observés sur des rongeurs myomorphes, sur des lézards et surtout sur des oiseaux (Diakou *et al.* 2016; Bailly-Choumara, Morel, et Rageau 1976) qui peuvent alors les disséminer. Les adultes peuvent également infester les hérissons, les lièvres et les perdrix. BurrIDGE et Simmons (2003) ont listé les hôtes sur lesquels cette espèce a été retrouvée, liste qui inclut plusieurs oiseaux migrateurs (Caille des blés, Gobemouche gris, Rougequeue à front blanc, Fauvette grise (*Curruca communis*), etc.). Les êtres humains peuvent aussi être piqués par cette espèce (Guglielmone et Robbins 2018). En Thrace orientale (Turquie), *H. aegyptium* serait même l'espèce qui pique le plus les êtres humains (Kar *et al.* 2020).

❖ Cycle de développement

Le cycle de *H. aegyptium* est triphasique, à tendance monotrope comme indiqué ci-dessus. La plus grande partie du cycle se déroule vraisemblablement dans le terrier des tortues, site qui convient parfaitement à la survie et à la métamorphose des stades immatures. L'usage des terriers varie en fonction de la période (Cheylan, comm. pers.). En période d'activité (mars à mi-novembre en France méditerranéenne, un peu plus longtemps dans les pays plus chauds), les tortues d'Hermann changent presque tous les jours de gîte. Elles peuvent toutefois revenir dans le même terrier au bout de quelques jours ou semaines. Dans les garrigues, au lieu de creuser leur propre abri, les tortues peuvent également utiliser les terriers de différents mammifères comme les lapins. En période estivale (juillet-août essentiellement), beaucoup de tortues réalisent une estivation (surtout si elles n'ont pas accès à l'eau dans le secteur qu'elles occupent) et restent à l'abri, souvent dans une cavité sous roche, sans bouger, dans l'attente des pluies de fin d'été. Dans ces caches, il peut y avoir plusieurs individus, jusqu'à cinq à 10 dans certaines régions des Balkans à forte densité de tortues, ce qui conduit à la dissémination des parasites qui les infestent. En revanche, en période hivernale (mi-novembre à mi-mars), les tortues entrent en hibernation et s'enfouissent dans la terre à un endroit donné jusqu'au printemps, le haut de la carapace étant souvent visible.

Les tiques adultes peuvent aussi bien infester l'hôte dans le terrier qu'à l'extérieur, après une phase de déplacement hors de l'abri : on en trouve en effet assez fréquemment sur le sol, soit pendant leur recherche active d'un hôte, soit abritées sous des pierres. (Kar *et al.* 2020) signalent avoir collecté des adultes par simple examen du sol près des sites de capture des tortues, et des immatures par *dragging* (passage d'un drap sur la végétation).

Au Tadjikistan (Morel 2003), les tiques adultes parasitent les tortues d'avril à juillet, les larves et les nymphes de juin à août. Capturant des tortues infestées en Anatolie, Akveran *et al.* (2020) ont observé des adultes surtout entre avril et septembre, et des nymphes uniquement en septembre. En revanche, en Thrace orientale (également en Turquie), Kar *et al.* (2020) ont trouvé les trois stades du printemps à l'automne. En Algérie, beaucoup d'adultes et de larves, mais très peu de nymphes, ont été récoltées sur des tortues grecques en mai et juin (Tiar *et al.* 2016). Sur la rive russe de la mer Noire, les nymphes sont du reste actives uniquement en automne (Robbins *et al.* 1998). L'hibernation se produirait soit à la stase adulte à jeun, soit à la stase nymphe gorgée, dans les terriers.

3.2.2.2 Hyalomma anatolicum

Il y a longtemps eu confusion concernant la taxonomie de cette tique. Deux sous-espèces à la biologie différente, *H. anatolicum anatolicum* et *H. a. excavatum*, étaient décrites. Morel (2003) estimait ainsi que « la forme ditrope de grande taille (*H. excavatum* actuelle) correspondrait à la population

naturelle, conforme par sa biologie à la plupart des autres espèces du genre *Hyalomma*, alors que la forme de petite taille monotrope (*H. anatolicum* actuelle) serait une population devenue « domestique » par adaptation aux bovins, ce qui lui a permis de subsister dans des zones où elle n'aurait pu le faire autrement. » Les aires de répartition de ces deux espèces de *Hyalomma* se recouvrent en grande partie, et les tiques sont parfois en sympatrie¹⁶. Ces espèces sont différenciables morphologiquement essentiellement par l'examen des mâles, ceux de *H. anatolicum* étant petits, pâles et moins bien chitinisés. Mais il y a des formes ayant des caractères morphologiques intermédiaires, ce qui complique l'identification de ces deux tiques. Pour Apanaskevich et Horak (2005) cependant, il n'y a pas de doute, ce sont deux espèces distinctes, que l'on peut mieux différencier, affirment-ils, par l'examen des larves, qui sont très rarement collectées et observées. Les deux espèces seront donc décrites dans des chapitres différents.

❖ Distribution géographique

La revue de Gharbi et al, 2020 présente la répartition géographique de *H. anatolicum* en Afrique. C'est une des tiques les plus abondantes sur le bétail en Égypte et au Soudan et elle est aussi observée en Somalie et en Ethiopie. En revanche, elle est peu présente en Algérie et au Maroc, et n'a été observée qu'une fois en Tunisie (probablement une introduction non suivie d'installation). Signalée en Libye au milieu du XX^e siècle, elle n'y a pas été retrouvée dans les années 1990 malgré l'examen de milliers de bovins (Figure 10).

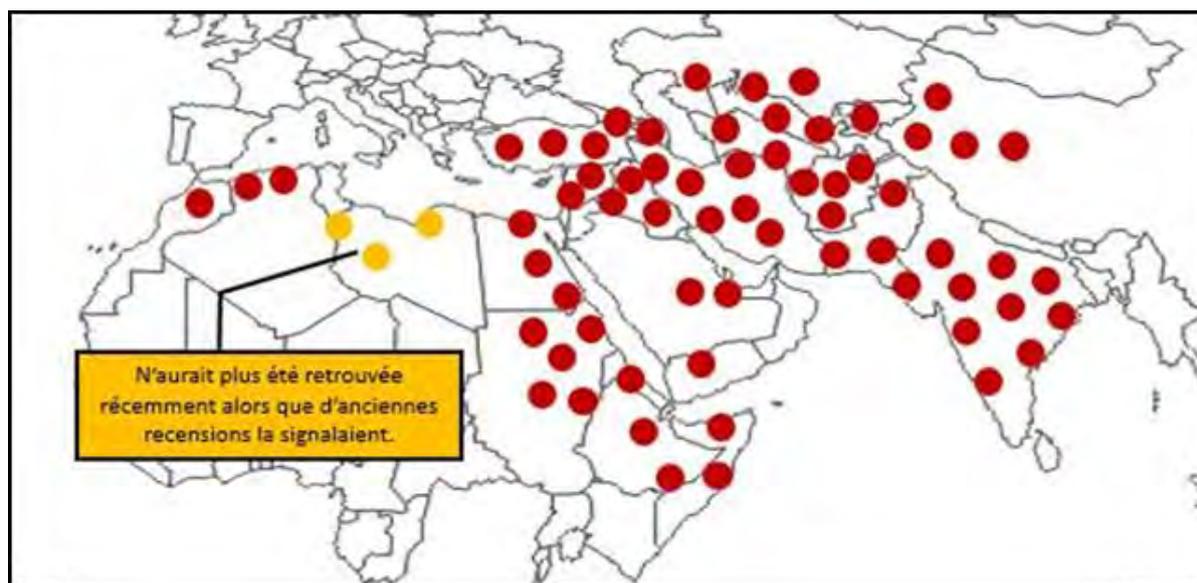


Figure 10 : Distribution de *Hyalomma anatolicum*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature.

Sa distribution est bien plus étendue en Asie puisque l'espèce est mentionnée, parfois en abondance, depuis le Gansu (Chen *et al.* 2010) et le Xinjiang (Yu *et al.* 2017), à l'ouest de la Chine, l'Inde (Gaur *et al.* 2016; Ghosh, Azhahianambi, et de la Fuente 2006) et le Pakistan (Sajid *et al.* 2009), l'Asie centrale (Kazakhstan et Tadjikistan) et le Caucase, jusqu'au Moyen-Orient et au Proche-Orient : Iran (Biglari *et al.* 2018), Irak, Syrie, péninsule arabique (Alanazi *et al.* 2021). Elle est aussi présente en Israël, au Liban et en Turquie (Morel 2003; Walker 2003). Son importance pour l'élevage de ces pays

¹⁶ La sympatrie désigne l'existence de deux espèces phylogénétiquement proches, vivant sur un même territoire, mais ne s'hybridant pas.

explique le grand nombre de travaux réalisés sur cette espèce, notamment en Inde et au Pakistan, concernant par exemple le suivi de la résistance aux acaricides, les méthodes de lutte alternatives ou la recherche de molécules potentiellement vaccinales (voir le chapitre 8.2. « Méthodes de lutte contre les tiques »).

Hyalomma anatolicum est une tique de régions caractérisées par un climat aride ou désertique. Ces zones reçoivent généralement moins de 500 mm de pluies annuelles, cette pluviométrie n'atteignant fréquemment même pas 200 mm (Morel 2003). L'espèce est également thermophile et ne semble pas pouvoir s'installer lorsque la température moyenne des mois de juillet-août est inférieure à 28°C. En revanche, la présence, en hiver, de périodes de gel, ce qui n'est pas rare dans ces régions, n'est pas un obstacle. Cela tient peut-être au fait que le microclimat des habitats domestiques auxquels l'espèce s'est adaptée lui donne une relative indépendance vis-à-vis des conditions défavorables régnant dans la zone où sont situés ces mêmes habitats.

Hyalomma anatolicum s'est en effet adaptée aux habitats des bovins, présentant un comportement fréquemment endophile. Elle est en quelque sorte devenue (quoique non exclusivement) une « tique domestique » (Walker 2003). Il est remarquable d'ailleurs qu'elle soit abondante dans les bâtiments d'élevage riverains des grands fleuves au milieu des steppes désertiques ou semi-désertiques : Nil et son delta, bassin du Tigre et de l'Euphrate, zones d'inondation des fleuves d'Asie centrale (Morel 2003). Cela explique qu'elle soit désormais observée dans quasiment toute la péninsule indienne (Ghosh, Azhahianambi, et de la Fuente 2006), y compris dans les états au climat sub-tropical humide du nord-est, alors que sa région d'origine en Inde semble être le nord-ouest aride, notamment le Pendjab (Singh et Rath 2013) et l'Haryana (Sangwan *et al.* 1994) où elle est abondante. Dans les étables infestées par *H. anatolicum*, les divers stades, à jeun ou gorgés, sont retrouvés dans les crevasses des murs, dans les espaces entre la maçonnerie et la charpente et dans les trous des insectes xylophages. Ce comportement rapproche cette espèce de *H. scupense*. Il a été observé que les larves et les nymphes se détachent majoritairement entre 21 heures et minuit, quand les animaux sont dans les étables. Ce détachement nocturne doit être considéré comme une adaptation qui protège les stades gorgés, particulièrement lents à se déplacer et donc à s'abriter, des hautes températures diurnes qui prévalent dans les contrées où vit l'espèce (Morel 2003).

❖ Hôtes

Du fait de son endophilie, *H. anatolicum* est pratiquement devenue monotrope sur les bovins, bien qu'elle puisse aussi infester les dromadaires, les chevaux et les ovins (Walker 2003). Les chèvres semblent être moins parasitées par cette espèce (Ahmed, Taha, et El Hussein 2011). Toutefois, *H. anatolicum* conserve un potentiel de tique exophile et peut infester divers animaux de la faune sauvage. Dans ce cas, elle a généralement un comportement ditrope classique, les immatures se gorgeant sur rongeurs (gerbilles, notamment) et lagomorphes, et les adultes infestant les grands ongulés. Le fait que les larves et les nymphes puissent, selon les circonstances, infester les petits ou les grands mammifères signale le télotropisme¹⁷ de cette espèce. Les adultes de *Hyalomma anatolicum* peuvent se fixer sur les humains. De telles observations ont surtout été faites en Asie (Inde, Tadjikistan, Ouzbékistan, etc.), mais il y a également quelques mentions en Europe (Grèce, Chypre) et notamment en Turquie (Guglielmone et Robbins, 2018).

❖ Cycle de développement

Cette espèce a un cycle très variable, en fonction des circonstances et des hôtes sur lesquels elle se gorge, comme cela a été observé lors d'une étude en laboratoire (Ahmed, Taha, et El Hussein 2011). Classiquement, elle a un cycle triphasique monotrope, tous les stades se nourrissant sur bovins. Mais

¹⁷ Les tiques télotropes sont celles dont les stades immatures peuvent se gorger aussi bien sur les hôtes infestés par les adultes que sur des hôtes différents.

elle peut également avoir un cycle triphasique ditrope (immatures sur petits mammifères, adultes sur grands ongulés), ainsi qu'un cycle diphasique lorsque la larve se nourrit sur lapins (Walker, 2003). En fait, l'importance relative des cycles diphasique ou triphasique varie en fonction des hôtes disponibles et utilisés par les larves. D'après les études réalisées en laboratoire, le cycle est triphasique si les larves se nourrissent sur des gerbilles (la majorité de celles placées sur ce rongeur se détachent après leur gorgement) et diphasique si elles sont installées sur des lapins (Bakheit *et al.* 2012). Le cycle est également variable en fonction des études et donc sans doute des populations de tiques mises en élevage (Ahmed, Taha, et El Hussein 2011).

Les immatures peuvent se fixer sur tout le corps des herbivores domestiques, mais elles sont plus particulièrement abondantes sur la tête. Les adultes en revanche se fixent principalement au niveau de l'arrière-train, autour de l'anus, sur le périnée, le scrotum, les mamelles, parfois sur la région axillaire, mais jamais sur la tête ou sur les oreilles.

L'activité saisonnière de cette espèce est très variable. Dans les régions asiatiques ayant un hiver marqué, on observe des diapauses¹⁸, soit de développement (aux stades nymphes et/ou femelles gorgées), soit de comportement (adultes à jeun inactifs), et donc une absence d'infestation des animaux pendant la saison froide (Walker, 2003). La durée du cycle est alors habituellement annuelle : les adultes parasitent leurs hôtes entre mars et septembre, les larves entre juillet et septembre, et les nymphes entre juillet et octobre (Pomerantzev 1950¹⁹, cité par Vatansever, 2017). Au Soudan, où les variations climatiques sont moins marquées, les trois stades sont actifs toute l'année (Walker, 2003). Dans diverses provinces iraniennes, des adultes de *H. anatolicum* sont également collectés aussi bien en saison froide qu'en saison chaude (Choubdar *et al.* 2019).

3.2.2.3 *Hyalomma dromedarii*

❖ Distribution géographique

Hyalomma dromedarii est une des espèces de *Hyalomma* les plus largement répandues. Elle est ainsi présente en Afrique du nord, du Maroc à l'Égypte, mais aussi au sud du Sahara, depuis le Sénégal jusqu'au Kenya (Figure 11). Elle aurait été observée sur les îles Canaries au début du XX^e siècle, et a été introduite dans les années 1940 avec des dromadaires en Afrique du sud où elle ne s'est pas maintenue (Morel 2003). De la même façon, son introduction à Madagascar en 2008, toujours avec des dromadaires, n'a pas permis son installation, sans doute parce que le climat prévalant sur les hauts-plateaux près d'Antananarivo ne lui convient pas (Stachurski, comm. pers.). Cette espèce est également endémique au Proche et au Moyen-Orient, en Asie jusqu'au Xinjiang, au Tibet et en Inde (Apanaskevich *et al.* 2008). En Europe, elle a été mentionnée en Bulgarie (Morel 2003), en Crète (Mihalca, Pfäffle, et Petney 2017) et dans le nord de la Grèce (Chaligiannis *et al.* 2016). La distribution de *H. dromedarii* coïncide en règle générale avec celle du Dromadaire (*Camelus dromedarius*) dans les déserts tropicaux, mais la tique peut également infester le Chameau de Bactriane (*Camelus bactrianus*) dans la partie la plus orientale de sa répartition, en Asie centrale et en Chine (Morel 2003).

¹⁸ La diapause est une forme de vie ralentie, génétiquement déterminée, une phase d'arrêt du développement pendant des périodes défavorables de l'environnement. Cet important mécanisme adaptatif permet aux animaux de résister et de survivre aux variations saisonnières de l'habitat telles que les basses températures hivernales, les fortes chaleurs estivales, les périodes de sécheresse ou encore d'absence de nourriture. Il permet également de synchroniser les différents stades du cycle de vie avec celui des saisons.

¹⁹ Article en russe.



Figure 11 : Distribution de *Hyalomma dromedarii*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature.

Parmi toutes les espèces de *Hyalomma*, *H. dromedarii* est certainement, avec *H. schulzei*, la mieux adaptée aux conditions d'extrême sécheresse (Morel 2003; Walker 2003). En Iran, *H. dromedarii* est ainsi plus abondante dans les régions les plus arides et chaudes (Choubdar *et al.* 2019). L'espèce est observée sous des climats désertiques jusque dans les oasis les plus reculées, pourvu qu'il y existe des hôtes potentiels. Dans ces zones au climat extrême, les adultes à jeun s'abritent sous les buissons ou à l'entrée des terriers des rongeurs et ils se mettent en chasse lorsque la température le permet ou lors du passage d'un hôte éventuel (Morel 2003). L'espèce est également observée dans les steppes semi-désertiques et tropicales. L'altitude n'est pas un facteur limitant tant que règnent les conditions qui lui sont favorables ; elle est ainsi retrouvée en Ethiopie et au Yémen jusqu'à 2 100 m d'altitude (Morel 2003).

❖ Hôtes

Les adultes de *H. dromedarii* parasitent préférentiellement les dromadaires et les chameaux, mais leur monotropie est loin d'être absolue. On en trouve également en grand nombre sur les bovins et les petits ruminants, ainsi que sur les chevaux (*Equus caballus*) et les ânes (*Equus asinus*). L'espèce peut d'ailleurs être maintenue en l'absence de camélidés, uniquement du fait de la présence des bovins (Walker, 2003). Des observations anecdotiques d'adultes de *H. dromedarii* ont été faites sur renards, chiens ou la Hyène tachetée (*Crocuta crocuta*) (Apanaskevich *et al.* 2008), de même que sur les êtres humains (Guglielmone et Robbins, 2018).

Les larves et les nymphes parasitent essentiellement les rongeurs de terriers (notamment les gerbilles), les lièvres et les hérissons, mais il n'est pas rare d'en récolter également sur les dromadaires. C'est ainsi la seule espèce de *Hyalomma* dont les immatures peuvent se gorger aussi bien sur les petits que sur les grands ongulés (Apanaskevich *et al.* 2008). Accessoirement, des immatures ont été retrouvés sur des oiseaux (Caille des blés, *Pluvianus fluvialis* – *Pluvianus aegyptius*, Faucon crécerelle ou des reptiles (Lézard des murailles – *Podarcis muralis*). *Hyalomma dromedarii*

fait ainsi preuve d'une grande plasticité biologique qui favoriserait ses chances de survie dans le milieu difficile où elle habite (Morel 2003). Toutefois, *H. dromedarii* n'est pas apte à vivre dans les bâtiments : elle reste une espèce exophile (Walker, 2003), même si elle peut s'établir à proximité des étables (Gharbi *et al.* 2020).

❖ Cycle de développement

Comme pour *H. anatolicum*, il faudrait mieux écrire « cycles » de développement. En effet, le cycle de *H. dromedarii* est très variable, l'espèce pouvant se comporter comme une tique à un, deux ou trois hôtes, et avoir un cycle monotrope, ditrope ou télotrope. Le cycle le plus fréquent semble toutefois être diphasique, que les immatures se nourrissent sur petits mammifères (Walker, 2003) ou sur dromadaires (Elghali et Hassan 2010). Mais si les immatures se nourrissent sur de petits mammifères de terriers, alors un cycle triphasique est possible car les stades gorgés sont protégés de la dessiccation (Morel 2003).

Le cycle se déroule toute l'année, les divers stades pouvant être observés sur leurs hôtes à tout moment (Morel, 2003; Walker, 2003). Toutefois, dans les régions où le climat hivernal est froid, une diminution de l'activité de la tique est notée (Gharbi *et al.* 2020).

3.2.2.4 *Hyalomma excavatum*

❖ Distribution géographique

Hyalomma excavatum a une distribution assez semblable à celle de *H. anatolicum*, avec un léger décalage vers l'ouest (Figure 12). En Asie, elle n'a pas été observée en Inde, mais a été observée depuis Israël (Tirosh-Levy *et al.* 2018), la Syrie et la Turquie, jusqu'en Asie centrale (Kazakhstan, Turkménistan, Ouzbékistan, Tadjikistan (Apanaskevich et Horak 2005) – et au sud-ouest du Pakistan (Kasi *et al.* 2020)). En Europe, elle est présente en Albanie, Grèce, Chypre (Apanaskevich et Horak 2005) et aurait été mentionnée en Sicile, Bulgarie, ex-Yougoslavie (Morel 2003). En Afrique, elle est présente depuis les îles Canaries, la Mauritanie et le Maroc jusqu'en Egypte, avec quelques populations présentes dans la corne de l'Afrique (Soudan, Erythrée, Ethiopie et Somalie (Apanaskevich et Horak 2005; Walker 2003)). Lorsque *H. excavatum* et *H. anatolicum* sont en sympatrie, la première est généralement moins abondante et présente notamment dans les aires écologiques plus marginales et sèches (on ne la trouve pas dans les vallées ou le delta du Nil, par exemple – Vatansever 2017), alors que la seconde serait répartie de façon plus homogène (Walker, 2003).

Dans son ensemble, *H. excavatum* est ainsi une espèce paléarctique méditerranéenne dont l'aire d'extension potentielle recouvre le maquis et les steppes méditerranéennes, les steppes semi-désertiques saharo-méditerranéennes, les steppes semi-désertiques arabo-persiques. Elle existe également en foyers localisés sur les routes de caravanes dans les déserts du Sahara et du Proche-Orient (Morel 2003).

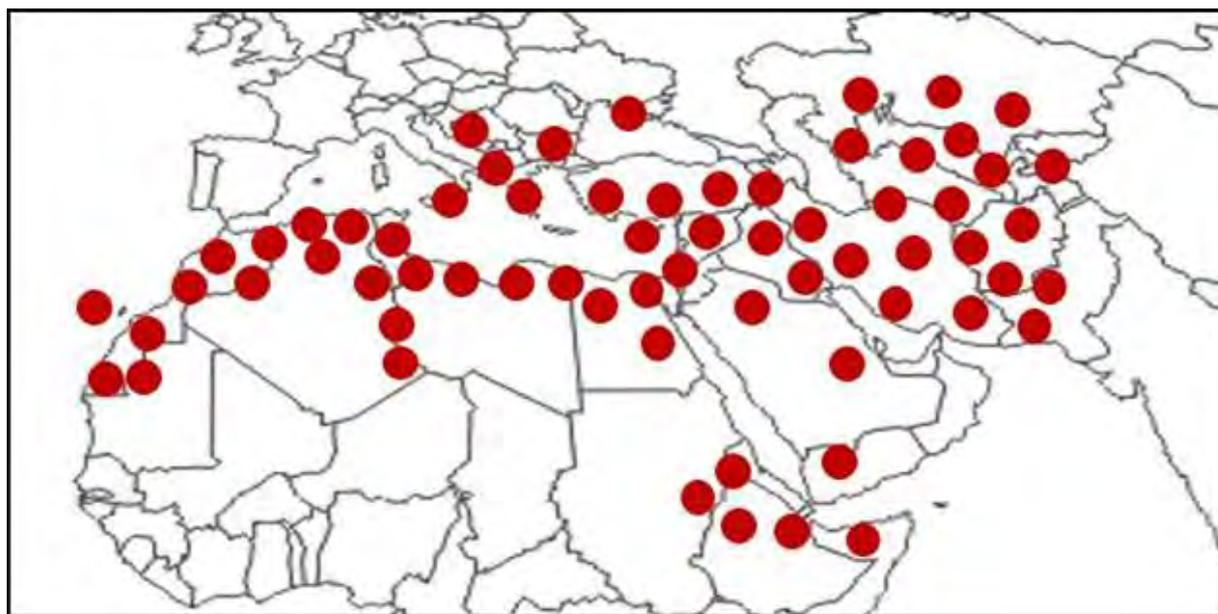


Figure 12 : Distribution de *Hyalomma excavatum*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature.

❖ Hôtes

C'est une tique typiquement ditrope. Les immatures se gorgent sur les petits mammifères (rongeurs, notamment les gerbilles, lagomorphes et hérissons), alors que les adultes parasitent les grands ongulés (bovins et petits ruminants, dromadaires, chevaux et ânes) qui ne sont habituellement pas infestés par les immatures (Walker 2003). Les tiques adultes se fixent classiquement sur les régions périnéale et inguinale (mamelle et scrotum) de leurs hôtes. Les êtres humains peuvent être infestés par cette espèce (Vatansever 2017).

❖ Cycle de développement

Hyalomma excavatum est une tique dont le cycle peut être di- ou tri-phasique en fonction des hôtes des larves. Le cycle est à trois hôtes quand elles se nourrissent sur gerbilles, mais en partie à deux hôtes si elles parasitent des lapins (Vatansever 2017). Les adultes sont actifs toute l'année, aussi bien en Afrique du nord (Walker, 2003) qu'en Turquie (Bakirci *et al.* 2012) ou sur le Golan (Tirosh-Levy *et al.* 2018) avec toutefois une réduction importante des effectifs en hiver.

3.2.2.5 *Hyalomma impeltatum*

❖ Distribution géographique

La majeure partie de l'aire de distribution de *Hyalomma impeltatum* est africaine (Figure 13). Cette espèce est présente sur le pourtour du Sahara. Au nord, on la trouve du Maroc à l'Égypte ; au sud, de la Mauritanie et du Sénégal jusqu'au Kenya et en Tanzanie (Walker 2003; Apanaskevich et Horak 2009), en passant par la plupart des pays d'Afrique occidentale et centrale. Elle est également présente autour des zones arides ou désertiques du Proche-Orient et d'Asie, jusqu'en Afghanistan et au Pakistan (Ali *et al.* 2019). Toutefois, elle serait peu abondante dans les pays les plus orientaux de son aire de répartition (Apanaskevich et Horak 2009). En Europe, *H. impeltatum* ne serait présente qu'en Turquie, et de plus de façon très localisée, uniquement dans l'est et le sud-est anatolien (Bursali, Keskin, et Tekin 2012). Un individu aurait été identifié en Grèce (Chaligiannis *et al.* 2016),

et huit autres spécimens sont mentionnés dans une étude récente concernant la région paléarctique ouest (A. Estrada-Peña *et al.* 2013), sans que l'on sache dans quels pays ils ont été observés.

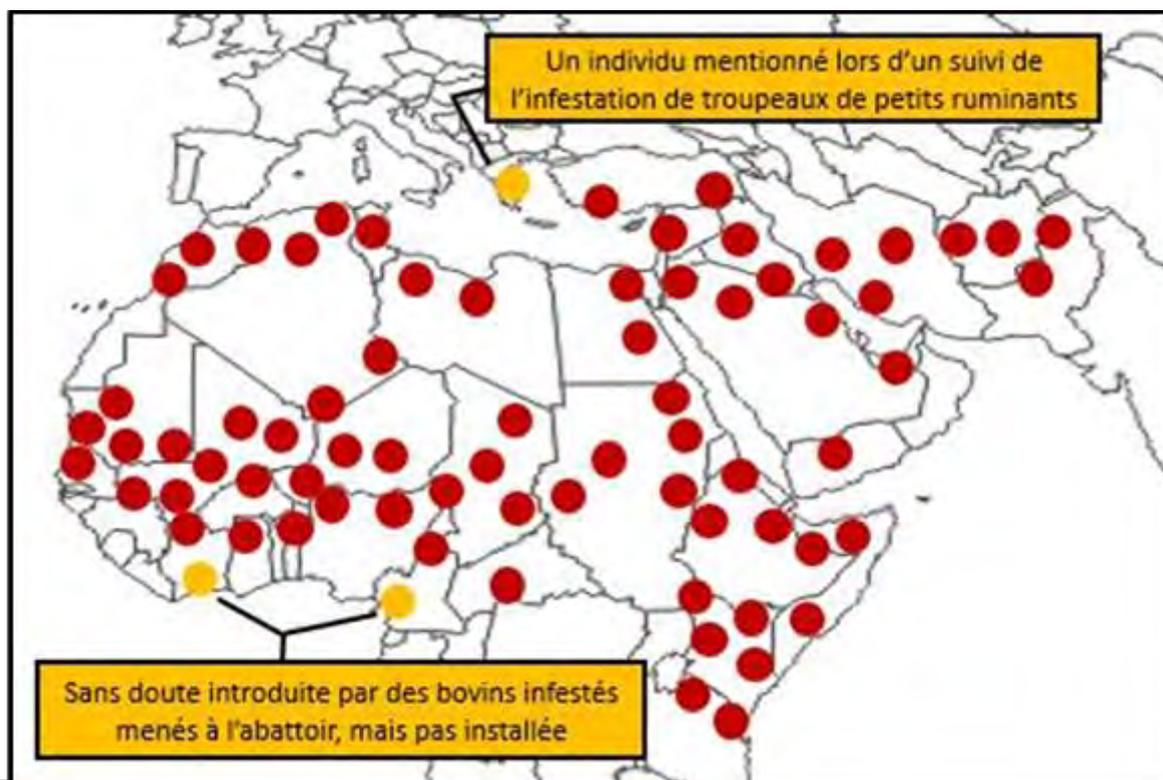


Figure 13 : Distribution de *Hyalomma impeltatum*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature.

Cette espèce a ainsi une distribution approximativement similaire à celle de *H. dromedarii*, sa dissémination étant d'ailleurs en partie assurée par les caravanes de dromadaires, ce qui permet une répartition plus étendue que celle de nombreuses autres espèces de *Hyalomma* (Walker, 2003). Elle est toutefois moins abondante que *H. dromedarii* dans les zones les plus arides (moins de 100 mm de pluies annuelles) et s'accommode à l'inverse de pluviométries plus élevées que cette dernière (elle disparaîtrait néanmoins dès que la pluviométrie annuelle dépasse 500 mm) (Morel 2003). Dans tous les pays où elle a été observée, cette tique est présente dans les régions les plus arides : steppes xérophytes masaï, arabo-persiques ou sahéliennes, steppes méditerranéennes. Les observations faites dans les zones pluvieuses (sud de la Côte d'Ivoire et du Cameroun) sont sans doute dues à des déplacements d'animaux infestés.

Les immatures sont endophiles et ont un microhabitat souterrain : terriers de rongeurs dans le sable ou les pierrailles, sous un couvert plus ou moins important, buissonnant ou arbustif. Les adultes, eux, sont exophiles et restent à l'affût sur le sol dans un écosystème abrité.

❖ Hôtes

Les adultes de *H. impeltatum* infestent un grand nombre d'ongulés. Les animaux domestiques, bien sûr, notamment les bovins, petits ruminants et dromadaires (Walker 2003; Ali *et al.* 2019). Mais on les retrouve également sur les chevaux et les ânes, et sur de très nombreux ongulés sauvages : Gnou bleu (*Connochaetes taurinus*), Rhinocéros noir (*Diceros bicornis*), Phacochère de Somalie (*Phacochoerus aethiopicus*) buffles et gazelles (Apanaskevich et Horak 2009). De façon anecdotique,

des adultes de cette espèce ont également été retrouvés sur des hérissons, des autruches et des chiens (Apanaskevich et Horak 2009), mais aussi sur des êtres humains (Petney et Pfäffle 2017).

Les immatures, quant à eux, se gorgent principalement sur les petits mammifères (rongeurs, lagomorphes et hérissons – Walker, 2003). Mais ils ont également été observés sur des reptiles (des lézards, en l'occurrence) et sur quelques oiseaux (Rougequeue à front blanc et Traquet motteux – Apanaskevich et Horak 2009). Les humains pourraient également être infestés par les stades immatures (Logan *et al.* 1989; Morel 2003).

❖ Cycle de développement

Hyalomma impeltatum est donc une tique au cycle classique pour le genre, typiquement ditrope : les immatures sont essentiellement associés aux petits mammifères de terriers (rongeurs myomorphes) mais peuvent aussi infester lièvres et hérissons, alors que les adultes parasitent surtout les grands ongulés (Walker 2003). L'activité de ces adultes intervient plutôt le soir ou le matin, aux heures les plus fraîches, alors qu'elle semble suspendue aux heures les plus chaudes (Morel 2003).

Pour certains auteurs, les adultes n'auraient pas de préférence d'hôte très marquée, et les immatures peuvent également infester les oiseaux (Logan *et al.* 1989). Le cycle est généralement triphasique, mais il peut aussi être à deux hôtes (Apanaskevich et Horak 2009). En Afrique (Walker 2003) comme au Pakistan (Ali *et al.* 2019), les adultes sont actifs quasiment toute l'année, avec toutefois une diminution marquée de l'infestation en Asie pendant les deux mois les plus froids de l'année (janvier-février). Les immatures sont observés sur leurs hôtes en été et en automne (Morel 2003; Walker 2003).

3.2.2.6 *Hyalomma rufipes*

Hyalomma rufipes et *H. marginatum* étaient encore récemment considérées comme deux sous-espèces d'un groupe incluant également *H. isaaci*, *H. turanicum* et *H. glabrum*, elle-même longtemps regardée comme une population de *H. turanicum* introduite en Afrique du Sud. Mais cette tique a récemment été élevée au rang d'espèce à part entière (Apanaskevich et Horak 2006), bien que la phylogénie récemment établie du genre *Hyalomma* confirme que ces cinq espèces sont apparentées (Sands *et al.* 2017). Morel (2003) avait déjà supposé cette proximité génétique, et pensait que *H. rufipes* correspondait « aux populations isolées par le Sahara de celles de *H. marginatum* méditerranéen. Si ce sont bien sûr les oiseaux qui ont diffusé l'espèce à la fin du Tertiaire, la barrière géologique du désert a déterminé deux communautés de reproduction de part et d'autre du tropique. Aujourd'hui, bien que les migrations des oiseaux le long de la vallée du Nil transportent chaque année un nombre considérable de larves et de nymphes des deux populations en dehors de leur aire de distribution, on ne constate pas d'établissement stable de *H. marginatum* en Afrique éthiopienne ou de *H. rufipes* dans le bassin méditerranéen. Les récoltes d'un certain nombre d'adultes de l'une ou l'autre espèce indiquent simplement que les nymphes importées sur les oiseaux ont pu se métamorphoser sur place. ».

❖ Distribution géographique

Hyalomma rufipes est une espèce typiquement africaine, présente dans tous les pays au sud du Sahara, du Sénégal à la Somalie, et de l'Erythrée à l'Afrique du Sud (Morel, 2003; Walker, 2003) (Figure 14). Il semble toutefois que des populations soient installées en Égypte, dans la vallée du Nil, mais également sur la rive orientale de la mer Rouge (Yémen, Arabie Saoudite et Oman) (Apanaskevich et Horak, 2008). Pour ces auteurs, toutes les autres observations de *H. rufipes* provenant d'Europe ou d'Asie doivent être considérées comme la conséquence de la dissémination

des nymphes par les oiseaux migrateurs. Or, des publications plus récentes mentionnent la présence de l'espèce dans diverses régions de Chine occidentale et centrale près de la Mongolie : Gansu, Shanxi, Ningxia, Qinghai, Xinjiang, etc. (Chen *et al.* 2010; Luo *et al.* 2017). Cependant les séquences disponibles dans GenBank® et provenant de la province du Gansu montrent une plus forte similarité avec *H. marginatum* (y compris avec les séquences françaises), qu'avec *H. rufipes* (Huber, comm. pers.). Il n'est donc pour l'instant pas avéré que *H. rufipes* soit présent en Chine.

Il y a ainsi de fréquentes introductions de nymphes de *H. rufipes* en Europe par les oiseaux, ce qui est connu depuis plusieurs décennies (Hoogstraal *et al.* 1961; Hoogstraal *et al.* 1964). Ces nymphes arrivent parfois à se métamorphoser en adultes, que l'on retrouve ensuite sur les animaux domestiques. D'ailleurs, une partie des tiques du genre *Hyalomma* récemment retrouvées en Allemagne (huit des 18 qui ont pu être identifiées à l'espèce – Chitimia-Dobler *et al.* 2019), Suède (neuf sur 11 – Grandi *et al.* 2020) ou Pays-Bas (deux sur 14 – Uiterwijk *et al.* 2021) étaient des *H. rufipes*, les autres étant des *H. marginatum*. Deux des *Hyalomma* récemment transmises au Cirad par des propriétaires de chevaux du sud de la France étaient également des *H. rufipes*. Introduite à plusieurs reprises par du bétail importé d'Afrique du Sud dans le port de Taomasina (côte est de l'île), *H. rufipes* n'a jamais pu s'installer à Madagascar (Uilenberg 1964) où le climat qui lui convient est de toute façon limité à une faible portion du sud de l'île.

Hyalomma rufipes est introduite régulièrement en Europe par les oiseaux (Hoogstraal *et al.* 1961; Hoogstraal *et al.* 1964). Elle n'a cependant pas réussi à s'installer pour le moment, pas même dans les zones les plus chaudes du sud de l'Europe ou du Moyen-Orient, à l'exception du sud de la péninsule arabique (Apanaskevich et Horak, 2008). Elle est présente dans beaucoup de pays africains chauds et humides où sa distribution est très clairsemée, et dans les régions les plus sèches de ces pays. Elle est répandue de façon beaucoup plus homogène dans les régions tropicales à une seule saison des pluies (Morel, 2003; Walker, 2003).

Pour Morel (2003), « en Afrique australe, *H. rufipes* est présente dans toutes les régions sèches. En Afrique orientale, l'espèce est répandue dans les zones les plus arides, recevant annuellement 250 à 750 mm de pluies. Dans les régions plus humides [en règle générale, jusqu'à 1 000 mm], *H. rufipes* n'arrive à se maintenir que s'il existe une importante saison sèche et une unique saison des pluies. Ainsi au sud du Sénégal et à l'ouest de la

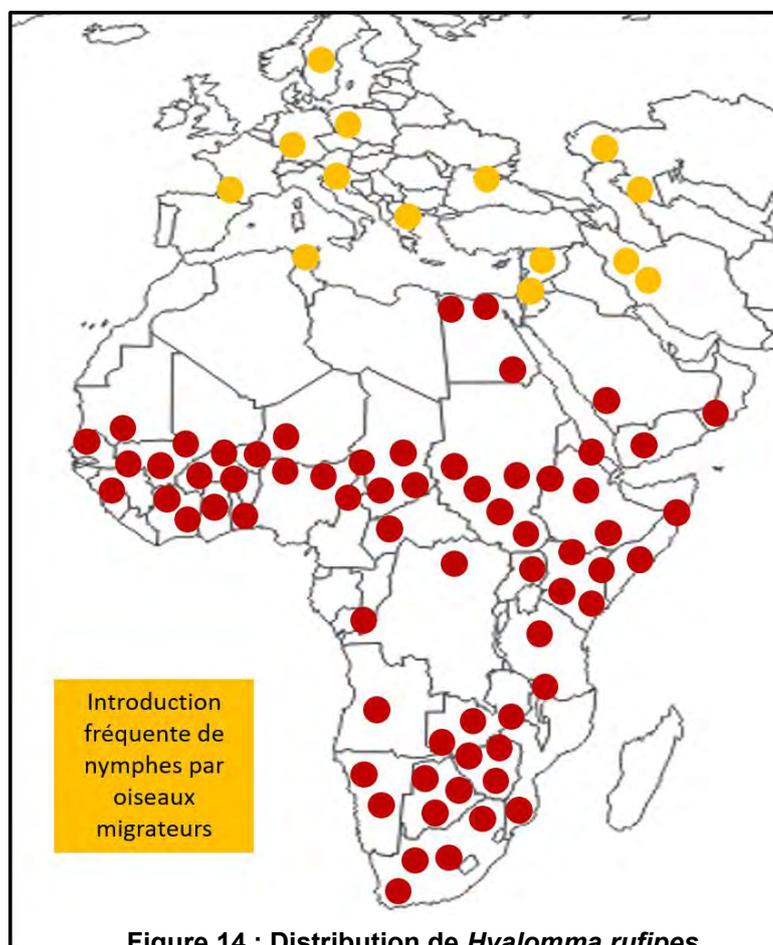


Figure 14 : Distribution de *Hyalomma rufipes*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature.

Guinée, où les précipitations peuvent atteindre 2 000 mm, il y a une longue saison sèche de sept mois, ce qui rétablit des conditions favorables à la tique.

« En Égypte, on ne la trouve que dans la vallée du Nil, jamais dans le désert absolu. En Afrique occidentale, les zones intéressées sont les steppes xérophytes sahéliennes nord et sud (c'est l'espèce de *Hyalomma* dominante au Sahel, outre *H. impeltatum*) et la savane boisée subtropicale sud-soudanienne (où il y a uniquement des populations localisées). Dès que le boisement devient important, les conditions microclimatiques deviennent défavorables à *H. rufipes* (région côtière des Niayes au Sénégal, par exemple). Enfin, cette tique peut subsister dans les zones à basses températures (jusqu'à 120 jours de gel par an) ou à fortes températures (désert du Karoo situé en Afrique du Sud). » Toutefois, la limite thermique permettant son installation (isotherme minimal de juillet) n'a pas été identifiée.

Comme *H. marginatum*, *H. rufipes* est une tique dont les stades libres sont tous exophiles. Les adultes restent sur le sol, abrités par des pierres et la végétation, parfois sur la végétation elle-même. D'ailleurs, le caractère dénudé de leur habitat naturel oblige dans la plupart des cas les *H. rufipes* à une recherche active de l'hôte (Morel 2003).

❖ Hôtes

Les hôtes de *H. rufipes* sont très comparables à ceux de *H. marginatum*, également ditrope. Les tiques adultes parasitent essentiellement les ongulés, domestiques et sauvages, et ne piquent que rarement les humains (Guglielmone et Robbins, 2018), ce qui les distingue des *H. marginatum*. Les immatures infestent quant à eux les lagomorphes et les oiseaux fréquemment au sol (Walker *et al.* 2003). Hoogstraal *et al.* (1961; 1964) ont établi plusieurs listes d'oiseaux porteurs d'immatures de *H. rufipes* au moment où, migrant d'Afrique sub-saharienne vers l'Europe au printemps, ils traversent l'Égypte. On y trouve des Phasianidae (Caille des blés), des rapaces (Faucon crécerelle, Hibou petit-duc), la Huppe fasciée (*Upupa epops*), de très nombreux passereaux, (Traquet motteux, Traquet oreillard (*Oenanthe hispanica*), Rougequeue à front blanc, Fauvette à tête noire, Pipit rousseline, Rossignol philomèle, Pie-grièche à tête rousse (*Lanius senator*), etc.). Une récente étude en Italie a permis d'identifier des immatures de l'espèce sur d'autres passereaux : Fauvette grisette, Gobemouche gris, Pipit des arbres, Tarier des prés, Rougequeue noir (*Phoenicurus ochruros*), etc. (Rollins *et al.* 2021).

Les tiques adultes se fixent principalement dans la région péri-anale, mais également sur la mamelle et le scrotum. Sur les oiseaux, les tiques immatures sont quasiment exclusivement fixées sur la tête (Morel 2003).

❖ Cycle de développement

Le cycle de *H. rufipes* est, comme celui de *H. marginatum*, ditrope et diphasique. Il y a une seule génération par an. Les adultes sont plus nombreux en début de saison des pluies et les larves en saison sèche (Walker, 2003). En Afrique australe, par exemple au Zimbabwe, où les saisons sont inversées par rapport à l'Afrique de l'ouest, on observe ainsi les adultes d'octobre à mars, en saison des pluies, et les larves en saison fraîche, essentiellement entre mai et août (Minshull, 1981). Toutefois, pour Morel (2003), en Afrique de l'ouest, les immatures sont retrouvés sur les oiseaux en toute saison. Dans les régions humides, l'activité est concentrée pendant les mois secs ; dans les régions froides, elle est interrompue pendant la saison hivernale.

3.2.2.7 *Hyalomma truncatum*

❖ Distribution géographique

Hyalomma truncatum est une espèce exclusivement africaine, à la répartition très étendue puisqu'elle est présente du sud de l'Égypte à l'Afrique du Sud, et du Sénégal à la Somalie (Apanaskevich et Horak, 2008) (Figure 15). De récentes analyses phylogénétiques ont montré qu'elle comprend deux lignées géographiques distinctes, *H. truncatum* méridionale et *H. truncatum* septentrionale, qui ne constituent pas un groupe monophylétique et pourraient être considérées comme des espèces cryptiques (Sands *et al.* 2017). La première lignée est proche de *H. impressum*, pourtant présente exclusivement au nord de l'Équateur, la seconde de *H. nitidum* et *H. albiparmatum*, à la distribution également très restreinte (ouest-africaine pour la première et est-africaine pour la seconde). Ces deux dernières *Hyalomma* pourraient être des « espèces naissantes » (Apanaskevich et Horak, 2008). La très grande proximité, allant jusqu'à la confusion, entre *H. truncatum* et *H. nitidum* pourrait expliquer une distribution comprenant des zones arides voire quasi-désertiques, et des zones bien plus humides, dans les régions proches de l'Équateur des pays du golfe de Guinée, où vit *H. nitidum* (Walker, 2003 ; Apanaskevich et Horak, 2008).

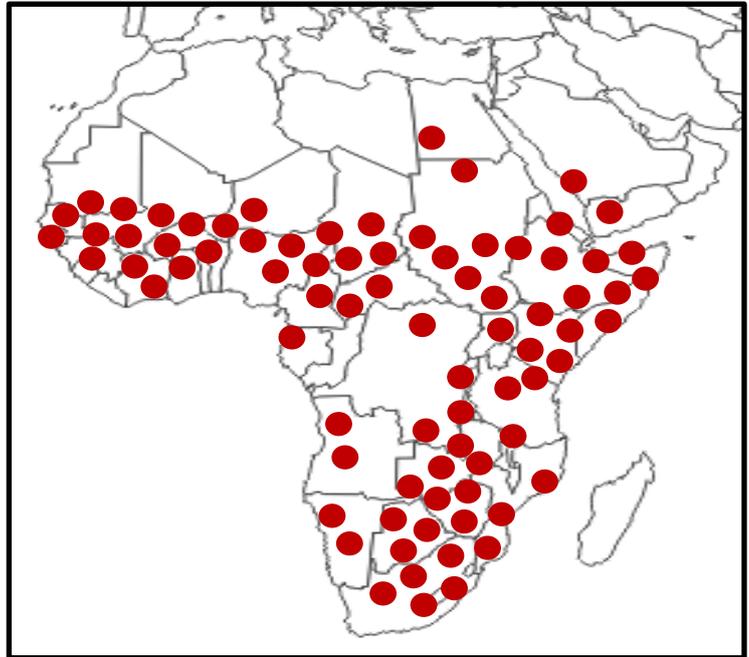


Figure 15 : Distribution de *Hyalomma truncatum*

La carte synthétise l'ensemble des signalements de cette espèce dans la littérature.

Hyalomma truncatum a été introduite à Madagascar (port de Tamatave) par du bétail importé d'Afrique du Sud, mais elle ne s'est pas installée sur l'île (Uilenberg *et al.* 1979). Quelques populations semblent en revanche s'être pérennisées en Arabie Saoudite et au Yémen (Apanaskevich et Horak, 2008).

Hyalomma truncatum sensu stricto serait donc caractéristique des steppes et savanes d'Afrique mais absente des régions très humides d'Afrique de l'ouest où elle serait remplacée par *H. nitidum* (Morel 2003). On la retrouve jusqu'à 2600 m d'altitude au Kenya. L'espèce est observée dès que la pluviométrie dépasse 150 mm, est très abondante entre 400 et 750 mm, puis régresse. Mais on peut la retrouver en Tanzanie dans des régions où il pleut jusqu'à 1 500 mm, et en Afrique occidentale jusqu'à 1 000 à 1 200 mm ; dans ces cas-là, c'est la durée courte de la saison des pluies qui permet le maintien de l'espèce (Morel 2003). En Afrique occidentale, *H. truncatum* comprend des populations parfois abondantes, notamment dans la steppe boisée xérophyte sahélienne et dans la savane tropicale nord-soudanienne qui constituent son habitat de prédilection, et des populations plus dispersées et rares, de très faible importance numérique, limitées aux formations ouvertes, dans les savanes soudanaises plus méridionales (Morel 2003).

❖ Hôtes

Les hôtes habituels des larves et des nymphes de *H. truncatum* sont les rongeurs myomorphes, et les lagomorphes, majoritairement les lièvres (Apanaskevich et Horak, 2008). La majorité des

observations d'immatrices sur les oiseaux sont probablement, pour Apanaskevich et Horak (2008), des identifications erronées qui devraient être vérifiées. Les adultes infestent quant à eux une grande variété d'animaux, notamment les grands herbivores domestiques (bovins, chevaux, dromadaires, ovins, caprins) et sauvages (diverses antilopes –*Antilopinae*, Gnou bleu (*Connochaetes taurinus*), zèbres (*Equus quagga*, *Equus zebra* et *Equus grevyi*), girafes (*Giraffa camelopardalis*), Phacochère d'Afrique (*Phacochoerus africanus*), rhinocéros (*Rhinocerotidae*)) (Walker, 2003 ; Apanaskevich et Horak, 2008). Mais on peut aussi les trouver sur des carnivores (chiens, Lion –*Panthera leo*, Guépard –*Acinonyx jubatus* –Apanaskevich et Horak, 2008). Pour ces auteurs, les êtres humains seraient rarement infestés par les tiques adultes, bien qu'ils citent une quinzaine de cas. Récemment, un touriste étasunien revenant d'Éthiopie a été trouvé porteur d'un mâle de *H. truncatum* (Mathison *et al.* 2015). Walker (2003) indique quant à lui que les stades immatures peuvent également piquer les êtres humains.

Lorsque les larves infestent des rongeurs, elles ont un comportement endophile et se détachent dans les terriers. Les nymphes gorgées et les adultes sont à l'inverse exophiles. Les adultes se tiennent au niveau du sol, prêts à se déplacer vers l'hôte qu'ils repèreront, ou à l'affût sur la végétation (Morel 2003). Les tiques adultes se fixent sur les sites de prédilection habituels des *Hyalomma* : périphérie de l'anus, périnée, mamelle et scrotum. Mais elles peuvent aussi se gorger sur le toupillon de la queue (Walker, 2003) et sur les pieds, c'est-à-dire près des onglons (Farougou, Kpodekon, et Tassou 2007).

❖ Cycle de développement

Le cycle de *H. truncatum* est habituellement diphasique et ditrope, complété en une année (Walker, 2003). Toutefois, il peut être triphasique si les larves se nourrissent sur des rongeurs myomorphes (gerbilles) au lieu de lagomorphes (Rechav et Fielden 1997). Le passage d'un cycle à trois hôtes à un cycle à deux hôtes constituerait une adaptation à l'infestation de mammifères ne vivant pas dans les terriers (Morel 2003). D'ailleurs, pour Walker (2003), l'abondance locale de l'espèce est en relation avec l'abondance des lièvres, l'hôte de prédilection des larves et des nymphes. Les immatures sont actifs pendant la saison sèche (Walker, 2003), alors que les adultes infestent majoritairement leurs hôtes en fin de saison des pluies, c'est-à-dire d'août à novembre dans l'hémisphère nord (en l'occurrence, au Bénin – (Farougou, Kpodekon, et Tassou 2007) et en mars-avril dans l'hémisphère sud, par exemple en Zambie (Pegram *et al.* 1986; Berkvens *et al.* 1998).

4 Évaluation de la probabilité d'introduction et d'installation des tiques du genre *Hyalomma* en France

Il est hautement probable que les modifications climatiques observées depuis quelques décennies soient, au moins en partie, responsables de l'installation de *H. marginatum* dans le sud de la France, seule portion du littoral méditerranéen où elle n'était pas encore présente. En l'absence de mise en œuvre des mesures préconisées par le GIEC (Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat) pour limiter l'accroissement des températures, les départements français ayant un climat méditerranéen seront probablement de plus en plus nombreux. D'autres populations ou d'autres espèces de *Hyalomma* sp. aux exigences climatiques proches pourraient à leur tour s'établir en France dans les années à venir. Les experts du GT se sont donc intéressés aux sept espèces de tiques *Hyalomma* jugées d'intérêt pour le territoire français (Chapitre 3), afin d'évaluer leur probabilité d'introduction (§ 4.1) dans un premier temps, et leur probabilité d'installation (§ 4.2) dans un second temps.

4.1 Introduction de tiques du genre *Hyalomma*

4.1.1 Modalités possibles d'introduction des tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire français

Les tiques se déplacent peu par elles-mêmes mais peuvent parcourir de longues distances au cours de leur repas sanguin par le biais des déplacements de leurs hôtes. Ainsi, leur dispersion géographique et leur introduction sur un nouveau territoire sont dépendantes des mouvements des hôtes qui les transportent. Dans ce cadre, les différentes modalités possibles d'introduction des tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire français identifiées par les experts sont les suivantes (modalités qui sont détaillées sur la **Figure 16**) :

- Introduction par un être humain en provenance d'une zone où des tiques du genre *Hyalomma* sont présentes ;
- Introduction par des animaux (sauvages ou domestiques) suite à une action de l'être humain (importations légales ou illégales)
- Introduction par des déplacements naturels d'animaux sauvages (animaux terrestres et oiseaux)

Pour analyser ces différentes possibilités d'introduction des tiques, outre les données de la littérature scientifique, les experts ont eu recours :

- à la conduite d'auditions d'experts ;
- aux textes réglementaires ;
- à la consultation de bases de données (Agreste²⁰ et TRACES-NT²¹)
- à l'étude des données des saisies des douanes ;
- aux données de l'Institut français du cheval et de l'équitation (IFCE) ;

²⁰ Agreste est la marque des publications du Service de la statistique et de la prospective du Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt, il s'agit d'un service public de statistiques ministérielles.

²¹ Trade Control and Expert System New Technology

- à la consultation de divers rapports (thèses, rapports institutionnels,...).

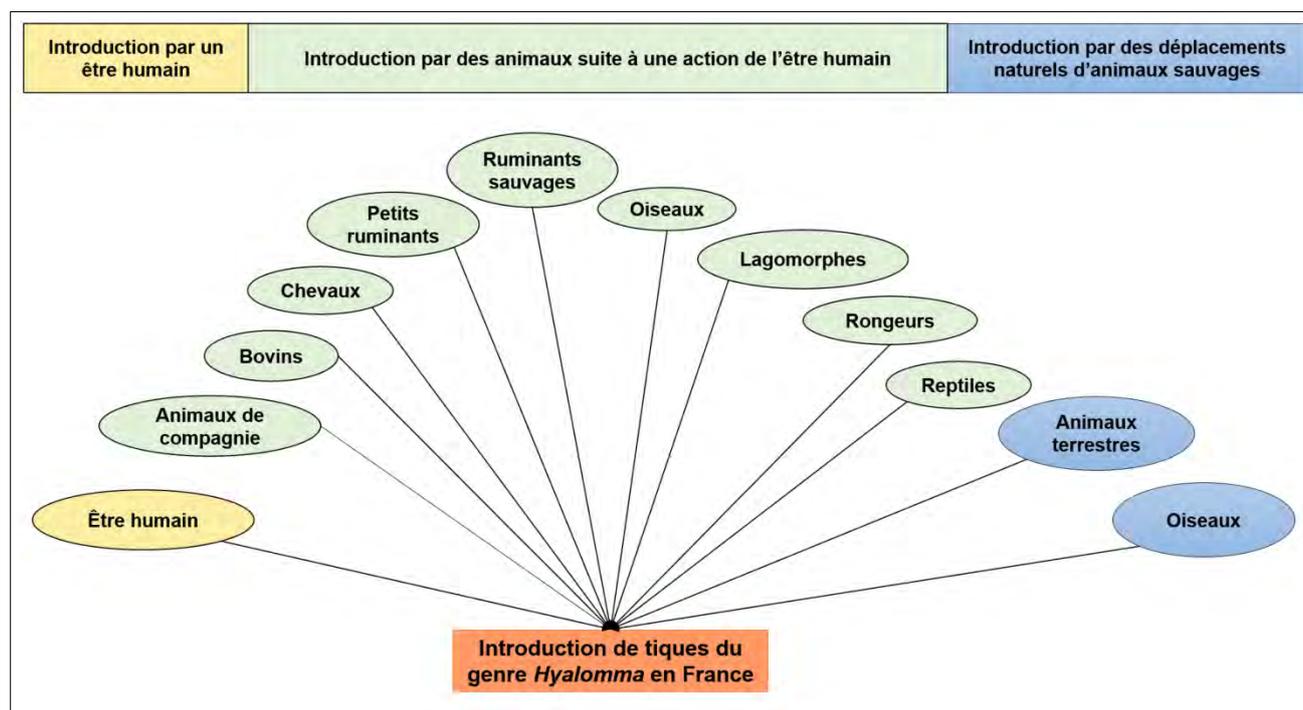


Figure 16: Schéma événementiel des différentes modalités possibles d'introduction des tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire français

4.1.2 Synthèse des connaissances

4.1.2.1 Déplacements d'êtres humains

Toutes les tiques jugées d'intérêt pour la France dans ce rapport peuvent piquer l'être humain et sont donc susceptibles d'être introduites en France par un humain infesté en provenance d'une zone où les tiques sont présentes. Cette possibilité est d'autant plus importante que le voyage effectué est rapide, notamment par avion. Or, pour les voyages à l'étranger, l'avion reste le mode de déplacement le plus utilisé, représentant 58,8 % des voyages en 2016 selon la Direction Générale des Entreprises (DGE).

Selon l'Association du transport aérien international (IATA), le nombre de passagers transportés par l'aviation civile est en augmentation : 2,97 milliards de personnes en 2014, 4 milliards en 2017 et 4,5 milliards en 2019. D'après les statistiques mondiales de l'aviation civile et de l'Organisation de l'aviation civile internationale (OACI), en 2019, plus de 71 millions de ces passagers ont eu comme destination la France (sur des vols intérieurs et internationaux), quand 49,3 millions de départs ont été recensés pour du tourisme international. Concernant le trafic maritime, en 2019, un peu plus de 27 millions de passagers ont fréquenté les principaux ports maritimes français, dont plus de 11 millions les ports de méditerranée (croisiéristes compris). De manière générale, au cours des 10 années précédant l'épidémie de Covid-19 (2010-2019), l'augmentation des voyages des Français vers l'étranger (hors DROM) a été principalement due à l'augmentation du nombre de voyages à destination de l'Europe continentale. En 2019, sur 52 millions de voyages recensés, ces derniers représentaient 76,7 % des voyages à l'étranger, ceux vers l'Afrique 12,0 %, ceux vers les Amériques

4,4 %, et ceux vers l'Asie/Océanie 6,9 % (sources : SDES et Insee²²). Il n'est pas possible de déterminer la proportion de voyageurs provenant de, ou ayant été dans des pays ou régions où des populations de tiques du genre *Hyalomma* sont installées, d'autant qu'il faudrait y ajouter les voyages effectués en automobile ou en train dans les pays proches (Espagne, Italie, Grèce, Balkans...). Il est toutefois certain que plusieurs millions de personnes séjournent chaque année dans des sites où des tiques du genre *Hyalomma* sont présentes avant de venir (ou revenir) en France.

Bien que beaucoup d'espèces différentes²³ de tiques du genre *Hyalomma* aient été retrouvées sur des êtres humains, elles ne se nourrissent que très rarement sur cet hôte par rapport aux animaux. D'après Estreda-Pena et Jongejan, *H. marginatum* et *H. anatolicum* sont les deux espèces les plus fréquemment retrouvées sur des humains (Estrada-Peña et Jongejan 1999). Par ailleurs, selon certains auteurs, les tiques du genre *Hyalomma* sont moins fréquemment retrouvées sur des êtres humains car, du fait de leur taille plus grande que celle d'autres tiques, notamment du genre *Ixodes*, elles sont plus visibles et par conséquent plus facilement repérées avant fixation ou rapidement ôtées si elles se sont fixées, d'autant que ce sont principalement les tiques du genre *Hyalomma* adultes qui se fixent (Kumar, Manjunathachar, et Ghosh 2020a). Enfin, les personnes piquées les retirent généralement d'elles-mêmes sans pour autant consulter un clinicien.

Cependant, certains cas ont fait l'objet de signalements, notamment ceux impliquant des voyageurs vivant dans des régions indemnes de tiques du genre *Hyalomma*. Par exemple, une tique *H. truncatum* a été retrouvée sur des voyageurs d'Amérique du Nord de retour d'Ethiopie (Mathison *et al.* 2015) ou du Botswana (Molaei *et al.* 2018). En 2001, lors d'une étude de la littérature et des données non publiées sur les tiques exotiques introduites aux USA, des auteurs recensaient plusieurs centaines d'individus de 99 espèces différentes (95 *Ixodidae*), dont 34 spécimens du genre *Hyalomma*, parmi lesquels une tique *H. marginatum* retrouvée sur un humain de retour de Grèce (Keirans et Durden 2001). Un article récent a rapporté l'observation d'un mâle de *H. rufipes* sur la poitrine d'un demandeur d'asile, un homme soudanais arrivé à Malte par bateau (Medialdea-Carrera *et al.* 2021). D'après les auteurs, la tique se serait fixée en Libye, avant la traversée de la Méditerranée par bateau (un trajet estimé à 80 heures), démontrant ainsi que l'introduction de tiques dans le sud de l'Europe et de la France par des humains et par bateau est possible. Cependant, d'après les experts, sachant qu'il n'y a pas de population de *H. rufipes* documentée comme étant installée en Libye, il pourrait plus probablement s'agir d'une nymphe amenée dans le pays par un oiseau et qui se serait métamorphosée sur place avant de piquer la personne, comme cela arrive en Europe. À ce jour, à la connaissance des experts, il n'y a pas eu de mention de tiques du genre *Hyalomma* trouvée sur un être humain suite à son arrivée ou à son retour sur le territoire français, ce qui ne prouve cependant pas que cet événement est impossible.

Selon les experts, l'ensemble des zones du globe où sont présentes les tiques du genre *Hyalomma* d'intérêt pour le territoire français pourraient être une source d'introduction de *Hyalomma* sp. par un être humain qui y séjournerait et arriverait ensuite en France à l'issue d'un voyage de quelques heures à quelques jours au maximum.

²² SDES : Enquête mobilités des personnes 2018-2019 ; Insee : enquête nationale transports et déplacements 2007-2008 (SOeS/Insee/Inrets)

²³ Il faut noter que, dans la plupart des cas, l'espèce de tique n'est pas documentée

4.1.2.2 Importations d'animaux

❖ *Importations légales d'animaux*

L'essentiel des échanges commerciaux d'animaux de rente vivants se fait à l'échelle européenne. Peu d'importations d'animaux de rente vivants se font en provenance d'un pays tiers hors Europe. Le cadre législatif de ces échanges est présenté dans l'Encadré 2.

Encadré 2 : Cadre législatif des importations d'animaux vivants vers la France

Les importations d'animaux vivants sont soumises à une réglementation sanitaire qui, dans le cadre des échanges entre pays, vise à protéger les pays destinataires de l'introduction d'agents pathogènes, sources de maladies, et/ou à protéger les populations de ces pays lorsque les normes sanitaires en vigueur ne sont pas les mêmes que dans le pays exportateur. Au sein de l'Union Européenne, le transport des animaux vivants est encadré par le règlement (CE) n°1/2005 du 22 décembre 2004, appliqué depuis le 1^{er} janvier 2007, et les mouvements d'animaux vivants sont consignés dans la base de données européenne TRACES-NT.

En cas d'importation d'animaux vivants en provenance de pays tiers (hors UE), les règles applicables sont très variables et font généralement l'objet de négociations bilatérales entre pays. Dans tous les cas, ces animaux sont soumis à un contrôle vétérinaire en poste de contrôle frontalier (PCF) ou en poste d'inspection aux frontières (PIF), chargés du contrôle d'importation des produits d'origine animale et des animaux vivants lors de leur introduction sur le territoire de l'UE. Les agents des PIF contrôlent toutes les importations d'animaux vivants et de produits d'origine animale. Ils vérifient l'origine (pays, région, établissement) et les certificats sanitaires d'accompagnement. Un examen des animaux, comprenant notamment des analyses de laboratoire, peut être effectué selon le niveau de risque. En France, ce contrôle est réalisé par le service d'inspection vétérinaire et phytosanitaire aux frontières (SIVEP), directement rattaché à la direction générale de l'alimentation (DGAL). À l'issue des contrôles, le SIVEP délivre, via l'application TRACES-NT, le document sanitaire commun d'entrée (DSCE-A ou -P) qui atteste de la réalisation des contrôles. La France compte 34 PCF et 22 PIF agréés par la commission européenne et six points d'entrée autorisés pour les pays tiers.

Toute activité de transport de vertébrés vivants effectuée par un opérateur dans le cadre d'une activité économique est soumise à ces exigences réglementaires à l'intérieur de la communauté européenne, mais aussi au départ de l'UE à destination de pays tiers, et dès l'entrée dans l'UE à partir de pays tiers.

Cas du gibier d'élevage et de repeuplement

Les échanges intracommunautaires et les introductions en provenance de pays étrangers d'animaux d'espèces chassables sont régis en France par une réglementation garantissant en théorie la prévention des risques sanitaires majeurs. L'introduction et le prélèvement dans le milieu naturel d'espèces animales dont la chasse est autorisée sont soumis à autorisation préfectorale dans des conditions et selon des modalités fixées par un arrêté conjoint du ministre chargé de la chasse et du ministre chargé de l'agriculture (Article L.424-11 du Code de l'Environnement). La réglementation sanitaire régissant les importations de ces animaux dans l'UE est fondée, pour les échanges intracommunautaires, notamment sur les règlements du « paquet hygiène », sur la directive 92/65/CEE du Conseil du 13 juillet 1992 modifiée et l'arrêté ministériel (AM) du 9 juin 1994. Ces textes définissent d'une part l'opérateur, c'est-à-dire la personne qui procède aux importations ou exportations d'animaux vivants, et d'autre part la liste des espèces soumises à contrôle. Les principales dispositions sont reprises dans la note de service DGAL/SDSPA/N 2001-8014 du 8 février 2001. Au sein de l'UE, les mouvements d'animaux sont suivis grâce à l'application TRACES-NT qui prévient la direction départementale en charge de la protection des populations (DDecPP) du département de destination des animaux. Tout lâcher de cervidés, de sangliers ou de lapins (les lâchers de lièvres n'étant pas soumis à autorisation) dans un parc ou enclos de chasse, ou dans la nature doit être déclaré par l'opérateur à la Direction départementale des territoires (DDT) qui doit demander l'avis de la Fédération départementale des chasseurs (FDC) (AM du 7 juillet 2006).

Toutefois, la DDT n'a pas d'accès direct à TRACES-NT (Hars *et al.* 2015). Les échanges d'animaux avec les pays tiers, animaux alors qualifiés d'introduits, sont quant à eux régis par le règlement UE 206/2010 du 12 mars 2010 et l'AM du 19 juillet 2002 qui prévoit que les animaux introduits ou importés doivent être accompagnés de certificats sanitaires.

Dans le cadre de ce rapport, les experts ont consulté les données TRACES-NT des années 2019 et 2020, pour les importations d'animaux vivants (non destinés à l'abattage) en France concernant les bovins, chevaux, ovins-caprins, porcins, chameaux et camélidés, lapins, « petits mammifères autres », reptiles et oiseaux. Ils se sont focalisés sur les importations en provenance de pays dans lesquels les tiques du genre *Hyalomma* sont présentes selon les données de l'ECDC²⁴. Cependant, dans le cas d'importations d'animaux vivants en provenance d'un pays tiers, les données communiquées aux experts ne permettent pas d'identifier les pays d'origine (catégorie « hors-UE » ou « pays tiers » dans les bases de données consultées). De plus, pour les importations en provenance d'un pays tiers qui transitent par un autre pays européen, c'est systématiquement le pays qui enregistre l'importation sur le sol européen qui est mentionné dans la base de données comme pays exportateur, le pays d'origine n'y étant pas conservé. Ainsi, si un lot de chevaux originaire d'Albanie arrive en France après avoir transité en Bulgarie, ces chevaux seront traités dans la base de données comme provenant de Bulgarie et porteront le certificat sanitaire délivré par ce pays.

Le bilan des requêtes TRACES-NT est présenté en Annexe 3. D'après ces données, les bovins et les chevaux représentent les hôtes des espèces du genre *Hyalomma* les plus à risque en termes d'introduction de tiques en raison des volumes d'importation beaucoup plus élevés que pour les autres animaux considérés (petits ruminants, lagomorphes destinés à des animaleries). Par ailleurs, les experts se sont particulièrement intéressés aux importations en provenance d'Espagne en raison de la présence de *H. marginatum* et *H. lusitanicum*, voire de *H. scupense*, dans ce pays et du risque associé à l'existence d'une frontière terrestre avec ce pays.

Importations de bovins

D'après les données Agreste (des données de statistiques agricoles), ce sont entre 1 et 1,5 million de **bovins** vivants qui sont importés chaque année en France en provenance d'un pays de l'UE. Ces importations concernent pour la majeure partie des bovins adultes (63 % des importations), avec une part prépondérante de gros bovins mâles (44 %) – *a priori* des animaux reproducteurs –, plus nombreux que les génisses (18 %) et les vaches (1 %) (Figure 17). Les importations de bovins vivants en provenance de pays-tiers (hors UE) fluctuent beaucoup selon les années (à titre d'exemple sur les dernières années : 615 en 2019, 1 993 en 2020 et 799 en 2021). D'après les données TRACES-NT, la majorité de ces bovins importés vivants sont destinés à la boucherie et seuls 5 % d'entre eux, soit environ 60 000 animaux (62 196 en 2019 et 58 762 en 2020) sont importés pour un autre usage. Les bovins destinés à la boucherie sont, selon la loi, transportés directement vers l'abattoir de destination, dans les 72 heures ou dans les trois jours ouvrables s'ils passent par un centre de rassemblement agréé. Ils ne peuvent être en contact qu'avec des animaux de même statut (Instruction technique DGAL/SDSPA/2020-807 du 22/12/2020²⁵).

²⁴ Albanie, Bosnie-Herzégovine, Bulgarie, Croatie, Chypre, Grèce, Italie, Kosovo, Macédoine du nord, Moldavie, Monténégro, Portugal, Roumanie, Fédération de Russie, Serbie, Espagne et Ukraine.

²⁵ <https://info.agriculture.gouv.fr/gedei/site/bo-agri/instruction-2020-807/telechargement>

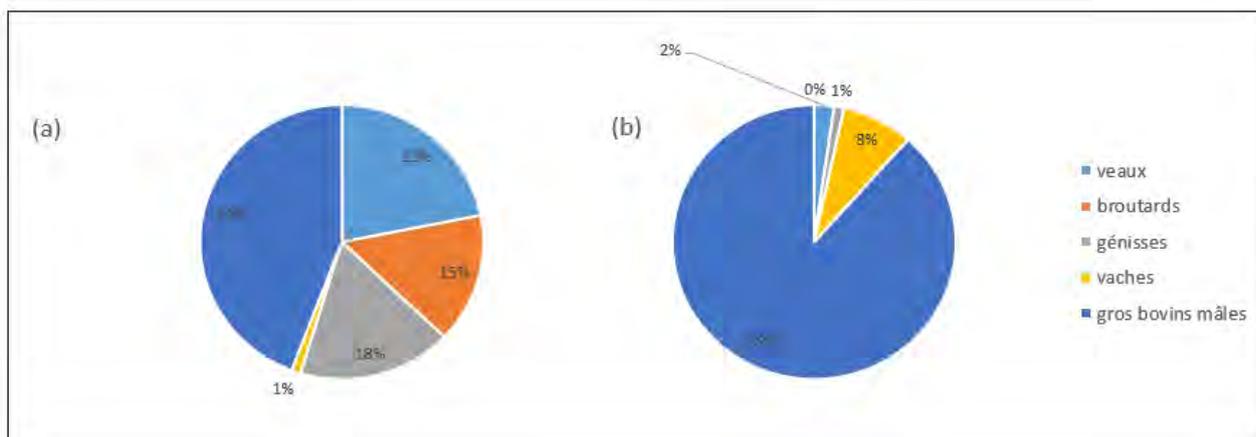


Figure 17 : Importations de bovins vivants en France en provenance (a) de l'Union européenne (UE) et (b) d'un pays-tiers (hors UE) sur la période 2019-2021

Source : d'après les données Agreste

D'après les données TRACES-NT, la plus grande partie des bovins importés vivants en France et non destinés à la boucherie provenaient, en 2019, d'Allemagne (47 %), de Belgique (18 %), d'Irlande (12 %), de Suisse (10 %) et d'Espagne (10 %). En 2020, suite au Brexit, les importations en provenance d'Irlande et du Royaume-Uni ont largement diminué au profit de la Belgique et de l'Allemagne, et de pays minoritaires jusqu'à présent, comme la Suisse et l'Italie. La plus grande partie de ces bovins importés concerne des animaux destinés à la production (66 % – engraissement, production laitière) (Figure 18). Les bovins importés pour la transhumance proviennent pour la plupart de Suisse (6 117 bovins) et ont pour destination les départements montagnards frontaliers. Une très petite portion (144 bovins) provient d'Espagne et est à destination des départements des Pyrénées-Atlantiques et des Landes. Les importations de bovins vivants destinés à la production concernent principalement des veaux destinés à l'engraissement dans des fermes consacrées à cette activité (le plus souvent sans, mais parfois avec, accès à un pâturage pour les élevages en agriculture biologique). Les données Agreste confondant les importations de veaux maigres (destinés à l'engraissement) et de boucherie (destinés à l'abattoir) et les données TRACES-NT confondant les veaux et les gros bovins, les proportions de veaux maigres ne peuvent pas être chiffrées avec les données disponibles. Avec un peu moins de 500 centres d'engraissement, la Bretagne est la région française qui produit le plus de veaux de boucherie selon le dernier bilan²⁶ de l'Institut de l'élevage (Idele). Les données du système TRACES-NT ne permettent pas de connaître le nombre d'animaux par classe d'âge (> 120 jours ou pas), ni leur lieu d'origine exact. Si les lieux à partir desquels les certificats sont signés peuvent être tracés, cela ne garantit pas leur lieu d'origine, les animaux pouvant provenir de différents territoires et être réunis dans un point d'expédition au dernier moment.

²⁶https://idele.fr/inosys-reseaux-elevage/?eID=cmis_download&oID=workspace%3A%2F%2FSpacesStore%2Fef5f5954-54ff-461d-a378-bc0b857a9034&cHash=21dcdca1a52bd63853b98b73f4f6e673

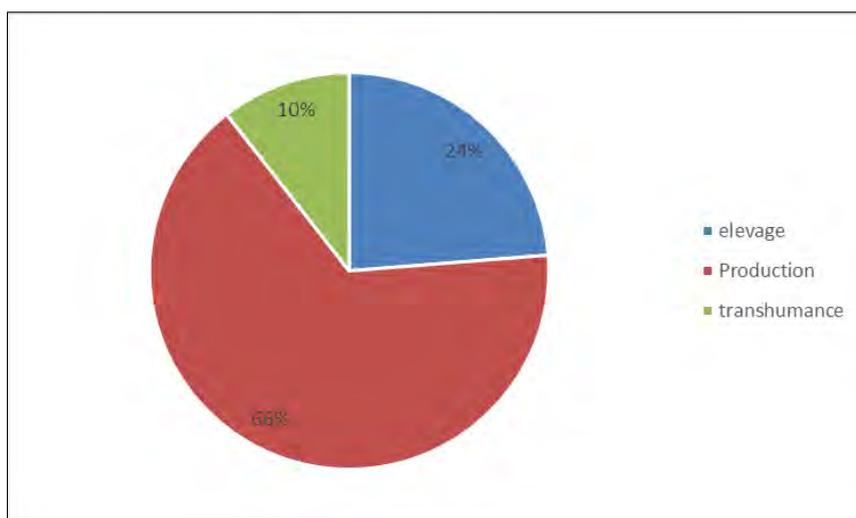


Figure 18 : Destination des bovins non destinés à la boucherie importés vivants en France en 2019.

Part des importations pour l'élevage (reproduction, en bleu), la production (production laitière et engraissement, en rouge) et la transhumance (en vert).

Source : d'après les données TRACES-NT.

Les importations d'Espagne sont majoritairement destinées au sud-ouest de la France (Figure 19). Aucune saisonnalité n'a été observée dans ces importations qui se font de manière irrégulière au cours de l'année. La majeure partie des animaux importés l'était dans un but de production (Tableau 6). Si, en 2019, elles concernaient majoritairement des veaux destinés à l'engraissement, ces importations de veaux ont décliné jusqu'à devenir nulles en 2021, alors qu'en parallèle une augmentation des importations de bovins adultes est rapportée (

Tableau 7). A l'exception des élevages en agriculture biologique, dans lesquels les veaux doivent avoir accès à l'extérieur, ces derniers sont majoritairement gardés à l'étable en atelier de production, regroupés dans des cases collectives. Aucun broutard²⁷ ni génisse n'a été importé d'Espagne ces dernières années. Concernant les « gros bovins mâles » et les vaches, bien que leur origine géographique en Espagne et leur destination finale ne soient pas renseignées dans TRACES-NT, ces animaux pourraient correspondre, du moins en partie, à des taureaux de combat. En France, on estime actuellement la population de bovins de races de combat (destinées à la tauromachie) à environ 7 000 têtes réparties sur 46 élevages (*ganaderias* ou manades). Ces élevages sont distribués entre le Sud-Est et le Sud-Ouest de la France, avec une concentration plus marquée en Camargue. Les achats et pensions de bovins reproducteurs (mâles et femelles) sont une pratique courante, qui constitue l'une des bases de la sélection génétique, dans le cadre précité.

La surveillance imparfaite dont les bovins font l'objet pourrait expliquer l'absence de publication mentionnant l'introduction de tiques du genre *Hyalomma* par ces animaux sur le territoire français. À titre d'exemple, bien que les causes de l'arrivée de *H. scupense* en Corse restent non élucidées, l'introduction de bovins infestés reste l'hypothèse la plus plausible à l'heure actuelle.

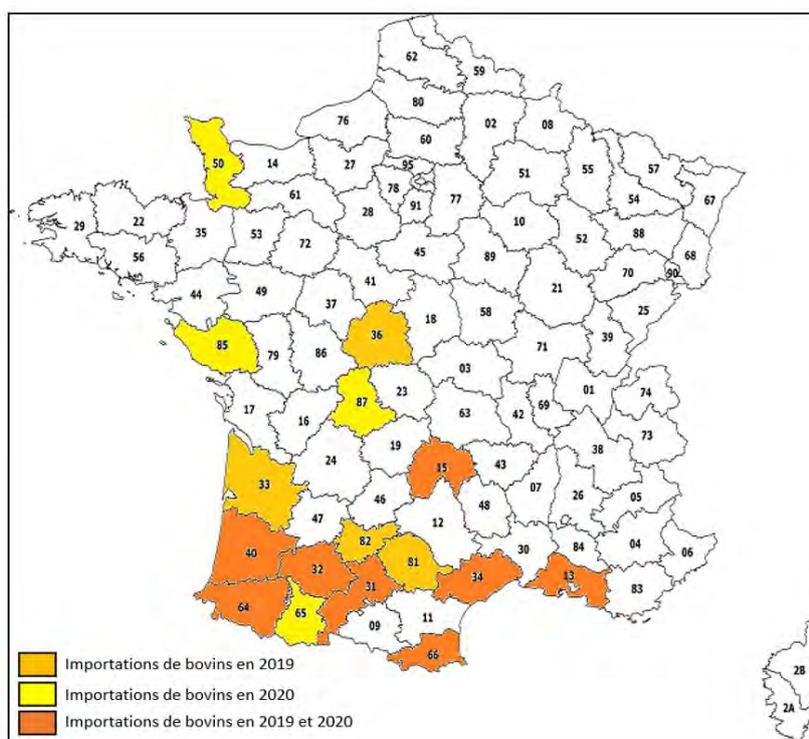


Figure 19 : Départements de destination des importations de bovins vivants (gros bovins et veaux destinés à l'engraissement) en France en provenance d'Espagne.

Source : d'après les données TRACES-NT.

Tableau 6 : Bilan des données TRACES-NT sur le devenir des bovins vivants importés (BVI) en France en 2019 et 2020.

²⁷ Jeune bovin d'une race à viande élevé au lait maternel et à l'herbe au pâturage jusqu'à son sevrage.

	2019			2020		
	Nombre total de BVI	Nombre de BVI d'Espagne	% de BVI d'Espagne	Nombre total de BVI	Nombre de BVI d'Espagne	% de BVI d'Espagne
Transhumance	6 543	144	2,20	6 290	128	2,03
Production	40 888	5 057	12,37	49 266	2 651	5,38
Elevage	14 760	732	4,96	3 206	580	18,09
Organismes agréés	5	0	NC	0	0	NC
Total des bovins	62 196	5 933	9,54	58 762	3 359	5,72

Tableau 7 : Importations françaises par type de bovins vivants en provenance d'Espagne sur la période 2019-2021.

Ces importations ne concernent que les animaux destinés à l'abattage. Source : Agreste

	2019	2020	2021
Veaux	1 722	220	0
Vaches	106	128	154
Bovins adultes mâles	128	348	403
Total bovins	1 956	696	557

Importations de chevaux

Depuis le 1^{er} janvier 2008, l'identification électronique est obligatoire en France pour tous les équidés, qu'ils soient nés en France ou importés, et qu'ils soient destinés à la consommation humaine ou non. D'après les données TRACES-NT, les importations de **chevaux** en provenance de pays de l'UE concernent essentiellement des chevaux enregistrés²⁸ (82 %), les autres étant des chevaux d'élevage (5 %) et des chevaux classés « autres » dans la base (13 %) (Tableau 8). Ainsi, 14 000 importations de chevaux vivants et non destinés à l'abattage ont été notifiées en 2019 en France. Les données TRACES-NT ne permettent pas d'avoir plus d'informations, donc d'autres sources ont été consultées. D'après la base de données Agreste qui ne prend en compte que les échanges d'animaux de boucherie, en 2019, 6 727 chevaux ont été importés vivants en France afin d'être abattus (2 106 en provenance de pays-tiers et 4 621 de l'UE). Les équidés de boucherie importés sont amenés directement à l'abattoir ou conduits dans des centres de rassemblement.

D'après l'Observatoire économique et social du cheval et l'Institut français du cheval et de l'équitation (IFCE), en 2017 et 2018, entre 9 500 et 10 000 chevaux ont été importés chaque année, dont environ 2 000 étaient des chevaux de course. Les autres chevaux importés sont pour la grande majorité (75 % des 10 000 animaux importés en 2017) des chevaux de selle et des poneys, dont près de la moitié sont destinés à des activités de loisir (promenade, enseignement, etc.). L'existence d'équidés de loisir importés sans pour autant être enregistrés par le SIRE (Système d'information relatif aux équidés) malgré l'obligation conduit néanmoins à relativiser ce chiffre. La même année, 9 351 établissements équestres (associatifs ou privés) étaient comptabilisés, répartis sur l'ensemble du territoire, 25 % d'entre eux étant concentrés dans les régions Occitanie et Nouvelle-Aquitaine. Environ 30 000 chevaux courent chaque année en France dans environ 18 000 courses organisées dans le cadre de 2 300 rassemblements. Les chevaux (environ 2 000) entraînés dans les pays voisins proviennent en particulier d'Irlande, du Royaume-Uni, d'Allemagne, de Belgique, de Suisse, d'Italie et d'Espagne.

²⁸ Dont la race et/ou l'origine exacte sont connues.

Tableau 8 : Importations de chevaux en provenance de l'Union européenne (UE) et d'Espagne en 2019 et 2020.

Source : TRACES-NT

Année	2019			2020		
	Nombre total en provenance d'UE	Nombre en provenance d'Espagne	% en provenance d'Espagne	Nombre total en provenance d'UE	Nombre en provenance d'Espagne	% en provenance d'Espagne
Autre	1 865	1 145	61,39	pas de données	pas de données	NA
Équidés enregistrés	11 515	2 430	21,10	pas de données	pas de données	NA
Élevage	691	401	58,03	430	273	63,49
Total	14 071	3 976	28,26			

D'après les données de l'IFCE, les chevaux de selle importés proviennent majoritairement d'Espagne, principal exportateur vers la France, et des Pays-Bas, mais aussi de Belgique, d'Irlande et d'Allemagne (Figure 20). D'après les données TRACES-NT, pour 2019, l'Italie et la Suisse s'ajoutent à la liste des principaux pays exportateurs de chevaux vers la France (Figure 24).

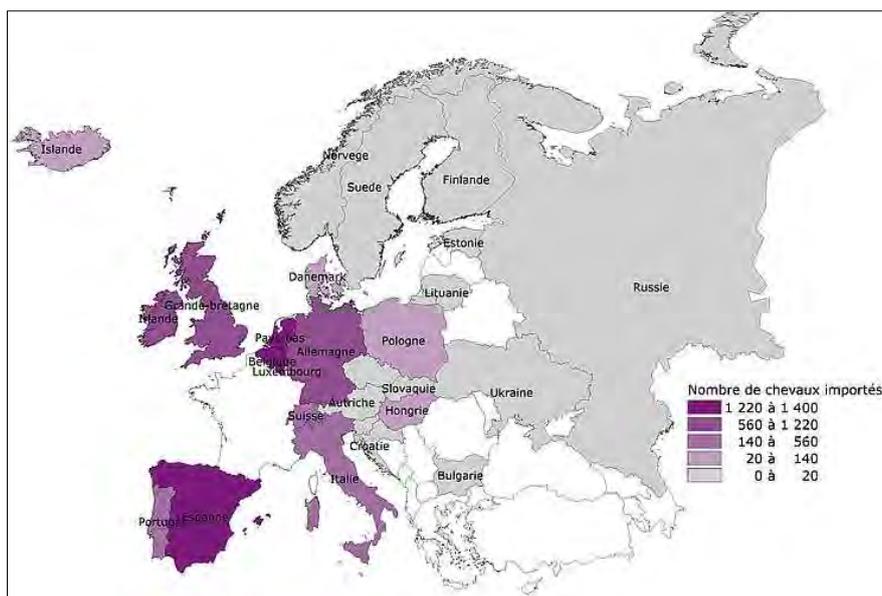


Figure 20 : Nombre de chevaux importés en France en 2018 en fonction des pays d'origine (hors chevaux de course).

Source : d'après les données de l'IFCE

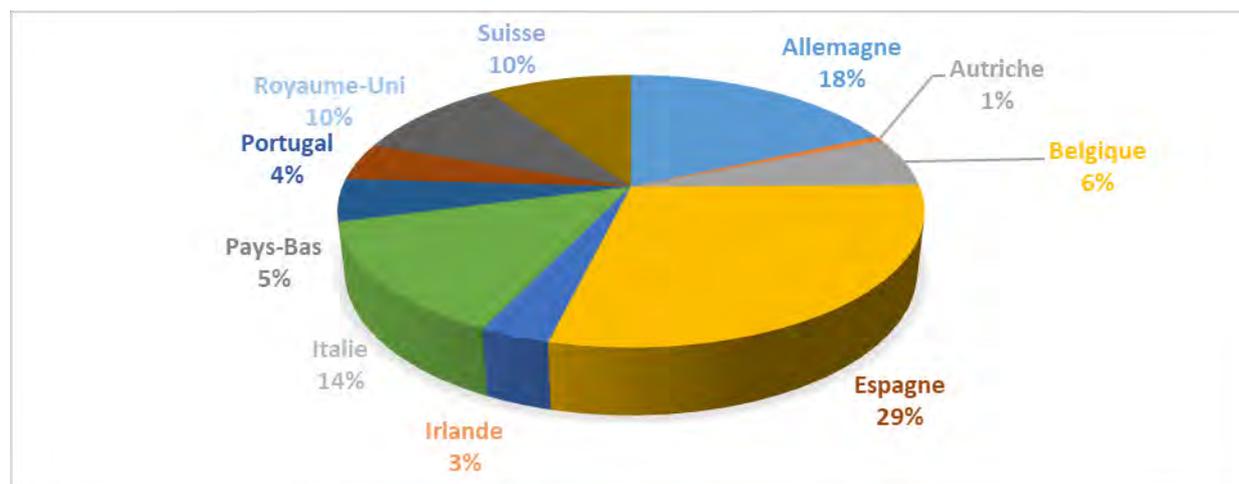


Figure 21 : Part relative des importations de chevaux en France en fonction des pays exportateurs de l'UE et de la Suisse en 2019 (hors chevaux de course).

Source : d'après les données TRACES-NT

Dans le rapport de 2019 de l'IFCE (IFCE 2020), il est indiqué que les importations globales de chevaux de selle sont en recul sur les cinq dernières années. Cependant, celles de chevaux de race (le cheval Pure Race Espagnole – PRE, et Lusitanien) en provenance d'Espagne sont en augmentation (plus de 800 importations enregistrées en 2018 d'après l'IFCE avec une augmentation de 8 % en 2019). D'après les données TRACES-NT, la majorité des chevaux enregistrés importés en France en 2019 en provenance d'Espagne, soit 2 430 des 3 976 chevaux introduits cette année-là, l'étaient à destination des départements du sud de la France (Figure 22). Ces chevaux sont susceptibles de se retrouver au pré ou en paddock après quelques heures (ou quelques jours) de voyage.

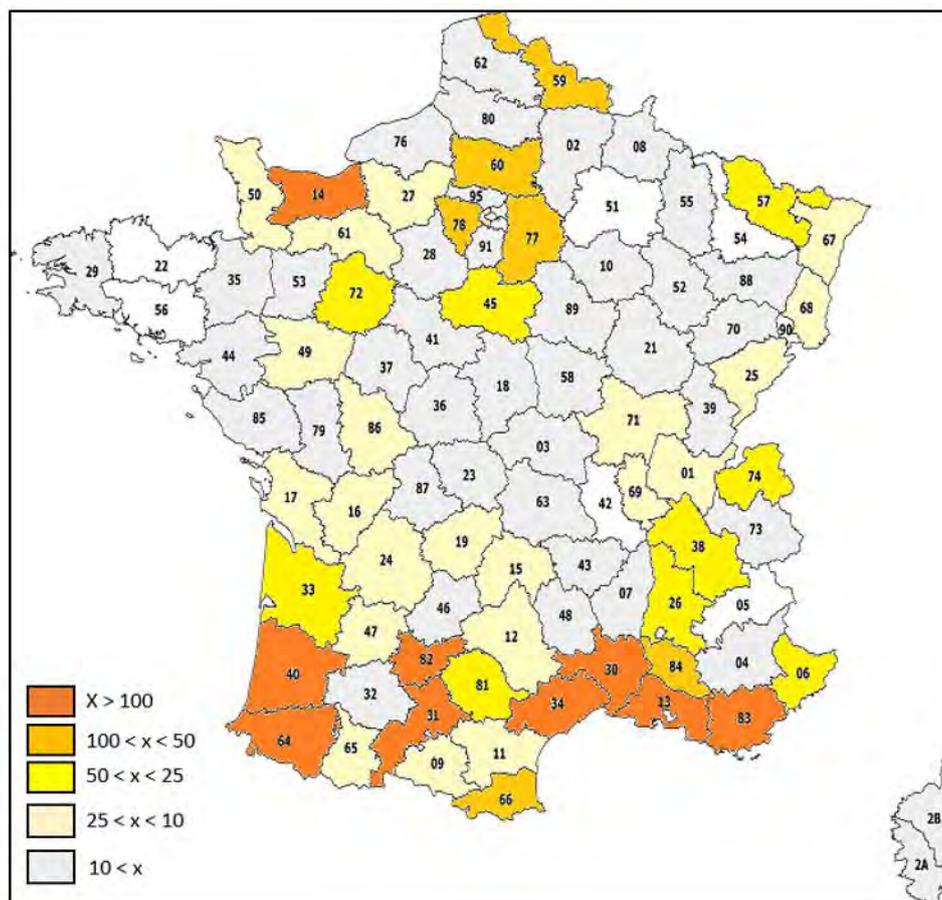


Figure 22 : Départements de destination des chevaux vivants (équidés enregistrés) importés en France en provenance d'Espagne en 2019.

Source : d'après les données TRACES-NT

Dans la littérature scientifique, une seule publication a mentionné l'observation d'une tique du genre *Hyalomma* sur un cheval suite à l'importation dans un pays où le genre n'est pas installé. Il s'agissait d'une tique *H. marginatum* mâle retrouvée sur un cheval au Royaume-Uni et détectée 48h après l'arrivée du cheval en provenance du Portugal (Jameson et Medlock 2009). Les chevaux sont des hôtes préférentiels pour les *H. marginatum*. Ils sont, de plus, beaucoup plus surveillés et détiqués que les bovins, ce qui pourrait également expliquer qu'en Europe du nord c'est sur les chevaux que l'on retrouve principalement des *Hyalomma* spp.

Autres importations

Les importations de **lapins** en provenance d'Espagne sont, en termes de volume, très importantes également (plus de 20 000 lapins importés chaque année). Il s'agit essentiellement de lapins destinés à des animaleries (lapins de compagnie) et non à des élevages en extérieur. Ces importations ne présentent donc aucun risque vis-à-vis d'une introduction de tiques dans l'environnement, et n'ont pas été prises en compte dans l'analyse. Toutefois, des importations de lapins d'élevage pour la chasse et le repeuplement semblent avoir lieu régulièrement en provenance d'Espagne. Ces animaux étant alors considérés comme du gibier sauvage, ce cas particulier sera abordé au § 864.1.2.3.

Plusieurs études ont montré que le risque d'introduction de tiques ou d'agents pathogènes transmis par **les chiens ou les chats** qui voyagent avec leurs propriétaires a considérablement augmenté ces dernières années (Buczek et Buczek 2020). Cela a notamment concerné la tique *Rhipicephalus sanguineus* qui a été disséminée quasiment dans le monde entier à la faveur des déplacements de chiens. À titre d'exemple, en Nouvelle-Zélande, une étude avait rapporté que les animaux de compagnie étaient responsables de 41 % des introductions de tiques sur le territoire (Loth 2005). En Europe, bien que les tiques du genre *Hyalomma*, du moins *H. marginatum* et *H. lusitanicum*, semblent ne se fixer que sporadiquement sur des chiens par comparaison à *R. sanguineus*, *I. ricinus* ou *I. canisuga*, des tiques du genre *Hyalomma* ont pu être transportées par des chiens dans de nouveaux territoires. C'est ainsi qu'une tique *H. lusitanicum* a été retrouvée au Royaume-Uni sur un chien de retour du Portugal (Hansford *et al.* 2018).

Parmi les pays exportateurs d'animaux vivants dans un cadre légal, les importations en provenance d'Espagne semblent donc bien être les plus à risque et concerner essentiellement les bovins et les chevaux. Outre les volumes importants d'échange entre les deux pays et la rapidité du voyage, deux espèces de *Hyalomma* (*H. marginatum* et *H. lusitanicum*, voire *H. scupense*) y sont en effet présentes. Les importations en provenance d'Italie pourraient également représenter un risque non négligeable mais difficile à évaluer. En effet, *H. marginatum* y est installée et certaines importations d'animaux vivants depuis ce pays sont en augmentation suite au Brexit.

❖ *Importations de gibier d'élevage et de repeuplement*

L'importation d'animaux sauvages d'élevage pour le repeuplement et la chasse étant un fait avéré, les experts se sont penchés sur cette hypothèse d'introduction. Le cadre réglementaire des importations de gibier sauvage est présenté dans l'Encadré 2 (p71). Toutefois, en pratique, cette réglementation s'avère peu ou mal appliquée du fait de l'absence de déclaration ou d'enregistrement des mouvements d'animaux et de l'absence de contrôle aux frontières. En France, les principales espèces de gibier vivant importées appartiennent à trois grands groupes : les ongulés (cervidés et suidés), les lagomorphes (lapins et lièvres) et, dans une moindre mesure, les oiseaux (gallinacés et anatidés) (Hars *et al.* 2015). Les lâchers de sangliers et de cervidés se font majoritairement dans des parcs et enclos de chasse, où le gibier est considéré comme *res nullius* (c'est-à-dire sans propriétaire, comme l'est tout animal sauvage libre). De manière légale, les lâchers de lapins ont lieu directement dans la nature. Bien que l'élevage de gibier de chasse soit une filière parmi d'autres de l'élevage français, il n'existe *a priori* aucune source émanant du ministère en charge de l'Agriculture ni des autres organismes (comme l'Office français de la biodiversité – OFB) qui documentent les données de production de ce type d'élevage en France. Parmi les importations possibles, celles de lièvres européens ou ibériques et de lapins de garenne, qui proviennent *a priori* en grande partie d'Espagne, sont apparues les plus importantes aux experts en termes de risque liés aux tiques du genre *Hyalomma*.

Le Lapin de garenne (*Oryctolagus cuniculus*), présent sur l'ensemble du territoire français hexagonal, est naturellement inféodé aux milieux méditerranéens. La population de lapins a considérablement souffert dans son ensemble de l'épizootie de myxomatose qui a sévi en France au début des années 50. C'est pourquoi des lâchers, constituant une pratique de gestion cynégétique courante pour renforcer les populations ont fréquemment eu lieu à la suite de cette épizootie. Il est connu que, malgré la réglementation, des importations frauduleuses de lapins de garenne en provenance d'Espagne, prélevés dans la nature ou originaires d'élevage, ont lieu. En atteste la

question de M. Jean Launay, publiée au Journal officiel du 13 septembre 2011²⁹: « M. Jean Launay attire l'attention de M. le ministre de l'économie, des finances et de l'industrie sur les problèmes que rencontrent les éleveurs de lapins de garenne, destinés majoritairement aux fédérations départementales de chasse, face à l'importation massive de lapins de pays voisins, et notamment l'Espagne. En effet, ces animaux importés, décrits comme provenant d'élevages, sont en fait le plus souvent issus de reprises en milieu naturel, donc à l'état sauvage. Dès lors, ces importations, qui se font sans réels contrôles sanitaires et sans aucune vaccination, peuvent apparaître illégales. Par ailleurs, au-delà des préjudices commerciaux que subissent les éleveurs, qui sont tous en possession d'un numéro d'agrément, les conditions de transport de ces animaux en très grand nombre sont à déplorer. Aussi, il souhaiterait connaître les conditions de contrôle existantes qui garantissent la provenance des lapins de garenne importés. » Par ailleurs, une étude menée dans des élevages de lapins de garenne en Espagne a montré que 38,1 % de ces élevages capturaient des lapins sauvages (González-Redondo et Sánchez-Martínez 2014). Cette même étude montre que 38,1 % des élevages exportaient des lapins vers les pays voisins, notamment la France.

Le Lièvre ibérique (*Lepus granatensis*), qui avait disparu de France il y a probablement 5 500 ans, a fait l'objet depuis 1975 d'introductions dans le sud du pays, notamment lors de lâchers réalisés par des fédérations départementales de chasseurs ou des sociétés de chasse locales dans plusieurs départements (Letty *et al.* 2021). Dans les Pyrénées-Orientales (Roussillon), les lâchers ont débuté dans les années 1970 avant de s'intensifier dans les années 1980 et surtout entre 1995 et 2005. Depuis 2010, les lâchers ont fortement diminué mais existent toujours. De plus, le statut juridique du Lièvre ibérique reste flou en France, il est considéré comme « Lièvre brun » au même titre que le Lièvre d'Europe (*Lepus europaeus*).

Du fait de la réglementation et d'une part non négligeable d'importations frauduleuses, aucun chiffre ne peut être avancé par les membres du GT à propos du nombre de lapins de garenne et de lièvres ibériques introduits en provenance d'Espagne chaque année ; toutefois, ces événements paraissent assez fréquents et concerner principalement le sud de la France, zone qui correspond aux exigences climatiques des tiques du genre *Hyalomma* présentes en Espagne. Ainsi, ces importations ne peuvent être négligées vis-à-vis du risque d'introduction de tiques du genre *Hyalomma* à partir d'Espagne.

❖ *Importations illégales de nouveaux animaux de compagnie (NAC)*

En France, le trafic des nouveaux animaux de compagnie (NAC) se situe au deuxième rang des activités illicites après le trafic de stupéfiants et représente un budget de plusieurs dizaines de millions d'euros. Il concerne environ 27 000 espèces protégées. La France est considérée comme le plus gros marché européen de NAC. Elle ne se situe pourtant qu'au septième rang des saisies douanières en ce qui concerne le nombre de spécimens. Les saisies sont le plus souvent effectuées dans les aéroports franciliens (Roissy-Charles-de-Gaulle et Orly), ainsi que dans les grands ports (Nice, Marseille, Sète, Ile de la Réunion) ou lors de contrôles des envois par la Poste (voie qui concerne essentiellement le trafic de reptiles, et est favorisée par le développement de sites Internet de vente par correspondance). Les trafiquants évitent les PIF, dissimulent les spécimens de petite taille (tortues, lézards, perroquets, etc.) dans leurs bagages et falsifient les données sur la nature de la marchandise ou les certificats CITES³⁰. Les volumes d'animaux vivants saisis par année sont très

²⁹ <https://questions.assemblee-nationale.fr/q13/13-117555QE.htm>

³⁰ Convention sur le commerce international des espèces de faune et de flore sauvages menacées d'extinction, dite CITES.

variables. D'après les registres des douanes portant sur les saisies effectuées ces dernières années, la majorité de celles-ci concernent les reptiles dont la plupart sont des tortues (entre 63 et 95 % en fonction des années), et les Psittaciformes³¹ (

Tableau 9). Les Psittaciformes n'étant pas des hôtes préférentiels des tiques du genre *Hyalomma*, seul le cas des tortues a été considéré par les experts.

Tableau 9 : Synthèse des saisies par types d'animaux vivants d'après le registre des douanes françaises de 2018 à 2020, selon leur classification.

Type d'animaux d'après la classification des douanes	2020	2019	2018
Reptiles (serpents, tortues, alligators, caïmans, iguanes, gavials et lézards)	68	262	719
Psittaciformes (perroquets, perruches, aras et cacatoès)	36	14	162
Oiseaux de proie	32	3	2
Autres animaux (ex : abeilles, passereaux, etc.)	88	60	6
Chevaux (autres que reproducteurs et destinés à la boucherie)	3	0	0
Mammifères (à l'exclusion des primates, des baleines, dauphins et marsouins, des lamantins et dugongs ³² , des otaries et phoques, lions de mer et morses, des chameaux et autres camélidés, des lapins et lièvres et des animaux des espèces chevaline, asine, mulassière, bovine, porcine, ovine ou caprine)	10	2	3
Primates	-	2	3
Pigeons	-	-	1

L'importation **des tortues méditerranéennes** a débuté en 1894 avec les premières liaisons entre Alger et Marseille. Entre 1965 et 1976, il est estimé que la France importait 120 000 à 150 000 spécimens de tortues du genre *Testudo* par an en provenance du Maghreb et essentiellement du Maroc. Le Maroc ayant ratifié la Convention de Washington en 1978, le commerce s'est alors tourné vers d'autres pays tels que la Turquie et la Yougoslavie. En 1984, la Communauté Européenne a interdit toute importation ou échange de tortues méditerranéennes. Depuis, les importations se font illégalement et essentiellement en provenance d'Afrique du nord. D'après le registre des douanes, les tortues saisies sont majoritairement des tortues grecques (*Testudo graeca*) (Tableau 10). Ces tortues sont endémiques au Maroc, en Algérie et en Tunisie qui sont les principaux pays d'origine des tortues saisies par les douanes, mais aussi en Europe dans les Balkans, en Grèce, en Turquie, au sud-ouest de l'Espagne et dans les îles Baléares, en Sicile, en Sardaigne et peut-être en Italie continentale. Ce sont des tortues terrestres de petite taille (moins de 20 cm), ce qui facilite le trafic illégal. Dans plusieurs régions de leur aire de répartition actuelle, ces tortues sont menacées de disparition, principalement en raison du trafic illégal (notamment au Maroc, en Algérie, et en Tunisie).

³¹ Les Psittaciformes représentent un ordre d'oiseaux tropicaux qui regroupe par exemple les perroquets, perruches, cacatoès, loris ou conures

³² Mammifère marin herbivore, proche parent des lamantins, aussi appelé halicore

Aujourd'hui, bien qu'elles soient protégées³³, elles font l'objet d'un important trafic illégal. Les saisies de tortues ont été réalisées pour la majorité d'entre elles au port de Marseille où les douaniers et policiers de l'environnement fouillent les véhicules débarqués des ferrys (principalement de Tunisie, avec plusieurs liaisons hebdomadaires et 23h de traversée). Le trafic d'animaux sauvages existe sous deux formes : la criminalité organisée et le commerce opportuniste qui peut inclure des touristes ne connaissant pas le cadre réglementaire (ex : retour de vacances avec une tortue pour les enfants).

Tableau 10 : Saisies de reptiles dont tortues vivantes de 2018 à 2020.

Source : Registre de saisies des douanes françaises

Année	Reptiles saisis	Tortues saisies				
	Nombre	Nombre	% parmi les reptiles	Espèces	nb	Provenance
2020	68	43	63,24	Tortue d'Hermann (<i>Testudo hermanni</i>)	5	France
				Tortue sillonnée (<i>Centrochelys sulcata</i>)	1	Belgique
				Tortue grecque (<i>Testudo graeca</i>)	28	Maroc, Algérie, Tunisie, inconnue
				Tortue lépreuse (<i>Mauremys leprosa</i>)	1	Inconnue
				Tortues d'espèce non spécifiée	8	Tunisie, Maroc, inconnue
2019	262	251	95,80	Tortue d'Hermann (<i>Testudo hermanni</i>)	3	Inconnue
				<i>Podocnemis unifilis</i>	1	Guyane
				Tortue grecque (<i>Testudo graeca</i>)	191	Algérie, Tunisie, Maroc, Sénégal
				Tortues d'espèce non spécifiée	56	Algérie, Tunisie, Maroc, Liban, Allemagne
2018	719	577	80,25	Tortue des steppes (<i>Testudo horsfieldii</i>)	436	Italie
				Tortue sillonnée (<i>Centrochelys sulcata</i>)	42	Inconnue

³³ Le taxon *Testudo graeca* (et toutes ses déclinaisons) est inscrit à l'annexe II de la Convention de Washington (CITES), et est inscrit comme espèce en voie de disparition sur la liste rouge – *Red Book* – de l'UICN, et en statut "vulnérable" pour les pays suivants : Albanie, Algérie, Arménie, Azerbaïdjan, Bulgarie, Égypte, France, Géorgie, Grèce, Iran, Irak, Israël, Italie, Jordanie, Liban, Libye, Macédoine, Moldavie, Maroc, Roumanie, Russie, Espagne, Syrie, Tunisie, Turquie, Turkménistan, Ukraine, et ex-Yougoslavie. Elle est également inscrite à l'annexe A du règlement CE n° 338/97 de la Communauté Européenne relatif à la protection des espèces de faune et de flore sauvages par le contrôle de leur commerce.

Année	Reptiles saisis	Tortues saisies				
	Nombre	Nombre	% parmi les reptiles	Espèces	nb	Provenance
				Tortue grecque (<i>Testudo graeca</i>)	23	Maroc, Algérie, Tunisie, inconnue
				Tortue d'Hermann (<i>Testudo hermanni</i>)	9	France, Espagne, inconnue
				Tortues d'espèce non spécifiée	53	Maroc, Algérie, Tunisie, Bénin, France, inconnue
				Tortues terrestres du Maroc ³⁴	4	Maroc
				Tortues charbonnières à pattes rouges (<i>Chelonoidis carbonaria</i>)	2	Guyane
				Tortues denticulées (<i>Chelonoidis denticulatus</i>)	8	Guyane

La Tortue grecque est l'hôte principal des tiques *H. aegyptium* (Siroký *et al.* 2006). En fonction des différentes régions échantillonnées, des prévalences allant de 9 à 100 % de tortues infestées ont été rapportées (Tiar *et al.* 2016). Des prévalences de 91,2 % (134/147) ont été observées dans le nord de la Tunisie (Najjar *et al.* 2020), avec 1 174 tiques collectées sur ces tortues. Une autre étude menée également en Tunisie a rapporté un taux d'infestation de 66,2 % sur 210 *T. graeca* examinées et 602 tiques prélevées (Gharbi *et al.* 2015). En Algérie, 1 832 tiques ont été prélevées sur 201 tortues échantillonnées (Tiar *et al.* 2016). Parmi ces tiques, 52 % étaient des adultes (avec une majorité de mâles, ratio de 4,2 pour les femelles), les stades immatures étaient essentiellement des larves (2 % de nymphes). En 2008, Brianti *et al.* ont examiné 585 tortues importées illégalement en Italie d'Afrique du nord sur les 1 400 tortues saisies par les douanes italiennes à Palerme, en Sicile. Parmi ces tortues, 221 (37,8 %) étaient infestées par des tiques (Brianti *et al.* 2010). L'ensemble des 798 tiques prélevées sur ces tortues (672 mâles, 125 femelles et une nymphe à raison d'une à 17 tiques par tortue) ont été identifiées comme étant des *H. aegyptium*. D'après Sultana Loporto, la découverte, en 2017, de *H. aegyptium* à Malte sur des tortues grecques et égyptiennes serait due à une importation illégale de tortues infestées par cette espèce de *Hyalomma* sur l'île (Sultana Loporto *et al.* 2018). En 2004, un mâle de *H. aegyptium* avait par ailleurs été collecté en Corse sur une tortue d'Hermann (*Testudo hermanni hermanni*) d'origine inconnue (Matsumoto *et al.* 2004).

Concernant les importations illégales d'animaux, la principale source d'importation de tiques du genre *Hyalomma* est essentiellement dues aux NAC et notamment aux tortues, hôtes principaux de *H. aegyptium*.

³⁴ Dénomination utilisée dans les fichiers de la douane, il s'agirait vraisemblablement de la Tortue grecque (*Testudo graeca*).

4.1.2.3 Mouvements naturels de la faune sauvage

Les animaux sauvages peuvent, lors de leurs déplacements, introduire dans un nouveau territoire tout un cortège d'agents pathogènes et d'ectoparasites dont des tiques.

❖ *Faune sauvage terrestre*

Concernant la faune sauvage terrestre, les experts se sont initialement penchés sur les déplacements transfrontaliers entre l'Italie ou l'Espagne et la France, ces deux pays ayant des populations de *Hyalomma* spp. installées. Toutefois, les régions italiennes infestées étant assez éloignées de la frontière et les Alpes jouant un rôle de barrière, les introductions de faune sauvage terrestre en provenance d'Italie n'ont pas été estimées comme les plus à risque par les experts et n'ont donc pas été considérées dans le cadre de cette expertise. Du côté espagnol, les animaux de la faune sauvage, comme les chevreuils, les cervidés, les sangliers, les lapins et lièvres, peuvent aisément se déplacer entre la France et l'Espagne, les Pyrénées représentant une barrière plus franchissable que les Alpes. Bien que beaucoup de ces animaux possèdent des domaines vitaux de petite taille et que leurs déplacements sur de grandes distances soient assez limités ou restreints à certaines périodes, les données présentées dans le chapitre 6 du présent rapport laissent penser que la possibilité d'introduction de tiques par cette voie existe. Cependant, devant l'absence de données sur ces mouvements, cette modalité d'introduction de tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire n'a pas pu être étudiée de façon plus approfondie par les experts.

❖ *Oiseaux : migrations en provenance de pays où les tiques du genre Hyalomma sont présentes*

Concernant les mouvements de l'avifaune, de nombreuses espèces d'oiseaux se déplacent en Europe autour du bassin méditerranéen. Cependant, les données sont peu abondantes et peu robustes et le portage de tiques du genre *Hyalomma* par les différentes espèces de l'avifaune n'est pas documenté. Il est très peu probable que des oiseaux ayant un mode de vie « aquatique » comme les flamants rose ou les limicoles soient infestés par des tiques du genre *Hyalomma*. En revanche, les déplacements d'oiseaux migrateurs évoluant entre l'Europe et l'Afrique sont un moyen avéré d'introduction de tiques du genre *Hyalomma*, déjà identifié par de nombreux auteurs. Cette voie d'introduction a été analysée ci-dessous en détail.

Comme mentionné dans le chapitre 3 du présent rapport, plusieurs espèces de tiques du genre *Hyalomma* se nourrissent sur des oiseaux aux stases immatures larves et nymphes. Les espèces/groupes d'oiseaux concernés sont essentiellement des Passériformes et Galliformes qui ont une activité fréquente au sol, qu'ils fouissent pour se nourrir. Néanmoins d'autres espèces d'oiseaux peuvent aussi être parfois infestées puisque des *Hyalomma* sp. ont été retrouvées sur des éperviers (Valcarcel, comm. pers.), qui sont des oiseaux se posant très rarement au sol, soit seulement quelques minutes pour pouvoir manger ce qu'ils ont capturé, ou encore se nettoyer dans des mares. Pour les espèces de *Hyalomma* à cycle diphasique qui ont pour hôtes des oiseaux, c'est-à-dire le groupe des espèces proches de *H. marginatum*, la métamorphose de larve en nymphe se déroule sur l'hôte, sur lequel la tique va donc rester environ trois semaines. Quand les oiseaux sont parasités par des larves d'espèces dont le cycle est à trois hôtes (*H. aegyptium*, par exemple), elles s'en détachent pour se métamorphoser en nymphe après une fixation d'une durée de cinq à sept jours. Dans tous les cas, si l'oiseau se déplace, il transportera donc potentiellement les tiques en cours de gorgement ou de métamorphose avec lui sur de longues distances, notamment dans le cas d'oiseaux migrateurs. Ces derniers sont donc impliqués dans le risque d'introduction de tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire français lorsqu'ils arrivent de territoires où elles sont présentes.

Certaines mentions d'introduction de tiques *Hyalomma* sp. immatures en Europe via des oiseaux datent ainsi du début ou milieu du XX^e siècle, montrant la persistance du risque (Morel (2003) cite des articles datant de 1929, 1930, 1946 et 1955). Des signalements de *H. marginatum* importés en Europe par les oiseaux migrateurs ont effectivement été rapportés par exemple en Suède (Brinck, Svedmyr, et von Zeipel 1965; Grandi *et al.* 2020), République tchèque, Norvège (Hornok *et al.* 2020; Mehl, Michaelsen, et Lid 1984), Slovaquie (Černý et Balát 1989), Finlande (Nuorteva et Hoogstraal 1963; Sormunen, Klemola, et Vesterinen 2022), Allemagne (Walter, Liebisch, et Vauk 1979; Chitimia-Dobler *et al.* 2019; Oehme *et al.* 2017), Royaume-Uni (Jameson *et al.* 2012), Slovénie (Tovornik 1990), ou encore Suisse (Papadopoulos *et al.* 2001; Poupon *et al.* 2006). Des signalements de *H. rufipes* ont également été mentionnés (Grandi *et al.* 2020; Chitimia-Dobler *et al.* 2019; 2016; Lesiczka *et al.* 2022; Zdenek Hubálek *et al.* 2020; Uiterwijk *et al.* 2021; Rollins *et al.* 2021; Hasle *et al.* 2009; Hoffman *et al.* 2018; Molin *et al.* 2011). En Italie, une étude réalisée sur l'île de Ventotene (Province de Latina) a rapporté la présence de tiques chez 7,2 % (249/3 444) des oiseaux migrateurs examinés : *H. rufipes* était l'espèce la plus abondante (82,6 %), suivie par *H. marginatum* (2,2 %) (Pascucci *et al.* 2019). Une étude longitudinale, menée sur trois années, montre des résultats similaires également en Italie avec 43,3 % des 2 344 tiques prélevées sur oiseaux migrateurs qui étaient des *H. rufipes* (Toma *et al.* 2021). Une autre étude, réalisée en Espagne par Jameson *et al.* (Jameson *et al.* 2012), a montré que 7 % de 971 oiseaux migrateurs capturés étaient infestés par au moins une tique dont 21 % étaient des *H. marginatum*. De même, un échantillonnage de tiques effectué dans 13 sites de baguage d'oiseaux du centre et du sud de l'Espagne a permis de collecter 282 tiques (dont 80,8 % étaient du genre *Hyalomma*) sur 139 oiseaux migrateurs parmi les 50 325 oiseaux contrôlés (De Liberato *et al.* 2018).

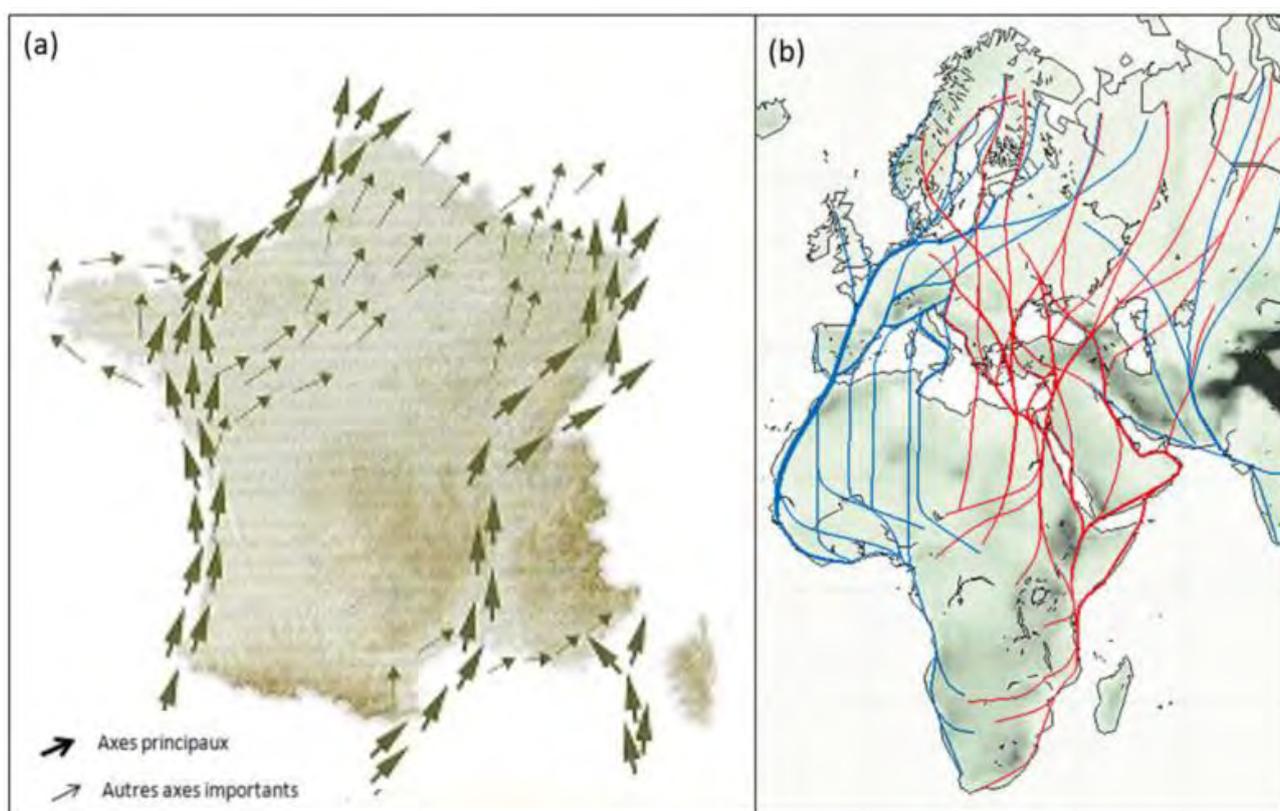
Parmi les oiseaux, sont désignées comme migratrices les espèces effectuant un déplacement saisonnier, passant la saison de reproduction et la saison hivernale dans deux régions distinctes, selon un schéma répété d'année en année. Ainsi, chaque année à l'automne, des dizaines de millions d'oiseaux migrateurs quittent leurs lieux de reproduction et entament un long vol vers leurs zones d'hivernage, parfois situées à plusieurs milliers de kilomètres, puis effectuent le voyage en sens inverse au printemps. En Europe, la grande majorité des migrations sont globalement orientées selon un axe Nord-Sud. Il y a alors lieu de différencier les oiseaux migrateurs "partiels" (*short-distance migrant* en anglais) qui hivernent en Afrique du nord ou dans le bassin méditerranéen, des migrateurs au long court (*long-distance migrant* en anglais), qui hivernent essentiellement en Afrique subsaharienne. Pour ces dernières, en général, les oiseaux qui nichent en Europe de l'Ouest migrent plutôt vers le sud-ouest du continent africain à l'automne, et ceux d'Europe de l'Est vers le sud-est du continent africain. Hahn *et al.* (2009) ont estimé le nombre d'oiseaux migrant annuellement entre l'Europe et l'Afrique entre 1,52 et 2,91 milliards d'individus (Hahn, Bauer, et Liechti 2009). Cependant on observe aujourd'hui une baisse importante des effectifs pour de nombreuses espèces, en lien avec la perte de biodiversité (« *State of the World's Birds 2022* » 2022; (Burns *et al.* 2021).

De par sa géographie, sa diversité et son climat varié, la France est une étape cruciale pour des millions d'oiseaux migrateurs. Ainsi, plus de 700 espèces empruntent des voies migratoires passant par la France au cours de leur trajet allant principalement d'Afrique (de l'Afrique du Sud au Maghreb) à l'Europe (Figure 23 et audition G. Balança et P.Y. Henry). Les deux principales voies migratoires partant d'Afrique subsaharienne et qui concernent la France contournent le Massif Central : (1) les oiseaux qui empruntent la voie de l'ouest passent par l'Afrique du Nord et l'Espagne puis longent la côte Atlantique ; (2) ceux qui empruntent la voie de l'est survolent la Méditerranée ou passent par le détroit de Gibraltar puis l'Espagne avant de longer la côte méditerranéenne et de remonter le couloir rhodanien. Certains oiseaux, qui ont pour destination l'Europe centrale plutôt que la France continentale, traversent la Méditerranée en faisant escale en Sardaigne et en Corse ou rejoignent

directement l'Italie. Les zones humides représentent des endroits de nourrissage ou de repos privilégiés pour les oiseaux migrateurs. C'est le cas par exemple de la Camargue (département des Bouches-du-Rhône) qui accueille en moyenne 111 espèces d'oiseaux d'Afrique subsaharienne (Jourdain *et al.* 2007).

Lors d'une enquête réalisée à la fois sur des vertébrés terrestres et sur des oiseaux entre 2007 et 2015 en Camargue et dans les régions limitrophes, Vial *et al.* (2016) ont collecté au printemps des nymphes de *H. marginatum* et *H. rufipes* sur un Rougegorge familier, deux Fauvettes à tête noire, et un Accenteur mouchet (*Prunella modularis*). Ces oiseaux sont connus pour hiverner en Afrique du Nord ou dans la péninsule ibérique où ils sont donc susceptibles d'être infestés par des *Hyalomma* sp. avant d'entamer leur migration de printemps.

Parmi les autres espèces d'oiseaux présentes en France, la Caille des blés est un hôte important de tiques du genre *Hyalomma* en Turquie (Gale *et al.* 2012). Elles hivernent au Maghreb et au sud du Sahara, et des taux d'infestation très élevés ont été mesurés en Egypte au printemps et à l'automne (au printemps elles avaient des *H. rufipes* et à l'automne des *H. marginatum*) (Hoogstraal *et al.* 1964).



Source : d'après <https://www.migracion.net> et <https://www.kuwaitbirds.org>

Les informations rassemblées ci-dessus fournissent donc des preuves solides de la possibilité d'une introduction de tiques du genre *Hyalomma* en France continentale par les migrations d'oiseaux en provenance du continent africain (Afrique du Nord comme Afrique sub-saharienne) et/ou d'Espagne.

4.1.3 Évaluation de la probabilité d'introduction de tiques du genre *Hyalomma* en fonction des différentes modalités d'entrée en France métropolitaine

Sur la base des informations présentées ci-dessus, les experts ont sélectionné les modalités d'introduction suivantes comme étant les plus à risque :

- déplacements d'êtres humains ;
- importations légales de bovins ;
- importations légales de chevaux ;
- importations illégales de tortues ;
- importations de gibier sauvage (lagomorphes) ;
- mouvements d'oiseaux migrateurs.

Les experts ont ensuite conjointement défini, pour chacune des modalités retenues comme « potentiellement à risque », le scénario le plus probable pouvant conduire à l'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* sp. sur le territoire français (Tableau 11).

Tableau 11 : Scénarios les plus probables d'introduction de *Hyalomma* sp. en France métropolitaine tel que définis par les experts

Voie d'introduction	Déplacements humains	Importations légales		Importations illégales	Déplacement de la faune sauvage	
		importations de bovins	importations de chevaux	importations de tortues	flux d'oiseaux migrateurs	importations de lagomorphes
suite événementielle	Un individu se trouve dans une zone d'endémie de <i>Hyalomma</i>	Un bovin se trouve dans une zone d'endémie de <i>Hyalomma</i>	Un cheval se trouve dans une zone d'endémie de <i>Hyalomma</i>	Une tortue se trouve dans une zone d'endémie de <i>Hyalomma</i>	Un oiseau se trouve dans une zone d'endémie de <i>Hyalomma</i>	Un lapin/lièvre se trouve dans une zone d'endémie de <i>Hyalomma</i>
	L'individu pratique une activité en milieu rural ou naturel (randonnée, trek, etc.) pendant la saison d'activité des tiques	Le bovin a un accès extérieur (pré, etc.) pendant la saison d'activité des tiques	Le cheval est au pré pendant la saison d'activité des tiques	La tortue est dans le milieu naturel pendant la saison d'activité des tiques	L'oiseau se pose au sol pendant la saison d'activité des tiques	Le lapin/lièvre est dans le milieu naturel pendant la saison d'activité des tiques
	L'individu est piqué par une tique <i>Hyalomma</i> (la tique est anthropophile)	Le bovin est piqué par une tique <i>Hyalomma</i> (ayant pour hôte des bovins)	Le cheval est piqué par une tique <i>Hyalomma</i> (ayant pour hôte des chevaux)	La tortue est piquée par une tique <i>Hyalomma</i> (ayant pour hôte des tortues)	L'oiseau est piqué par une tique <i>Hyalomma</i> (ayant pour hôte des oiseaux)	Le lapin/lièvre est piqué par une tique <i>Hyalomma</i> (ayant pour hôte des lagomorphes)

	L'individu voyage / se déplace	Le bovin est importé en France (vente, etc.)	Le cheval est amené à voyager en France (vente, spectacle, course, etc.)	La tortue est prélevée pour être vendue illégalement en France	L'oiseau est un oiseau migrateur et effectue son vol à destination de l'Europe (la France pouvant être le pays de destination ou d'étape)	Le lapin/lièvre est prélevé pour être importé légalement ou illégalement en France
	Le voyage / déplacement est d'une durée suffisamment courte pour que la tique ne se décroche pas (jusqu'à 2-3 semaines pour les tiques à 2 hôtes)	Le voyage est d'une durée suffisamment courte pour que la tique ne se décroche pas (< durée du repas de sang de la tique)	Le voyage est d'une durée suffisamment courte pour que la tique ne se décroche pas (< durée du repas de sang de la tique)	Le voyage est d'une durée suffisamment courte pour que la tique ne se décroche pas (< durée du repas de sang de la tique)	Le trajet migratoire est d'une durée suffisamment courte pour que la tique ne se décroche pas	Le voyage est d'une durée suffisamment courte pour que la tique ne se décroche pas (< durée du repas de sang de la tique)
	La tique n'est pas retirée	Il n'y a pas d'examen clinique conduisant au retrait de la tique ni de traitement acaricide efficace durant le transport	Il n'y a pas d'examen clinique conduisant au retrait de la tique ni de traitement acaricide efficace durant le transport	La tortue n'est pas saisie par les douanes Il n'y a pas d'examen clinique conduisant au retrait de la tique ni de traitement acaricide efficace durant le transport	L'oiseau ne se débarrasse pas de la tique (<i>grooming</i>)	Il n'y a pas d'examen clinique conduisant au retrait de la tique ni de traitement acaricide efficace durant le transport

	L'individu arrive en France	Le bovin arrive en France	Le cheval arrive en France	La tortue arrive en France	L'oiseau arrive en France	Le lapin/lagomorphe arrive en France
	La tique (stase adulte) arrive vivante en France dans une zone favorable à sa survie	La tique (stase adulte) arrive vivante en France dans une zone favorable à sa survie	La tique (stase adulte) arrive vivante en France dans une zone favorable à sa survie	La tique (stase adulte ou immature) arrive vivante en France dans une zone favorable à sa survie	La tique (stase immature) arrive vivante en France dans une zone favorable à sa survie (temporaire)	La tique (stase immature) arrive vivante en France dans une zone favorable à sa survie

Les modalités d'introduction définies dans les scénarios sus-mentionnés diffèrent en fonction des espèces de *Hyalomma* et des stases concernées :

- pour les déplacements humains : principalement des stases adultes des espèces *H. marginatum*, *H. scupense*, *H. lusitanicum*, *H. anatolicum*, *H. aegyptium*, *H. rufipes*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum* et *H. truncatum* (toutes les espèces anthropophiles) ;
- pour les importations de bovins : principalement des stases adultes des espèces *H. marginatum*, *H. scupense*, *H. lusitanicum* et dans une moindre mesure *H. anatolicum*, *H. rufipes*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum* et *H. truncatum* ;
- pour les importations de chevaux : principalement des stases adultes des espèces *H. marginatum*, *H. scupense*, *H. lusitanicum* et dans une moindre mesure *H. anatolicum*, *H. rufipes*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum* et *H. truncatum* ;
- pour les importations de tortues : des stases adultes et immatures principalement de *H. aegyptium* ;
- pour les mouvement d'oiseaux migrateurs : des stases immatures principalement de *H. rufipes* et *H. marginatum* et dans une moindre mesure de *H. aegyptium*, *H. impeltatum* et *H. dromedarii* ;
- pour les importations de lagomorphes : des stases immatures principalement des espèces *H. lusitanicum*, *H. marginatum* et dans une moindre mesure *H. excavatum*, *H. impeltatum*, *H. truncatum* ou *H. rufipes*.

L'évaluation globale s'est ensuite déroulée en trois étapes :

1. **L'évaluation de la probabilité que le scénario se produise** et conduise à l'arrivée d'une tique sur le territoire français (introduction individuelle) ;
2. **L'évaluation de l'importance des flux d'hôtes arrivant en France de zones endémiques** ;
3. **L'évaluation de la probabilité d'introduction de tiques en prenant en compte les flux d'hôtes.**

Devant l'absence de données quantitatives robustes permettant l'évaluation de la probabilité d'introduction, les experts se sont inspirés de la méthode DELPHI³⁵. Ils ont donc réalisé une évaluation qualitative ; ils ont ainsi dans un premier temps réalisé leur évaluation de manière individuelle pour chacune des trois étapes, sur la base de leurs connaissances et des informations présentées dans le § 4.1.2. Les résultats ont ensuite été discutés par le GT, et une appréciation commune a été donnée pour chacune des voies.

Pour l'évaluation des probabilités (étapes 1 et 3), les experts ont fondé leurs notes sur les niveaux de risque proposés dans le **Tableau 2** (note de 0 à 9 – pour rappel correspondant à un qualificatif de probabilité nulle à très élevée –). Pour l'étape 2 et l'estimation de la taille des flux, les experts ont considéré le barème de notation suivant :

- = nul
- + = très faible
- ++ = faible
- +++ = moyen
- ++++ = élevé
- +++++ = très élevé

Le Tableau 12 synthétise les niveaux de risque établis par les experts au moment de la rédaction du rapport, et en fonction des différentes voies d'introduction envisagées.

Tableau 12 : Synthèse de l'estimation des probabilités d'introduction de tiques du genre *Hyalomma*³⁶ sp. en France métropolitaine par le biais des êtres humains ou des animaux et de l'incertitude associée

(au moment de la rédaction du rapport).

Voie d'introduction	1- Introduction individuelle		2- Importance des flux		3 - Probabilité globale		
	Probabilité d'introduction individuelle (Note de 0 à 9)	Incertitude (1 à 4)	Importance du flux	Incertitude (1 à 4)	Probabilité globale (Note de 0 à 9)	Incertitude (1 à 4)	
Déplacements humains	2	3	+++++	2	2	2	
Importations légales	Bovins	5	2	+++	1	6	2
	Chevaux	6	2	+++	1	6	2
Importations illégales	Tortues	4	3	+	3	4	3

³⁵ La méthode DELPHI est une méthode visant à organiser la consultation d'experts sur un sujet précis, souvent avec un caractère prospectif important.

³⁶ Voir les espèces mentionnées dans le Tableau 11.

Voie d'introduction		1- Introduction individuelle		2- Importance des flux		3 - Probabilité globale	
		Probabilité d'introduction individuelle (Note de 0 à 9)	Incertitude (1 à 4)	Importance du flux	Incertitude (1 à 4)	Probabilité globale (Note de 0 à 9)	Incertitude (1 à 4)
Importations légales ou illégales	Lagomorphes	5	3	++	3	5	3
Déplacement naturel de faune sauvage	Oiseaux migrateurs	7	1	+++++	2	9	1

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* via les déplacements humains a été considérée comme minime (2 sur 9, avec une incertitude de 2) par les experts. Les tiques du genre *Hyalomma* adultes susceptibles de se nourrir sur des humains étant de grande taille, la probabilité que la tique soit vue et retirée est élevée. Il y a d'ailleurs peu de cas documentés, et aucun cas recensé en France, de tique du genre *Hyalomma* introduite via un être humain. Bien qu'il puisse y avoir de forts afflux d'êtres humains en provenance de zones d'endémie et malgré la robustesse des statistiques sur ces flux de personnes, l'événement « introduction par un être humain d'une femelle gorgée dans une zone favorable à sa survie » semble hautement aléatoire.

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* via les importations de bovins et de chevaux a été considérée comme peu élevée (6 sur 9, avec une incertitude de 2) par les experts. Les importations ne sont pas extrêmement massives mais les bovins ou chevaux en provenance d'Espagne sont souvent destinés au sud de la France, dont le climat est favorable aux tiques du genre *Hyalomma*. Toutefois, il n'est pas possible de connaître l'origine géographique exacte des importations, ce qui rajoute une incertitude quant à la probabilité que les animaux proviennent de zones d'endémie. De plus, ces scénarios sont dépendants de la qualité des contrôles vétérinaires et des mesures prises lors des importations (examen, traitement acaricide, etc.) pour lesquels les informations ne sont pas disponibles.

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* via les importations illégales de tortues a été considérée comme très faible (4 sur 9, avec une incertitude de 3) par les experts. Les importations frauduleuses de tortues sont facilement réalisées et difficilement contrôlables. Toutefois, ces importations étant illégales, elles sont difficilement quantifiables.

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* via les importations de lagomorphes (gibier sauvage) a été considérée comme faible (5 sur 9, avec une incertitude de 3) par les experts. Ces importations sont difficilement chiffrables, mais il existe des preuves d'introductions de lagomorphes déclarées et non déclarées en provenance d'Espagne. Le risque d'introduction, notamment de *H. lusitanicum*, est donc réel. Il n'est cependant pas possible de connaître l'origine géographique exacte des importations.

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* par les oiseaux migrateurs a été considérée comme très élevée (9 sur 9, avec une incertitude de 1) par les experts. Cette voie d'introduction est la plus communément incriminée par la communauté scientifique. En effet, la probabilité pour un oiseau donné d'être infesté par une nymphe du genre *Hyalomma* juste avant de partir en migration est faible, mais des millions d'oiseaux viennent chaque année nicher en France ou transitent par la France en suivant de nombreux couloirs de migration. Des introductions de tiques,

notamment de *H. rufipes* et *H. marginatum*, interviennent ainsi chaque année en France ou dans les pays voisins.

Compte tenu de ces six modalités d'introduction, des pays d'origine et des hôtes incriminés, les tiques les plus susceptibles d'être introduites sont *H. rufipes*, *H. aegyptium*, *H. anatolicum*, *H. impeltatum*, *H. dromedarii*, *H. excavatum* et *H. truncatum*, actuellement non présentes en France, ainsi que *H. marginatum*, *H. scupense* et *H. lusitanicum* dont des populations sont déjà installées en France.

4.1.4 Evaluation de la probabilité d'introduction de tiques du genre *Hyalomma* dans les DROM

Concernant la probabilité d'introduction des tiques du genre *Hyalomma* dans les diverses régions françaises d'outre-mer, deux cas de figure doivent être envisagés, les îles de l'océan Indien d'une part et les départements français d'Amérique d'autre part.

4.1.4.1 Dans l'océan indien : La Réunion, Mayotte

La tique *Amblyomma variegatum*, originaire d'Afrique continentale, est présente sur ces deux îles. À La Réunion, elle est connue depuis au moins 1949 (Gillard, cité par Barré et Morel 1983) ; son ancienneté à Mayotte n'est en revanche pas documentée. Dans les deux cas, il est très probable qu'elle ait été introduite par des bovins parasités amenés du continent ou de Madagascar (pour La Réunion), au cours du XIX^e ou au début du XX^e siècle. Pour les tiques du genre *Hyalomma*, les deux espèces les plus susceptibles d'être disséminées par des bovins infestés sur les îles françaises de l'océan Indien sont *H. truncatum* et *H. rufipes*, toutes deux abondantes en Afrique orientale et parasitant les grands ongulés à la stase adulte.

Une telle introduction est toutefois théoriquement impossible à La Réunion qui n'importe plus de bétail du continent, étant soumise aux réglementations de l'Union Européenne. Des importations illégales de bétail sont également très peu probables compte tenu de la distance entre le continent africain et l'île. En revanche, le risque n'est pas écarté pour Mayotte. On trouve en effet parfois des ruminants (bovins mais surtout caprins) sur les *kwassa-kwassa*, les bateaux qui transportent clandestinement des comoriens vers Mayotte. Ces embarcations arrivent toutes d'Anjouan, l'île de l'Union des Comores la plus proche de Mayotte (70 km). Les bovins de cette île sont infestés par les mêmes espèces de tiques que ceux de Mayotte, mais sur l'île principale de l'Union, Grande Comore, on trouve *Rhipicephalus appendiculatus*, une tique qui y a été introduite vers 2003 et qui est le vecteur de *Theileria parva*, agent pathogène causant une maladie bovine fréquemment mortelle, l'*East Coast Fever* (De Deken *et al.* 2007). Les autorités mahoraises craignent donc qu'à terme *R. appendiculatus* ne soit introduite à Anjouan et de là, par des animaux transportés en *kwassa-kwassa*, à Mayotte.

Or, de nombreux bovins, notamment tanzaniens, continuent à être importés sur Grande Comore, notamment en été pour des raisons cérémonielles, sans précautions particulières (détiquage, quarantaine). D'autres tiques pourraient de ce fait s'installer sur l'île. C'est ainsi que l'espèce *R. evertsi* a été retrouvée sur des bovins examinés au port de Moroni, la capitale (Yssouf *et al.* 2011). Des tiques du genre *Hyalomma* pourraient suivre le même trajet puis parasiter les troupeaux comoriens. Il faudrait ensuite que la tique soit introduite à Anjouan, puis arrive à Mayotte grâce à des ruminants installés dans des bateaux. Le risque est donc très limité. Il n'est également pas immédiat : *R. appendiculatus* n'a toujours pas été observée à Anjouan ou à Mohéli, la troisième grande île des Comores (Boucher *et al.* 2020), attestant que la dissémination des tiques présentes sur Grande Comore ne s'effectue pas aisément.

Hyalomma truncatum et *H. rufipes* étant deux espèces diphasiques, l'introduction de tiques immatures ne concernerait donc que des nymphes gorgées. Toutefois, les larves de *H. truncatum* n'infestent pas les oiseaux mais les lagomorphes et les rongeurs myomorphes, notamment les gerbilles (*Gerbillinae*). L'introduction de cette espèce aux Comores par de tels hôtes est donc très improbable, quand bien même des rats peuvent se trouver sur les bateaux. Les larves de *H. rufipes*, quant à elles, infestent les oiseaux qui pourraient donc les introduire directement à Mayotte, voire à La Réunion. D'après les ornithologues auditionnés, « il doit y avoir des oiseaux qui font la liaison entre le Mozambique, la Tanzanie et Mayotte, Madagascar, mais nous n'avons pas la liste en tête. En ce qui concerne La Réunion, il y a quelques limicoles asiatiques qui viennent y hiverner mais c'est très marginal. Il n'y a pas de passereaux » (audition G. Balança et P.Y. Henry). Les risques sont donc *a priori* extrêmement faibles, d'autant que les limicoles, fréquentant surtout les zones humides, sont très peu susceptibles d'être infestés par des larves des tiques du genre *Hyalomma*, mais il y a une forte incertitude concernant les oiseaux pouvant se déplacer du continent africain à Mayotte quoique non quantifiés.

4.1.4.2 Dans les départements français d'Amérique

Amblyomma variegatum a été introduite sur les îles antillaises, d'abord en Guadeloupe où « les zébus et les maladies associées [ont été] importés d'Afrique à partir des côtes sénégalaises depuis 1828 » (Maillard et Maillard 1998). Par la suite, au milieu du XX^e siècle, des bovins guadeloupéens infestés ont apporté cette tique à la Martinique, mais elle n'est à l'heure actuelle endémique que dans la partie sud de l'île. En revanche, cette espèce n'a pour le moment pas été introduite sur le continent, que ce soit en Amérique du Nord ou en Amérique du Sud : la Guyane reste ainsi indemne.

Il n'y a plus d'importation de bétail en provenance d'Afrique dans les Antilles françaises ou en Guyane, l'introduction d'espèces de tiques africaines par cette voie est donc impossible. En revanche, des adultes du genre *Hyalomma* pourraient être introduits en Amérique par des animaux sauvages, importés notamment pour des parcs zoologiques. De telles introductions ont été recensées aux USA, notamment dans les années 1960 et 1970, pour plusieurs espèces (*H. aegyptium*, *H. dromedarii*, *H. truncatum*, *H. rufipes*) sur des reptiles, des zèbres, des autruches, des rhinocéros (Keirans et Durden 2001).

Enfin, il n'y a pas de migration d'oiseaux entre l'Afrique et le continent américain : les nymphes gorgées des *Hyalomma* ornithophiles (*H. marginatum* et *H. rufipes*, notamment) ne peuvent ainsi pas être introduites de façon régulière. Toutefois, de forts alizés emportent occasionnellement des oiseaux pour une traversée sans retour vers les Antilles (audition G. Balança et P.Y. Henry). Il est d'ailleurs possible que ce soit de cette façon, emporté par des vents forts, que le Héron garde-bœufs (*Bubulcus ibis*) est arrivé en Amérique du Sud avant de coloniser tout le continent, dont les îles des Antilles où il est connu depuis le début des années 1950 (Arendt 1988). Cet oiseau, qui peut être infesté par les *A. variegatum* immatures et a un comportement migratoire, est fortement soupçonné d'avoir contribué à la dissémination de *A. variegatum* dans toutes les Antilles depuis son installation dans la région, alors que seules quelques îles étaient infestées avant son arrivée (Barré et al. 1988). Quoique ce soit hautement improbable, il n'est pas possible d'exclure qu'un ou quelques oiseaux infestés par des tiques du genre *Hyalomma* immatures soient un jour emportés vers les Antilles.

La probabilité d'introduction d'une tique du genre *Hyalomma* dans les départements français d'Amérique ou de l'océan Indien est considérée comme quasi-nulle à minime (1 à 2 sur 9, avec une incertitude de 2) par les experts. Des ruminants, notamment des caprins, sont cependant de temps en temps amenés frauduleusement à Mayotte sur des bateaux transportant des personnes migrantes au départ d'Anjouan, mais il n'y a pour le moment aucune espèce du genre *Hyalomma* installée aux Comores, bien que des bovins potentiellement infestés soient régulièrement introduits du continent, notamment de Tanzanie. Il n'y a pas de voie migratoire connue entre l'Afrique et

l'Amérique, pas plus qu'entre l'Afrique et Mayotte ou La Réunion, mais des oiseaux pourraient toutefois accidentellement y arriver, porteurs de nymphes de *H. rufipes* notamment.

4.2 Installation de nouvelles espèces de tiques du genre *Hyalomma* introduites sur le territoire métropolitain français

L'introduction d'un ou de plusieurs individus d'une espèce de tique sur un nouveau territoire ne conduit pas systématiquement à l'installation de l'espèce concernée. Classiquement, il est considéré qu'une population de tiques est établie dans une zone donnée lorsque plusieurs individus de chacune des trois stases – larve, nymphe et adulte – y sont retrouvées de façon concomitante, et qui plus est pendant deux années consécutives (Ripoche *et al.* 2022). Cette installation sous-entend donc que les tiques sont capables de se maintenir mais aussi de se reproduire dans leur nouvel environnement, puis de se disperser pour investir tous les endroits qui leur sont favorables.

Parmi les dix espèces de tiques du genre *Hyalomma* sélectionnées ici comme d'intérêt pour les territoires français, trois sont déjà présentes depuis plus ou moins longtemps en France métropolitaine : *H. marginatum*, *H. lusitanicum*, et *H. scupense*, et leur expansion possible sera analysée dans la partie suivante (§ 4.3). Les experts du GT se sont ici attachés à analyser uniquement les risques d'installation des sept autres espèces du genre *Hyalomma* sur le territoire français métropolitain.

En effet, la probabilité d'introduction de ces tiques dans les territoires ultramarins a été estimée de quasi-nulle à minime (voir § 4.1.3). Le climat des îles françaises d'outre-mer et de la Guyane est totalement inadapté aux tiques du genre *Hyalomma* qui sont des tiques de milieux secs, préférant les régions où la pluviométrie est faible. Plus précisément, elles ont besoin d'une saison sèche de plusieurs mois avec des températures élevées (voir chapitre 2). C'est la grande différence entre les *Hyalomma* sp. d'une part, et *A. variegatum* et *R. appendiculatus* d'autre part, ces dernières s'accommodant parfaitement d'une forte pluviométrie et ayant de ce fait pu s'établir dans de nombreux DROM (*A. variegatum*) ou sur Grande Comore (*R. appendiculatus*). Or, même dans la partie occidentale de l'île de La Réunion, sur la Côte-sous-le-vent³⁷ plus sèche, les précipitations annuelles excèdent 800 mm (et plus de 3 000 mm sur la côte orientale, exposée aux vents), bien qu'elles ne soient pas très abondantes entre août et octobre. Des *Hyalomma* sp. ne pourraient donc sans doute pas s'y installer, de même que *H. rufipes* ou *H. truncatum*, introduites par des bovins infestés, n'ont pas pu s'installer à Madagascar du fait d'un climat inadapté (Uilenberg *et al.* 1979). La situation est sans doute identique à Mayotte, où il pleut plus de 1 200 mm par an, et où la période la moins pluvieuse est observée entre juin et septembre. Le climat des îles françaises des Caraïbes et de la Guyane est encore moins favorable à l'installation d'une population de tiques du genre *Hyalomma* car il n'y a pas de mois sans au moins 50 mm de pluies.

4.2.1 Facteurs influençant l'installation des tiques du genre *Hyalomma*

Les différents facteurs à même d'influencer l'installation de nouvelles populations de tiques du genre *Hyalomma* sur un territoire sont liés aux tiques, à l'environnement et aux mesures de prévention et

³⁷ La Côte-sous-le-vent est initialement un nom générique, utilisé dans les Antilles et à La Réunion pour qualifier les côtes occidentales de ces îles qui sont généralement protégées des vents dominants venant de l'est, les alizés, par des massifs montagneux.

de gestion mises en œuvre. Les facteurs identifiés par les experts sont présentés dans le Tableau 13.

Tableau 13 : Liste des facteurs pouvant influencer l'installation de populations de tiques du genre *Hyalomma* sur un nouveau territoire

Catégorie	Facteurs
Facteurs liés aux tiques	Espèce introduite
	Modalités d'introduction de la tique
	Stase de la tique introduite
	État de réplétion de la tique introduite
	Quantité de tiques introduites
Facteurs liés à l'environnement	Conditions climatiques adaptées
	Saison d'arrivée
	Couvert végétal adapté
	Présence/densité d'hôtes adaptés
Facteurs liés aux mesures de prévention et de gestion mises en œuvre	Traitement acaricide
	Gestion du couvert végétal

Chacun de ces facteurs a été analysé en fonction de la bioécologie des sept espèces de *Hyalomma* sélectionnées : *H. anatolicum*, *H. rufipes*, *H. aegyptium*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum* et *H. truncatum* (voir chapitre 3), et des différentes voies d'introduction évoquées dans la partie 4.1.

4.2.1.1 Facteurs liés aux tiques

❖ *Espèce de Hyalomma introduite*

Bien qu'elles appartiennent toutes au même genre, chaque espèce de *Hyalomma* sélectionnée ici comme présentant un risque d'introduction sur le territoire métropolitain français, a une bio-écologie propre (voir chapitre 3) dont dépendra sa survie, sa reproduction et son adaptation à son nouvel environnement en cas d'introduction. Une fois arrivées sur le territoire, toutes ne vont donc pas avoir les mêmes chances de s'installer en fonction de la région et de la saison d'arrivée ou encore de la voie d'introduction concernée. Ce risque d'installation a donc été évalué ci-dessous en fonction de ces différents critères et de l'espèce concernée.

❖ *Modalités d'introduction*

Les adultes de l'ensemble des espèces de *Hyalomma* d'intérêt peuvent occasionnellement se gorger sur des êtres humains. Toutes ces espèces pourraient donc en théorie être introduites par le biais

d'une femelle gorgée, à différents moments de l'année en fonction de leur période d'activité dans le pays d'origine de l'importation, et dans toutes les régions françaises. Néanmoins, pour que cette introduction soit suivie d'une installation, il faudrait que la femelle reste inaperçue jusqu'à la fin de son gorgement et soit fécondée par un mâle fixé sur la même personne, faute de quoi, elle ne pourra pas pondre d'œufs. Enfin, il serait aussi nécessaire que cette femelle pondre ses œufs dans un endroit propice à leur incubation : protégé et réunissant les conditions d'hygrométrie et de température requises. Les tiques portées par les êtres humains n'ayant qu'une probabilité faible de se détacher dans des habitats naturels, la probabilité d'installation de tiques suite à cette voie d'introduction est estimée comme quasi-nulle par les experts.

Des arguments similaires peuvent être avancés concernant l'installation de stases adultes de *H. aegyptium* suite à des importations illégales de tortues, celles-ci pouvant être destinées à des vivariums ou des enclos. Néanmoins, dans ce cas, outre le fait que l'introduction de tiques ait été estimée plus probable que via des êtres humains, celle-ci peut aussi concerner des stases immatures (mais qui devront trouver les conditions adéquates à leur développement). Ainsi, la possibilité d'installation suite à cette voie d'introduction par importations illégales de tortues est jugée très faible par les experts.

L'introduction par des grand ongulés d'adultes des espèces qui ne sont pour l'instant pas présentes en France est quant à elle estimée comme très peu probable, du fait des restrictions à l'importation des animaux provenant de pays hors UE, mais, elle ne peut être exclue, comme l'attestent les quelques populations de *H. dromedarii* ou *H. excavatum* qui existent dans plusieurs pays d'Europe de l'Est. Néanmoins, la probabilité d'installation de ces espèces via ce scénario a été estimée minime par les experts.

Concernant l'introduction via l'importation de gibier sauvage, des lagomorphes porteurs de larves ou nymphes de tiques du genre *Hyalomma*, notamment *H. excavatum*, *H. impeltatum*, *H. truncatum* ou *H. rufipes*, pourraient être relâchés en France.

Mais, comme évoqué précédemment, ce sont les oiseaux migrateurs qui sont les plus susceptibles d'introduire des stases immatures de tiques, notamment de *H. rufipes* et, dans une moindre mesure, de *H. aegyptium*, *H. impeltatum* et *H. dromedarii*. La probabilité d'une installation suite à ces introductions s'avère donc assez élevée mais va dépendre de la région et de la saison d'arrivée ou d'étape pendant la migration – donc des oiseaux migrateurs concernés –, et de la phénologie des tiques dans les zones de départ de ces oiseaux.

❖ *Stase et état de réplétion de la tique introduite*

Les stases de tiques introduites sur le territoire sont donc différentes en fonction de l'espèce concernée et de la voie d'introduction. Les tiques introduites arrivant fixées sur leurs hôtes, leur repas sanguin est en cours. Il est en effet très rare qu'une tique se détache d'elle-même sans avoir complété son repas sanguin. Ceci peut néanmoins avoir lieu si l'hôte de la tique meurt. Dans ce cas, étant semi-gorgée, une tique a une capacité extrêmement réduite à se refixer pour compléter son gorgement et des chances de survie beaucoup plus faibles. Les experts ont ici considéré les tiques introduites comme gorgées et s'étant détachées de leurs hôtes par elles-mêmes. Les préférences trophiques des espèces de *Hyalomma* pouvant être différentes en fonction de la stase, celle-ci va aussi déterminer les possibilités d'installation d'une population de tiques, possibilités qui seront très variables en fonction de la présence ou non des hôtes préférentiels.

Introduction de tiques immatures

La modalité d'introduction la plus probable de tiques du genre *Hyalomma* non présentes sur le territoire français concerne l'introduction de stases immatures via des oiseaux migrateurs pour

H. rufipes, *H. aegyptium*, *H. impeltatum* et *H. dromedarii*. Dans ce cas, une nymphe introduite gorgée devra, en plus de trouver les conditions environnementales favorables à sa métamorphose, trouver un hôte pour son futur repas sanguin à la stase adulte et un partenaire sexuel sur le même hôte. La femelle devra ensuite trouver un site offrant des conditions favorables à la ponte et à la survie de sa descendance. Dans le cas de l'introduction d'une larve gorgée, outre ces différentes étapes, elle devra aussi trouver les conditions favorables à sa métamorphose en nymphe qui devra elle-même trouver un hôte adéquat sur place pour prendre son repas de sang.

Introduction de tiques adultes

La probabilité d'introduction « directe » d'adultes des espèces *H. anatolicum*, *H. rufipes*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum* et *H. truncatum* par des bovins, des chevaux, voire des êtres humains, est quasi-nulle. Cependant, la capacité de reproduction élevée des tiques (chaque femelle gorgée pouvant pondre 2 000 à 20 000 œufs) représente un facteur avantageux dans un contexte d'installation. Ainsi, l'établissement d'une nouvelle population semble plus probable dans un scénario d'introduction de femelles gorgées et fécondées que dans un scénario d'introduction de stases immatures.

Enfin, le cas de la tique des tortues *H. aegyptium* est encore une fois particulier. Les trois stases de *H. aegyptium* sont retrouvées sur les tortues et sont donc à même d'être introduites sur le territoire. Or, le détachement des tiques gorgées et la métamorphose se déroulent fréquemment dans le nid que les tortues creusent et où elles s'abritent. Si des tiques infestées étaient placées (relâchées ou mises en enclos) dans un biotope naturel dans une région au climat favorable, le cycle pourrait sans doute se réaliser assez facilement. En revanche, il en va tout autrement pour des tortues mises dans des régions trop fraîches ou humides, ou en appartement.

❖ *Quantité de tiques introduites*

Le nombre de tiques introduites va directement influencer leur densité et donc la probabilité de rencontre entre une tique et un hôte ce qui est déterminant pour leur possibilité de reproduction et d'installation. Pour les immatures, plus elles arrivent nombreuses, sur le même hôte ou sur des hôtes différents mais dans un même lieu géographique, plus la possibilité de fécondation entre mâles et femelles de la même espèce sera élevée. Il en est de même pour les adultes dans le cas d'une femelle non fécondée.

En fonction des hôtes concernés, le nombre de tiques peut être très variable, les taux d'infestation variant également en fonction des individus hôtes. D'après les experts, le niveau d'infestation potentiel des êtres humains est estimé très faible, ne dépassant sûrement que rarement un individu. Concernant les autres hôtes, les taux d'infestation peuvent être très variables. Par exemple, une étude a montré de grandes variations entre bovins en Corse, avec des infestations (qui n'impliquaient pas que des tiques du genre *Hyalomma*) de zéro à 100 tiques adultes par individu (Grech-Angelini *et al.* 2016). En ce qui concerne les tiques immatures, larves ou nymphes, le nombre d'individus introduits sera conditionné par la taille de l'hôte. Ainsi, un passereau sera beaucoup moins infesté (à peine quelques tiques) qu'un lapin ou une tortue. Les grands ongulés quant à eux (dromadaires pour *H. dromedarii* ou bovins pour, par exemple, *H. excavatum* ou *H. anatolicum*), peuvent héberger plusieurs centaines de larves ou de nymphes.

4.2.1.2 Facteurs liés à l'environnement

❖ *Conditions climatiques*

Les tiques du genre *Hyalomma* sont des tiques xérophiles ; pour survivre elles ont besoin d'un climat sec, mais aussi d'une période minimale de forte chaleur de quelques mois chaque année pour

permettre leur développement (voir Chapitre 2). Le climat de la France est un climat varié du fait de sa position à l'extrême ouest du continent où se mêlent les influences climatiques de l'océan Atlantique, de la Méditerranée et du continent eurasiatique. Le territoire continental peut être subdivisé en huit climats, allant du climat montagnard au climat méditerranéen franc (Figure 24 – Joly *et al.* 2010). Les espèces de *Hyalomma* déjà installées en France le sont uniquement dans la zone actuellement la plus favorable présentant un climat méditerranéen franc ou méditerranéen dégradé (type 6 à 8, Figure 24). Dans l'avenir, les changements climatiques prévus, dont le réchauffement de l'Europe incluant la France, pourraient générer des conditions plus favorables à l'installation des autres espèces de *Hyalomma* considérées ici (Figure 25). Cela concerne notamment *H. aegyptium* qui requiert quatre mois avec une température moyenne supérieure à 20°C dans l'année, *H. anatolicum* ou *H. excavatum* pour qui des mois d'été avec une moyenne supérieure à 27-28°C sont nécessaires, ou encore *H. dromedarii*, *H. impeltatum*, *H. truncatum* et *H. rufipes* qui sont adaptées aux climats particulièrement secs, ou présentant du moins une saison sèche assez longue. Il est par ailleurs important de noter que certaines de ces espèces étant endophiles, elles pourraient ainsi survivre à l'abri lorsque les conditions climatiques leur sont défavorables, et n'être en activité que lorsque celles-ci leur redeviennent propices. C'est le cas notamment de *H. anatolicum* qui est relativement indépendante des conditions climatiques pour sa survie.

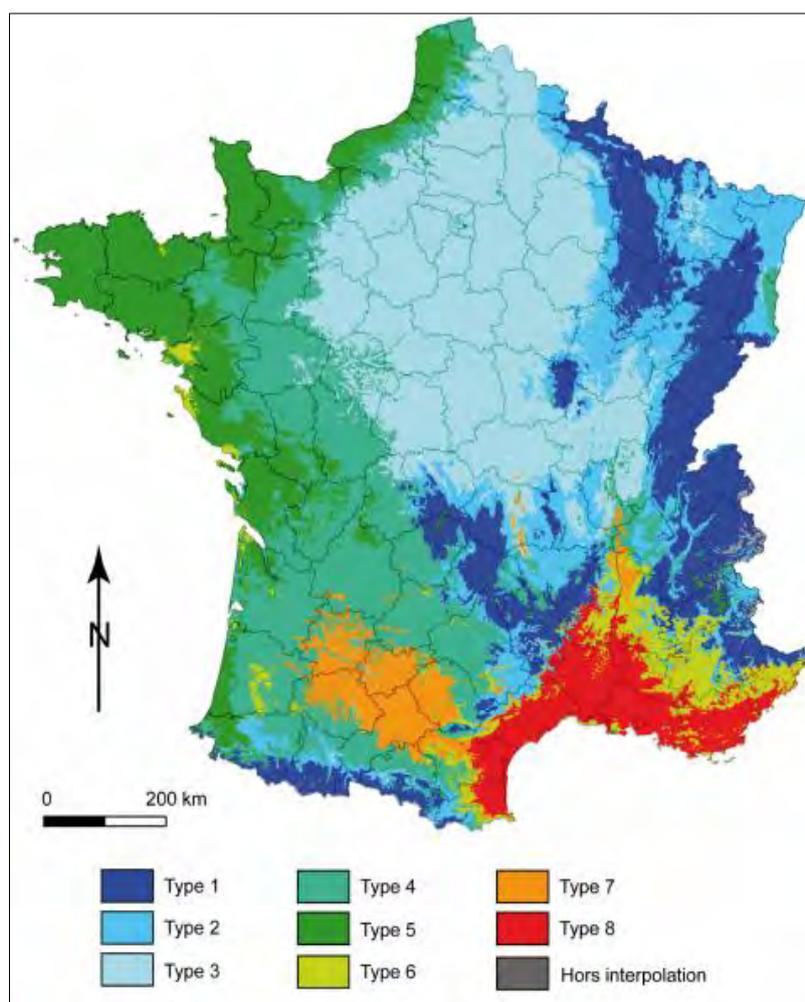


Figure 24 : Typologie climatique du territoire français en huit classes

Source : d'après Joly *et al.* (2010). À noter la Corse n'a pas été considérée dans cette étude. Les classes correspondent aux climats de montagne (type 1), semi-continentale et des marges montagnardes (type 2), océanique dégradé des plaines du Centre et du Nord (type 3), océanique altéré (type 4), océanique franc (type 5), méditerranéen altéré (type 6), du Bassin du Sud-Ouest (type 7) et méditerranéen franc (type 8).

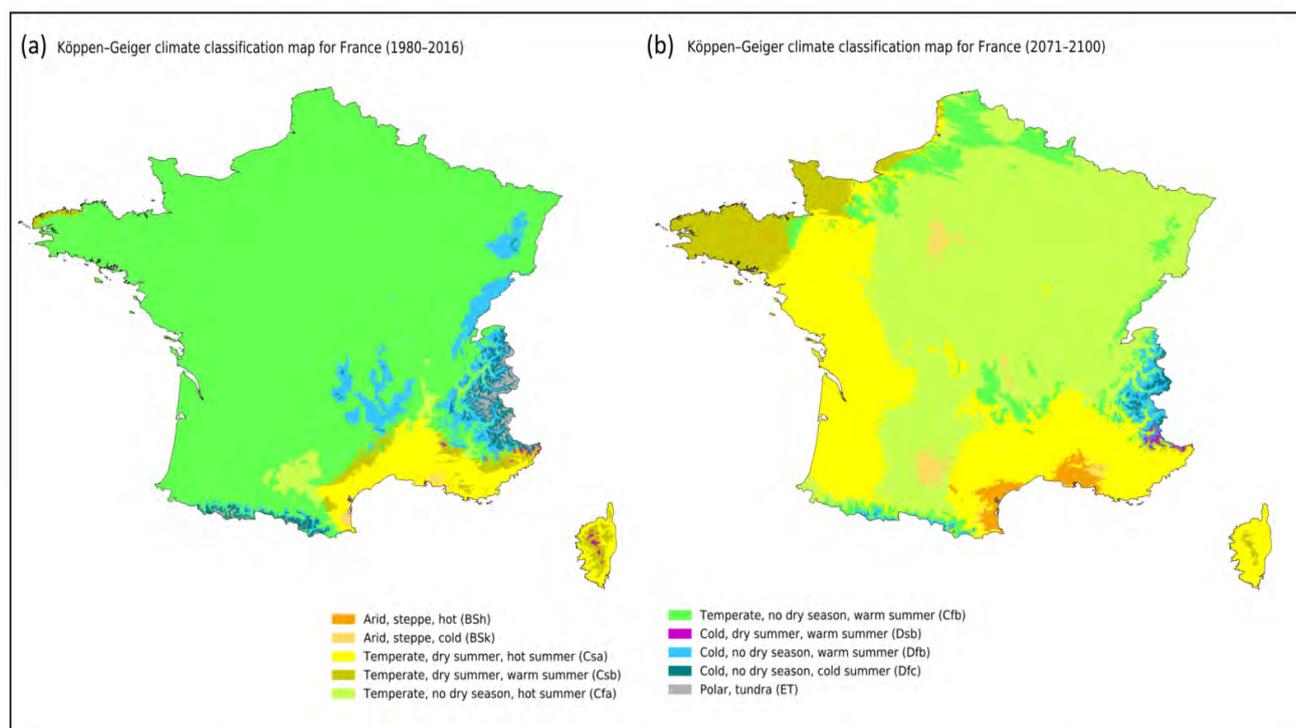


Figure 25 : Carte des climats en France selon la classification de Köppen (a) pour la période de 1980 à 2016, et (b) les prévisions d'évolution pour la période 2070-2100

Source : D'après (Beck *et al.* 2018). Caractéristiques des principaux types de Köppen rencontrés en France :

Tous les types de climats D (Dsb, Dfb et Dfc) correspondent à un climat tempéré à hiver froid (influence continentale), Cfb correspond à un climat tempéré à été frais sans saison sèche, Csb correspond à un climat tempéré à été frais et sec, Cfa correspond à un climat tempéré à été chaud sans saison sèche, Csa correspond à un climat tempéré à été chaud et sec, Bsk correspond à un climat semi-aride frais et Bsh correspond à un climat semi-aride chaud.

❖ Saison d'arrivée

À l'inverse des tiques introduites via les oiseaux migrateurs, qui arrivent en France durant la période s'étendant du printemps au début de l'été, celles qui arrivent via des hôtes terrestres peuvent théoriquement être introduites tout au long de l'année bien que la période de cette arrivée dépende aussi de leur période d'activité dans la zone d'origine. Or, leur capacité d'installation sur le territoire d'arrivée peut dépendre de la saison d'introduction, qui peut être plus ou moins propice. Quelle que soit l'espèce de tiques du genre *Hyalomma* ou la stase concernée, les tiques qui arrivent gorgées auront effectivement plus de chance de réaliser leur cycle, et donc de s'installer, si la métamorphose larvaire et/ou nymphale intervient l'année de leur arrivée, pour que les adultes ou nymphes se fixent

au printemps suivant. Les femelles gorgées, du moins c'est le cas pour *H. marginatum*, peuvent passer l'hiver et pondre au printemps suivant, alors que les larves ne survivent pas.

❖ Couvert végétal adapté

Les formations végétales favorables aux tiques du genre *Hyalomma* sont très ouvertes, voire dénudées : steppes semi-désertiques sahariennes, somaliennes, kalahariennes, arabo-persiques ou tourano-mongoles ; steppes xérophytes méditerranéennes, sahéennes, somaliennes, arabo-persiques ou du Karoo (Afrique du Sud et Namibie) ; maquis méditerranéen, maquis du Cap ; savanes soudaniennes, rhodésiennes, angolaises (voir chapitre 2). En dehors de ces zones, des populations localisées de *Hyalomma* spp. peuvent habiter l'étage pré-méditerranéen ou caucasien et les savanes subéquatoriales. La raréfaction ou l'absence de tiques du genre *Hyalomma* dans les zones équatoriales est corrélée à leurs préférences écologiques. Ainsi, la garrigue ou le maquis du pourtour méditerranéen représentent aujourd'hui, en France, les couverts végétaux les plus adaptés aux espèces du genre *Hyalomma*, expliquant en partie l'installation de trois d'entre elles dans cette région. Toutefois, *H. lusitanicum* semble se différencier un peu des autres puisque la stase immature est retrouvée dans des garennes de lapins, dans des zones ouvertes mais parfois lagunaires et donc plus humides. La stase adulte, infestant préférentiellement les cervidés, est retrouvée dans des espaces forestiers comme cela a été décrit en Espagne. Au même titre que pour le climat, il est néanmoins possible que les changements globaux actuels et à venir génèrent la transformation de certains habitats et fassent que certaines régions deviennent plus propices au développement des tiques.

❖ Densité des hôtes adaptés

Hématophages strictes, les tiques doivent nécessairement prendre des repas sanguins sur leurs hôtes vertébrés pour pouvoir réaliser leur cycle de développement et donc s'installer dans une région donnée. Il faut ainsi noter que même en présence d'un climat et d'une végétation favorables, l'absence d'hôtes adéquats rend les zones urbaines non propices à l'installation des tiques du genre *Hyalomma*. En présence d'animaux, les préférences trophiques, qui varient selon les espèces de *Hyalomma* et selon les stases pour certaines espèces, vont elles aussi représenter un critère déterminant pour l'installation d'une population de tiques en fonction de la biodiversité locale. Outre la nécessité de la présence d'hôtes appréciés par l'espèce de tique nouvellement arrivée, la densité de ces hôtes est aussi un critère essentiel. De cette densité va en effet dépendre la probabilité de rencontre entre tiques et hôtes et aussi entre tiques femelles et mâles. Globalement, si les sept espèces de tiques d'intérêt arrivent en tant que nymphes gorgées, la présence d'ongulés sera nécessaire pour permettre le gorgement et la poursuite du développement et donc l'installation des stades adultes. Dans ce contexte, le fait que l'infestation des bovins par les tiques soit moins surveillée comparativement aux chevaux, représente un élément en faveur d'une possible installation qui passerait inaperçue. Si ces tiques arrivent en tant que femelles gorgées, alors, en fonction de l'espèce, la présence d'oiseaux, de reptiles, de lagomorphes, de rongeurs, d'ongulés, et/ou de petits mammifères sera nécessaire pour permettre aux larves issues de la ponte de poursuivre leur développement. Ces espèces animales sont réparties sur l'ensemble du territoire métropolitain français, mais avec des variations notables en termes de densité à des échelles plus ou moins fines. Il faut par ailleurs noter que les potentiels prédateurs/parasitoïdes de tiques ne sont *a priori* pas présents en assez grande quantité en France métropolitaine pour avoir un impact notable sur l'installation de populations de tiques du genre *Hyalomma*.

4.2.1.3 Facteurs liés aux mesures de prévention et de gestion mises en œuvre

Parmi les différentes méthodes de lutte présentées dans le chapitre 8 de ce rapport, aucune ne présente à l'heure actuelle une réelle efficacité pour éviter l'installation d'une population de tiques sans générer de problème vis-à-vis de l'environnement ou de la santé publique. L'utilisation d'acaricides reste en effet la méthode la plus efficace malgré l'apparition de résistance, mais aussi la plus dommageable pour diminuer les populations de tiques. Ces derniers sont classiquement utilisés directement sur les animaux, l'épandage dans l'environnement n'étant pas recommandé du fait de leur toxicité. Néanmoins, si l'utilisation d'acaricides peut avoir un impact sur l'introduction de tiques via un traitement des chevaux ou des bovins arrivant sur le territoire, il est probable qu'elle n'aura que peu d'impacts sur l'installation de ces tiques une fois introduites. Par ailleurs, la gestion du couvert végétal (élimination de la litière de feuilles, du bois mort, tonte des pelouses, etc.), plutôt efficace pour des tiques comme *Ixodes ricinus*, l'est beaucoup moins pour le genre *Hyalomma* que l'on retrouve plus dans les espaces ouverts (Ginsberg 2014).

Parmi les facteurs à même d'influencer l'installation de populations de tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire métropolitain français, les experts estiment que ceux liés à la prévention et la gestion humaine ont un impact très faible, alors que ceux liés aux tiques et à l'environnement sont essentiels. De plus, les changements globaux actuels pourraient, en générant des conditions propices au développement des tiques, rendre les facteurs environnementaux de moins en moins limitants pour l'installation des populations de tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire.

4.2.2 Estimation de la probabilité d'installation des tiques du genre *Hyalomma* en France métropolitaine

Sur la base de leurs connaissances et des données et informations disponibles colligées dans ce rapport, les experts ont apprécié collectivement la probabilité d'installation des sept espèces de tiques du genre *Hyalomma* jugées d'intérêt et non présentes sur le territoire français. L'appréciation est qualitative, les notes attribuées ainsi que les éléments de justification pour chacune des sept espèces sont présentés dans le Tableau 14.

Tableau 14 : Synthèse de l'évaluation de la probabilité d'installation de sept espèces du genre *Hyalomma* non présentes en France métropolitaine mais estimées à risque d'introduction sur le territoire : *H. anatolicum*, *H. rufipes*, *H. aegyptium*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum* et *H. truncatum*

Espèce de tique	Probabilité d'installation	Niveau d'incertitude	Eléments de justification
<i>Hyalomma rufipes</i>	2 à 3 sur 9	3	- Introduite régulièrement chaque année dans tous les pays d'Europe par des oiseaux migrateurs en provenance d'Afrique subsaharienne, mais sans installation pour le moment

			<ul style="list-style-type: none"> - Elle nécessite un climat plus sec que le climat français actuel mais pourrait se maintenir si les saisons sèches devenaient plus longues - Ses hôtes préférentiels sont présents sur le territoire français : on retrouve des adultes sur les chevaux et les bovins, et des immatures sur des oiseaux et des lagomorphes
<i>Hyalomma aegyptium</i>	2 à 3 sur 9	3	<ul style="list-style-type: none"> - Une adaptation au climat français est possible à condition d'avoir des mois d'été avec des températures moyennes >25°C - Les tortues d'Hermann présentes en France sont des hôtes moins favorables que les tortues grecales et autres <i>Testudo</i>. Toutefois, cette espèce peut aussi se nourrir sur des petits ruminants, des reptiles ou encore des hérissons - Elle est présente dans les pays du Maghreb mais n'est pas encore installée en Italie ni en Espagne
<i>Hyalomma anatolicum</i>	0 à 1 sur 9	3	<ul style="list-style-type: none"> - Probabilité d'installation moindre que pour les tiques précédentes du fait de conditions climatiques non adaptées ou faiblement adaptées pour l'instant - Présence des hôtes préférentiels sur le territoire français
<i>Hyalomma dromedarii</i>			
<i>Hyalomma excavatum</i>			
<i>Hyalomma impeltatum</i>			
<i>Hyalomma truncatum</i>			

Parmi les tiques du genre *Hyalomma* non présentes sur le territoire français mais à risque d'y être introduites, et indépendamment de ce risque, les deux espèces les plus susceptibles de s'installer en France métropolitaine en raison du niveau d'adéquation actuel du territoire à leurs exigences climatiques et écologiques sont, selon les experts, *H. rufipes* et *H. aegyptium*, avec une probabilité d'installation estimée de 2 à 3 sur 9 pour ces deux espèces avec une incertitude de 3.

4.3 Expansion possible des populations de tiques du genre *Hyalomma* déjà présentes en France métropolitaine

Comme indiqué précédemment (chapitre 3.1.1, partie 4.1 et 4.2), trois espèces de *Hyalomma* sont présentes en France : *H. marginatum*, *H. lusitanicum* et *H. scupense*. Les informations disponibles sur ces tiques, concernant notamment leur distribution actuelle sur le territoire ou les caractéristiques climatiques permettant leur installation, sont très contrastées. En effet, étant donné que de nombreuses études ont été conduites au Cirad depuis 2017 sur *H. marginatum*, il est possible d'avoir une bonne idée des conditions autorisant la réalisation de son cycle et donc de son expansion potentielle. À l'inverse, la présence de *H. lusitanicum* en France continentale n'est confirmée que depuis 2022, et uniquement dans un seul site des Bouches-du-Rhône. Quant à *H. scupense*, elle est installée essentiellement en Corse où aucune étude sur la bio-écologie de l'espèce n'a pour l'instant pu être conduite. Il est donc difficile de prédire les possibilités de dissémination de ces deux espèces en s'appuyant sur les données françaises, et celles disponibles par ailleurs sont parfois incomplètes ou inadaptées à la situation du pays. L'incertitude concernant les prévisions d'expansion sera ainsi très différente entre *H. marginatum* et les deux autres espèces présentes sur le territoire.

Comme mentionné précédemment dans la partie 4.2., outre le climat et l'habitat, d'autres critères doivent être pris en compte pour l'installation de ces espèces, notamment la disponibilité des hôtes nécessaires à l'accomplissement des phases parasitaires du cycle, ou leur caractère endophile. Toutefois, pour qu'il y ait expansion de ces espèces, il faut notamment que des hôtes soient en mesure de transporter des tiques depuis des zones infestées vers des zones encore vierges. Selon les préférences d'hôtes de chaque espèce de tiques et les modes de diffusion de ces hôtes, les patrons et intensités d'expansion peuvent varier.

4.3.1 *Hyalomma marginatum*

Hyalomma marginatum est une tique désormais présente sur la quasi-totalité de la zone méditerranéenne, si ce n'est dans certains habitats non favorables comme les milieux humides, même si ces derniers se situent dans une zone climatiquement favorable. Son installation récente sur le littoral de la France continentale a très probablement été permise par l'augmentation constatée des températures estivales, cette espèce ayant besoin d'une température moyenne de 24°C en juillet (Morel, 2003). Inféodée au climat méditerranéen en Europe, l'espèce ne peut s'installer que là où celui-ci est présent. Une récente modélisation, fondée sur les données de présence/absence recueillies dans 14 départements français méridionaux, l'a confirmé (Bah *et al.* 2022). Elle montre aussi la préférence de cette espèce pour les végétations ouvertes de type garrigue ou maquis et, à l'inverse, son impossibilité à s'installer dans les zones humides. Elle constate enfin que la tique n'occupe pas encore toute sa niche écologique potentielle (Figure 26).

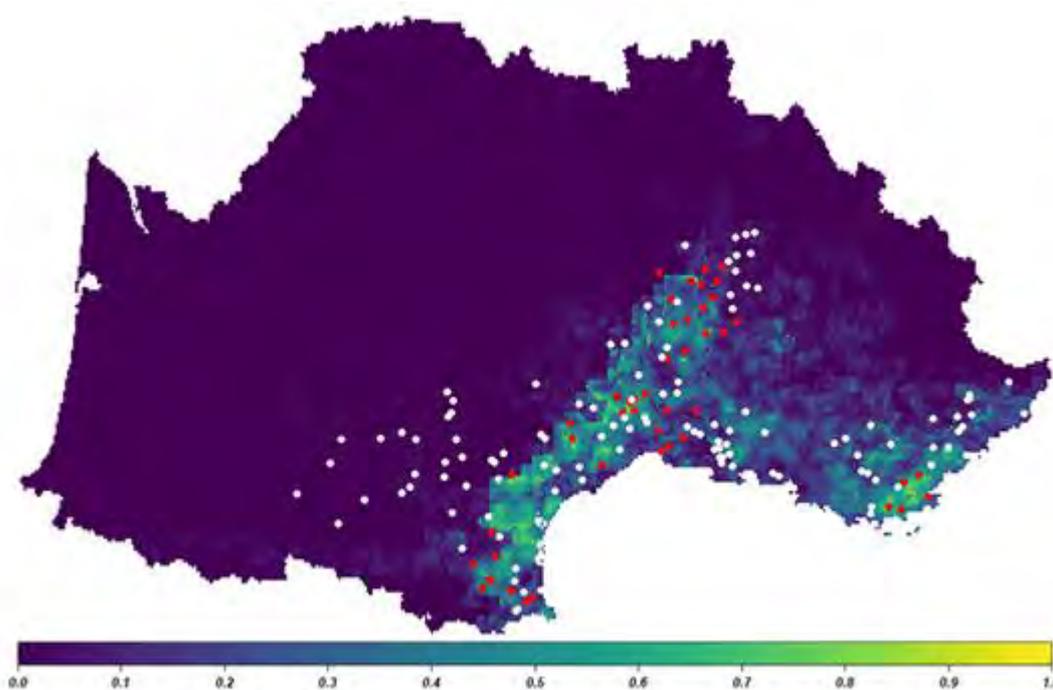


Figure 26 : Probabilité de présence de *H. marginatum* dans le sud de la France, prédite par modélisation

Source : Bah *et al.* (2022). Utilisation du modèle le plus parcimonieux. Légende : bleu foncé : probabilité nulle à jaune : probabilité élevée ; les cercles rouges représentent les points d'observation de *H. marginatum* et les cercles blancs l'absence de tiques lors de témoignages ou d'enquêtes (collectes) sur le terrain.

La première expansion probable de *H. marginatum* sera donc de s'établir dans les zones au climat et à la végétation de type méditerranéens encore non infestées.

D'autre part, comme les surfaces soumises au climat méditerranéen s'accroîtront très probablement dans les prochaines décennies du fait des changements climatiques en cours, la tique verra très certainement son aire de distribution augmenter. Les zones les plus probables d'expansion sont vers le nord, en remontant la vallée du Rhône où l'on trouve actuellement un climat méditerranéen dégradé selon Joly *et al.* (2010), et vers l'ouest, une fois franchie la ligne de partage des eaux (Méditerranée/Atlantique) dans l'Aude. Le climat de ce département est méditerranéen à l'est, mais de type océanique altéré ou « bassin du Sud-Ouest » à l'ouest (Joly *et al.* 2010). On retrouve ce climat du « bassin du Sud-Ouest » dans de grandes parties de la Haute-Garonne, du Tarn, du Tarn-et-Garonne et du Gers. Si le climat évolue vers des étés plus chauds et moins humides dans ces départements, *H. marginatum* pourra probablement s'y installer. Les modèles climatiques prévoient une évolution du climat de la côte atlantique à l'ouest vers un type méditerranéen dans les cinquante prochaines années (Soubeyroux *et al.* 2020).

Cette espèce est très éclectique en ce qui concerne ses choix d'hôtes, aussi bien à la stase larvaire qu'à la stase adulte. On constate ainsi que, en France, les adultes parasitent préférentiellement les chevaux, alors qu'en Turquie ils se fixent *a priori* essentiellement sur les bovins. Ils peuvent également se gorger sur la faune sauvage (cervidés, sangliers), de sorte que l'absence d'une de ces espèces dans le milieu n'empêche pas la réalisation du cycle. Quant aux larves, comme elles peuvent infester aussi bien les nombreux oiseaux vivant fréquemment au sol (passereaux, galliformes) que les lagomorphes, elles trouvent également facilement un hôte. Une récente étude de la littérature pour évaluer les préférences trophiques de cette espèce conclut qu'elle serait globalement généraliste, avec toutefois des spécificités d'hôtes locales en fonction de la nature et la composition des

communautés d'hôtes disponibles sur place (Vial³⁸, comm. pers.). Du fait de cette grande tolérance et de la diversité des hôtes présents en France, la quête d'un hôte adapté ne constitue *a priori* pas une limitation à son expansion.

4.3.2 *Hyalomma lusitanicum*

Hyalomma lusitanicum, contrairement à *H. marginatum*, est très dépendante de la présence de l'hôte préférentiel des stases immatures, en l'occurrence le lapin de garenne, pour s'installer. Les larves peuvent occasionnellement infester d'autres animaux (rongeurs, hérissons, voire grands ongulés), mais le lapin est vraiment l'hôte de prédilection des larves et des nymphes. La métamorphose larvaire se déroule d'ailleurs dans le terrier des lapins (*H. lusitanicum* a un cycle endo-exophile), terrier dans lequel les nymphes trouvent ainsi facilement leur hôte. Les nymphes gorgées, en revanche, se détachent à l'extérieur des terriers. Après métamorphose, les tiques adultes se fixent sur divers grands ongulés, préférant cependant, semble-t-il, la faune sauvage aux animaux domestiques (Félix Valcárcel *et al.* 2020). L'expansion de cette espèce est en conséquence conditionnée au moins autant par la disponibilité de ces hôtes préférentiels que par le climat, étant entendu que, comme toutes les tiques du genre *Hyalomma*, elle préfère les régions où règne pendant plusieurs mois de l'année un climat chaud et sec. Elle est cependant réputée moins exigeante que *H. marginatum* et pourrait s'installer avec des températures légèrement moins élevées (22 ou 23°C en juillet). C'est pourquoi, l'hypothèse de la présence de *H. lusitanicum* dans les Hautes-Pyrénées pour expliquer l'existence d'anticorps dirigés contre le virus de la FHCC dans de nombreux animaux sauvages (cerfs, chevreuils, sangliers) a pu être proposée.

Les lapins sont des animaux ayant un domaine vital de petite taille, qui s'éloignent peu de leur terrier. La dissémination des tiques *H. lusitanicum* serait donc plutôt le fait des hôtes des tiques adultes – cervidés, sangliers, chevaux, bovins, etc. Toutefois, si son hôte préférentiel à la stase adulte s'avère être le Cerf élaphe (*Cervus elaphus*) comme cela a l'air d'être en Espagne où elle est quasi exclusivement trouvée sur cette espèce animale, son expansion à la stase adulte du fait des mouvements de cervidés est également prédite comme faible. En outre, l'installation dans une nouvelle zone sera obligatoirement conditionnée par la présence de populations de lapins et l'existence d'un climat suffisamment chaud, particulièrement en milieu d'été.

4.3.3 *Hyalomma scupense*

La présence de *H. scupense* en France, plus exactement en Corse puisque c'est sur cette île qu'elle a surtout été retrouvée, est pour le moins paradoxale (Grech-Angelini *et al.* 2016). C'est en effet une tique décrite comme endophile, vivant essentiellement dans les étables (Gharbi et Darghouth 2014). Or, en Corse, les bovins sont élevés de façon extensive, restant dans les pâturages quasiment en permanence. On ne sait pas, d'autre part, s'il s'agit d'une tique ayant un cycle à deux hôtes (diphase), ou d'une tique à un seul hôte (monophasique ou monoxène), les deux possibilités existant pour cette espèce, dont on considérerait auparavant qu'il s'agissait de deux espèces distinctes : *H. detritum detritum* en Afrique du nord à deux hôtes et *H. detritum scupense* à un hôte en Europe. Or, une tique monophasique est moins soumise aux contraintes climatiques puisque les

³⁸ Article en préparation au moment de la rédaction du rapport.

deux métamorphoses se déroulent sur l'hôte. De ce fait, *H. scupense* est l'espèce de *Hyalomma* pouvant vivre le plus au nord, abritée dans les bâtiments d'élevage.

L'espèce est à tendance fortement monotrope, les trois stases prenant leur repas sur le même hôte, essentiellement les bovins. Sa dissémination intervient donc majoritairement par échange, vente ou déplacement d'animaux infestés. Mais compte tenu de l'absence d'informations sur les caractéristiques des *H. scupense* installées en France, notamment sur leur caractère endophile ou exophile, il n'est pas possible d'évaluer à sa future propagation. L'étude de la bio-écologie de cette espèce sera nécessaire pour connaître ses capacités de dispersion.

En résumé, parmi les trois tiques du genre *Hyalomma* déjà installées en France, *H. marginatum*, inféodée au climat méditerranéen mais peu exigeante pour ce qui est de ses hôtes de prédilection, verra très probablement son aire de distribution s'accroître au fur et à mesure que ce climat chaud et sec s'étendra.

L'expansion de *H. lusitanicum*, espèce en partie endophile qui semble capable de supporter un climat un peu moins chaud, dépendra quant à elle essentiellement de la distribution de l'hôte préférentiel des deux stases immatures, le lapin.

Enfin, les experts considèrent qu'au vu des données disponibles, il est actuellement impossible de prévoir comment évoluera la distribution de *H. scupense*. Cette tique se gorgeant majoritairement sur les bovins à toutes les stases, est en théorie endophile et se développe dans les étables et bâtiments d'élevage. Or, elle est essentiellement connue en Corse, où les bovins sont élevés en extérieur. Pour pouvoir estimer où et comment cette espèce pourra diffuser, des recherches seront nécessaires afin de mieux connaître la bio-écologie des populations installées en France.

5 La fièvre hémorragique de Crimée-Congo

5.1 Le cycle épidémiologique de la FHCC

La circulation et le maintien du CCHFV dans la nature se fait selon **un cycle enzootique « tiques – animaux vertébrés – tiques »** (Figure 27). Les tiques, une fois infectées, restent porteuses du virus toute leur vie (parfois plusieurs années) (Bente *et al.* 2013), à l'inverse des animaux vertébrés qui ne sont virémiques que de manière transitoire (Spengler, Bergeron, et Rollin 2016).

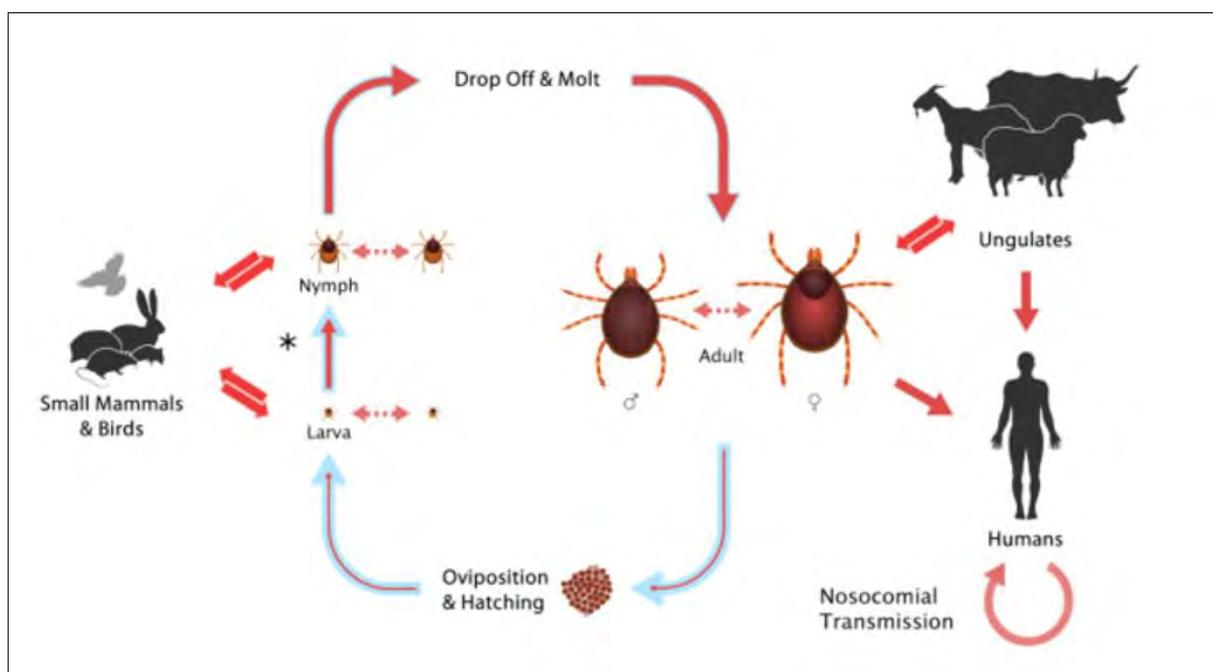


Figure 27 : Cycle général de transmission du virus de la FHCC impliquant les tiques du genre *Hyalomma* (illustration pour *H. marginatum*).

Adaptée d'après Bente *et al.* 2013. Les flèches bleues représentent le cycle de vie des *Hyalomma* (la différence selon les tiques à deux ou trois hôtes est marquée par l'astérisque) ; les flèches rouges représentent la transmission du virus de la FHCC, entre les tiques et les mammifères pour les flèches pleines et entre les tiques (par *cofeeding*) pour les flèches en pointillés. La superposition des flèches rouges et bleues signale la transmission du virus durant le cycle de la tique. Les oiseaux sont en gris car ils ne sont pas des hôtes réceptifs au virus.

5.1.1 Rôle des tiques

La distribution géographique du CCHFV, présent dans la majeure partie de l'Afrique, en Asie, au Moyen-Orient et en Europe, se superpose à celle des tiques du genre *Hyalomma*, ce qui corrobore l'hypothèse que celles-ci en seraient les principales vectrices (Mild *et al.* 2010). Le CCHFV a été détecté chez de nombreux autres genres de tiques, mais leur contribution respective au cycle épidémiologique du virus reste peu claire, comme en Iran (Telmadarrai *et al.* 2015).

La compétence vectorielle de certaines espèces de *Hyalomma* a été établie par des études dédiées (Gargili *et al.* 2017), mais il manque une démonstration formelle pour beaucoup d'espèces. La plupart de ces études se sont en effet fondées uniquement sur la démonstration d'une transmission transstadiale ou transovarienne chez les tiques (voir les revues de Hoogstraal 1979; Bente *et al.* 2013; Gargili *et al.* 2017 ; et Annexe 2 du présent rapport). De plus, toutes ne présenteraient pas les mêmes aptitudes à répliquer et transmettre le virus. Outre la transmission horizontale du virus de la tique à son hôte vertébré, et inversement, le CCHFV est en mesure d'être transmis au sein des populations de tiques par transmission transstadiale, transovarienne, sexuelle ou par *cofeeding* (Bente *et al.* 2013; Gargili *et al.* 2017; Gordon, Linthicum, et Moulton 1993; Whitehouse 2004; Gonzalez *et al.* 1992). Ainsi, outre leur rôle de vecteur, les tiques constituent aussi un réservoir du virus dans la nature.

5.1.2 Rôle des animaux vertébrés

Les hôtes vertébrés impliqués dans le cycle de transmission du CCHFV jouent trois rôles distincts :

- ils introduisent ou disséminent les tiques, infectées ou non, dans l'espace en fonction de leurs déplacements ;
- ils amplifient les populations de tiques vectrices en fonction des préférences trophiques de ces dernières et de leur disponibilité dans l'environnement de la tique ;
- ils répliquent le virus et infectent des tiques.

Seules des études d'infections expérimentales permettent d'évaluer la capacité des hôtes vertébrés à amplifier le CCHFV. Cependant, elles sont rares en raison de la nécessité de travailler dans des conditions de sécurité très élevées (virus de classe 4). De plus, du fait de la courte durée de la virémie, l'infection aiguë chez des animaux est difficile à documenter en conditions non contrôlées (hors laboratoire).

L'annexe 4 résume les données disponibles sur la compétence des hôtes vertébrés trouvés en Europe pour la réplication du CCHFV. Il s'agit principalement d'expériences réalisées sur des petits vertébrés ou sur des ongulés domestiques, alors que les informations sur la faune sauvage sont quasi inexistantes. Il est néanmoins établi que, à l'exception des oiseaux, qui dans leur grande majorité s'avèrent réfractaires à l'infection, tous les vertébrés cités comme hôtes potentiels des tiques du genre *Hyalomma* développent une virémie et sont donc au moins réceptifs au CCHFV. Cette virémie est néanmoins de courte durée comme chez l'être humain (une dizaine de jours) et tous ne sont pas de bons amplificateurs du virus³⁹. La multiplication et la circulation du CCHFV nécessitent que les stades immatures de tiques se gorgent principalement sur de « bons » hôtes amplificateurs, quasiment seule occasion pour que la tique se retrouve infectée à la stase adulte. Parmi ces « **bons amplificateurs du virus** » on trouve des espèces comme le Lièvre européen, les bovins ou encore le mouton qui développent des virémies plus élevées que les autres hôtes (de 10^4 à 10^6 LD₅₀/mL et jouent un rôle majeur dans sa transmission aux tiques (Spengler, Bergeron, et Rollin 2016). À l'inverse, le cheval par exemple, considéré comme un des hôtes préférentiels des adultes de *H. marginatum*, développe une virémie trop faible pour permettre l'infection des tiques (Shepherd, Leman, et Swanepoel 1989; Wilson *et al.* 1991; Milyutin *et al.* 1969). Les grands herbivores sauvages (Daim – *Dama dama*, Cerf élaphe, Sanglier – *Sus scrofa*, Bouquetin ibérique – *Capra pyrenaica* et Mouflon de Corse – *Ovis gmelini musimon*) sont aussi capables de répliquer et transmettre le virus aux tiques. Ils sont d'ailleurs impliqués de manière essentielle dans le maintien du CCHFV en

³⁹ Des animaux qui multiplient suffisamment le virus pour être capables d'infecter une tique qui se gorge.

Espagne (Moraga-Fernández *et al.* 2021; Carrera-Faja *et al.* 2022). En revanche, les oiseaux, en général, ne semblent pas être réceptifs à l'infection par CCHFV. À ce jour, les seules exceptions identifiées sont le Calao à bec rouge (*Tockus erythrorhynchus*) et les autruches (*Struthio spp.*) qui peuvent répliquer le virus de manière asymptomatique. Chez les autruches, on rapporte des virémies maximales de 10^4 DL₅₀/mL de un à quatre jours après l'infection, avec présence de virus infectieux jusqu'à cinq jours après l'infection dans le foie, les reins et la rate (Swanepoel *et al.* 1998). Ces animaux, qui peuvent faire l'objet d'un élevage, présentent donc un facteur de risque de transmission du CCHFV à l'être humain, comme cela a déjà été démontré (Mostafavi *et al.* 2013).

La composition des communautés de vecteurs et d'hôtes vertébrés impliqués dans le cycle enzootique de transmission a ainsi une influence capitale sur le niveau de circulation du virus. Par exemple, dans les campagnes ouest-africaines, le fait que les Lièvres du Cap (*Lepus capensis*), supposés « bons » amplificateurs du virus et hôtes de *H. truncatum*, s'avèrent assez rares, expliquerait la faible importance de cette espèce de tique dans la circulation du virus, sachant que chez *H. truncatum*, le virus présente en outre de faibles taux de transmission transovarienne (Camicas *et al.* 1994). En revanche, *H. rufipes*, qui présente la particularité de se gorger fréquemment aux stades immatures sur le Calao à bec rouge, très abondant dans la zone, contribuerait plus à la circulation virale dans la région.

Ainsi, il n'existe pas un seul cycle de transmission du virus, mais de très nombreux cycles, en fonction des écosystèmes locaux considérés. C'est un système de transmission multivecteurs et multihôtes. Par exemple, au Sénégal, au moins quatre cycles de transmission du CCHFV sont décrits, impliquant quatre espèces différentes de tiques locales (*H. rufipes*, *H. truncatum*, *Amblyomma variegatum* et *Rhipicephalus evertsi*), vivant ou non en sympatrie, présentant des niveaux de compétence vectorielle différentes, et un cortège d'hôtes vertébrés propre, dont peut faire partie l'être humain (Camicas *et al.* 1994).

Quels que soient la virémie et le niveau de répllication virale, tous les animaux infectés, même asymptomatiques, développent des anticorps contre le virus. D'après les quelques études d'infection expérimentale réalisées avec le CCHFV, la durée de persistance des anticorps est supposée longue, de l'ordre de plusieurs mois, voire plusieurs années, mais ne reflète que l'exposition des animaux au virus et pas leur capacité à l'amplifier. Une seule étude a par ailleurs montré que chez le mouton primo-infecté, bien qu'asymptomatique, les anticorps développés n'étaient ni stérilisants, ni protecteurs vis-à-vis d'une nouvelle infection, ni à même de bloquer la transmission aux tiques (Gonzalez *et al.* 1998).

5.2 Les modes de transmission du virus

5.2.1 Piqûre de tique

De nombreuses études ont montré que la piqûre d'une tique infectée était le principal mode de transmission du CCHFV à ses hôtes vertébrés (Chapman *et al.* 1991; Ergönül *et al.* 2006; Fisher-Hoch *et al.* 1992; Gunes *et al.* 2009; Izadi *et al.* 2004; Karakecili *et al.* 2018; Nurmakhanov *et al.* 2015; Sargianou *et al.* 2013; Vashakidze et Mikadze 2015; Yagci-Caglayik, Korukluoglu, et Uyar 2014). Très peu de données existent quant aux modalités précises (quantité de virus inoculé, durée de fixation avant inoculation, etc.) de la transmission du virus lors de la piqûre en raison du manque de laboratoires de recherche à même de réaliser des cycles de transmission *in vivo* en conditions contrôlées. La mise en place de telles expérimentations est en effet limitée d'une part par les

difficultés à établir des colonies de tiques et des modèles animaux pertinents, permettant à la fois l'alimentation des tiques et la multiplication du virus, et d'autre part par le fait que manipuler le CCHFV nécessite un laboratoire de biosécurité de niveau 4. Afin de mettre en place un modèle expérimental de transmission *in vivo*, Gargili *et al.* ont démontré l'acquisition du virus à la fois par des nymphes et des adultes de *H. marginatum* sur des souris *knockout* (KO) STAT-1⁴⁰ et la transmission transstadiale des nymphes aux adultes, mais n'ont réalisé aucune expérience de retransmission par piqûre de tique (Gargili, Thangamani, et Bente 2013).

Dohm *et al.* (1996) rapportent qu'au moins 13 % des *H. impeltatum* adultes, issues de larves gorgées sur des souris infectées, ont transmis le virus par piqûre à des cobayes (Dohm *et al.* 1996). Pour *H. truncatum*, le virus a été détecté dans les nymphes pendant une période supérieure ou égale à 160 jours après l'infection de larves sur des souriceaux nouveau-nés (Logan *et al.* 1989). Des expériences conduites avec des nymphes de *H. rufipes*, *H. truncatum*, *Rhipicephalus evertsi mimeticus* et *Amblyomma hebraeum*, infectées par injection intrathoracique puis gorgées, ont montré que les titres viraux diminuaient jusqu'à la métamorphose des nymphes puis augmentaient légèrement chez les adultes. Chez ces derniers, les titres du virus diminuaient de nouveau progressivement, mais restaient détectables jusqu'à 205 jours après l'inoculation (Shepherd, Leman, et Swanepoel 1989). Cette étude a par ailleurs montré la présence du virus dans les glandes salivaires des tiques infectées avant le stimulus d'un nouveau repas de sang (Shepherd, Leman, et Swanepoel 1989), résultat confirmé par la suite chez *H. marginatum* (Gargili *et al.* 2013), et chez *H. truncatum* (Dickson et Turell 1992). Chez des adultes de *H. truncatum* non gorgées et infectées par injection, la prise du repas sanguin provoque une multiplication du virus au niveau des glandes salivaires (Dickson et Turell 1992).

Contrairement aux bactéries et parasites transmis par les tiques, il est classiquement reconnu que la transmission des virus lors de la piqûre est quasi-immédiate. Elle intervient environ 15 minutes après la fixation pour le virus Powassan (Ebel et Kramer 2004). Aucune donnée précise n'existe concernant le CCHFV mais un certain nombre d'indices font penser que la transmission de CCHFV intervient aussi très rapidement après la fixation de la tique (voir la revue de Gargili *et al.* 2017).

Lors d'une étude réalisée chez des moutons d'Afrique de l'Ouest, Gonzales *et al.* ont montré qu'il n'y avait pas de différence entre une infection due à la piqûre d'adultes de *H. truncatum*, infectés par injection intracoelomique, et une infection directe par injection intrapéritonéale de 1 mL de 6,5 logs DL₅₀/mL d'une suspension virale (Gonzalez *et al.* 1998). Dans les deux cas, les auteurs ont observé une hausse de la température et détecté le virus dans le sang des moutons trois jours après l'infection, avec un titre viral maximal de 4,7 logs DL₅₀/mL au bout de cinq jours, titre qui se maintient pendant 4-5 jours (Gonzalez *et al.* 1998).

Enfin, dans le cadre d'une transmission par piqûre de tique, le phénomène de « *saliva-assisted transmission* » (SAT), correspondant à la production, dans la salive de tiques, de molécules facilitant le transfert d'agents pathogènes et démontré pour de nombreux agents pathogènes, doit être mentionné (Bonnet *et al.* 2018). L'implication de la SAT dans la transmission de CCHFV a en effet été évoquée chez *H. rufipes* (Zeller *et al.* 1994), et *H. impeltatum* dans le contexte d'une transmission entre tiques par *cofeeding* (Gordon *et al.* 1993). De même, il a été proposé que la SAT pouvait jouer un rôle dans la brièveté de la phase d'incubation suite à une piqûre de tique par rapport à un contact avec des fluides infectés (Nuttall et Labuda 2004).

⁴⁰ Des souris montrant une faible expression des T régulateurs CD4⁺ CD25⁺, une faible réponse aux IFN- α/β et IFN- γ , et donc une forte susceptibilité à la plupart des virus, des bactéries intracellulaires et certains parasites.

5.2.2 Autres modes de transmission

En dehors de la transmission par la piqûre d'une tique porteuse du CCHFV, les modes de transmission à l'être humain classiquement rapportés sont le contact direct avec le sang ou les fluides corporels d'un animal ou d'un humain virémique. La transmission nosocomiale est donc un mode classique de contamination et peut donner lieu à des épisodes de cas groupés dans les lieux de soins (milieu hospitalier notamment) lorsque les mesures de précaution adéquates ne sont pas mises en œuvre. Le risque de transmission nosocomiale est donc plus important dans les structures ayant peu de moyens de protection à disposition, ou dans les pays où le virus ne circule pas ou peu du fait du manque de sensibilisation des professionnels de santé. L'acidification rapide des muscles suivant la mort semblerait inactiver le virus et rendrait négligeable le risque de transmission par consommation de viande d'animal infecté (Bente *et al.* 2013). Il n'y a pas d'information dans la littérature sur une éventuelle transmission par consommation de lait non pasteurisé issus d'animaux infectés. Outre le contact direct, un possible cas de transmission nosocomiale aéroportée, par aérosols, a été rapporté dans la littérature (Pshenichnaya et Nenadskaya 2015).

La transmission sexuelle interhumaine a été suspectée dans plusieurs situations décrites dans la littérature. Si elle ne peut être exclue, du fait de la présence d'ARN viral du CCHFV dans le sperme ou le liquide vaginal de patients hospitalisés pour FHCC (Yagci-Caglayik *et al.* 2020), dans la majorité des cas de suspicion de transmission sexuelle, les couples partageaient plusieurs facteurs de risque communs, dont l'exposition à des tiques ou à des animaux d'élevage (Blitvich *et al.* 2020).

5.2.3 Populations à risque d'infection par le CCHFV

Les personnes les plus à risque vis-à-vis des piqûres de tiques sont celles évoluant dans des écosystèmes favorables à leur développement et en contact avec les animaux de rente constituant pour certains des hôtes préférentiels des stades adultes de tiques du genre *Hyalomma* : agriculteurs, éleveurs, forestiers, chasseurs, randonneurs, etc.

En ce qui concerne la transmission par contact avec le sang d'animaux infectés et virémiques, le personnel d'abattoir, les vétérinaires, les éleveurs et les chasseurs sont classiquement considérés comme à risque de FHCC et représentent la majorité des cas dans les zones d'endémie (Ergönül *et al.* 2006; Sharifi-Mood, Metanat, et Alavi-Naini 2014).

La transmission par contact avec du sang ou des fluides corporels de personnes infectées dans les sept à 10 jours après le début des symptômes (Bente *et al.* 2013) a été particulièrement décrite lors d'épidémies nosocomiales. Le personnel soignant constitue dans ce cas une population particulièrement à risque, celui-ci étant le plus élevé lors d'interventions chirurgicales sur un patient chez qui le diagnostic n'a pas encore été établi. Cependant, il a été montré que lorsque les mesures d'hygiène sont correctement appliquées, le risque de transmission nosocomiale reste très faible. Ainsi, le port de gants pour éviter tout contact avec des fluides corporels et de lunettes et de masque en cas de risque de projection de ces fluides permet de limiter le risque de transmission.

5.3 Le virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo

5.3.1 Structure du virus de la FHCC

Le CCHFV est membre de l'ordre des *Bunyvirales*, de la famille des *Nairoviridae* et du genre *Orthonairovirus*, d'après la nouvelle classification de 2016 (Garrison *et al.* 2020). C'est un virus enveloppé, composé d'un ARN simple brin de polarité négative et tri-segmenté. Le génome du virus a une taille de 19.2kb (souche Kosova Hoti). Le virion est de forme sphérique et d'un diamètre d'environ 80-120 nm (Bente *et al.* 2013) (voir Figure 28). Les virions contiennent des segments d'ARN dits « petit » (S), « moyen » (M) et « grand » (L). Chaque segment est contenu dans une nucléoprotéine (NP). Les segments S, M, et L codent respectivement la nucléocapside protéique, les glycoprotéines Gn et Gc et l'ARN polymérase ARN dépendante (Whitehouse 2004). Une ARN polymérase ARN dépendante (RdRp) est présente dans le virion pour réaliser la transcription et la réplication du génome viral dans la cellule hôte. Les glycoprotéines de surface Gn et Gc sont situées dans l'enveloppe lipidique issue de la cellule hôte. Elles permettent la liaison du virion aux récepteurs cellulaires. Le récepteur cellulaire de CCHFV reste à ce jour inconnu, même si la nucléoline a été proposée comme candidate potentielle (Xiao *et al.* 2011).

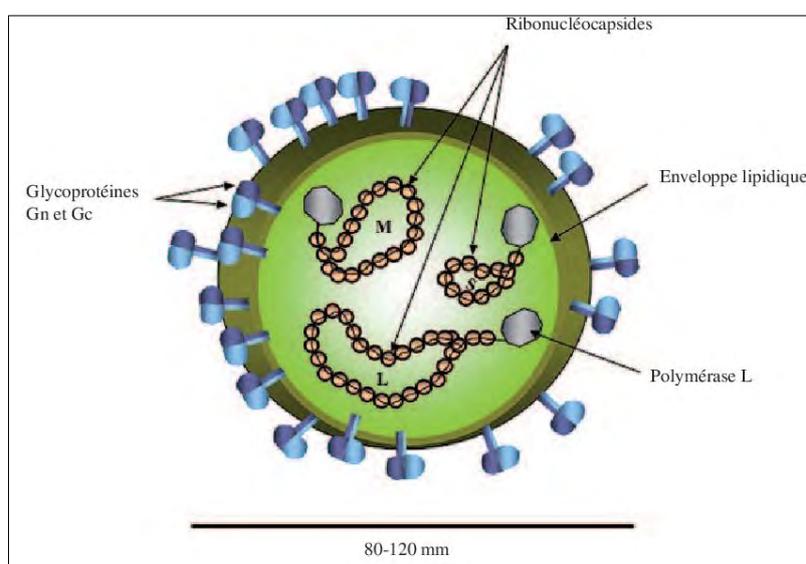


Figure 28 : Représentation schématique de la structure du virus de la FHCC

Source : d'après Flusin *et al.* (2010)

5.3.2 Dose infectieuse du virus de la FHCC

La dose d'inoculum nécessaire à l'infection d'une personne n'est pas clairement connue. Les quantités de virus inoculées dans le cadre des épreuves virulentes de modèles animaux sont assez variables, de l'ordre de 10^4 à 10^6 particules par voie parentérale⁴¹ dans les modèles souris, et 10^5 chez le macaque (Canakoglu *et al.* 2015; Garrison *et al.* 2017; Suschak *et al.* 2021; Bente *et al.* 2010; Bereczky *et al.* 2010; Haddock *et al.* 2018). S'il est possible d'infecter le macaque et d'observer une

⁴¹ La **voie parentérale** regroupe tout mode d'administration de substances au moyen d'une injection (par une autre voie que celle digestive).

virémie, ce modèle ne reproduit pas la sévérité et la pathogenèse de l'infection humaine (voir modèles animaux de la FHCC en Annexe 5). Pour d'autres virus de fièvres hémorragiques (VFH), comme le virus Ebola, une seule particule (1 PFU) suffit à infecter de manière létale un primate non-humain (PNH). Ainsi, il est possible qu'un très faible inoculum de CCHFV suffise à infecter un être humain. Il s'agit cependant de virus appartenant à des familles virales différentes, rendant difficile toute tentative d'extrapolation.

5.3.3 Persistance et résistance du virus de la FHCC dans l'environnement

Il n'existe pas de données permettant d'estimer la persistance du CCHFV dans l'environnement. Néanmoins, deux paramètres s'opposent : d'une part la relative fragilité des virus à ARN enveloppé vis-à-vis du milieu extérieur (UV, dessiccation, pH, etc.), et d'autre part la très grande quantité de particules virales présentes dans les fluides biologiques de certains hôtes vertébrés infectés et le probable faible inoculum nécessaire à une contamination. Les rayonnements UV issus de la lumière solaire inactivent les *Bunyavirales*, mais un temps très long d'exposition serait nécessaire pour une inactivation totale (Lytle et Sagripanti 2005), sans compter la présence de matières organiques interférentes. De nombreuses méthodes sont disponibles et validées pour inactiver le CCHFV, certaines utilisées par analogie avec des virus proches. Le chauffage à 60°C pendant 60 minutes, la fixation par du formol ou de la glutaraldéhyde (4 %), l'irradiation par rayons gamma, la bêta-propiolactone, sont autant de méthodes permettant une inactivation totale du CCHFV dans des délais variables (Elliott, McCormick, et Johnson 1982; Mitchell et McCormick 1984; Saluzzo, Leguenno, et Van der Groen 1988).

5.3.4 Diversité génétique du CCHFV

En lien avec sa vaste distribution géographique, le CCHFV est le virus qui présente la plus grande diversité au plan génétique parmi tous les arbovirus (cf Encadré 3). Cette diversité revêt une importance cruciale en termes de diagnostic, mais aussi pour le développement de vaccins ou de traitements antiviraux qui se doivent d'être actifs sur l'ensemble des souches circulantes.

Cette diversité a permis au virus de s'adapter à de nombreux hôtes. Les analyses phylogénétiques permettent de classer le CCHFV en sept lignages, deux asiatiques, deux européens et trois africains, démontrant la relation entre le lignage et l'origine géographique des souches virales (Deyde *et al.* 2006). Il est à noter qu'un nouveau lignage asiatique, issu de souches isolées à partir de dromadaires aux Émirats Arabes Unis, a été proposé en 2021 (Khalafalla *et al.* 2021).

Si le CCHFV présente une grande variabilité, les souches sont assez conservées au plan géographique au sein des lignages, qui sont inféodés à la région où le virus circule (voir Tableau 15).

Tableau 15 : Les différentes souches du CCHFV en fonction des classifications

Source : adapté d'après les classifications de Carroll *et al.* (2010) pour le lignage et de Atkinson *et al.* (2012) pour le génotype.

Dénomination des lignages (analyses phylogénétiques)	Dénomination (génotype)	Pays où la souche a été isolée	Références
I	Afrique 3	Iran, Afrique du Sud, Sénégal, Mauritanie, Espagne	(Chitimia-Dobler <i>et al.</i> 2019; Negrodo <i>et al.</i> 2017; Ramírez de Arellano <i>et al.</i> 2017)
II	Afrique 2	Afrique du Sud, Namibie, République Démocratique du Congo, Ouganda	(Balinandi <i>et al.</i> 2018)
III	Afrique 1	Afrique du Sud, Namibie, Emirats Arabes Unis, Sénégal, Mauritanie, Nigéria, Burkina Faso, République Centrafricaine, Espagne	(Dieng <i>et al.</i> 2020; Cajimat <i>et al.</i> 2017)
IV	Asie 1, Asie 2	Iran, Pakistan, Emirats Arabes Unis, Madagascar, Oman, Irak, Chine, Ouzbékistan, Kazakhstan, Tadjikistan	(Chinikar <i>et al.</i> 2004; 2016; Khurshid <i>et al.</i> 2015; Yashina <i>et al.</i> 2003; Seregin <i>et al.</i> 2004; Umair <i>et al.</i> 2020; Moming <i>et al.</i> 2018)
V	Europe 1	Iran, Turquie, Grèce, Russie, Bulgarie, Kosovo, Albanie, Espagne	(Kalaycioglu <i>et al.</i> 2012; Sherifi <i>et al.</i> 2014; Duh <i>et al.</i> 2008; Ozdarendeli <i>et al.</i> 2008; Moraga-Fernández <i>et al.</i> 2021; Arteaga <i>et al.</i> 2021)
VI	Europe 2	Turquie, Grèce, Kosovo, Albanie	(Papa <i>et al.</i> 2017)
?	?	Mauritanie	(Carroll <i>et al.</i> 2010)
VIII	(Asie 3?)	Émirats Arabes Unis	(Khalafalla <i>et al.</i> 2021)

Les analyses phylogénétiques ont permis de déterminer que les souches de CCHFV ont évolué à partir d'un ancêtre commun présent il y a environ 3 000 ans et que la dissémination des stocks de bétail a contribué largement à sa grande dispersion géographique (Carroll *et al.* 2010). La persistance transstadiale et transovarienne favorise les co-infections et donc les réassortiments viraux, ce qui n'est pas le cas chez l'hôte vertébré, où la durée de répllication est courte. Ceci a été favorable à l'apparition d'une certaine diversité génétique de CCHFV (voir Encadré 3), avec notamment l'apparition de sept génotypes différents (Mild *et al.* 2010).

Encadré 3 : Mécanismes impliqués dans la diversité génétique du CCHFV

Chez les arbovirus, la diversité génétique est influencée par les cycles durant lesquels alternent vecteurs et hôtes vertébrés, induisant des pressions de sélection fortes pour l'évolution virale car le virus doit conserver la capacité à se répliquer dans deux hôtes très différents. La longue persistance du virus chez les tiques, de même que les transmissions transstadiales, favorisent sa grande diversité (Xia *et al.* 2016).

Le CCHFV est l'arbovirus qui présente la plus grande diversité, avec environ 20, 22 et 31 % de divergence nucléotidique pour les segments S, L et M, respectivement (Bente *et al.* 2013). Au niveau des acides aminés, les variations sont de 8, 10 et 27 % pour, respectivement, les protéines N, L et GPC (Deyde *et al.* 2006).

La diversité génétique provient de plusieurs mécanismes :

- l'accumulation de mutations, dont la fréquence a été estimée à 10^{-4} par nucléotide et par an soit l'équivalent de deux mutations pour le génome entier par année (Carroll *et al.* 2010) ;
- le réassortiment de segments génomiques, démontré par l'existence de souches contenant des segments issus de lignages différents (Khalafalla *et al.* 2021; Chen 2013; Hewson *et al.* 2004; Goedhals *et al.* 2014; Negredo *et al.* 2021) ;
- les recombinaisons génétiques (Bente *et al.* 2013; Chare, Gould, et Holmes 2003; Chinikar *et al.* 2004).

L'évolution des génomes a été majoritairement à l'origine de la grande diversité du CCHFV et a facilité son adaptation à de nombreuses espèces de tiques et de vertébrés. Le segment le plus variable est celui codant la GPC, dont les régions les plus variables sont celles codant les domaines *mucin-like*, tandis que les domaines impliqués dans le cycle intracellulaire et la maturation sont plus conservés (Bente *et al.* 2013).

5.3.5 Pathogénie de la FHCC chez l'être humain et l'animal

Le mécanisme de pathogénicité du virus n'est pas encore totalement connu. On sait néanmoins que la réplication du CCHFV est particulièrement efficace, conduisant à la sécrétion de peu de particules défectives par rapport à d'autres virus à ARN négatif comme les virus Ebola ou Lassa, également agents de fièvres hémorragiques (Weidmann *et al.* 2011). Chez l'être humain, la virémie est détectée pendant sept à 10 jours après l'apparition des symptômes (Bente *et al.* 2013), et les charges virales plasmatiques sont immédiatement très élevées (jusqu'à 10^8 - 10^9 copies d'ARN viral / mL (Ergunay *et al.* 2014; Papa *et al.* 2015; Duh *et al.* 2008; Wölfel *et al.* 2007; Papa *et al.* 2007)). Une réplication du virus aurait lieu dans un premier temps dans les tissus au niveau du site d'infection, suivie d'une réplication virale assez intense dans les macrophages. En effet, lors d'autopsies de patients, l'histopathologie et des techniques de marquage *in situ* (immunohistochimie et hybridation) ont révélé une multiplication virale dans les macrophages, une déplétion lymphocytaire dans la rate et d'autres organes lymphoïdes, une nécrose multifocale hépatique et la présence d'ARN et d'antigènes viraux dans les cellules endothéliales (Burt *et al.* 1997). Le développement d'un modèle d'infection expérimentale chez des souris immunodéficientes IFNAR^{-/-} a permis de confirmer et d'affiner ces résultats. Ainsi, l'administration par voie sous-cutanée de 10 TCID₅₀ (soit 200 DL₅₀) du CCHFV a révélé, dès trois jours post-infection, l'infection des hépatocytes, des cellules de Kupffer et des macrophages hépatiques (avec accroissement dans le temps), ainsi que celle des macrophages des tissus et organes lymphoïdes (nœuds lymphatiques, rate). Les antigènes viraux ont aussi été trouvés dans les cellules endothéliales et phagocytaires des poumons, des reins et du cœur (Zivcec *et al.* 2013). L'utilisation d'un virus marqué fluorescent a confirmé ces résultats et montré un fort taux d'infection de l'appareil reproducteur femelle (ovaires, utérus) (Welch *et al.* 2020).

Les signes cliniques de FHCC sont accompagnés d'anomalies biochimiques et hématologiques, associées à la sévérité des symptômes (Bente *et al.* 2013; Kaya *et al.* 2014) :

- leucopénie précoce et thrombocytopénie ;
- troubles de la coagulation, avec allongement du temps de prothrombine (TP) et du temps de céphaline activée (TCA), et détection de produits de dégradation de la fibrine, caractéristiques d'une coagulation intravasculaire disséminée (CIVD) ;
- élévation du taux sérique des enzymes aspartate et alanine aminotransférases (ASAT et ALAT) (atteinte hépatique).

Les troubles vasculaires peuvent être directement induits par l'infection des endothéliums (observée tant chez les patients que chez les modèles expérimentaux), ou indirectement par l'action de médiateurs pro-inflammatoires circulants. Les taux importants de $TNF\alpha$ et IL6 sériques chez des patients atteints de formes graves font fortement suspecter un rôle majeur de l'action des cytokines pro-inflammatoires produites au cours de l'infection (Ergönül *et al.* 2006; Kaya *et al.* 2014). Des études complémentaires ont révélé de forts taux de $IFN\gamma$, $TNF\alpha$ et IL10 chez des patients décédés (Saksida *et al.* 2010). Ceci concorde avec l'observation *in vitro* de production de cytokines pro-inflammatoires lors de la multiplication virale dans les cellules dendritiques dérivées de monocytes humains, le surnageant des cellules dendritiques infectées activant les cellules endothéliales en culture (Connolly-Andersen *et al.* 2009). L'activation est inhibée par l'ajout d'anticorps anti- $TNF\alpha$, indiquant ainsi un rôle majeur de cette cytokine dans ce phénomène (Connolly-Andersen *et al.* 2011). Les cellules endothéliales sont aussi activées directement par l'infection virale (démontrée notamment par la surexpression de E-sélectine, de VCAM1 et ICAM1 et la production d'IL6 et IL8).

5.4 Manifestations cliniques de la FHCC chez l'être humain et l'animal

5.4.1 La fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez l'être humain

Chez l'être humain, les symptômes sont généralement bénins et non spécifiques mais peuvent parfois évoluer vers une phase hémorragique. Bodur *et al.* ont estimé dans une étude menée en Turquie que 88 % des infections au CCHFV étaient subcliniques (356 patients présentaient des IgG anti-FHCC positifs sans avoir eu aucun symptôme en zone d'endémie active) (Bodur *et al.* 2012). Néanmoins, environ 12 % des patients développent une fièvre hémorragique classiquement décrite en quatre phases évolutives (Figure 29).

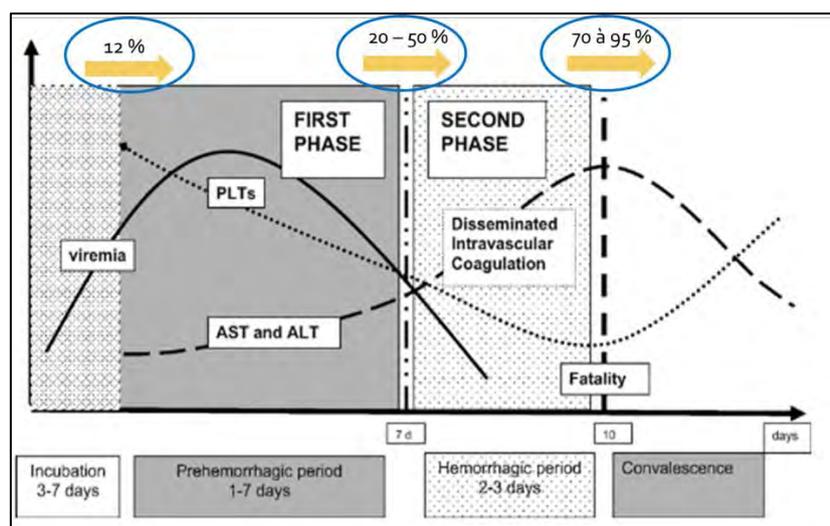


Figure 29 : Les quatre phases de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez l'être humain

Source : Adapté d'Ergönül(2008)

Phase d'incubation : La période d'incubation dépend de la voie d'inoculation du virus. Elle est généralement de deux à sept jours après la piqûre de tique. La période d'incubation maximale suite à une piqûre de tique a été estimée à 12 jours mais une étude réalisée en Turquie a montré que celle-ci pouvait s'étendre jusqu'à 53 jours (Kaya *et al.* 2011). La période d'incubation lors d'un contact avec des fluides biologiques ou des tissus infectés est de cinq à sept jours (Bente *et al.* 2013; Ergonul *et al.* 2006). Néanmoins, un temps d'incubation de trois jours⁴² a été observé lors d'épidémies d'infections nosocomiales (Ergonul *et al.* 2006).

Phase pré-hémorragique : L'expression clinique initiale est caractérisée par l'apparition brutale d'une fièvre associée à un syndrome pseudo-grippal (céphalées, poly-arthromyalgies, lombalgies), des adénopathies, et des douleurs abdominales accompagnées de vomissements et de diarrhées non glairo-sanglantes (Appannanavar et Mishra 2011; Bakir *et al.* 2005). Ces manifestations peuvent s'accompagner d'hypotension artérielle, de bradycardie, de tachypnée, de conjonctivite, de pharyngite et d'éruptions cutanées faciales de type exanthème⁴³. Cette phase dure quatre à cinq jours et progresse vers des signes hémorragiques chez 20 à 50 % des patients (Bente *et al.* 2013; Yilmaz *et al.* 2009).

Phase hémorragique : la phase hémorragique débute généralement trois jours après le début des symptômes non spécifiques (Ergönül *et al.* 2006). Elle est courte et d'évolution rapide, allant de pétéchies⁴⁴ à des ecchymoses plus ou moins étendues de la peau et des muqueuses (Appannanavar et Mishra 2011). Le syndrome hémorragique est principalement dû à la réplication rapide du virus et au dérèglement du système vasculaire et des organes lymphoïdes (voir § précédent). Les sites de saignement sont principalement nasal, gingival, conjonctival, digestif, respiratoire, utérin, et urinaire. Des hépatosplénomégalies accompagnent également cette phase et des hépatites nécrosantes ont aussi été décrites (Bakir *et al.* 2005; Ergönül *et al.* 2004; Ozkurt *et al.* 2006). Des hémorragies étendues, parfois incontrôlables (avec hémorragie cérébrale, anémie grave, choc hémorragique, défaillance d'organes multiples et coma) peuvent conduire au décès du patient. Le taux de létalité de la FHCC est lié à la sévérité du syndrome hémorragique et varie entre 5 % et 30 % selon les études

⁴² <https://www.ecdc.europa.eu/en/crimean-congo-haemorrhagic-fever/facts/factsheet>

⁴³ Exanthème : (ou Rash) : éruption cutanée de courte durée survenant au cours d'une maladie fébrile.

⁴⁴ Pétéchie : petite tache hémorragique cutanée de couleur rouge à violacée.

(Bente *et al.* 2013). Cependant, l'estimation du taux de létalité est difficile puisque les échantillons de patients sont souvent de petite taille, le diagnostic des patients est parfois complexe, notamment pour ceux présentant des formes moins sévères, et la survie dépend de la qualité et de l'accessibilité du système de soins local.

Phase de convalescence : La durée d'évolution des symptômes jusqu'à leur résolution est de 20 jours en moyenne chez les patients ayant guéri (Appannanavar et Mishra 2011; Ergönül *et al.* 2004). Durant cette phase, de rares études ont décrit que les patients pouvaient présenter une bradycardie ou une tachycardie, une diminution de l'audition, des troubles de la mémoire et une perte de cheveux (Ergönül *et al.* 2004; Karti *et al.* 2004). Un syndrome post-infectieux a été décrit dans certaines études et une récupération totale pourrait mettre jusqu'à un an (Ergönül 2006; Swanepoel *et al.* 1989). Néanmoins, ce syndrome post-infectieux n'a pas été décrit dans toutes les cohortes (Bakir *et al.* 2005). Il n'a pas été décrit, à ce jour, de rechute à distance de l'infection aiguë.

Des facteurs pronostiques ont été identifiés et sont importants à connaître afin d'optimiser la prise en charge des patients et de limiter le risque d'exposition des soignants (voir Encadré 4).

Encadré 4 : les principaux facteurs pronostiques

Les facteurs pronostiques identifiés sont :

- la précocité du diagnostic des formes graves ;
- des facteurs cliniques parmi :
 - o des signes hémorragiques, notamment : gingivorragie, ecchymoses, hématomèse, méléna ;
 - o des signes neurologiques : confusion, somnolence (Ergönül *et al.* 2006; Hatipoglu *et al.* 2010; Cevik *et al.* 2008; Akinci *et al.* 2016).
- des facteurs paracliniques parmi :
 - o les marqueurs d'hémorragie : thrombopénie sévère, anomalies de la coagulation (allongement du temps de céphaline activée et diminution du temps de prothrombine) ;
 - o une augmentation des taux d'enzymes hépatiques (alanine et aspartate aminotransférase : ALAT et ASAT) suite à l'atteinte du foie (Ozkurt *et al.* 2006; Akinci *et al.* 2016; Ergonul *et al.* 2006) ;
 - o une réponse immunitaire retardée : absence d'IgM anti-FHCC sept jours après l'apparition des symptômes et absence d'IgG anti-FHCC neuf jours après (Ergönül *et al.* 2006; Saksida *et al.* 2010) ;
 - o un fort inoculum viral avec une charge virale > 10⁹ copies/mL (Akinci *et al.* 2016; Cevik *et al.* 2007; Bakir *et al.* 2012, 2015).

Des auteurs ont proposé un score de sévérité basé sur l'âge, les comorbidités, et des paramètres cliniques (hémorragie, défaillance d'organes) et paracliniques (ASAT, ALAT, signes de coagulation intravasculaire disséminée) (Bakir *et al.* 2012,2015). Dans leur étude, les patients à faible risque avaient un score inférieur à cinq et aucun n'est décédé, ceux ayant un risque modéré avaient un score entre six et 10 et un taux de mortalité à 10 % et ceux avec un haut risque avaient un score supérieur à 11 et un taux de mortalité à 67 %.

D'autres signes cliniques (cutanés, articulaires et respiratoires), outre les signes cliniques classiques ont été décrits.

Les manifestations cutanées lors de la FHCC ont été étudiées plus particulièrement par Duygu *et al.* dans une étude prospective portant sur 269 patients, dont 63 % présentaient des signes cutanés. L'exanthème du visage était la manifestation la plus fréquente (30,5 %) et 27,6 % des patients présentaient des manifestations cutanées hémorragiques parfois associées à un exanthème facial (dont 8,2 % des ecchymoses) (Duygu *et al.* 2018). La présence d'ecchymoses était fortement corrélée au risque de décès ($r = 0,567$ et $p < 0,001$). Par ailleurs, les patients qui présentaient des signes

cutanés avaient 4,69 fois plus de risque de décès que les patients n'ayant aucun signe cutané (Duygu *et al.* 2018).

Les manifestations articulaires sont principalement fonctionnelles dans la FHCC et de type polyarthralgies aspécifiques en lien avec le syndrome pseudo-grippal. Un cas d'hémarthrose du genou survenue quelques jours après l'apparition d'un syndrome hémorragique dans un contexte d'infection à FHCC prouvée a été rapporté (Ahmeti *et al.* 2014).

Les manifestations respiratoires de la FHCC sont liées aux hémorragies intra-alvéolaires et aux hémothorax dus au syndrome hémorragique, et peuvent conduire à un syndrome de détresse respiratoire aigu (Doganci *et al.* 2008; Sannikova, Pacechnikov, et Maleev 2007).

Concernant les terrains particuliers, les experts ont analysé les études réalisées chez la femme enceinte et chez les enfants.

Chez la femme enceinte, Pshenichnaya *et al.* ont rapporté dans une revue systématique de la littérature portant sur 41 cas une mortalité maternelle de 14/41 (34 %) et une mortalité fœtale/néonatale de 24/41 (58,5 %) (Pshenichnaya *et al.* 2016). L'hémorragie était associée au décès chez les mères ($p = 0,009$) et les fœtus/nouveaux-nés ($p < 0,0001$). Parmi les 41 cas décrits, 38 cas étaient des infections nosocomiales. Le FHCC semble donc plus grave chez les femmes enceintes, avec des conséquences majeures chez leur fœtus, demandant une particulière vigilance dans les zones d'endémie afin d'éviter notamment les infections nosocomiales.

Chez les enfants, les manifestations cliniques sont similaires à celles chez l'adulte et souvent moins graves d'après les études menées pour la majorité en Turquie, avec un taux de létalité entre 0 et 4,7 % selon les études (Belet *et al.* 2014; Dilber *et al.* 2009; Tezer *et al.* 2010; Tuygun *et al.* 2012).

5.4.2 La fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les animaux vertébrés

Chez les animaux réceptifs, l'infection est quasiment toujours asymptomatique (Zeller 2007), si ce n'est de rares descriptions d'asthénie, perte d'appétit, fièvre, et parfois dysfonctionnement du foie ou des reins chez des veaux, agneaux et chevaux infectés expérimentalement (Spengler, Bergeron, et Rollin 2016; Causey *et al.* 1970; Gonzalez *et al.* 1998). La plupart des animaux présentent néanmoins une virémie transitoire (de l'ordre d'une semaine) suffisamment élevée pour permettre l'infection de tiques et le maintien du virus dans la nature.

Les raisons pour lesquelles le CCHFV induit une infection asymptomatique avec une virémie rapidement résolutive chez les vertébrés non humains sont inconnues. Cependant, une étude comparant l'infection de cellules rénales d'origine humaine ou bovine a suggéré que le virus se propageait uniquement par contact cellulaire dans les cellules bovines alors que la culture de sécrétion dans le milieu de culture des cellules humaines était à l'origine d'une dissémination large (Földes *et al.* 2020).

5.5 Diagnostic et détection du virus FHCC

5.5.1 Diagnostic de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez l'être humain

Le diagnostic clinique de l'infection par le CCHFV chez l'être humain est difficile car les symptômes peuvent être évocateurs mais ne sont pas forcément spécifiques. Une étude précise des contextes

de l'infection, associant des éléments cliniques et épidémiologiques (région géographique, manipulation de bétail, piqûre de tique, contacts avec un malade, etc.), permet d'orienter le diagnostic. Par ailleurs, le CCHFV étant un virus de classe 4, les différentes étapes du diagnostic doivent se faire dans des conditions de confinement adaptées.

Cliniquement, une suspicion de FHCC peut être évoquée devant une exposition à risque et une phase clinique (fièvre élevée, signes digestifs +/- signes hémorragiques) compatible avec la chronologie. Toute suspicion clinique devra conduire au diagnostic microbiologique pour confirmer une infection par le CCHFV.

Chez l'humain, le diagnostic de la FHCC consiste en la détection de l'ARN viral pendant la phase virémique (détection directe), qui peut être complétée par la détection d'anticorps IgM spécifiques puis d'IgG dans le sérum pendant la phase hémorragique et de convalescence (détection indirecte) (voir Figure 30).

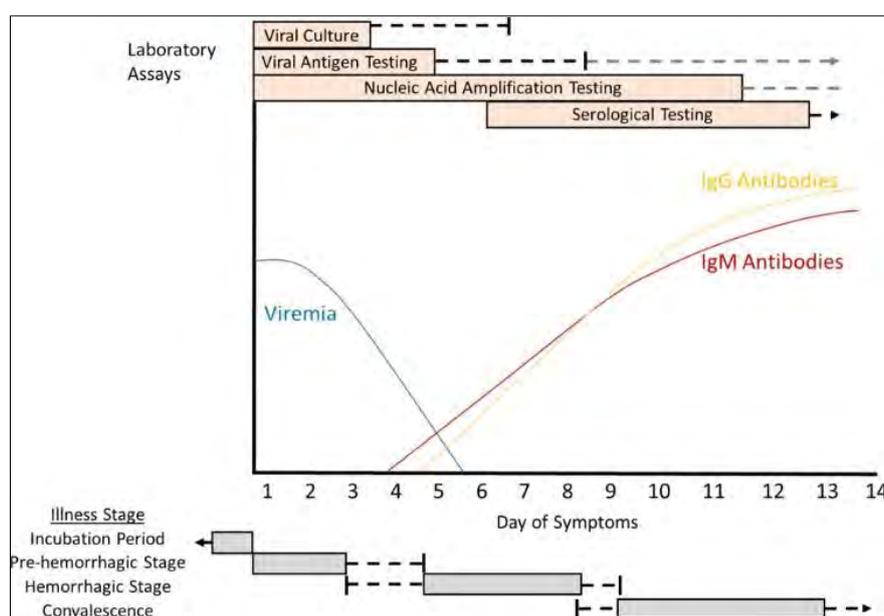


Figure 30 : Tests diagnostiques disponibles en fonction de la virémie ou de la présence d'anticorps lors d'une infection par le CCHFV

Source : d'après Raabe, 2020

La détection directe repose sur des méthodes moléculaires d'amplification génique qui sont rapides, sensibles et spécifiques et peuvent être réalisées lorsque le patient est en phase virémique et que les anticorps ne sont pas encore produits. Le premier test a été développé en 1996 (Schwarz *et al.* 1996), et de nombreux tests ont depuis vu le jour sous différents formats (RT-PCR classique, RT-PCR nichée, RT-PCR quantitative en temps réel, Lamp-PCR, etc.) et ciblant différentes parties du génome viral (Papa 2019; Raabe 2020). La grande diversité génétique du CCHFV (voir § 5.3.4) rend difficile la mise au point d'un essai véritablement universel, et peut également poser des problèmes de faux-négatifs (Raabe 2020). Bartolini *et al.* ont décrit de manière exhaustive les tests moléculaires publiés, ainsi que les données de sensibilité et de spécificité de chacun d'entre eux (Bartolini *et al.* 2019) (Figure 31).

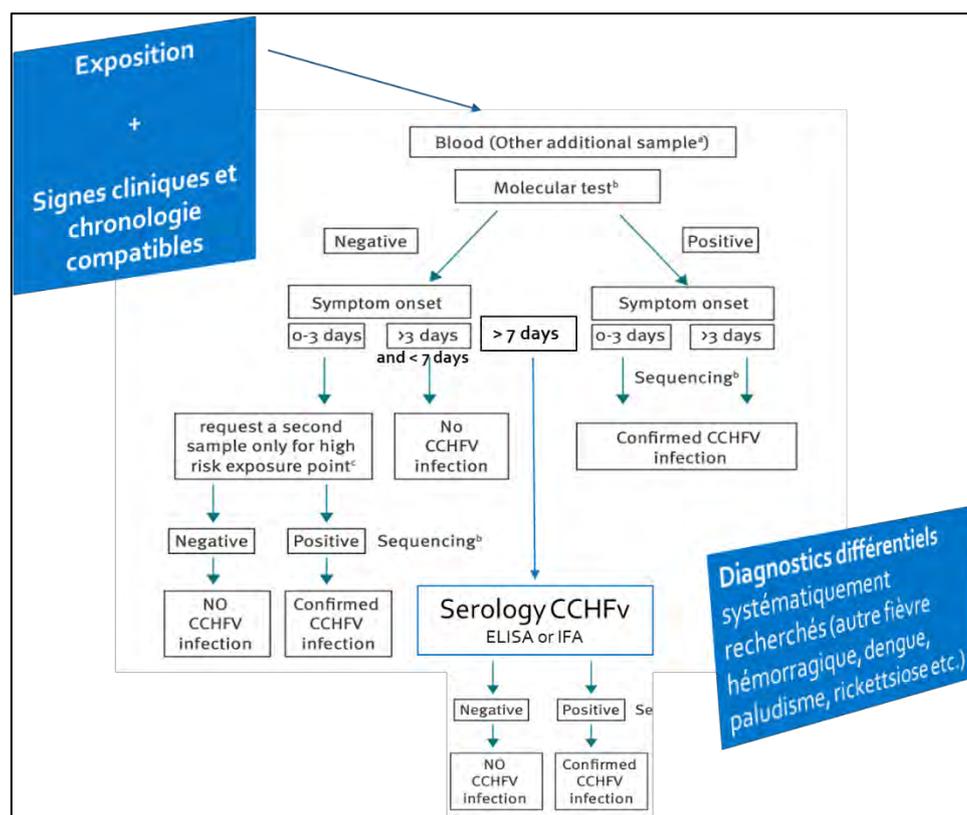


Figure 31 : Algorithme du diagnostic moléculaire pour les patients suspectés d'infection par la FHCC

Source : Adapté d'après Bartolini *et al.* (2019)

Il est également possible, durant la phase virémique, de mettre en culture et d'isoler le virus sur différentes lignées cellulaires sensibles à l'infection (Vero, VeroE6, BHK21, SW13, LLC-MK2) voire sur souriceaux nouveau-nés ou souris immunodéficientes (Ergönül 2006; Whitehouse 2004; Zeller 2007). Cette technique nécessite des conditions de sécurité biologique de niveau 4 (Raabe 2020).

La détection indirecte peut être obtenue par l'utilisation de tests sérologiques dès que la réponse immunitaire est induite (au-delà de sept jours post-infection) par recherche des anticorps spécifiques IgM et IgG, soit par la méthode ELISA soit par immunofluorescence (IFA). Actuellement, ces techniques de détection des anticorps sont souvent basées sur la reconnaissance d'une protéine virale recombinante, la nucléoprotéine NP (Álvarez-Rodríguez *et al.* 2020; Bukbuk *et al.* 2014; Dowall *et al.* 2012; Emmerich *et al.* 2018; 2010; Garcia *et al.* 2006; Marriott *et al.* 1994; Rangunwala, Samudzi, et Burt 2014; Saijo *et al.* 2005; 2002; Shrivastava *et al.* 2019). Il existe plusieurs kits commerciaux disponibles (décrits de manière exhaustive par Bartolini *et al.* (2019)), mais seules les performances de *Vector-Best CCHF ELISA* et d'*Euroimmun CCHF IFA* ont été testées dans une étude collaborative internationale menée par les centres de référence pour le diagnostic et la surveillance de la FHCC (Schuster *et al.* 2016). Des réactions croisées peuvent néanmoins exister d'où la nécessité de réaliser des tests de séroneutralisation comparatifs avec d'autres virus proches et éventuellement d'autres souches quand c'est possible.

5.5.2 Détection du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les tiques (et autres arthropodes)

La recherche du virus dans les tiques peut s'effectuer dans un objectif de surveillance d'un territoire afin de détecter une émergence potentielle, ou pour évaluer le niveau de circulation du virus dans une zone endémique. La détection du virus dans une espèce de tique donnée peut par ailleurs être un indice en faveur d'une possible transmission par cette espèce. Deux types de collectes sont alors possibles, soit durant leur phase libre soit durant leur phase parasitaire.

Classiquement, la recherche du virus se fait par une RT-PCR (*reverse transcriptase – polymerase chain reaction*) conventionnelle (Akuffo *et al.* 2016), nichée (Orkun, Emir, et Karaer 2016) ou en temps réel (Kasi *et al.* 2020), avec des amorces ciblant un ou des fragments du gène S codant la nucléoprotéine NP.

Dans le cas où la détection puis l'identification d'autres virus est souhaitée, conjointement à celui de la FHCC, une technique de type multiplex est d'abord mise en œuvre à l'image de la technique PCR-HRM (pour « *high-resolution melting analysis* ») avant l'analyse par RT-PCR simple avec des amorces spécifiques de chaque virus à détecter et séquencer (Chiuva *et al.* 2021; Villinger *et al.* 2017).

La recherche du virus se fait plus fréquemment à partir de pools de tiques qu'à partir de tiques individuelles, afin de minimiser le nombre d'analyses, car les taux d'infection des tiques sont réputés être extrêmement variables en fonction de la situation épidémiologique locale (entre 0,7 et 33 %) (Chiuva *et al.* 2021; Orkun, Emir, et Karaer 2016; Akuffo *et al.* 2016).

5.5.3 Détection du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo chez les animaux domestiques et sauvages

La recherche du CCHFV chez les animaux domestiques ou sauvages ne présente que peu d'intérêt en santé animale (sauf lors d'infections expérimentales) (Ozan et Ozkul 2020), la majorité d'entre eux ne développant aucun signe clinique (Spengler *et al.* 2016). Elle pourrait néanmoins être pertinente pour la mise en évidence d'une virémie chez des animaux asymptomatiques à l'introduction sur le territoire ou pour évaluer le risque d'infection animal-humain pour les professions à risque. En pratique, elle n'est, à notre connaissance pas réalisée, à l'heure actuelle. Néanmoins, l'authentification de la circulation du virus chez les animaux présente un réel intérêt sur le plan épidémiologique. Dans le cadre de cet objectif, les techniques sérologiques sont les méthodes de choix. De nombreuses techniques ont été déployées et listées dans la revue de Spengler *et al.* (2016), mais ce sont les méthodes de type ELISA (*enzyme-linked immunosorbent assay*) qui sont désormais très majoritairement, sinon exclusivement, utilisées (Ozan et Ozkul 2020; De Liberato *et al.* 2018; Maiga *et al.* 2017; Sas *et al.* 2018; 2017; Shrivastava *et al.* 2019; Li *et al.* 2020; Bażanów *et al.* 2017; Mangombi *et al.* 2020; Schuster, Mertens, Mrenoshki, *et al.* 2016; Schuster, Mertens, Köllner, *et al.* 2016; Mertens *et al.* 2015; Schuster *et al.* 2017; Christova *et al.* 2018). Les tests ELISA utilisés, qu'ils s'agissent de kits commerciaux ou de tests "maisons", sont aussi basés sur la détection de la nucléoprotéine NP. La production d'anticorps contre cette nucléoprotéine augmente avec l'âge (Mangombi *et al.* 2020) et est importante chez les individus infectés, ce qui permet une sensibilité diagnostique élevée, variable toutefois selon le test déployé de 79,4 % (Shrivastava *et al.* 2019) à 99 % (Sas *et al.* 2018) lorsque ce paramètre est mentionné. La spécificité de ces tests est excellente et toujours supérieure à 98 % lorsque ce paramètre est mentionné (Sas *et al.* 2018; 2017; Shrivastava *et al.* 2019; Schuster, Mertens, Mrenoshki, *et al.* 2016; Schuster, Mertens, Köllner, *et al.* 2016).

5.6 Prévention et traitements de la FHCC

5.6.1 Vaccins

Il n'existe à ce jour aucun vaccin autorisé en France contre le CCHFV. Le seul vaccin utilisé chez l'être humain est basé sur un CCHFV inactivé au chloroforme à partir de cerveaux de souris nouveau-nés et utilisant de l'hydroxyde d'Alun comme adjuvant. Ce vaccin, développé dans les années 70, n'a été utilisé qu'en Bulgarie (Papa, Papadimitriou, et Christova 2011) et a permis de diminuer considérablement le nombre de cas de FHCC survenu dans le pays. Le vaccin, administré en deux doses suivies de rappels à un et cinq ans, induit des réponses cellulaires T, une réponse humorale et des anticorps neutralisants (Mousavi-Jazi *et al.* 2012). Ce vaccin n'a cependant pas fait l'objet d'essais cliniques et n'est donc pas cliniquement approuvé. En outre, il ne représente pas une solution possible, car ce mode de préparation, utilisant des souriceaux nouveau-nés, n'est plus tolérable aujourd'hui. De plus, l'efficacité de ce vaccin contre des souches autres que celle utilisée pour sa fabrication n'est pas connue.

Plus récemment, de nombreux candidats vaccins ont été décrits (voir Annexe 7), mais l'évaluation de leur efficacité est compliquée du fait du manque de modèles animaux pertinents, même si les modèles rongeurs IFNAR^{-/-} ou STAT-1^{-/-} ont permis une avancée notable depuis quelques années.

5.6.2 Mesures de protection pour réduire le risque infectieux chez l'humain

En l'absence de vaccin contre la FHCC, outre la protection contre les piqûres de tiques (abordée dans le § 8.3 de ce rapport), seules des mesures de protection personnelles adéquates permettent de réduire le risque infectieux chez l'humain en diminuant l'exposition au virus.

En cas de potentiel contact avec le virus *via* les liquides biologiques (pour les personnels des abattoirs, chasseurs, ou en milieu hospitalier, etc.), des mesures peuvent être appliquées afin de réduire le risque de transmission de CCHFV :

- porter des gants et des vêtements de protection pour manipuler les fluides ou les tissus des personnes ou animaux infectés. Une attention particulière sera portée au moment des abattages des animaux ou de la découpe dans les abattoirs (ou à domicile) ;
- mettre les animaux en quarantaine avant l'entrée à l'abattoir en tenant compte de la durée de virémie.

5.6.3 Gestion des cas humains de FHCC en France

Tout cas de FHCC présent sur le territoire français nécessite une intervention sans délai afin de mettre en place des mesures de prévention de la transmission pour les sujets contacts. En conséquence, il est nécessaire que tout patient suspect soit immédiatement isolé et fasse l'objet d'une évaluation épidémiologique et clinique associant le clinicien responsable de sa prise en charge, un infectiologue référent REB (risque épidémique et biologique) et le Centre National de Référence (CNR) des FHV. Le SAMU-Centre 15 peut également être sollicité pour aider à la mise en relation des différents experts, puis amorcer la préparation à un éventuel transport du patient si classé « cas possible ».

Le Haut Conseil de la santé publique (HCSP) a publié en octobre 2021 un avis⁴⁵ sur la « Conduite à tenir face à des patients suspects de fièvre hémorragique virale, dont la maladie à virus Ebola » sur le territoire national. Cet avis, bien qu'orienté pour la maladie à virus Ebola, a été étendu à tous les cas suspects de fièvre hémorragique virale et fournit une aide technique opérationnelle (HCSP 2021). Son objectif est d'évaluer le risque épidémique et biologique chez un patient suspect dès les premières étapes de son entrée dans le système de santé, afin de prévenir ou de réduire le risque d'une transmission secondaire vers la collectivité et/ou les personnels soignants. Un logigramme décisionnel sur la conduite à tenir a été mis en place en cas de suspicion de FHV (Figure 33).

La mission COREB nationale, créée en 2015, est chargée par la DGS⁴⁶ et la DGOS⁴⁷ d'assurer l'animation du réseau des établissements de santé de référence (ESR) pour la prise en charge des patients à risque épidémique et biologique (REB). Son objectif est de préparer et accompagner les acteurs de la prise en charge clinique, à chaque étape du parcours du « patient REB » (patient susceptible d'être atteint d'une maladie liée à un agent infectieux à risque épidémique ou biologique). Une fiche⁴⁸ COREB a notamment été rédigée sur la conduite à tenir devant un patient présentant une suspicion de fièvre hémorragique virale en France.

Les cas de FHCC sont souvent détectés tardivement du fait du caractère non-spécifique des premiers symptômes (première semaine de la maladie). En cas de confirmation d'un cas de FHCC, le principal mode de transmission du virus est le contact avec des liquides biologiques. Néanmoins, une aérosolisation du virus a été décrite dans le cas de patients présentant des manifestations respiratoires (Ergönül *et al.* 2018). Les cas confirmés et suspectés de FHCC symptomatiques doivent être hospitalisés pour surveillance et, dès le moindre signe hémorragique, un transfert en réanimation est indiqué. Dès la confirmation de la suspicion, le patient doit être isolé et les soins et visites soumis à une stricte réglementation.

Aussi, des mesures doivent être prises en hôpital afin d'éviter toute exposition au virus et éviter tout Accident Exposant au Sang (AES). Ces mesures sont :

- **l'hospitalisation du patient en chambre seule**, séparé du flux des patients habituels de la structure de soins, port de masque chirurgical si possible, désinfection régulière des mains avec de la solution hydro-alcoolique (SHA) pour les patients et les soignants ;
- **l'isolement contact renforcé et isolement air** est défini par le port de gants non stériles, masques FFP2, tenues à usage unique, surblouses, charlottes, et lunettes de protection. Le lavage régulier des mains par SHA à l'entrée de la chambre, à la sortie, avant et après de prodiguer les soins au patient est essentiel. Le port de gants ne doit pas empêcher le recours régulier à la SHA. Ces mesures correspondent à celles recommandées par le CDC ;
- **la formation du personnel soignant dédié** quant aux gestes d'hygiène et aux mesures de protection contact renforcé et air (habillage, déshabillage, désinfection de la chambre, des surfaces, du matériel, etc.) est primordiale pour leur bon respect et leur bon déroulement au quotidien ;
- **la gestion des déchets**, dans une filière adaptée et dédiée avec incinération ;

le traitement des patients présentant une FHCC est développé dans l'

- Annexe 6 ;

⁴⁵ Réactualisation de l'avis initialement publié en avril 2014.

⁴⁶ Direction générale de la santé

⁴⁷ Direction générale de l'Offre de soins.

⁴⁸ <https://www.infectiologie.com/UserFiles/File/coreb/20180803-reperer-prendre-en-charge-fhv-ebolardc-3aout2018final.pdf>

- le diagnostic différentiel doit être systématiquement envisagé (autre fièvre hémorragique, dengue, paludisme, rickettsiose, etc.).

Les mesures qui doivent être mises en place sont présentées dans la Figure 32 ci-dessous.

Mesures d'hygiène	Soins de support	Thérapeutique
<ul style="list-style-type: none"> • Patient hospitalisé en chambre seule, <ul style="list-style-type: none"> • séparé du flux des autres patients • masque chirurgical si possible • désinfection des mains avec SHA • Isolement contact renforcé et air <ul style="list-style-type: none"> • port de gants non stériles, masques FFP2, tenues à usage unique, surblouses, charlottes, lunettes. • Lavage des mains par SHA à l'entrée de la chambre, à la sortie, avant et après les soins. • Formation du personnel soignant dédié (habillage, déshabillage, désinfection de la chambre, des surfaces, du matériel etc.). • Gestion des déchets, filière adaptée et dédiée avec incinération 	<p>Hospitalisation systématique</p> <p>Signes hémorragiques = surveillance réa</p> <p>Transfusions de plaquettes, plasma ou globules rouges souvent nécessaires</p> <p>Réhydratation prudente (risque de 3^{ème} secteur)</p> <p>Antalgiques, antipyrétiques</p> <p>Contre-indication AINS et anticoagulants +++</p>	<p>RIBAVIRINE</p> <p>Dans les 48 premières heures après l'apparition des symptômes</p>

Figure 32 : Prise en charge symptomatique d'un patient présentant une FHCC prouvée ou suspectée

Source : adaptée d'après la fiche COREB⁴⁹

⁴⁹ Coordination opérationnelle - Risque épidémique et biologique

SUSPICION DE FIEVRE HEMORRAGIQUE VIRALE (FHV) : CONDUITE A TENIR

Triage d'un(e) patient(e) suspect(e)

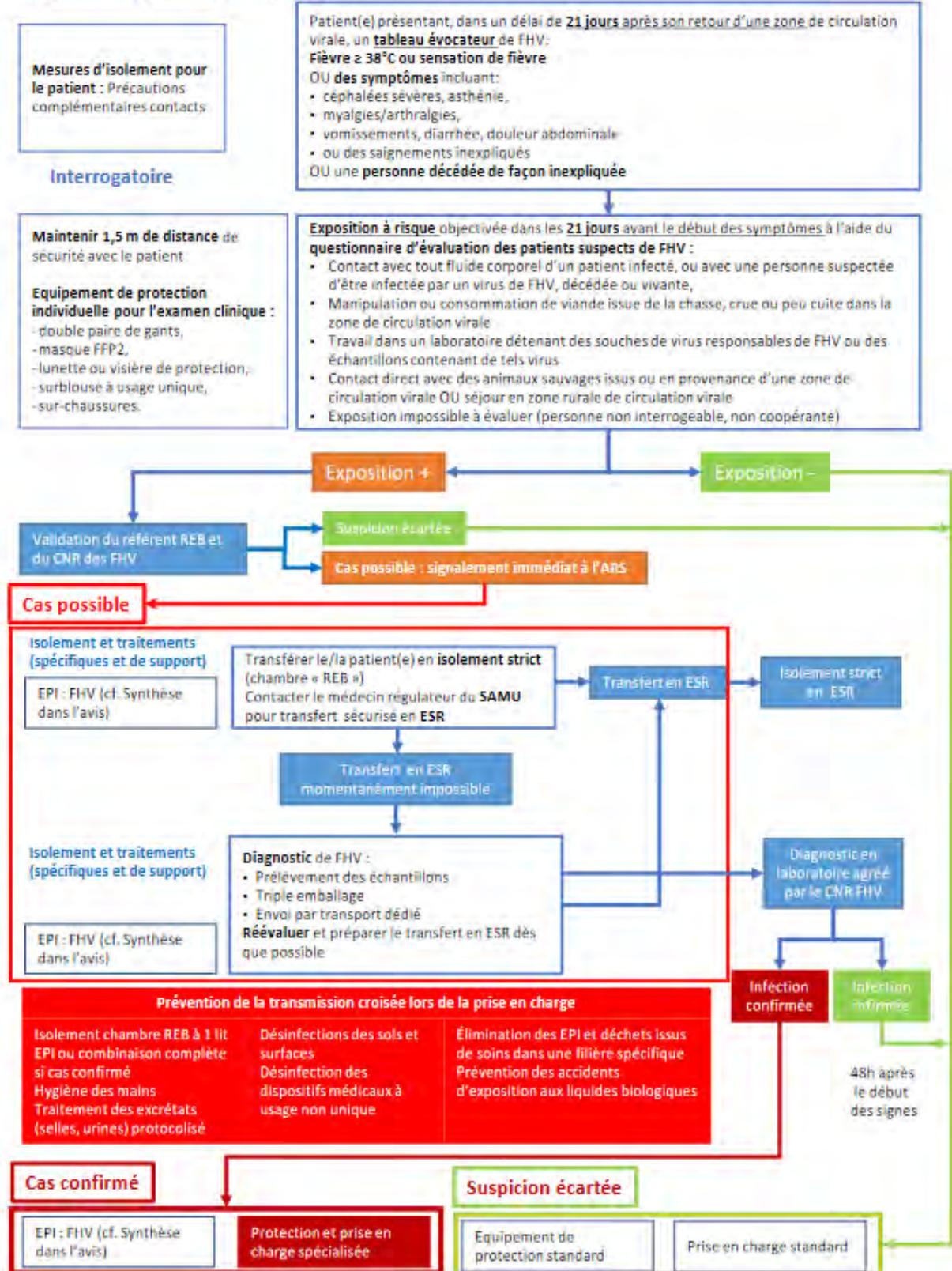


Figure 33 : Logigramme décisionnel proposé par le Haut conseil de la santé publique suite à la suspicion d'un cas de fièvre hémorragique virale telle que la FHCC.

Source : HCSP, 2021

À ce jour, le traitement de la FHCC symptomatique repose principalement sur les soins de support et sur les mesures d'hygiène renforcées recommandées (Figure 32) (Leblebicioglu *et al.* 2012; Ergönül 2008). Les transfusions de plaquettes, plasma ou de globules rouges sont souvent nécessaires afin de traiter les anomalies de coagulation, ainsi qu'une réhydratation prudente du fait du risque de 3^{ème} secteur⁵⁰. La ribavirine est l'antiviral proposé pour traiter les patients infectés, dans les 48 premières heures suivant l'apparition des symptômes (Ergönül *et al.* 2018). D'autres traitements à base d'antiviraux, d'interféron-gamma ou de perfusions d'immunoglobulines ont également été testés, mais leur efficacité reste à démontrer. Ces traitements, ainsi que leurs études cliniques, sont présentés dans l'

Annexe 6.

5.6.4 Gestion des personnes ayant eu un contact avec un cas humain de FHCC

Toutes les personnes ayant eu un contact avec un patient infecté doivent être surveillées pour une durée minimale de 14 jours, ce qui correspond à la période maximale d'incubation (voir §5.4.1).

Encadré 5 : Surveillance des cas contacts pendant 14 jours et chimioprophylaxie par Ribavirine

Un cas contact se définit comme toute personne de l'entourage et/ou du personnel soignant ayant été au contact rapproché du cas index symptomatique sans mesures de prévention. Un contact est considéré rapproché si la personne vit dans le même foyer, ou si elle a passé plus de 15 minutes dans la même pièce, ou si elle a procuré des soins.

Les signes et symptômes à surveiller sont une fièvre (> 38°C) d'apparition brutale, un syndrome pseudo-grippal, des signes digestifs, des signes hémorragiques survenant dans les 14 jours post-exposition. Au moindre signe clinique chez un cas contact, l'hospitalisation en isolement est nécessaire et le cas doit être signalé à la cellule de crise Coordination opérationnelle - Risque épidémique et biologique (COREB) et à l'Agence Régionale de Santé (ARS).

Une chimioprophylaxie des cas contacts le plus précocement possible par ribavirine est également recommandée.

5.6.5 Efficacité des mesures de gestion

Gozel *et al.* (2013) ont évalué les mesures de prévention mises en place dans le cadre de la prise en charge entre 2002 et 2012 de 1 284 patients présentant une FHCC à l'hôpital, dans le nord de la Turquie (zone endémique) (Gozel *et al.* 2013). Ces mesures de prévention étaient celles proposées par le CDC. Dans l'étude, 193 soignants ont été inclus. Au total, quatre soignants avaient eu un contact à haut risque (piqûre d'aiguille ou contact avec des muqueuses sanglantes d'un patient FHCC) et 102 soignants avaient eu des contacts à faible risque. Deux soignants ayant eu un contact à fort risque ont reçu de la ribavirine en préventif (et les deux autres ont refusé). Aucun soignant n'a développé une FHCC, et la séroprévalence dans le personnel soignant était de 0,53 % donc particulièrement basse, permettant aux auteurs de conclure à l'efficacité de ces mesures.

⁵⁰ Un « troisième secteur » correspond à un compartiment liquidien qui se forme souvent brutalement aux dépens du compartiment extracellulaire et qui n'est pas en équilibre avec ce dernier. Concrètement, il s'agit d'une extravasation vasculaire, responsable d'une fuite capillaire avec des œdèmes majeurs et un risque de collapsus vasculaire.

À noter également des données rassurantes quant à la contamination intrafamiliale dans l'étude de Gozel *et al.* où 116 contacts rapprochés à risque vivant au sein du même foyer qu'un cas index symptomatique n'avaient présenté aucun signe clinique de FHCC et n'avaient pas séroconverti (aucune sérologie positive de FHCC ni en IgM ni en IgG) (Gozel *et al.* 2014).

La méta-analyse d'Ergönül *et al.* (2018) a également mis en évidence que dans des conditions plus précaires et avec des mesures d'hygiène non renforcées, le personnel soignant observant de simples mesures de prévention et ayant pris la chimioprophylaxie par ribavirine en cas de contact à risque avec un patient était protégé avec seulement quatre cas de soignants contaminés sur 55 et zéro décès. Le taux de contamination des soignants était de 89 % en l'absence de prise de ribavirine post-exposition et de 7 % en cas de prise de ribavirine, attestant de l'intérêt de la ribavirine en post-exposition (Ergönül *et al.* 2018).

5.7 Épidémiologie descriptive (humaine et animale) et distribution spatio-temporelle de la FHCC

Après une présentation générale de l'épidémiologie de la FHCC à l'échelle mondiale, les situations actuelles en Italie, en Espagne, en Turquie, ainsi que dans les pays du Maghreb et d'Afrique de l'Ouest seront plus particulièrement étudiées et décrites. L'étude de l'expérience de ces pays est particulièrement utile du fait de leur proximité géographique avec la France, de leur expérience face aux fréquentes épidémies de FHCC, ou parce qu'ils pourraient constituer une source d'importation du CCHFV en France, *via* les oiseaux migrateurs par exemple (ce risque est analysé plus en détails dans le chapitre 4 de ce rapport). Pour chaque pays et lorsque les données sont disponibles, l'évolution du nombre de cas humains (en identifiant le public à risque), les données concernant les animaux et les tiques, ainsi que les facteurs de risque mis en évidence et les souches du virus en présence seront décrits.

D'après la carte établie par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) en 2022 (Figure 34), les cas humains de FHCC se rencontrent principalement en Asie et plus particulièrement en Turquie, en Iran et en Ouzbékistan. Un nombre de cas important est également rapporté dans l'est de l'Europe (Russie et Balkans). L'Afrique est également touchée avec des foyers identifiés à l'Ouest (Mauritanie), l'Est (Soudan) et en Afrique du Sud. Il s'agit de la maladie transmissible par les tiques qui a la répartition géographique la plus vaste, bien que le continent américain et l'Océanie en soient indemnes. Par ailleurs, d'après cette carte, aucun cas autochtone de FHCC n'est survenu à ce jour au-delà du parallèle de latitude 50°Nord, limite actuelle de distribution des tiques du genre *Hyalomma*.

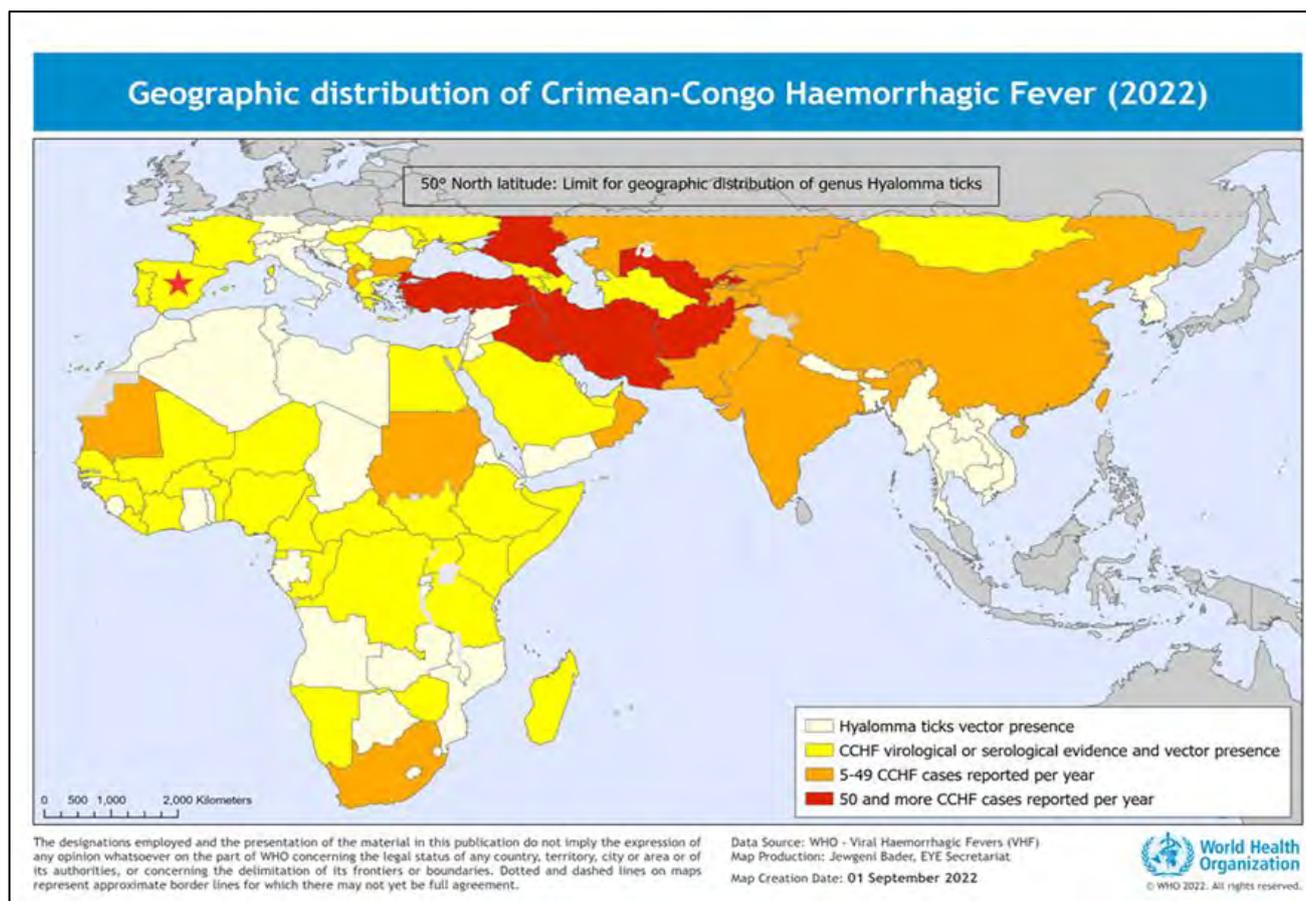


Figure 34 : Répartition des cas et de la présence du virus de la FHCC dans le monde.

Source : carte modifiée d'après l'OMS, 2022. En gris : pas de présence avérée de populations de tiques du genre *Hyalomma*, notamment au-delà de 50° de latitude nord ; en blanc : présence de tiques du genre *Hyalomma* ; en jaune : présence du vecteur et sérologie positive ; ★ : entre 1 et 3 cas de FHCC par an ; en orange : 5-49 cas de FHCC par an ; en rouge : plus de 50 cas de FHCC par an.

La carte de répartition des cas humains (Figure 34) peut être mise en relation avec celle des études sérologiques réalisées dans la faune sauvage et chez les animaux domestiques publiée par Spengler *et al.* (2016) (Figure 35).

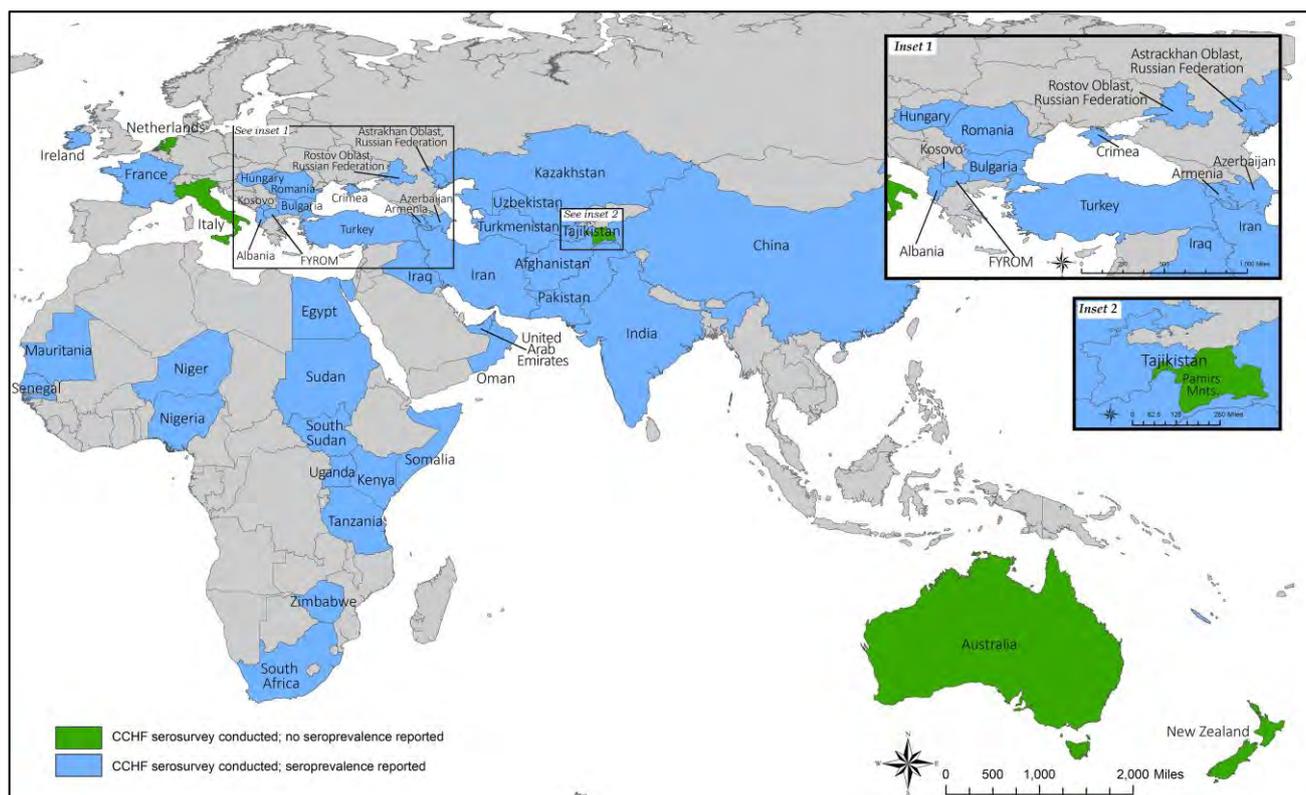


Figure 35 : répartition des études sérologiques réalisées sur animaux, avec identification des pays où la sérologie s'est avérée positive

Source : d'après Spengler *et al* 2016. En vert : séroprévalence nulle ; en bleu : séroprévalence positive ; en gris : pas d'analyse rapportée. Il est à noter que l'évolution récente de la situation espagnole décrite dans le paragraphe suivant (§ 5.7.1) n'est pas prise en compte dans cette carte.

5.7.1 Situation en Italie et Espagne (pays proches)

En Italie, très peu d'études ont été réalisées. Aucun cas humain de FHCC n'a à ce jour été rapporté. Une étude récente rapporte une séropositivité de 1,89 % chez des bovins de la région de Basilicate (Fanelli *et al.* 2022). Le virus a été identifié sur une nymphe de *H. rufipes* collectée en cours de gorgement sur un oiseau migrateur trans-saharien (Mancuso *et al.* 2019), sur l'île de Ventotene en avril 2017. La souche isolée était de type III (Africa 3).

En Espagne, la situation est différente. Les deux premiers cas de FHCC humains autochtones ont été observés en 2016 (Negredo *et al.* 2017). Le premier cas a été vraisemblablement infecté par une piqûre de tique dans la province d'Avila (centre-ouest de l'Espagne) (Figure 35). Le second cas est survenu *via* une infection nosocomiale, au contact du premier. Néanmoins, une analyse rétrospective sur un cas non élucidé suggère qu'une patiente aurait été infectée par le CCHFV suite à une piqûre de tique en 2013 (Negredo *et al.* 2021). En 2018, un nouveau cas autochtone mortel a été confirmé (Negredo *et al.* 2021), suite à une infection probablement liée à une piqûre de tique dans la région de Badajoz (sud-ouest de l'Espagne). Cette même année, une étude prospective sur des patients admis aux urgences de l'hôpital de Salamanque pour une fièvre sans diagnostic associé a mis en évidence un cas de FHCC (Arteaga *et al.* 2021). Trois cas humains ont été de nouveau rapportés en 2020 (dont un fatal) puis deux en 2021 dans la province de Salamanque et dans la région de Bierzo (León).

Dans cette dernière région, deux cas, dont un fatal, ont été confirmés chez deux hommes en juillet 2022 : un chasseur ayant des antécédents de piqûres de tiques et un homme diagnostiqué rétrospectivement après décès. Entre 2013 et 2022, un total de 12 cas a donc été confirmé en Espagne, dont quatre décès (Figure 36).

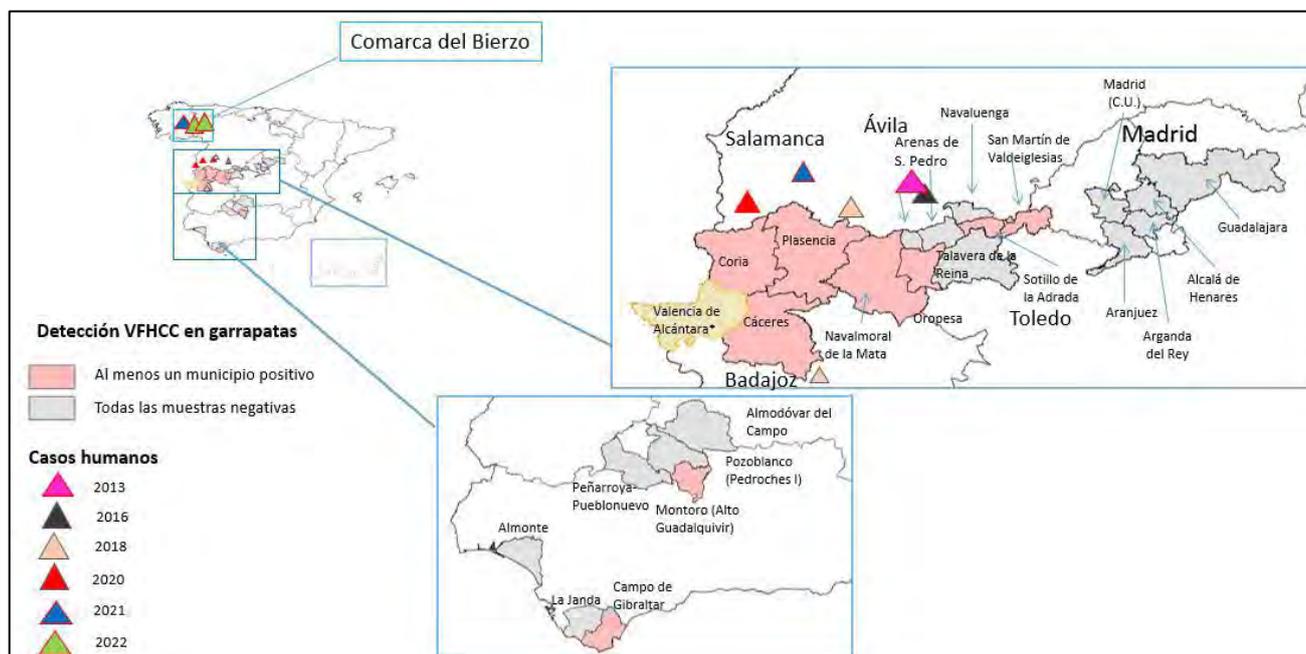


Figure 36 : Régions où des cas humains de CCHFV ont été observés (triangle) et où des pools de tiques positives ont été identifiées en Espagne.

Source : D'après Ministerio de salud, 2022 ; en gris : pools négatifs ; en rose et jaune : au moins un pool positif.

En 2016, la souche du virus était de type III (Africa 3). En 2018, le virus identifié par Negredo *et al.* (2021) paraît être issu d'un réassortiment, le segment du gène S appartenant au type IV (Africa 4) tandis que le génotype identifié par Arteaga *et al.* (2021) était de type V (Europe 1).

Dans une étude de séroprévalence menée chez des donneurs de sang dans la province de Castille-et-Léon entre mai 2017 et 2018, 516 donneurs sains ont été testés, parmi lesquels trois ont présenté des IgG positives pour le CCHFV (Arteaga *et al.* 2020).

Au sud de l'Espagne, des études sérologiques sur des animaux ont récemment montré de plus fortes prévalences d'anticorps contre la FHCC dans la faune sauvage par rapport à la faune domestique (Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitaria 2019). Dans une zone où le virus avait été identifié chez des tiques, 70 % des échantillons provenant d'animaux sauvages (314 échantillons, les espèces ne sont pas précisées mais incluent ruminants, sangliers, lièvres et lapins) étaient positifs pour le CCHFV tandis que seuls 16 % des animaux domestiques testés étaient positifs (n=467 : bovins, ovins et caprins de plus de six mois). Au nord-est du pays (Catalogne), où *a priori* seule *H. marginatum* est présente, une séroprévalence comparable (78,57 %; Espunyes *et al.* 2021) a été trouvée sur des Bouquetins ibériques, tandis que la séroprévalence était faible chez les sangliers (5/156 animaux) et nulle chez les cerfs élapés (sur 174 individus) (Espunyes *et al.* 2021). Des chiffres comparables sont mentionnés dans la région de Valence (Espagne), avec en plus une séroprévalence de 100 % chez des mouflons (n = 48, Carrera-Faja *et al.* 2022). Néanmoins, en l'absence de contrôle par séroneutralisation ces résultats doivent être interprétés avec précaution.

La première identification du virus présent en Espagne, possédant de fortes similarités avec le type africain a été réalisée en 2010 chez des tiques adultes de l'espèce *H. lusitanicum* prélevées sur des cerfs élaphe dans la province de Caceres (sud-ouest de l'Espagne) (Estrada-Peña *et al.* 2012). Negredo *et al.* (2019) ont estimé des prévalences respectives de 3,99 % et 0,42 % chez des individus *H. lusitanicum* et *H. marginatum* collectées entre 2011 et 2015 sur des ongulés sauvages et domestiques dans la région de Caceres (sud-ouest), avec des variations suivant les sites échantillonnés et une prévalence nulle pour beaucoup d'entre eux. Plus récemment, les études font état de prévalences variables. Moraga-Fernández *et al.* (2021) rapportent une prévalence individuelle de 21 % chez 613 tiques prélevées sur la faune sauvage (cerfs élaphe, sangliers et un daim) dans six zones en Espagne. Sánchez-Seco *et al.* (2022) ont analysé des pools de tiques (4 556 pools regroupant 12 584 tiques) prélevées sur des ongulés et estimé une prévalence de 2,9 %, soit 135 pools positifs. Dans ces trois dernières études, le virus a été identifié majoritairement chez des tiques de l'espèce *H. lusitanicum* se gorgeant sur des espèces sauvages.

L'identification de la souche montre la même variabilité que pour l'être humain : le génotype identifié par (Moraga-Fernández *et al.* 2021) était majoritairement de type V (Europe 1) tandis que Sánchez-Seco *et al.* (2022) ont identifié des souches du type I, III et IV (Africa 1, 3 et 4).

En résumé, outre les cas humains autochtones attestés, les études récentes conduites en Espagne invitent à la vigilance pour la France, en raison de la présence avérée du virus au sein de la faune sauvage, avec une situation épidémiologique variable dans l'espace et entre les espèces étudiées. La faune domestique paraît pour l'heure moins touchée mais également moins étudiée alors que des espèces de tiques pourraient introduire le virus dans les élevages. Par ailleurs, il est rapporté peu de cas de positivité pour l'espèce *H. marginatum*, mais un changement dans la prévalence pour cette espèce augmenterait les probabilités de survenue de cas humains, car elle est réputée plus agressive pour cet hôte.

5.7.2 Pays fortement touché par l'épidémie : la Turquie

5.7.2.1 Évolution des cas humains

Leblebicioglu *et al.* (2016) ont publié une synthèse sur l'évolution de FHCC en Turquie. Ils font état d'une forte croissance des cas humains de 2002 (150), date à laquelle les premiers cas ont été observés, à 2008 (1 315), puis d'une lente diminution des cas jusqu'en 2015 (Figure 37 **Figure 37**). Ak, Ergönül, et Gönen (2020) rapportent pour les années 2016 et 2017 un nombre de cas respectifs de 432 et 343, ce qui confirme une tendance à la diminution. Cette décroissance n'apparaît toutefois pas linéaire puisque le ministère de la Santé fait état, au 31 mai 2021, de 243 cas et de 13 décès depuis le début de cette même année⁵¹. Le taux de létalité apparaît relativement constant entre 2002 et 2015, à un niveau légèrement inférieur à 5 % (4,79 %, soit 469 décès pour 9 787 cas entre 2002 et 2015). Ce taux de létalité est inférieur à ce qui est rapporté en général dans la littérature, ce qui peut être dû à une meilleure définition des cas, à une meilleure prise en charge des malades, ou encore à une différence de virulence des souches du virus en cause (Bente *et al.* 2013).

⁵¹ <https://www.mesvaccins.net/web/news/17501-situation-de-la-fievre-hemorragique-de-crimee-congo-en-turquie>

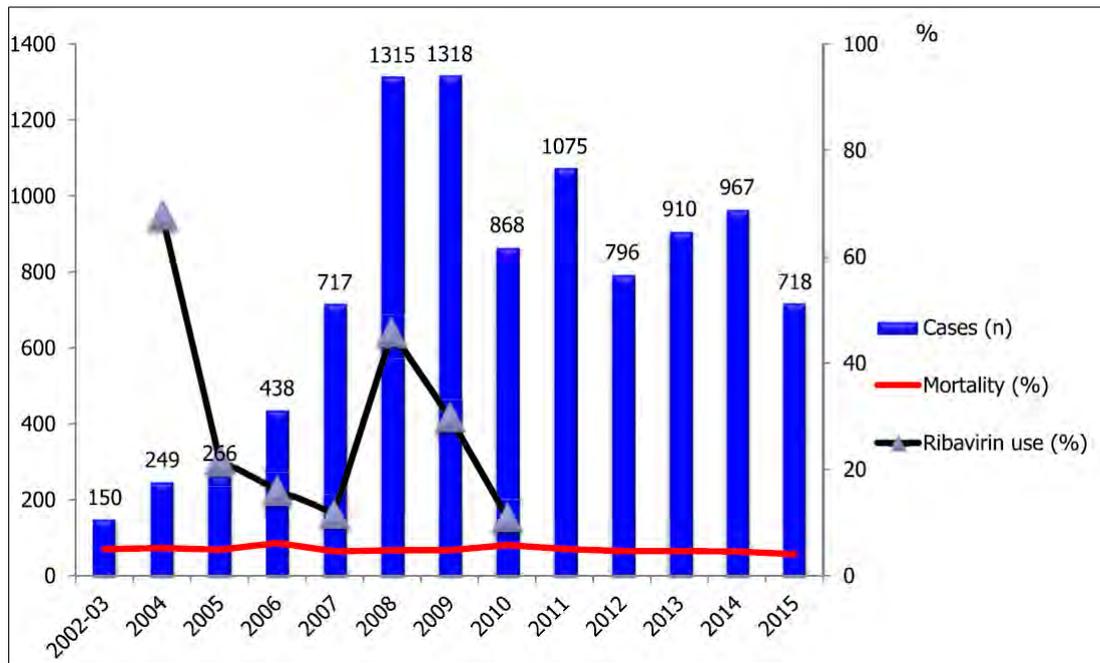


Figure 37 : Évolution des cas de FHCC en Turquie

Source : Leblebicioglu *et al.* (2016). Nombre de cas (histogramme bleu, échelle de gauche) et du taux de létalité (courbe rouge, échelle de droite) de 2002 à 2015 sur l'ensemble de la Turquie.

Les cas humains sont majoritairement distribués en Anatolie centrale (

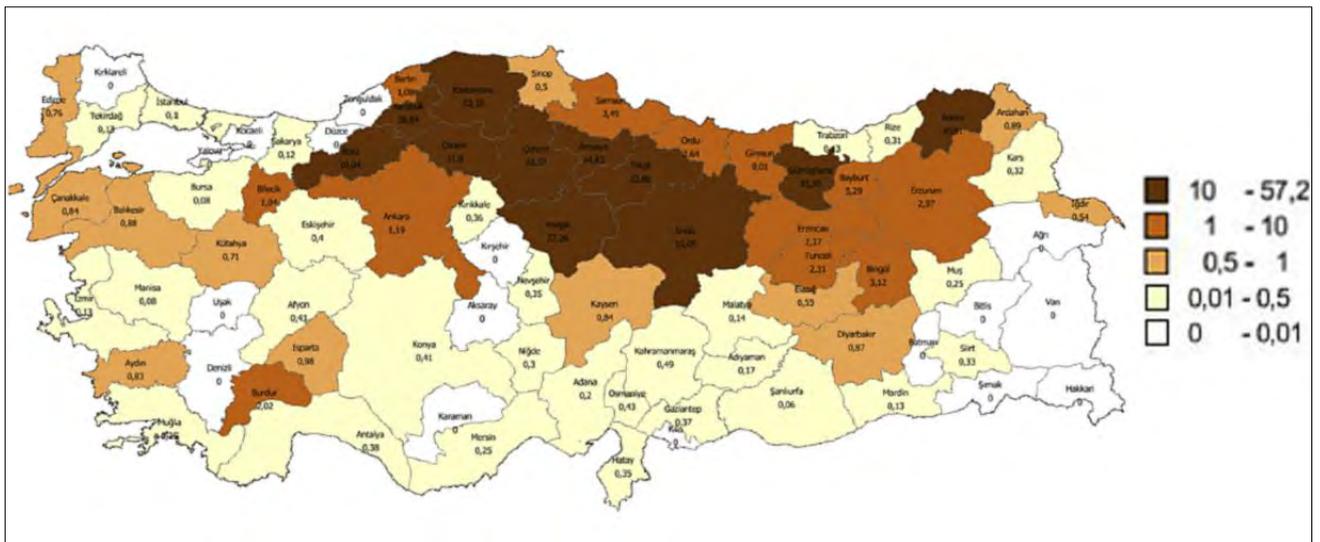


Figure 38, pour l'année 2008).

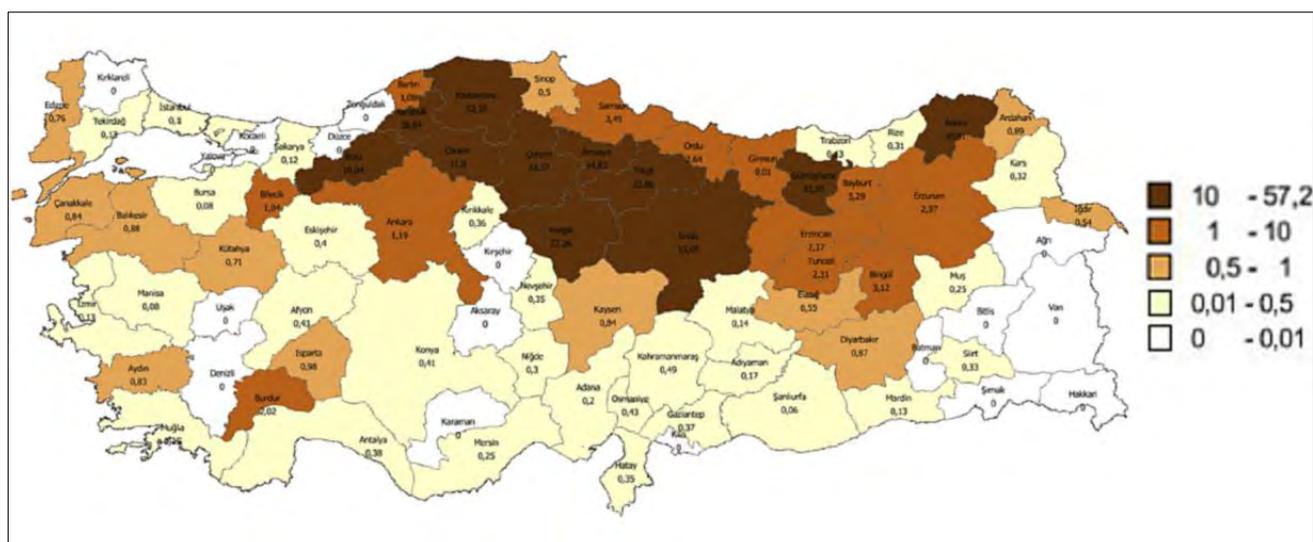


Figure 38 : Distribution des cas pour l'année 2008 en Turquie

Source : Leblebicioglu *et al.* (2016) ; l'incidence est indiquée en nombre de cas pour 100 000 habitants.

D'après l'étude de Duran *et al.* (2013), les cas concernent principalement, et en ordre décroissant, les femmes qui participent activement aux activités agricoles et d'élevage, les agriculteurs et les éleveurs, et le personnel médical.

Par ailleurs, il existe de fortes variations saisonnières des cas de FHCC, qui surviennent majoritairement aux mois de mai, juin et juillet (Duran *et al.* 2013; Sisman 2013; Aker *et al.* 2015). Cette dynamique saisonnière est à relier d'une part à la dynamique des tiques vectrices (actives de juin à août, d'après Beyhan, Mungan, et Babur (2016), d'autre part à une plus forte exposition aux piqûres de tiques lors des travaux agricoles au printemps et en début d'été.

5.7.2.2 Séroprévalence dans les populations humaines

En complément de ces travaux sur les cas survenus, de nombreuses études ont visé à estimer la séroprévalence par l'analyse des IgG anti-FHCC chez la population générale (Figure 39). Si on excepte l'étude de Yagci-Caglayik *et al.* (2014), pour laquelle la séroprévalence moyenne était de 2,3 % avec une valeur maximale de 7,5 % en zone endémique (*i.e.* province de Yozgat), l'ensemble des valeurs se situent entre 10 et 20 %. Pour certaines provinces, les résultats peuvent fortement différer entre les auteurs et les années : ainsi, dans la province d'Aydin, Yagci-Caglayik *et al.* (2014) rapportent une séroprévalence de 1,3 %, tandis qu'elles se situent respectivement à 19,6 et 14,4 % pour Ertugrul *et al.* (2012) et Bayram *et al.* (2017). Par ailleurs, certaines études de séroprévalence ont aussi ciblé des populations spécifiques. Ainsi, Ergönül *et al.* (2006) ont déterminé une séroprévalence de 3 % chez des vétérinaires en zone endémique tandis qu'elle était nulle dans les zones non endémiques. Temocin *et al.* (2018) ont estimé une séroprévalence de 2,9 % pour le personnel médical en contact avec des patients atteints de FHCC, tandis qu'elle était nulle pour le personnel non exposé.

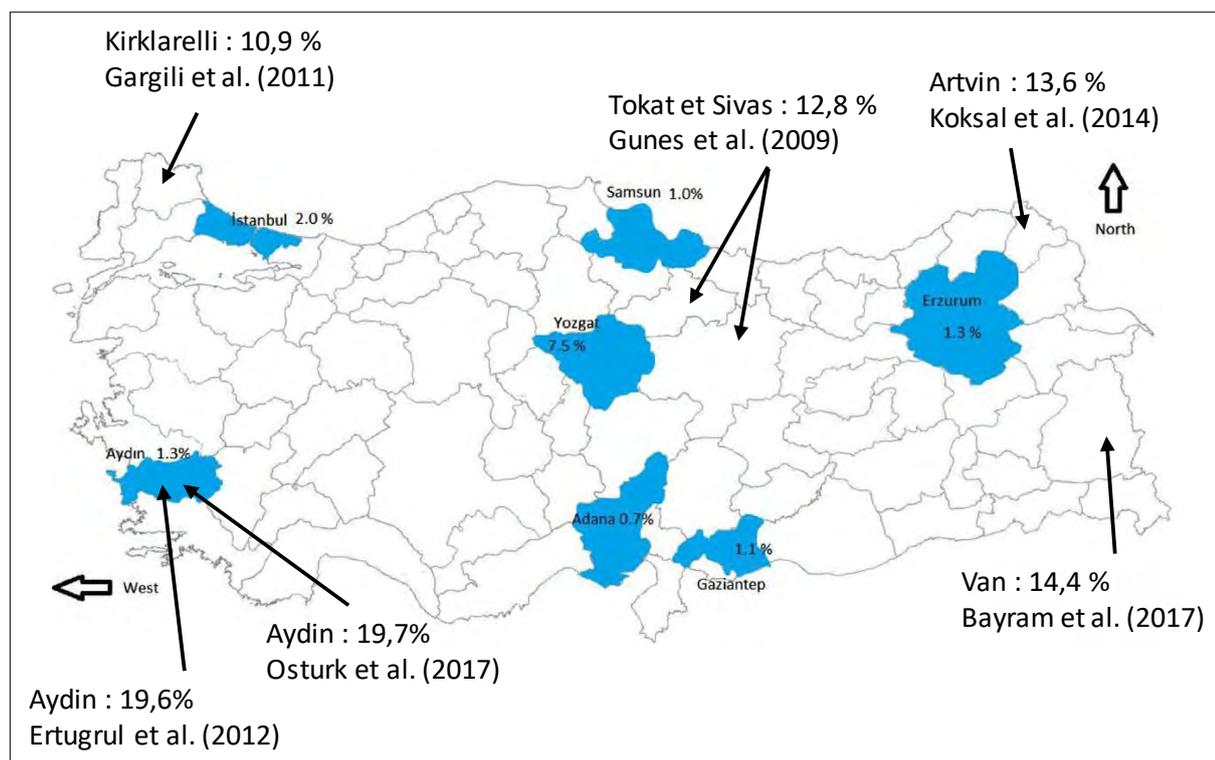


Figure 39 : Valeur de séroprévalences en population générale pour différentes provinces de Turquie.

Source : Adapté d'après Yagci-Caglayik *et al.* (2014)

5.7.2.3 Origine de CCHFV et déterminants de l'émergence de la FHCC en Turquie

L'introduction du virus en Turquie a pu survenir *via* la migration d'oiseaux infectés. Leblebicioglu *et al.* (2014) ont collecté des tiques sur des oiseaux au sein d'une zone humide constituant une étape pour des oiseaux migrateurs. Ils ont notamment identifié une nymphe du genre *Hyalomma* testée positive par PCR au CCHFV, sur une Rousserolle turdoïde (*Acrocephalus arundinaceus*). Une autre possibilité serait l'introduction *via* des mouvements illégaux d'animaux, notamment *via* l'Iran, bien que la souche identifiée en Turquie (Europe 1) soit similaire aux souches européennes et russes (Zehender *et al.* 2013; Orkun *et al.* 2017).

L'émergence de cas de FHCC à partir de 2002 et l'augmentation du nombre de cas jusqu'en 2008 peuvent être dus à plusieurs facteurs, notamment d'ordre climatique ou liés à un changement d'utilisation des sols (Leblebicioglu *et al.* 2016). Le climat dans les zones d'Anatolie centrale apparaît depuis toujours favorable à la présence de populations de *Hyalomma* spp. avec des étés chauds et secs et des hivers moyennement rigoureux. Néanmoins, les récents changements climatiques ont potentiellement augmenté l'aire de répartition des tiques et leur installation dans des zones plus en altitude. Certains auteurs (Aker *et al.* 2015; Doğan, Çetin, et Eğri 2009) mettent en évidence une corrélation positive entre l'incidence du nombre de cas et l'altitude, en lien avec les conditions climatiques, jusqu'à certaines limites (1 340 m dans l'étude de (Doğan, Çetin, et Eğri 2009). Ainsi, d'après la carte de risque développée par Aker *et al.* les individus vivant à une altitude supérieure à 836 m ont un risque supérieur d'être infectés (Aker *et al.* 2015). L'incidence cumulée de cas de FHCC était également positivement corrélée avec des activités agricoles, notamment l'élevage. Ces activités liées à l'agriculture, l'élevage et la chasse ont été réduites par le gouvernement turc en Anatolie centrale, entre 1995 et 2001, pour des raisons de sécurité. Il s'en est suivi une augmentation de

l'abondance de la faune sauvage, ce qui a profité aux populations de tiques. À l'issue de cette période, lorsque les habitants ont pu reprendre des activités à l'extérieur dans ces zones interdites, l'exposition aux piqûres de tiques des êtres humains et des animaux domestiques s'est fortement accrue.

1.1.1.1 Séroprévalence dans les populations animales

Mertens *et al.* (2016) ont analysé 497 échantillons sanguins de ruminants (bovins et ovins) prélevés dans sept provinces de Turquie situées au nord du pays, dans une large bande est-ouest, en 2011. Ils ont trouvé en moyenne 57 % de sérums positifs en IgG anti-CCHFV par ELISA, avec de fortes variations suivant les régions considérées : de zéro (les régions de Erzurum ou Eskisehir) à 85 % et 87 %, respectivement dans les régions de Yozgat et Tokat (Figure 40). Ces dernières sont identifiées comme des zones à forte incidence de cas humains entre 2002 et 2014.

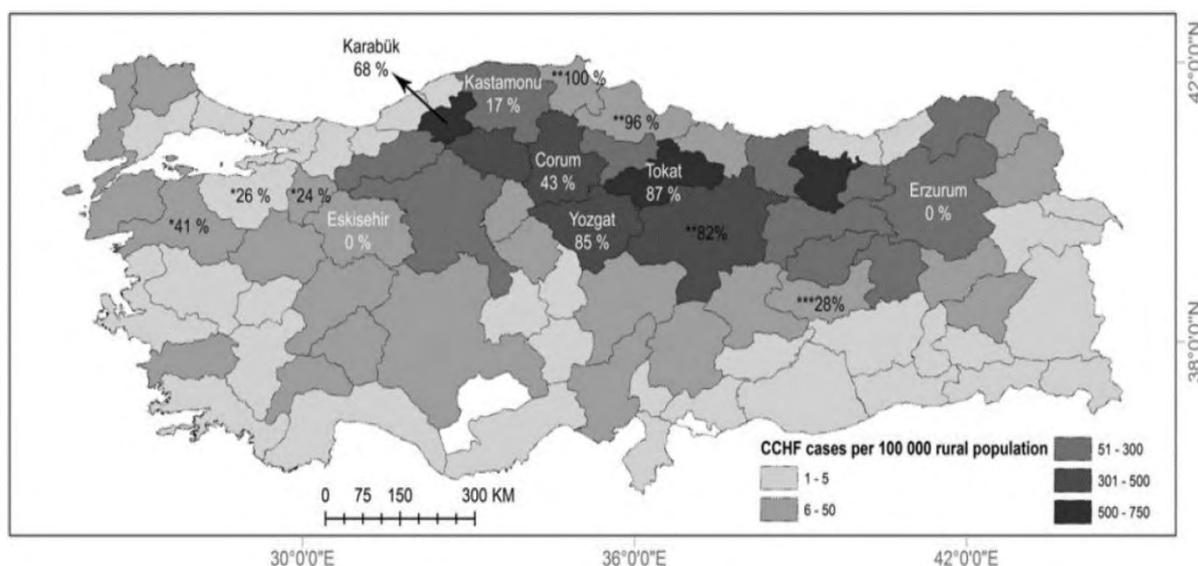


Figure 40 : Distribution de la séroprévalence chez des ruminants dans différentes provinces de Turquie. Incidence des cas de FHCC entre 2002 et 2014 dans ces mêmes provinces

Source : d'après Mertens *et al.* (2016)

Récemment, Özüpak et Albayrak (2020) ont mis en évidence des différences notables de séroprévalences suivant les espèces dans la région endémique de Tokat, allant de 38,5 % chez les bovins à 82,8 et 83,3 % pour les caprins et les ovins, respectivement. Des valeurs plus faibles dans les populations bovines par rapport aux petits ruminants avaient déjà été signalées par Tuncer *et al.* (2014) dans la région de Marmara avec des valeurs respectives de 13,0 % (bovins), 31,8 % (ovins) et 66,0 % (caprins). En revanche, Okur-Gumusova *et al.* (2020) n'ont pas trouvé d'anticorps chez des Buffles d'eau (*Bubalus bubalis*).

1.1.1.2 Prévalence chez les tiques

Les résultats des analyses réalisées sur tiques prélevées sur des animaux ou sur la végétation montrent des valeurs très variables. Tekin *et al.* (2012) ont relevé des taux d'infection au CCHFV de l'ordre de 2 % (15/745) chez des tiques prélevées sur divers hôtes et au sol dans la province de Tokat. Huit tiques positives sur 228 (3,5 %) de l'espèce *H. marginatum* ont ainsi été prélevées sur des êtres humains (3), des bovins (4) et au sol (1). D'autres tiques positives du genre *Hyalomma* ont été prélevées sur des bovins (*H. detritum* : 1/145, soit 0,7 %, et *H. anatolicum* : 1/9 - 11,1 %) et des êtres humains (*H. turanicum* : 2/39, soit 5,1 %). Yesilbag *et al.* (2013) ont collecté des tiques sur des

bovins, des ovins et des caprins au sud de la région de Marmara. Parmi celles-ci, *H. marginatum* représentait 15,4 % des individus, et 7,1 % des pools (constitués des tiques d'une espèce prélevée sur le même animal) testés pour cette espèce étaient positifs. À large échelle, Orkun *et al.* (2017) ont analysé 4 283 tiques issues de 10 districts, récoltées sur des animaux, des êtres humains ou en quête dans la végétation. Les pools, homogénéisés par rapport à la stase de gorgement et à la taille et constitués d'une à 40 tiques d'une espèce prélevées sur le même animal, étaient positifs dans 6,7 % et 1,4 % des cas pour *H. marginatum* et *H. excavatum*, respectivement. Plus récemment, Akyildiz *et al.* (2021) ont estimé une prévalence de 51,5 % chez 200 adultes *H. marginatum* en quête analysés individuellement et collectés dans la région de Thrace. Cette valeur très élevée est en contradiction avec le nombre très faible de cas rencontrés dans cette région à cette période.

Par ailleurs, de part et d'autre de la frontière turco-syrienne, Siroký *et al.* (2014) ont collecté 245 tiques de l'espèce *H. aegyptium* sur 38 Tortues grecques. Parmi ces tiques, 74 étaient positives, soit une prévalence de 30,2 %.

En résumé, la Turquie apparaît comme une zone endémique vis-à-vis de FHCC avec un nombre de cas important et récurrent. Le taux de létalité relativement faible par rapport à ce qui a pu être rapporté dans d'autres pays pourrait être lié, au moins en partie, à une bonne prise en charge des malades.

5.7.3 Pays potentiellement sources d'importation du virus CCHFV en France : Maghreb et Afrique de l'Ouest

Temur *et al.* (2021) ont publié une revue de la littérature sur l'épidémiologie de FHCC à l'échelle du continent africain. Ils ont recueilli et croisé des informations sur les cas rapportés, les analyses sérologiques en population humaine et animale, la présence de tiques du genre *Hyalomma*, plus particulièrement *H. marginatum* et *H. rufipes*, ainsi que les cas de détection du virus chez les tiques. Ils aboutissent ainsi à des tableaux pour les différentes parties du continent africain. Pour ce qui concerne l'Afrique de l'Ouest, les données font état de cas récents, notamment au Mali, en Mauritanie et au Sénégal (Tableau 16).

En ce qui concerne le Maghreb, la présence d'anticorps a été détectée en Tunisie chez des patients fébriles (5/181) et des travailleurs en abattoirs (2/38) en 2014 (Wasfi *et al.* 2016). Une étude récente dans ce même pays fait état chez les animaux domestiques (bovins, ovins et caprins) d'une séroprévalence (sans séroneutralisation) globale de 8,6 % (Zouaghi *et al.* 2021). Une valeur beaucoup plus élevée a été relevée chez des dromadaires (89,7 %, – Bouaicha *et al.* 2021). Parmi les tiques prélevées sur ces animaux, un individu de l'espèce *H. impeltatum* était positif pour le virus.

En Algérie, Kautman *et al.* (2016) ont identifié le virus (AP-92 like strain, Europe 2) chez 28,6 % (16/56) des tiques de l'espèce *H. aegyptium* collectées sur 12 tortues grecques.

Au Maroc, Palomar *et al.* (2013) ont identifié le virus sur des tiques *H. marginatum* collectées sur des oiseaux migrateurs (quatre pools sur six étaient positifs).

Tableau 16 : Données relatives à la situation de la FHCC en Afrique de l'Ouest

Source : Temur *et al.* (2021)

Current evidence for CCHFV circulation in Western Africa						
Country (current designation)	CCHF cases reported	Human serology	Animal serology	<i>Hyalomma</i> ticks	Virus detected in ticks	Level of evidence
Benin	No	1981–1983 ¹⁹⁵	No	Yes ^{39,196}	No	3
Burkina Faso	1983 ⁸⁰	1983 ^{80,197}	No	Yes ^{198,199}	No	2
Cabo Verde	No	No	No	Yes ²⁰⁰	No	4
Côte d'Ivoire	No	No	No	Yes ^{201,202}	No	4
Gambia	No	No	No	Yes ²⁰³	No	4
Ghana	No	2011 ¹⁹	2009 ¹⁷⁰	Yes ^{39,204}	2011 ¹⁹	3
Guinea	No	No	No	Yes ^{205,206}	1978–1991 ²⁰⁷	3
Guinea-Bissau	No	No	No	No	No	5
Liberia	No	1981 ²⁰⁸	No	No	No	3
Mali	2009–2013, 2017, 2020 ^{90–92}	1991, 2009–2013 ^{90,209}	2005–2014, 2013 ^{163,210}	Yes ^{211,212}	2011 ²¹³	2
Mauritania	1983, 1988, 2003, 2007, 2012, 2017, 2018, 2019 ^{57,81–86,93}	1983, 1984, 1985, 1988, 2003 ^{85,86,197,214–218}	1983, 1984, 1988, 2003, 2013 ^{85,86,163,197,214,215}	Yes ²¹⁵	1983, 1984, 2003 ^{85,197,214,215}	2
Niger	No	No	1984–1988 ^{219,220}	Yes ^{221,222}	No	3
Nigeria	2010–2014 ³⁴	1973, 1988, 2011, 2010–2014 ^{31,34,223,224}	1964–1968, 1976, 1983, 1984–1988, 2015 ^{32,219,225–227}	Yes ^{32,228}	1964, 1964–1968, 1966, 1976 ^{5,32,227,229}	2
Saint Helena, Ascension and Tristan da Cunha	No	No	No	No	No	5
Senegal	2003, 2004, 2015, 2017, 2020 ^{57,105–109}	1986, 1989, 1987–1995 ^{230–233}	1969, 1972, 1983, 1986, 1987–1995, 1989–1992, 1991, 2014 ^{5,197,230,232,234–238}	Yes ^{239,240}	1963–1974, 1969–1991, 1969, 1970–1974, 1983, 1985, 1987, 1990, 1989–1992, 1991–1992, 1992 ^{5,41,197,230,232,235–237,241–244}	2
Sierra Leone	2016 ¹¹⁰	2007–2014 ²⁴⁵	No	Yes ²³⁹	No	2
Togo	No	No	No	Yes ²⁴⁶	No	4

CCHF = Crimean-Congo hemorrhagic fever; CCHFV = Crimean-Congo hemorrhagic fever virus. Years are listed if there is peer-reviewed evidence of anti-CCHFV antibodies in humans or animals, CCHFV vector endemicity, or CCHFV antigen or genome detection.

Par ailleurs, ces auteurs ont également classé les pays en cinq niveaux d'exposition en fonction des données recueillies sur la circulation du virus ou la présence de vecteurs et ont établi une carte du continent suivant les niveaux considérés (Figure 41).

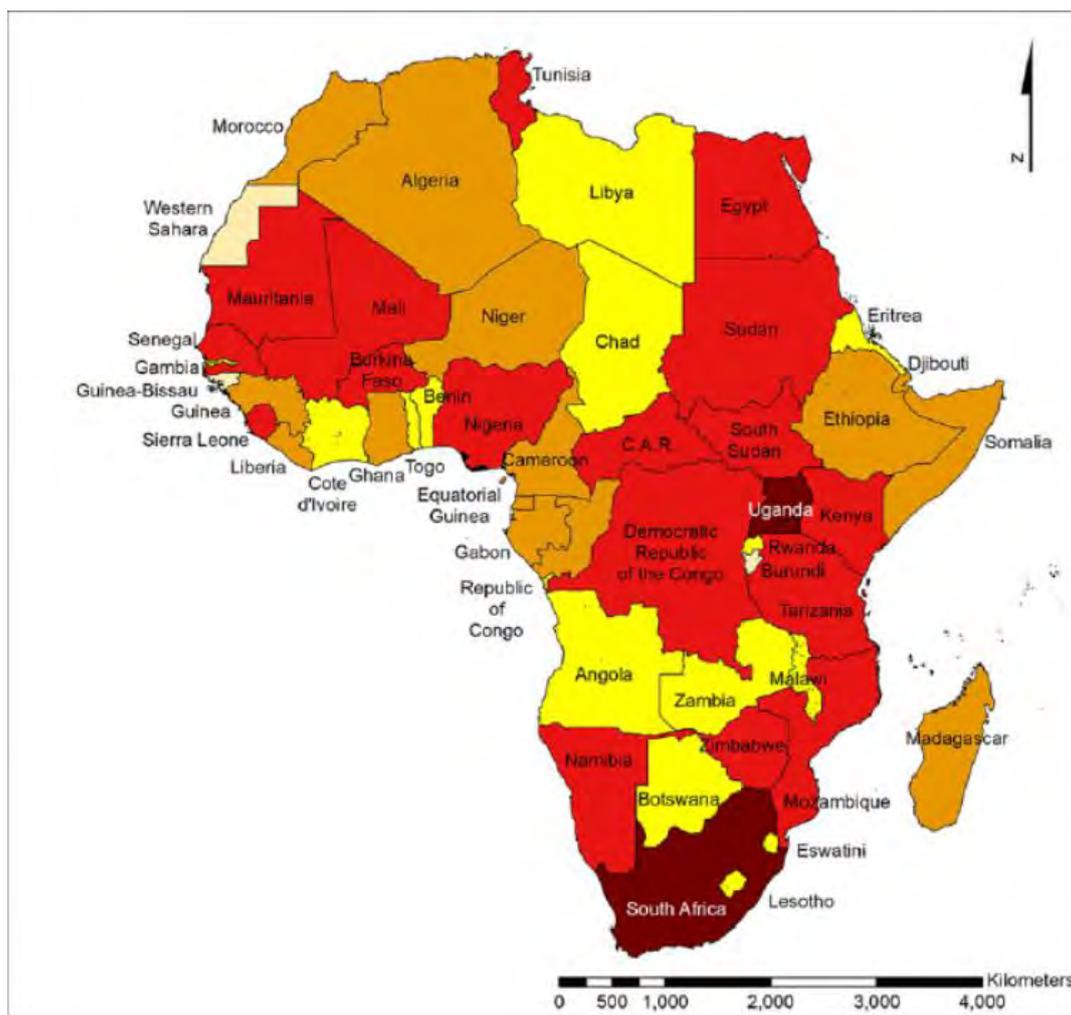


Figure 41 : Niveaux d'exposition au CCHFV en Afrique

Source : adapté d'après Temur *et al.* (2021). Niveau 1 (rouge foncé) : cas de FHCC rapportés annuellement via une surveillance établie ; niveau 2 (rouge) : cas de FHCC rapportés de manière irrégulière, en l'absence d'une surveillance robuste ; niveau 3 (orange) : pas de cas ni de surveillance robuste mais des données positives de sérologie ou de détection dans les tiques ; niveau 4 (jaune) : données de présence de tiques, sans surveillance ; niveau 5 (beige) : absence de données.

L'étude de Temur *et al.* souligne le caractère endémique de la FHCC en Afrique (Temur *et al.* 2021). Le nombre de cas rapportés est sans doute sous-estimé en raison notamment de l'absence d'un système de surveillance bien établi et de capacités de diagnostic.

Par ailleurs, si *H. marginatum* et *H. rufipes* constituent des vecteurs majeurs du CCHFV en Afrique, certains auteurs ont mis en évidence le rôle potentiel de *H. dromaderii* (Schulz *et al.* 2021) et, à un degré moindre, de *H. impeltatum* (Bouaicha *et al.* 2021). Tous les pays africains sont ainsi infestés par au moins une espèce de *Hyalomma* réputée vectrice du virus de la FHCC.

Une étude phylogénétique sur un cas rapporté au Sénégal en 2019 a permis d'identifier une souche de génotype II, proche de celle identifiée en Mauritanie en 2014 et en Espagne en 2016 (Dieng *et al.* 2020).

En résumé, des cas de FHCC apparaissent très régulièrement à l'échelle du continent africain. Certains pays, notamment en Afrique occidentale, sont des zones d'hivernage d'oiseaux dont les voies de migration passent par la France métropolitaine, ce qui pourrait augmenter la probabilité d'introduction du virus.

6 La FHCC en France, situation et évaluation de la survenue d'un cas de FHCC sur le territoire français

6.1 La FHCC en France

6.1.1 Situation actuelle

Comme présenté dans le chapitre 3, des tiques du genre *Hyalomma* vectrices du CCHFV sont présentes et installées en France. C'est pourquoi, des études à visée de surveillance sont réalisées, de manière plus ou moins régulière, afin de rechercher et mettre en évidence une possible présence et circulation du CCHFV.

6.1.1.1 Chez l'humain

À ce jour, aucun cas humain de FHCC autochtone n'a été rapporté en France. Le territoire est donc considéré comme indemne de cette maladie. Cependant, il n'y a eu aucune enquête sérologique menée en France chez l'humain.

Le premier cas importé de FHCC a été documenté en France en novembre 2004, chez une patiente qui effectuait régulièrement des séjours au Sénégal où elle se serait infectée (Aupée *et al.* 2005). Quelques jours plus tard, une autre patiente a présenté un tableau similaire. Elle est décédée au Sénégal avant son rapatriement (Tanaka, Mikhailov, et Roy 1995).

6.1.1.2 Dans les tiques

À partir de 2017, à chaque printemps, des collectes massives de tiques ont eu lieu sur animaux dans les différents départements de la zone méditerranéenne.

Ainsi en Corse, sur 8 051 tiques, dont 2 386 *H. marginatum*, collectées entre 2016 et 2020 sur différents animaux sauvages (sangliers, cerfs, mouflons) et domestiques (bovins, chevaux, ovins), dont plus de la moitié sur bovins conduits à l'abattoir, aucune tique n'a été trouvée infectée par le virus de la FHCC (Cicculli *et al.* 2022). Ces tiques ont été testées à l'aide d'une RT-PCR en temps-réel Pan-Nairovirus (Lambert et Lanciotti 2009) et d'une RT-PCR en temps-réel spécifique de CCHFV (Wölfel *et al.* 2007) pour confirmer la spécificité du résultat. Les autres tiques testées étaient *Rhipicephalus bursa* (n = 4 177), *Dermacentor marginatus* (n = 839), *H. scupense* (n = 282), *R. annulatus* (n = 130), *R. sanguineus* (n = 124), *Ixodes ricinus* (n = 99) et *Haemaphysalis punctata* (n = 14).

Sur le continent, 906 tiques *H. marginatum*, collectées principalement sur chevaux (mais aussi quelques-unes sur oiseaux et sangliers), ont été testées pour CCHFV, à l'aide de deux RT-PCR en temps-réel spécifiques (Sas *et al.* 2018; Wölfel *et al.* 2007), sans aucun résultat positif alors que de nombreux autres agents pathogènes, dont le virus West Nile, ont été détectés sur ces mêmes tiques (c.).

6.1.1.3 Chez les animaux d'élevage

En Corse, deux enquêtes sérologiques⁵² ont été réalisées à cinq ans d'intervalle en 2014-2016 et 2019-2020, sur respectivement 3 890 et 6 070 sérums de prophylaxie annuelle collectés sur bovins, ovins et caprins. La sélection des élevages, dans chacun desquels 10 sérums étaient testés, permettait une large couverture des communes de l'île (Figure 42). Au terme de ces études, des anticorps dirigés contre le virus de la FHCC ont été détectés chez toutes les espèces, avec de plus fortes séroprévalences chez les bovins (13-16 %) que chez les petits ruminants (2-3 %) (Grech-Angelini *et al.* 2020 ; L. Vial, Comm. pers.). D'un tiers à près de la moitié des communes testées présentaient au moins un animal séropositif, avec une zone à plus forte séroprévalence observée dans le nord-ouest de l'île (Figure 42). Au sein de cette zone, une importante hétérogénéité entre élevages était toutefois à noter, certains d'entre eux restant indemnes tandis que d'autres de la même commune pouvaient avoir 80 % de leurs animaux séropositifs (Grech-Angelini *et al.* 2020). Il est à noter que les résultats de sérologie produits lors de la première enquête (2014-2016) ont été confirmés par séroneutralisation⁵³ en laboratoire P4.

Les animaux trouvés séropositifs présentaient de forts taux d'anticorps pouvant refléter une infection récente qui pourrait s'expliquer par une réinfection régulière par le CCHFV survenant chaque année au moment du pic d'activité des tiques vectrices du genre *Hyalomma*. Cette saisonnalité de l'infection est d'ailleurs décrite dans tous les pays où le virus est endémique et circule naturellement chez les animaux, et est due à la saisonnalité des tiques vectrices (pic d'activité des adultes au printemps) (Vial, comm. pers.).

⁵² À l'aide du test ELISA (*ID Screen CCHF Double Antigen Multi-species*, ID.Vet, <https://www.id-vet.com>), présentant une sensibilité de 96,8 % – 99,8 % et une spécificité de 99,8 % – 100 %.

⁵³ Cette confirmation consiste en la recherche d'anticorps neutralisant spécifiquement l'effet cytopathique de CCHFV sans entraver ceux dus à deux autres virus (Hazara et Dugbe) appartenant au même séro groupe ou à un séro groupe très proche de CCHFV.

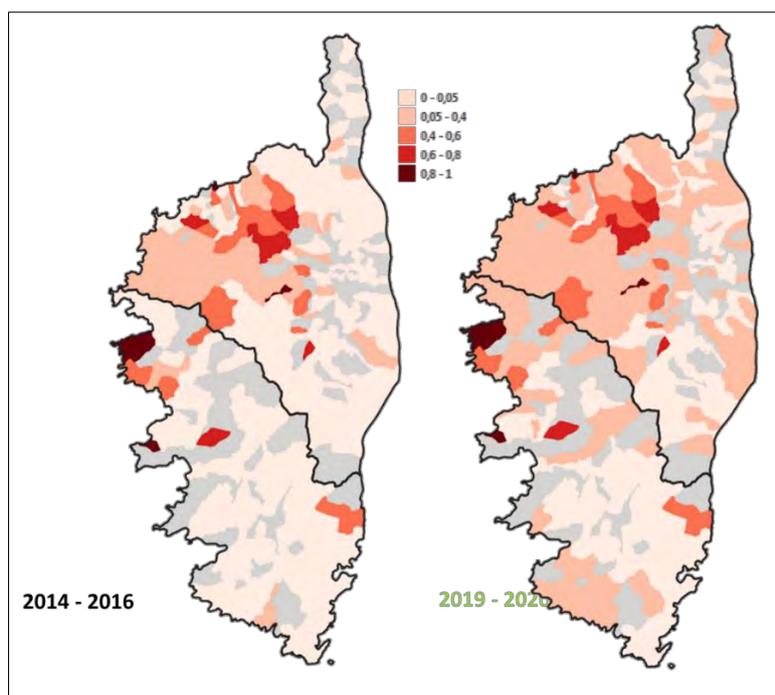


Figure 42 : Résultats de sérologie FHCC sur bovins, ovins et caprins en 2014-2016 et bovins seulement en 2019-2020. Les séroprévalences sont indiquées par communes, de rose pour moins de 5 % à rouge foncé si supérieures à 80 %. En gris, les communes non échantillonnées.

Source : d'après Grech-Angelini, *et al.* (2020)

À titre de comparaison, en Espagne, une première étude sérologique (non publiée) réalisée sur ongulés domestiques a montré des séroprévalences de 16 % dans des zones où des tiques *Hyalomma* ont été trouvées infectées par le CCHFV, et de 4 à 7 % dans des zones où aucune infection n'a été détectée dans les tiques *Hyalomma*, voire où aucune tique *Hyalomma* n'a été trouvée (Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitaria 2019). Le niveau de circulation de CCHFV en Corse y semble donc similaire, voire un peu moins élevé.

Sur le continent, le même type de suivi sérologique a été réalisé entre 2018 et 2020 sur 8 143 sérums bovins de prophylaxie annuelle, dans les départements du pourtour méditerranéen acceptant de participer à l'étude. Comme en Corse, dans chaque élevage sélectionné, 10 sérums étaient testés. Sur huit départements intégrés à l'étude, tous, exceptée la Lozère, ont présenté au moins un animal séropositif (Figure 43).

Toutefois, deux types de profils sérologiques doivent être distingués :

- des départements ou zones (Pyrénées-Orientales, Hérault, Gard, la petite Camargue à l'ouest des Bouches-du-Rhône, Alpes-Maritimes) qui présentent de nombreux animaux séropositifs avec plusieurs animaux positifs par élevage (séroprévalence intra-élevage pouvant atteindre 100 % dans un élevage des Pyrénées-Orientales) ;
- des départements ou zones (Tarn, Aveyron, reste des Bouches-du-Rhône) qui présentent un ou quelques animaux séropositifs, généralement dans des élevages distincts.

Le premier profil suggère une circulation virale locale comme en Corse, et donc l'installation d'un cycle enzootique de transmission entre vertébrés et tiques vectrices. Cependant, les séroprévalences par département restent très faibles (0,6 % à 1,03 %), sauf dans les Pyrénées-Orientales (9 %), comparées à celles observées chez les bovins corses. Ceci pourrait s'expliquer par l'installation

récente et encore en cours de la tique vectrice *H. marginatum* (§4.3.1), avec de ce fait des abondances et une fréquence de piqûre bien plus faibles qu'en Corse.

Outre le fait que l'on soit probablement sur le front d'expansion de la tique et du CCHFV, le second profil sérologique suggère plutôt soit l'existence de faux-positifs, soit la survenue d'une infection ponctuelle due à la piqûre d'une tique infectée introduite par un hôte (un oiseau par exemple) à la stase nymphale et ayant réussi à se métamorphoser en adulte sur place puis à infester un bovin. Parce que la persistance des anticorps CCHFV est *a priori* assez longue chez les animaux, une troisième hypothèse pourrait être qu'il s'agit de bovins déplacés à partir de zones enzootiques où ils se seraient infectés préalablement, ces déplacements n'étant pas renseignés à ce jour.

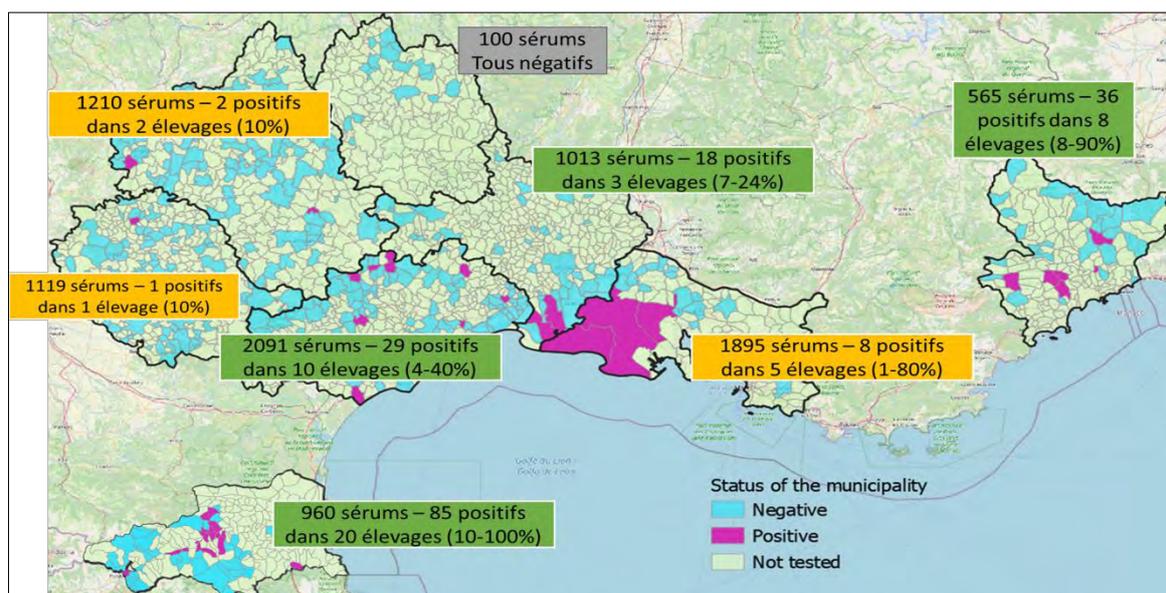


Figure 43 : Résultats de sérologie FHCC sur bovins dans huit départements du sud de la France continentale.

Une commune est indiquée en rose dès qu'un animal est détecté séropositif ; les communes en bleu sont celles testées mais entièrement négatives ; les encadrés en vert indiquent les départements où une circulation virale locale est suggérée et, en orange, ceux où des infections ponctuelles sont supposées sans qu'il y ait de circulation virale localement (sauf pour la partie ouest des Bouches-du-Rhône) ; dans les encadrés, sont donnés les nombres de sérums testés et trouvés positifs, ainsi que les taux de séropositivité par élevage.

Source : Vial comm. pers.

6.1.1.4 Dans la faune sauvage

En 2022, des enquêtes sérologiques ont été initiées chez la faune sauvage (sangliers, chevreuils, mouflons, renards et cerfs élaphe), à partir de sérums préexistants et fournis par la Fédération Nationale de la Chasse (FNC), pour ce qui est du continent, et par un projet pilote mené par INRAE pour la Corse. Ces échantillons ont été collectés entre 2008 et 2022. À l'aide du même test que celui utilisé sur ongulés domestiques, il a été constaté que 46 animaux sur 2 383 présentaient des anticorps dirigés contre le CCHFV : trois sangliers sur 755 animaux testés (678 sangliers, huit renards, 28 mouflons, sept cerfs et 34 chevreuils) dans l'Hérault, quatre sangliers sur 131 testés en Haute-Corse, un mouflon sur 104 animaux testés (33 sangliers, sept chevreuils, 58 mouflons et six d'origine inconnue) en Lozère, et 39 animaux (huit sangliers, 13 chevreuils, 18 cerfs) sur 558 testés dans les Hautes-Pyrénées (Figure 44) (Bernard, in prep). Les résultats de l'Hérault et de la Haute-Corse s'expliquent bien par la présence de *H. marginatum*, d'autant que les positifs de l'Hérault ne sont rapportés qu'après 2016, ce qui coïncide avec la période présumée d'installation de cette tique.

Le mouflon positif de Lozère pourrait être soit un faux-positif (la densité optique observée lors du test était proche du seuil de positivité établi par le fabricant du test ELISA), soit une infection ponctuelle comme décrite plus haut pour les bovins de certains départements du continent ; un déplacement naturel ou organisé de cet animal d'une zone où circule CCHFV à la zone où il a été chassé est par contre peu probable. Par contre, le cas des Hautes-Pyrénées est plus délicat à interpréter puisque de nombreux animaux ont été détectés positifs, et ce dès 2008, alors que la tique *H. marginatum* est supposée absente de cette zone. Enfin, dans cette étude, l'Ardèche (n=30 sangliers et chevreuils), la Drôme (n=219 sangliers) et le Gers (n=342 sangliers et chevreuils) étaient totalement négatifs, ce qui est cohérent avec l'absence ou la quasi-absence de *H. marginatum* dans les zones de ces départements où les sérums ont été collectés.

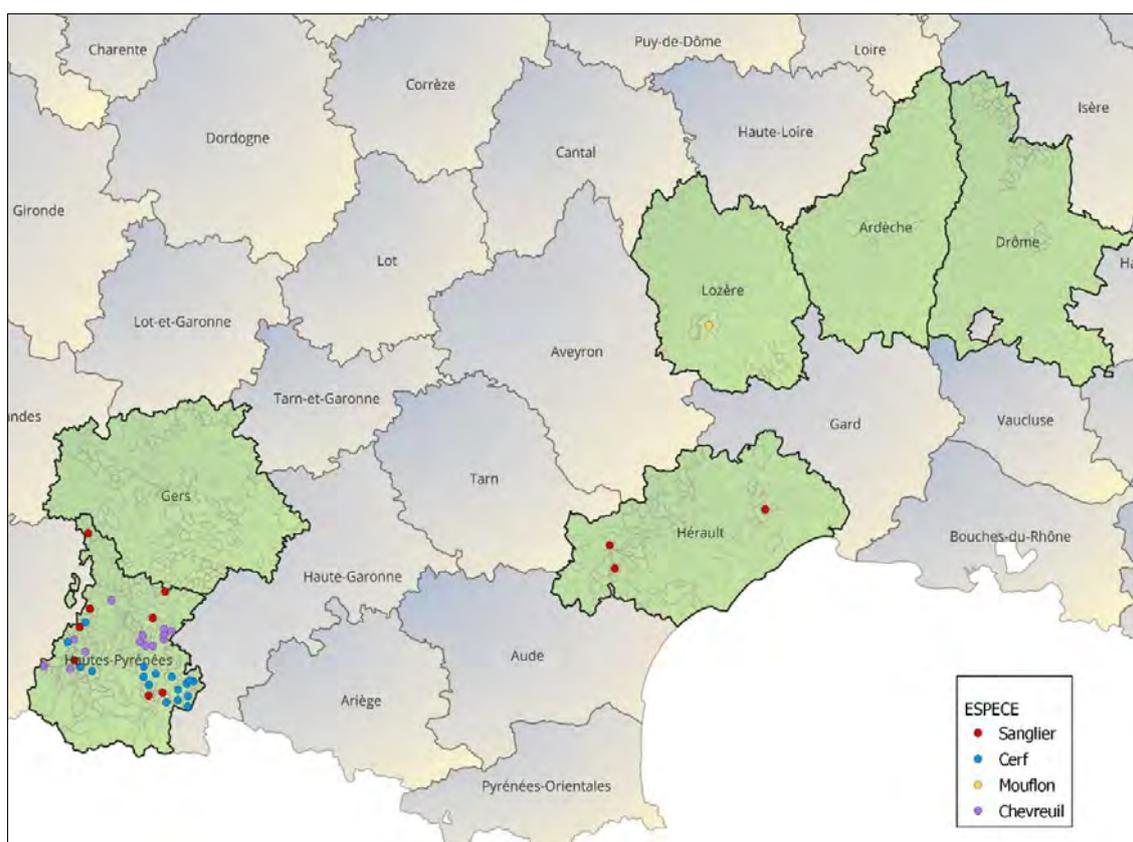


Figure 44 : Résultats positifs des sérologie FHCC sur des sérums issus de la faune sauvage dans huit départements (Haute-Corse non montrée sur la carte) du sud de la France.

Source : Vial comm. pers.

En résumé, des sérologies positives au CCHFV sont retrouvées chez des animaux domestiques et des animaux de la faune sauvage dans des proportions suffisantes pour suspecter une circulation virale locale dans plusieurs départements du sud de la France (Haute-Corse, Corse-du-Sud, Hautes-Pyrénées, Pyrénées-Orientales, Hérault, Gard, Bouches-du-Rhône, Alpes-Maritimes). Hormis les départements des Hautes-Pyrénées et Alpes-Maritimes, les résultats positifs coïncident avec les preuves de la présence de populations locales de *H. marginatum*. Toutefois, les études réalisées jusqu'à ce jour n'ont pas mis en évidence la présence du virus dans les tiques *H. marginatum* collectées, ni dans d'autres espèces de tiques collectées sur ruminants domestiques et sauvages.

6.1.2 Hypothèses expliquant le contexte épidémiologique

Les sérologies positives confirmées en séroneutralisation suggèrent qu'un virus de la FHCC circule en France. Cependant, l'absence de tiques infectées et de cas humain de FHCC interrogent sur cette circulation. Différentes hypothèses peuvent être proposées pour expliquer ces résultats. D'après les experts, aucune de ces hypothèses ne permettrait d'expliquer l'ensemble de la situation française actuelle. Il n'y a pas forcément d'hypothèse plus valable qu'une autre. Certaines hypothèses peuvent s'appliquer dans une zone particulière et être non valables dans une autre zone, plusieurs peuvent également se cumuler dans certain(e)s situations ou contextes.

6.1.2.1 Existence d'un virus CCHFV-like inconnu

La souche de virus circulant actuellement en France n'ayant jamais pu être caractérisée, une première hypothèse serait celle de l'existence d'un virus CCHF-like. Ce virus serait suffisamment éloigné de CCHFV pour ne pas être détecté en RT-PCR en temps-réel ciblée, ni même avec une PCR pan-Nairovirus (qui cible également les virus Dugbe ou Hazara), expliquant les résultats négatifs dans les tiques, mais serait suffisamment proche du CCHFV pour entraîner une réponse immunitaire spécifique puisque la sérologie positive à la FHCC et la séroneutralisation chez les bovins montrent bien qu'il n'y a pas de réaction croisée avec d'autres Nairovirus.

Bien que cette hypothèse ne puisse être totalement écartée dans l'état actuel des connaissances, les méthodes et outils de détection utilisés semblent suffisamment fiables pour qu'il ne lui soit pas accordé trop de poids.

6.1.2.2 Les communautés d'hôtes disponibles en France induisent une circulation à bas bruit

Selon l'effet de dilution (LoGiudice *et al.* 2003), si le vecteur, *H. marginatum* en l'occurrence, plutôt ubiquiste, a à sa disposition une grande diversité d'hôtes, certains étant de bons amplificateurs pour le CCHFV et d'autres qui ne le sont pas, sa probabilité de se gorger sur un hôte bon amplificateur est plutôt faible car il peut infester également des hôtes mauvais amplificateurs. On s'attend donc dans ce scénario à avoir une faible prévalence d'infection dans la population de tiques. Toutefois, l'abondance des tiques joue aussi, une faible prévalence d'infection appliquée à une population de tiques particulièrement abondantes, aboutissant à un nombre absolu important de vecteurs infectés. À l'inverse, si la diversité d'hôtes est plutôt faible pour *H. marginatum* et que ces hôtes disponibles sont de bons amplificateurs, la probabilité de se gorger sur un hôte bon amplificateur sera beaucoup plus élevée et on observera une hausse de la prévalence de CCHFV dans les populations de tiques. D'après Bernard *et al.* (2022), dans le cycle de transmission naturel supposé en France, les stades immatures ont principalement à leur disposition des lagomorphes et des oiseaux. Or, les populations de lapins et de lièvres ne sont pas assez conséquentes dans de nombreuses régions françaises où *H. marginatum* est endémique, contrairement à ce que l'on peut observer en Espagne. Les tiques immatures se gorgeraient ainsi par conséquent préférentiellement sur les oiseaux, c'est-à-dire sur des hôtes réfractaires au virus. De ce fait, la probabilité qu'une tique s'infecte à la stase immature et donne un adulte à jeun infecté est supposée faible. Les stades adultes étant ceux qui piquent occasionnellement l'être humain, le risque de transmission à l'être humain est lui aussi supposé faible ; toutefois, ce risque peut varier en fonction du taux d'exposition de l'être humain aux tiques *H. marginatum*, taux qui est encore inconnu. De la même manière, parmi les hôtes à disposition, du moins dans la faune domestique, les adultes de *H. marginatum* se gorgent *a priori* préférentiellement

sur chevaux qui ne font pas des virémies suffisantes pour réinfecter de nouvelles tiques. De ce fait, la probabilité qu'une tique s'infecte à la stase adulte et donne par transmission transovarienne ou *cofeeding* d'autres tiques infectées (si ces modes de transmission sont effectifs dans le contexte local) est supposée faible.

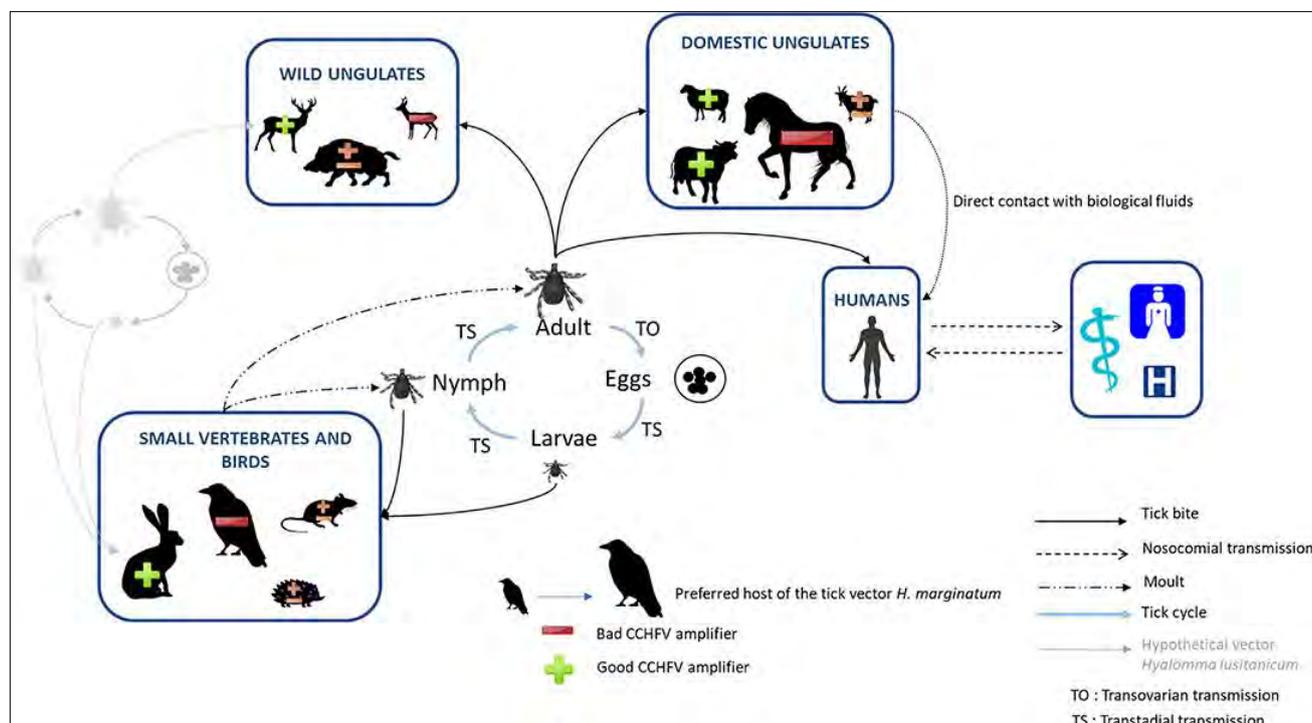


Figure 45 : Cycle présumé de transmission enzootique du virus de la FHCC en France impliquant *H. marginatum* et ces différents hôtes vertébrés.

Source: Bernard *et al.* (2022). La taille des animaux représente la préférence d'hôte de *H. marginatum*. La capacité de ces animaux à répliquer le virus est indiquée par les signes '+' dans le cas de bons amplificateurs du virus et par un signe '-' dans le cas de mauvais amplificateurs du virus.

Ainsi, la faible prévalence d'infection des tiques peut passer inaperçue si trop peu de tiques sont échantillonnées et testées en détection virale, et la transmission aux êtres humains peut être nulle à quasi nulle si leur exposition à des vecteurs infectés est extrêmement rare. Par contre, même si le contact des ongulés sauvages ou domestiques avec des tiques infectées est aussi rare, la présence d'anticorps peut tout de même être détectée puisque ces animaux semblent pouvoir les maintenir plusieurs années suite à une piqûre infectante. En comparaison, en Espagne, dans une première étude réalisée entre 2013 et 2015, au cours de laquelle 1 333 *H. marginatum* et 680 *H. lusitanicum* avaient été collectés dans toute l'Espagne sur des ruminants domestiques et dans l'environnement, aucune tique n'avait été trouvée infectée par le CCHFV (Palomar *et al.* 2017), alors que dans ce pays, la circulation d'un virus de la FHCC est confirmée et se manifeste par deux à trois cas humains chaque été depuis plusieurs années. Il a fallu attendre la collecte de tiques *Hyalomma* ciblant les hôtes préférentiels et supposés bons amplificateurs (*i.e.* les cerfs élaphe) dans ce pays et les zones où des cas humains de FHCC ont été rapportés, pour enfin détecter du virus FHCC (Negredo *et al.* 2019; Moraga-Fernández *et al.* 2021) en Espagne.

Actuellement, dans le contexte français, les tiques *H. marginatum* auraient ainsi à leur disposition des hôtes potentiellement peu aptes à permettre la multiplication du virus et donc à réinfecter de nouvelles tiques vectrices. La probabilité d'infection du vecteur serait assez faible au point de ne pas être détectée, ce qui n'empêche pas l'infection régulière des

ruminants à leur contact et le portage d'anticorps contre le CCHFV sur le long terme, d'où les séroprévalences non négligeables détectées chez ces animaux.

6.1.2.3 Possibilité d'un autre vecteur local

Les données de séroprévalence présentées ci-dessus (§6.1.1), notamment les sérologies de bovins dans les Alpes-Maritimes ou de faune sauvage dans les Hautes-Pyrénées, ne sont pas en cohérence avec la distribution connue de *H. marginatum*. En effet, dans les Alpes-Maritimes, la séroprévalence bovine est assez forte (4 %), alors que deux collectes de tiques à cinq ans d'intervalle, en 2017 (118 tiques collectées sur 121 chevaux dans 13 structures) et 2022 (92 tiques collectées sur 58 chevaux et trois vaches dans huit structures), n'ont pas permis de démontrer la présence de *H. marginatum*. Et pourtant, dans ce département, le statut infectieux des animaux vis-à-vis de CCHFV est évolutif. Des animaux se positivent d'une année à l'autre tandis que les séropositifs de l'année précédente conservent leur statut, avec parfois une densité optique qui augmente. Cela suggère l'existence de réinfections permettant de maintenir voire d'augmenter le taux d'anticorps chez les animaux et donc une circulation virale locale.

Dans les Hautes-Pyrénées, un modèle prédictif de distribution de *H. marginatum* récemment développé pour la France suggère que cette espèce ne peut pas s'installer dans ce département (Bah *et al.* 2022). De plus, alors que les stades adultes de *H. marginatum* sont connus pour pouvoir parasiter les sangliers, ils ne sont quasiment jamais rapportés sur cerfs élaphe en Espagne (Moraga-Fernández *et al.* 2021) et leur affinité pour les chevreuils est inconnue. Or, la majorité des animaux séropositifs dans les Hautes-Pyrénées sont des cerfs élaphe et des chevreuils.

Pour ces deux cas de figure, l'hypothèse de l'existence d'une autre espèce de tique vectrice de CCHFV localement pourrait être avancée et nécessite d'être étudiée. D'autres vecteurs potentiels de CCHFV sont en effet décrits dans la littérature. Parmi les tiques présentes en France, il y a *Dermacentor marginatus*, chez laquelle une étude russe a mis en évidence une transmission trans-ovarienne (Kondratenko *et al.* 1970). Toutefois, cette étude est ancienne et les résultats n'ont *a priori* jamais pu être confirmés, et il n'y a aucune donnée de transmission horizontale pour cette espèce de tique. Concernant *Rhipicephalus bursa*, présente aussi abondamment dans le sud de la France, Gargili *et al.* (2017) suggèrent que sa bio-écologie pourrait en faire un bon vecteur. Toutefois, aucune donnée de compétence vectorielle n'existe pour cette espèce de tique. Jusqu'à présent, les recherches du CCHFV dans les tiques collectées en Corse, où plus de 4 000 *Rh. bursa* et 800 *D. marginatus* ont été analysées, n'ont pas permis de mettre en évidence d'infection. Dans les pays où la FHCC est endémique, du virus a pourtant pu être détecté chez *Rh. bursa* et *D. marginatus*, mais toujours lorsque ces tiques étaient collectées sur des animaux qui pouvaient s'avérer virémiques.

L'autre hypothèse, qui à ce jour semble la plus probable, serait liée à la présence dans certaines régions françaises de *H. lusitanicum*, considérée en Espagne comme le principal vecteur du virus de la FHCC, devant *H. marginatum*. Les derniers signalements en France dataient des années 1960 dans le sud-ouest et en Camargue. Depuis, devant l'absence d'observations, on pensait que *H. lusitanicum* avait disparu ou du moins fortement régressé du fait des épizooties de myxomatose, le Lapin de garenne étant l'hôte préférentiel des larves et des nymphes de cette espèce. De nouvelles introductions de cette tique ont peut-être eu lieu, ou des populations résiduelles ont peut-être persisté et, du fait d'une modification des conditions qui leur seraient plus favorables, pourraient être en augmentation. Des collectes effectuées en 2020 et en 2022 près de l'étang de Berre ont en effet montré la présence de populations installées de *H. lusitanicum* près de garennes de lapins

(Stachurski, Vial et Dusoulier, comm. pers.). Cette tique n'était pas particulièrement recherchée lors des collectes de tiques effectuées en France jusqu'à récemment, étant donné que l'on pensait qu'elle avait disparu. De plus, son cycle se déroule principalement sur les lapins pour les stades immatures et sur les cervidés pour les stades adultes, et non sur animaux d'élevage, ce qui complique son observation et sa collecte.

Dans les Hautes-Pyrénées, cette hypothèse est d'autant plus probable que l'Espagne est proche et que ce sont principalement des cerfs élaphe et des chevreuils qui ont été trouvés séropositifs. Pour comparaison, en Espagne, *H. lusitanicum* est trouvé bien plus fréquemment infecté par CCHFV (2 à 4 %) que *H. marginatum* (Negredo *et al.* 2019; Moraga-Fernández *et al.* 2021), ce qui pourrait expliquer que l'on ne détecte pas de virus chez *H. marginatum* en France. Des études sérologiques réalisées sur cerfs élaphe en Espagne ont mis en évidence des séroprévalences de 69 % dans les zones où des tiques *Hyalomma*⁵⁴ ont été trouvées infectées par CCHFV, 26 % dans les zones où aucune infection n'a été détectée dans les tiques *Hyalomma* présentes, et 3 % là où aucune tique *Hyalomma* n'a été trouvée (Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitaria 2019). Par comparaison, dans les Hautes-Pyrénées, la séroprévalence est de 7 %, toutes espèces confondues.

La découverte fortuite de populations de *H. lusitanicum* en France permet aux experts d'envisager fortement l'hypothèse de son implication dans la circulation de CCHFV. Les piqûres de cette dernière pourraient être responsables de la transmission virale aux animaux vertébrés trouvés séropositifs, sans que le virus soit détecté dans des tiques puisque seules des *H. marginatum* ont été testées pour CCHFV. Des investigations doivent être menées afin d'identifier ces potentiels vecteurs. Dans ce sens, Camicas *et al.* (1994), au Sénégal, avaient mis en évidence la cohabitation de plusieurs vecteurs locaux, avec la concomitance de vecteurs principaux et secondaires qui maintiennent un cycle de transmission du CCHFV.

6.1.2.4 Une circulation virale localisée induisant un biais d'échantillonnage

Les études sérologiques ont toutes montré une forte hétérogénéité spatiale, avec des zones voire des élevages où le virus semble très bien circuler alors que ce n'est absolument pas le cas dans d'autres élevages ou zones proches. Les récentes enquêtes, menées par le Cirad (non publiées) dans les élevages bovins séropositifs pour y chercher des tiques, permettent de supposer que les estives⁵⁵ constitueraient des zones favorables à la circulation virale. Des études dédiées doivent être conduites pour le prouver.

Prenons le cas de la Corse où l'élevage bovin est principalement extensif, avec une mise en estive très fréquente et une gestion des animaux par lots. Les jeunes génisses ainsi que les vaches ayant vêlé tardivement sont conduites dans des zones naturelles en-dessous des estives dès le début du printemps. Les vaches qui ont vêlé plus précocement, au printemps ou en hiver, restent quant à elles avec leurs veaux dans des pâtures plus basses, proches de l'élevage, et ce n'est que lorsque les veaux partent à l'abattoir que les vaches sont menées en estive en mai-juin où elles rejoignent celles envoyées plus tôt. Les collectes de tiques testées pour la recherche de CCHFV sont réalisées sur les bovins amenés à l'abattoir. Ces tiques proviennent donc de veaux restés proches de l'élevage. À l'inverse, les animaux qui sont prélevés pour la prophylaxie annuelle et parmi lesquels on trouve des animaux séropositifs pour le CCHFV sont tous allés dans les estives, soit dès le début du printemps soit plus tard dans la saison.

⁵⁴ L'espèce n'est pas précisée dans le rapport espagnol et les données n'ont à ce jour jamais été publiées.

⁵⁵ Pâturage de montagne exploité en été

Dans le sud de la France et en Corse, ces zones d'estives sont des zones naturelles avec du maquis, et semblent très favorables à *H. marginatum*. En outre, en plus des vaches, ces sites hébergent aussi de la faune sauvage en abondance telle que des lagomorphes, sangliers et cervidés qui pourraient favoriser l'amplification et la transmission virale, voire la présence d'autres vecteurs tels que *H. lusitanicum*, plus inféodée à la faune sauvage. En revanche, ces estives sont peu fréquentées par l'être humain, si ce n'est par les éleveurs venant visiter parfois leurs animaux et par les randonneurs. La probabilité de transmission de CCHFV à l'être humain resterait donc malgré tout faible dans ces zones. À l'inverse, les pâtures près des exploitations présentent certainement de plus faibles abondances de tiques, ainsi que des communautés d'hôtes plus pauvres avec de nombreux équins qui sont de mauvais amplificateurs viraux ; la circulation virale y est certainement faible voire nulle, ce qui expliquerait l'absence de détection virale dans les tiques des veaux restants sur ces parcelles et présentés à l'abattoir. Bien que ces zones de basse altitude soient beaucoup plus anthropisées, si la circulation virale est faible à nulle, la probabilité de transmission à l'être humain reste très faible.

Il est possible que, dans les zones d'estives qui n'ont à l'heure actuelle jamais été échantillonnées pour y rechercher les tiques *Hyalomma*, le cycle de transmission du CCHFV soit favorisé par la coexistence des bovins et d'animaux de la faune sauvage (lagomorphes, cervidés, sangliers, etc.). À l'inverse, dans les zones plus basses en altitude et plus humides, les densités de *Hyalomma* seraient moins élevées. De plus, le cycle de transmission n'est pas forcément favorisé parce que les tiques se trouvent au contact de communautés d'hôtes, comme les chevaux, qui ne permettent pas la circulation virale. Dans les deux cas de figure, le risque de transmission à l'être humain reste supposé faible, soit parce qu'il n'est pas présent dans les zones où le virus circule, soit parce que le virus est quasi-absent chez les populations de tiques qui peuvent l'infester.

6.2 Évolution du risque épidémiologique et évaluation de l'émergence de FHCC sur le territoire métropolitain français

Bien qu'aucun cas humain autochtone de FHCC n'ait à ce jour été déclaré sur le territoire, et que les conditions abiotiques et biotiques actuelles en France ne semblent pas favorables à l'émergence et à la survenue régulière de cas de FHCC, la modification de certains facteurs pourrait entraîner un déséquilibre du contexte actuel et rendre favorables les conditions de survenue d'un cas autochtone de FHCC en France. En outre, des facteurs abiotiques et biotiques peuvent façonner l'écologie des tiques (dynamique des populations et aire de répartition géographique), et la modification de ces facteurs peut avoir des répercussions sur les schémas de distribution, ainsi que sur l'émergence et l'incidence de la FHCC.

Dans le cadre de ce rapport, « l'émergence » est à prendre au sens large du terme, c'est-à-dire comme l'augmentation de l'incidence de la maladie dans une population donnée d'une région donnée et durant une période donnée, par rapport à la situation épidémiologique habituelle.

6.2.1 Identification des facteurs d'émergence de la FHCC dans le contexte français

La sélection des facteurs de risque pour l'émergence de la FHCC a été réalisée en se fondant sur des travaux existants ayant identifié des déterminants et facteurs d'émergence de diverses maladies infectieuses (Morse 2004; Slingenbergh *et al.* 2004; Cardoen *et al.* 2014; Woolhouse et Gowtage-Sequeria 2005; Lafferty 2009) et les données de la littérature plus spécifiques à l'émergence de la FHCC (voir es revues de Chevalier *et al.* 2004; de la Rocque 2008; EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) 2009; Bernard *et al.* 2022). L'objectif de ce travail n'était pas de définir une liste exhaustive des facteurs et déterminants de l'émergence de zoonoses mais d'identifier les facteurs les plus communs aux zoonoses et notamment ceux déjà identifiés pour la FHCC. Aussi, les facteurs considérés ont été classés en grands domaines, sur la base du modèle de convergence⁵⁶ (King 2004) : les facteurs liés au virus de la FHCC, les facteurs liés aux humains et à l'activité humaine, les facteurs liés aux hôtes vertébrés et les facteurs liés aux changements globaux.

Dans un second temps, les experts du GT ont sélectionné, pour chacun des domaines, les facteurs considérés comme pertinents au regard de la situation française métropolitaine et des spécificités et des connaissances sur la FHCC localement. La terminologie a été modifiée pour définir les facteurs de risque et le sens de leurs actions, ceci dans le but de minimiser les problèmes d'interprétation. Les facteurs de protection, ou les facteurs sans effets dans le cas de la situation française n'ont pas été considérés (ou modifié dans la terminologie pour correspondre à un facteur de risque, le cas échéant) dans la suite de l'exercice. Ainsi, 29 facteurs ont au final été considérés dans le cadre de cet exercice (voir Tableau 18).

6.2.2 Hiérarchisation des facteurs d'émergence

En s'inspirant de la méthode DELPHI⁵⁷, les experts du GT ont individuellement estimé l'influence de ces 29 facteurs de risque sélectionnés, indépendamment de leurs interactions éventuelles. Pour évaluer l'influence des divers facteurs sur l'émergence de la FHCC, des scores allant de 0 à 5 ont été définis afin de hiérarchiser les facteurs selon leur importance dans l'émergence de la FHCC (Tableau 17). Un des prérequis à cette évaluation était de considérer *Hyalomma sp.* présente sur le territoire français.

Tableau 17 : Échelle des scores attribués à chaque facteur de risque

Note	Influence	Note	Influence
0	pas d'effet	3	modérée
1	très faible	4	élevée
2	faible	5	très élevée

⁵⁶ Différents modèles ont été proposés pour classer les facteurs de risque. Parmi ceux-ci, le modèle de CONVERGENCE concerne particulièrement les zoonoses (ré-)émergentes. Ce modèle classe les facteurs de risque potentiels en grands domaines (par exemple, facteurs écologiques et environnementaux, facteurs socio-économiques, facteurs biologiques, etc.) au sein desquels les animaux domestiques et sauvages, les humains et l'environnement jouent un rôle. Des facteurs de risque spécifiques d'émergence sont contenus dans les domaines. Le terme « convergence » provient du fait qu'il existe des rapports d'interdépendance entre les domaines, notamment entre la santé humaine, la santé animale et l'environnement, ce qui crée des interfaces et est à l'origine du concept *One Health*.

⁵⁷ La méthode DELPHI est une méthode visant à organiser la consultation d'experts sur un sujet précis, souvent avec un caractère prospectif important.

Par la suite, les moyennes numériques des scores des experts ont été calculées. Les résultats ont été discutés par le GT, notamment pour les facteurs pour lesquels l'écart-type à la moyenne était élevé (Tableau 18). Les experts ont ensuite eu la possibilité de modifier leurs votes suite à ces discussions et avant leur validation finale.

Tableau 18 : Liste des facteurs de risque et de leurs classements selon l'avis des experts en fonction de leurs impacts sur l'émergence de la FHCC en France.

Les 29 facteurs de risques sont classés ci-dessous en fonction de leurs types d'action et hiérarchisés au sein de ces catégories par importance de leurs impacts (note moyenne). Le classement, de 1 à 29, reclassifie l'ensemble des facteurs par ordre d'importance selon l'avis des experts, indépendamment de leur catégorie d'action. Les notes d'impact et de classement représentent la moyenne des notes des experts du GT ayant noté indépendamment chacun des facteurs. L'écart-type entre les votes est donné à titre d'information.

Facteurs de risque	Classement	Moyenne Impact (note de 0 à 5)	Ecart-type
Augmentation de la densité et de l'aire de répartition des tiques vectrices			
Augmentation de la densité et répartition d'hôtes nourriciers	3	4,20	0,79
Augmentation de la température estivale	5	4,10	0,99
Diminution des précipitations estivales	6	3,80	0,63
Modification de l'occupation des sols favorable aux tiques vectrices	8	3,60	1,17
Diminution de l'humidité	11	3,40	0,84
Inexistence de méthode de lutte efficace contre les tiques <i>Hyalomma</i>	21	2,70	1,16
Diminution de la présence de prédateurs de tiques	28	1,90	0,99
Augmentation de la circulation du CCHFV			
Augmentation de la prévalence du CCHFV chez les tiques	1	4,80	0,63
Augmentation de la prévalence de l'infection dans la faune sauvage et chez les animaux domestiques	2	4,30	0,82
Augmentation de la transmissibilité du virus (virulence)	17	3,00	1,33
Nouveaux vecteurs (autres espèces de <i>Hyalomma</i> non présentes + autres genres)	19	2,90	0,74
Diminution de l'immunité naturelle des animaux	29	1,80	1,03
Augmentation du contact être humain-tiques infectées			
Augmentation des activités à risque de piqûre par le vecteur	4	4,20	0,42
Modification de l'occupation des sols favorable aux contacts être humain-tiques infectées	7	3,70	0,95
Absence de sensibilisation aux mesures de prévention contre les piqûres de tique	18	3,00	0,94
Augmentation des populations réservoir animaux domestiques/sauvages			
Modification de l'occupation des sols favorable aux densités de populations d'espèces amplificatrices du CCHFV	10	3,50	1,08
Augmentation de la cohabitation entre les animaux domestiques et la faune sauvage	15	3,11	1,17
Augmentation de la circulation du virus dans les pays limitrophes	16	3,11	0,60
Augmentation des activités d'élevage en plein air d'espèces amplificatrices du CCHFV	20	2,90	0,57
Augmentation des importations de vertébrés amplificateurs du CCHFV (légal ou illégal)	23	2,60	1,26
Régulation des espèces amplificatrices du CCHFV	24	2,60	0,70
Élargissement du spectre d'hôte	26	2,30	1,34

Facteurs de risque	Classement	Moyenne Impact (note de 0 à 5)	Ecart-type
Diminution des densités de prédateurs de vertébrés amplificateurs du CCHFV	27	2,30	1,06
Mesures de surveillance et de prévention			
Absence de mesures de biosécurité en cas de circulation virale	9	3,60	0,97
Absence/inadaptation d'un système de surveillance animale	12	3,40	0,70
Absence de mesures de biosécurité aux frontières à partir de zones endémiques	13	3,40	1,07
Absence/inadaptation d'un système de surveillance entomologique	14	3,20	0,79
Absence/inadaptation d'un système de surveillance humaine	22	2,70	0,95
Absence de vaccin contre l'infection à CCHFV	25	2,40	1,35

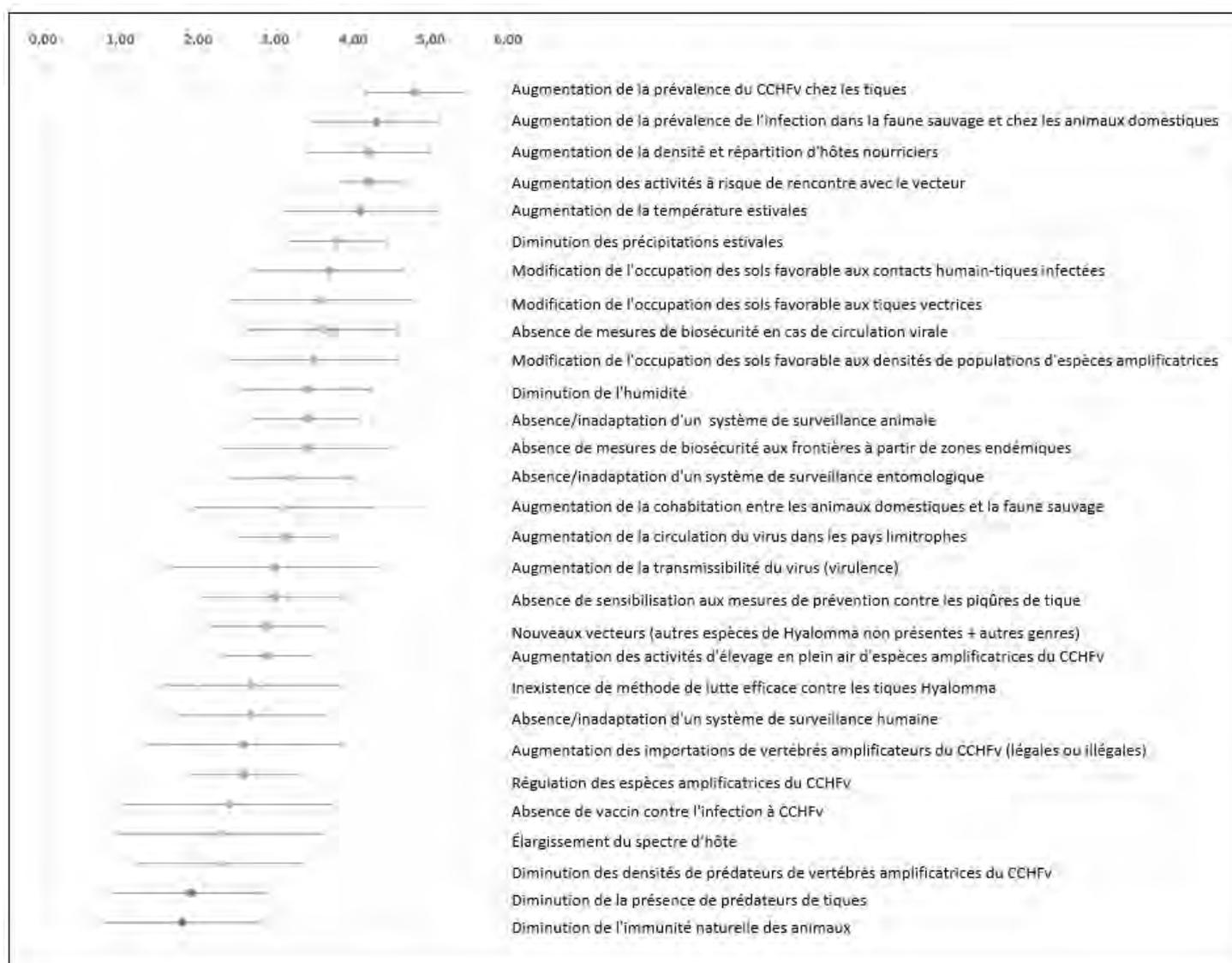


Figure 46 : Classement des différents facteurs de risque d'émergence de la FHCC en France selon leur ordre d'importance.

Les différents facteurs de risque sont classés dans la Figure 46 selon l'ordre d'importance accordé par les experts. Ainsi, les facteurs de risque influençant le plus l'émergence de la FHCC en France (avec un score moyen supérieur à 4) sont, selon les experts :

- l'augmentation de la prévalence virale chez les tiques ;
- l'augmentation de la prévalence de l'infection dans la faune sauvage et chez les animaux domestiques ;
- l'augmentation de la densité et de la répartition des hôtes nourriciers ;
- l'augmentation des activités à risque de rencontre avec le vecteur ;
- l'augmentation de la température estivale.

L'absence de vaccin contre l'infection à CCHFV, la diminution de la présence de prédateurs de tiques, l'élargissement du spectre d'hôte et la diminution de l'immunité naturelle des animaux ont quant à eux été considérés par les experts comme ayant une influence très faible (scores moyens inférieurs à 2).

Il est important de garder à l'esprit que cette analyse reste un instantané d'une situation présente. Les facteurs identifiés peuvent intervenir à des échelles spatio-temporelles restreintes, d'autres sont plus globaux. Par ailleurs, de nombreuses interactions existent entre la plupart des facteurs de risque pris en compte par les experts, ceci étant inhérent au caractère multifactoriel de l'émergence d'une maladie à transmission vectorielle.

En outre, l'intérêt de ce travail, mené par le GT, concerne l'alerte précoce (« *early warning* ») de la FHCC. En effet dans le cas où l'impact d'un des facteurs de risque considéré ici comme important augmenterait, l'attention des gestionnaires de risque devra être aussitôt attirée afin de mettre en place des mesures adéquates. Dans notre cas, les tiques du genre *Hyalomma* étant déjà largement distribuées dans la zone méditerranéenne, l'augmentation de la prévalence du CCHFV chez les tiques conduirait à une augmentation du contact entre les tiques infectées et l'être humain, et donc à l'augmentation de la probabilité de survenue d'un cas de FHCC alors qu'aucune mesure de gestion n'est mise en place. C'est pourquoi, des recommandations spécifiques pour les principaux facteurs de risques ont été proposées par les experts du GT et viennent s'inscrire dans ce rapport en complément des recommandations générales.

6.3 Évaluation de la probabilité de transmission vectorielle du CCHFV à l'être humain en France

Afin d'évaluer la probabilité de transmission du virus de la FHCC par piqûre de tique sur le territoire français, les experts ont estimé qualitativement la probabilité d'exposition de la population à des piqûres de tiques infectées. Il a été établi par le groupe d'experts que l'évaluation était faite pour la situation actuelle, dans un pas de temps de cinq ans, en se fondant sur les connaissances disponibles à la date de publication du présent rapport d'expertise et dans les conditions climatiques actuelles. Le Tableau 19 synthétise l'ensemble des éléments contextualisant l'analyse. La caractérisation du risque de transmission du CCHFV est fondée sur les données colligées dans ce rapport et sur l'analyse du contexte épidémiologique français.

Tableau 19: Éléments permettant de réaliser l'évaluation des risques de transmission vectorielle* de CCHFV

Éléments	Informations propres à la menace et au contexte évalué
Population	Population française métropolitaine, avec une attention particulière aux populations les plus exposées (éleveurs, forestiers, chasseurs, promeneurs, etc.)
Milieu, lieu	Toutes les régions françaises, avec une attention particulière pour les régions sous influence du climat méditerranéen
Temps	Dans les cinq années à venir (période 2022 – 2027)
Agent	Le virus de la FHCC
Événement	Transmission ponctuelle saisonnière du CCHFV et transmission vectorielle autochtone
Source	Tiques du genre <i>Hyalomma</i> infectées
Circonstances d'exposition	<ul style="list-style-type: none"> • Exposition à une souche virale autochtone (circulation virale en France) : Exposition au CCHFV par des piqûres de tiques d'espèces vectrices locales ou introduites et établies (établissement de cycles de réplication virale sur le territoire français) • Exposition à une souche virale en France issue d'une importation : <ol style="list-style-type: none"> 1/ Inoculation du CCHFV par des tiques infectées ayant été introduites par un hôte. 2/ Introduction du CCHFV par des humains ou des animaux infectés à partir de pays où il y a de la transmission.

* s'agissant ici de la transmission vectorielle du virus, celle par les fluides ou les aérosols n'a pas été considérée.

6.3.1 Exposition à une souche virale autochtone (circulation virale en France)

Le risque actuel de transmission vectorielle du CCHFV dépend de la présence de tiques du genre *Hyalomma* et de leur capacité à transmettre le virus, c'est-à-dire notamment de leur compétence vectorielle (qui est avérée), de la densité de leurs populations, de la disponibilité de leurs hôtes préférentiels, de leur variations journalières et saisonnières d'activité, et de leur contact avec des hôtes réceptifs au virus dont les êtres humains.

De ce fait, dans les conditions actuelles, la transmission vectorielle n'est envisageable que dans les zones colonisées par les vecteurs, c'est-à-dire principalement les zones actuellement à climat et végétation de type méditerranéen. *H. marginatum* et *H. lusitanicum* sont *a priori* des vecteurs majeurs de CCHFV et leur présence en France semble ainsi favorable à l'apparition d'un cas humain de FHCC. En outre, un cycle de transmission virale est supposé déjà exister en France (*cf.* sérologies positives). Toutefois, si l'on considère la capacité vectorielle des *Hyalomma* spp. françaises, comme présentée dans Bernard *et al.* (2022), les autres conditions locales françaises (hors compétence vectorielle, c'est à dire la distribution, l'abondance et les préférences trophiques des tiques) ne sont pas forcément favorables à l'émergence de cas humains. Comme présenté ci-dessus (§6.1.2), les conditions locales maintiendraient une prévalence d'infection chez le(s) vecteur(s) très faible et de ce fait un risque faible d'exposition de l'être humain au virus. Comme évoqué également, une autre hypothèse est aussi que ce fonctionnement entraînerait des circulations hyper-localisées de CCHFV

dans des zones qui restent encore à définir et pas forcément très fréquentées par l'être humain. Cependant, les connaissances actuelles sont encore trop peu avancées sur le contexte français pour évaluer complètement cette hypothèse.

Toutefois, dans les cinq prochaines années, compte tenu de la hausse prévisible des températures et des modifications de la pluviométrie, les changements climatiques vont favoriser le développement des *Hyalomma* sp., permettant leur expansion géographique (leur niche écologique va s'étendre à des zones à climat de type méditerranéen plus étendues et nombreuses), l'augmentation de leur densité (en fonction aussi de l'évolution des densités d'hôtes) et de leur période d'activité. Ces modifications, couplées ou non à des changements de pratiques d'élevage et d'utilisation des sols, pourraient favoriser le contact tiques/humains.

6.3.2 Exposition à une souche virale importée en France

Le risque lié à l'introduction d'une tique, a été évalué dans le chapitre 4 de ce rapport. Pour rappel, les voies d'introduction les plus probables étaient, par ordre d'importance, une introduction *via* les oiseaux migrateurs, les importations de bovins ou de chevaux, l'importation de lagomorphes et les importations illégales de tortues.

La tique à la stase adulte est celle qui est connue pour piquer l'être humain. Ainsi, le scénario le plus probable pour qu'un être humain s'infecte via une piqûre de tique infectée importée sur le territoire, correspond à l'arrivée d'une tique immature gorgée sur un oiseau migrateur, à sa transformation en stase adulte puis sa rencontre avec un être humain sur lequel elle va prendre un repas sanguin.

Pour que cela soit possible, il est nécessaire que les conditions climatiques soient favorables à la métamorphose des nymphes. Plus précisément, pour les populations de *H. marginatum* installées, la métamorphose nymphale doit intervenir rapidement, en fin d'été (les nymphes étant disséminées par leurs hôtes à partir de fin juin), et être accomplie avant l'automne. Pour les tiques introduites par les oiseaux migrateurs en mars, avril ou mai, il y a quelques semaines de plus (mai-juin) pendant lesquelles les températures sont suffisantes pour permettre l'accumulation des degrés-jours nécessaires à la métamorphose. Ces conditions sont présentes en France, mais aussi dans les pays voisins. La présence d'adultes *H. rufipes* et *H. marginatum* a ainsi été mentionnée en Allemagne (Chitimia-Dobler *et al.* 2019), en Suède (Grandi *et al.* 2020), ou encore au Pays-Bas (Uiterwijk *et al.* 2021). De plus, avec le réchauffement climatique les périodes de fortes chaleurs favorables à cette métamorphose nymphale sont de plus en plus fréquentes et longues.

En outre, une nymphe de l'espèce *H. rufipes* infectée par le CCHFV a pu être collectée sur un oiseau migrateur en Italie (Mancuso *et al.* 2019).

Dans le cas de l'introduction du CCHFV par des humains infectés ou des animaux à partir de pays endémiques, pour qu'une possible transmission par piqûre de tique soit possible, le scénario le plus probable serait que l'individu infecté (être humain ou animal) soit piqué durant sa phase virémique, qui est de courte durée, par une tique du genre *Hyalomma* immature en France, puis que cette dernière se métamorphose en restant infectieuse et pique à la stase adulte un être humain.

Pour conclure, à la lumière des données disponibles et des connaissances actuelles des experts, malgré la présence de tiques vectrices du genre *Hyalomma* et la probable circulation du CCHFV en France continentale et en Corse, du fait des conditions locales actuelles qui maintiennent une prévalence d'infection chez le(s) vecteur(s) très faible, la probabilité actuelle

d'une transmission vectorielle autochtone du CCHFV est considérée comme très faible à faible (4 à 5 sur 9) avec une incertitude élevée en France métropolitaine.

Les introductions de tiques vectrices du genre *Hyalomma* sp. sur le territoire français *via* les oiseaux migrateurs sont régulières, toutefois la prévalence d'infestation par le genre *Hyalomma* reste très faible comparée à celle du genre *Ixodes*, commun sur les oiseaux. De plus, pour qu'une transmission à un être humain soit possible, la tique doit être infectée, sa métamorphose doit avoir lieu (conditions climatiques favorables notamment), elle doit ensuite rencontrer un être humain et le piquer sans que celui-ci s'en débarrasse. Ce scénario semble peu probable, c'est pourquoi, la probabilité actuelle d'une transmission vectorielle ponctuelle suite à l'introduction d'une tique infectée via un oiseau est considérée par les experts comme minime (2 sur 9) avec une incertitude moyenne en France métropolitaine. L'introduction de tiques *via* d'autres espèces animales ayant été estimée moins probable, celle du virus par ces autres espèces l'est d'autant moins.

Lorsqu'un animal ou un humain est infecté, la virémie est de courte durée et de fait, la probabilité pour qu'une tique s'infecte sur cet animal/humain est très faible ; la probabilité actuelle d'une transmission vectorielle ponctuelle via des tiques locales et suite à l'introduction d'un hôte infecté est considérée par les experts comme quasi-nulle à minime (1 à 2 sur 9) avec une incertitude moyenne en France métropolitaine.

À noter, les probabilités de transmission en abattoir ou nosocomiale n'ont pas été considérées dans le cadre de cette expertise.

Il convient également de noter que dans la situation actuelle, la souche virale circulant sur le territoire n'ayant pas été caractérisée au niveau génétique, il serait difficile d'établir l'origine et le scénario de la contamination si un cas de FHCC survenait.

7 Appréciation de l'exposition aux agents pathogènes autres que le CCHFV susceptibles d'être transmis par les tiques du genre *Hyalomma* en France

L'ensemble des agents pathogènes pour lesquels des études ont rapporté des détections d'ADN ou d'ARN ou des isollements ou la détection de l'agent pathogène dans des tiques du genre *Hyalomma* sont présentés dans l'Annexe 2. La simple détection du matériel génétique de l'agent pathogène ne permettant pas de confirmer sa possible transmission et la compétence vectorielle des tiques incriminées (cf. § 2.4), seuls les agents pathogènes pour lesquels il existe des preuves de transmission (ou de fortes suspicions) par des tiques du genre *Hyalomma* ont été considérés par les experts dans ce chapitre.

Devant le peu de données épidémiologiques recensées pour les agents pathogènes considérés dans ce chapitre, ainsi que la variabilité des études (méthodes de détection, de collecte, origine géographique, saison, etc.), les experts ont apprécié de manière qualitative l'exposition suite à une piqûre de tique du genre *Hyalomma* sur le territoire français, au regard des données de la littérature et de leurs connaissances.

Il est à noter que pour les agents pathogènes des genres *Hepatozoon* et *Hemolivia*, des preuves de transmission de l'agent pathogène à un nouvel hôte par ingestion du vecteur ont été documentées. Toutefois, du fait de la spécificité de cette voie de contamination (pas par piqûre mais par ingestion du vecteur), ces agents pathogènes n'ont pas été considérés dans ce chapitre ; ils sont toutefois présentés dans l'Annexe 8.

7.1 Bactéries

7.1.1 *Rickettsia*

7.1.1.1 Généralités

Les rickettsies sont des bactéries intracellulaires strictes appartenant à l'ordre des Rickettsiales. Les espèces de *Rickettsia* ont été classées phylogénétiquement en quatre groupes principaux : (i) le groupe des agents de fièvre pourprée ou fièvre boutonneuse (ou « *Spotted Fever Group* » – SFG), représenté par plus de 20 espèces valides, toutes associées à des tiques, et dont plusieurs ont un impact sur la santé humaine (par ex, *Rickettsia rickettsii*, *R. conorii*, *R. japonica*, *R. sibirica*, *R. africae*, *R. parkeri*, *R. aeschlimannii*) ; (ii) le groupe typhus (TG), représenté par deux espèces, *R. prowazekii* et *R. typhi*, qui sont des agents pathogènes humains transmis respectivement par les poux et les puces ; (iii) le groupe transitoire (TRG), qui contient des agents pathogènes humains principalement associés aux tiques (*Rickettsia australis*), aux acariens (*R. akari*) ou aux puces (*R. felis*) ; et (iv) le groupe « Ancestral » (AG), représenté par plusieurs organismes associés aux tiques (par ex. g., *R. bellii*, *R. canadensis*) qui n'ont jamais été confirmés comme ayant un pouvoir pathogène pour l'être humain ou des animaux (Gillespie *et al.* 2007; Parola *et al.* 2013; Diop, Raoult, et Fournier 2019).

En Europe, les rickettsioses sont principalement causées par des *Rickettsiae* SFG transmises par les tiques (Merhej *et al.* 2014). En France, elles sont surtout présentes sur le pourtour méditerranéen avec des cas détectés lors de la saison estivale et au printemps, et essentiellement associés à *R. conorii*, responsable de la fièvre boutonneuse méditerranéenne (FBM), *R. slovaca* qui est le principal agent du SENLAT, *Scalp Eschar Associated with Neck Lymphadenopathy After Tick bite*⁵⁸, et *R. mongolitimonae* qui est l'agent de *Lymphangitis associated Rickettsia* (LAR) (Parola *et al.* 2013). D'autres espèces transmises par les tiques sont aussi retrouvées dans le bassin méditerranéen telles que *Rickettsia aeschlimannii*, *R. massiliae*, et *R. monacensis*.

7.1.1.2 Transmission par des *Hyalomma* sp.

Bien que de nombreuses études aient rapporté la détection de rickettsies dans différentes espèces de *Hyalomma*, des preuves de transmission ont été apportées seulement pour *R. aeschlimannii*. Il a ainsi été démontré que *R. aeschlimannii* peut être transmis de manière transovarienne chez *H. marginatum* (Matsumoto *et al.* 2004 ; Orkun *et al.* 2019). Une transmission transstadiale de la nymphe à des adultes mâles de *H. rufipes* a aussi été démontrée (Matsumoto *et al.* 2004).

R. aeschlimannii a été initialement isolé de tiques *H. marginatum* collectées au Maroc en 1992 (Beati *et al.* 1997), puis détecté dans des *H. marginatum* du Niger, du Zimbabwe et du Mali (Parola *et al.* 2001). Cette bactérie est également présente en Algérie et en Egypte, mais également en Turquie et en Israël (Maina *et al.* 2014 ; Lopez-Velez *et al.* 2015). La présence de *R. aeschlimannii* a également été démontrée chez des tiques *Hyalomma* spp. d'Europe, des taux d'infection de ces tiques par *R. aeschlimannii* ont ainsi été rapportés en Croatie (64 %) (Punda-Polic *et al.* 2002), et en Allemagne (50 %) (Chitimia-Dobler *et al.* 2019). En 2018, *R. aeschlimannii* a été détecté dans une *H. marginatum* retirée du membre postérieur d'un cheval en Autriche (Duscher *et al.* 2018). La bactérie a aussi été trouvée dans 48 des 137 tiques prélevées sur des oiseaux migrateurs en Italie en 2010 et 2011 (Battisti *et al.* 2020).

En France, l'ensemble des tiques *H. marginatum* collectées en Corse sur des bovins ou des sangliers étaient infectées (100 %) par l'agent pathogène humain *R. aeschlimannii* (Grech-Angelini *et al.* 2020). En Corse, les bovins sont élevés à l'extérieur toute l'année et les traitements acaricides sont rarement effectués, ce qui augmente la possibilité d'une large circulation de cette bactérie. Un taux d'infection aussi élevé est cohérent avec les taux d'infection de *H. marginatum* par *R. aeschlimannii* (> 50 % et > 70 %) précédemment rapportés en Corse (Cicculli *et al.* 2019; Grech-Angelini *et al.* 2020; Grech-Angelini *et al.* 2016).

7.1.1.3 Clinique

Le pouvoir pathogène des *Rickettsia* spp. du groupe SFG chez l'animal n'a pas été démontré et est toujours sujet à controverses. Chez l'être humain, la présentation clinique classique des rickettsioses se caractérise par l'apparition brutale de fièvre, de céphalées et d'une éruption cutanée, survenant deux à quatorze jours après une piqûre par un arthropode infecté. La première rickettsiose humaine causée par *R. aeschlimannii* a été documentée chez un patient français après un voyage au Maroc (Raoult *et al.* 2002). Récemment, le premier cas autochtone de cette infection en Europe a été rapporté en Grèce (Germanakis *et al.* 2013). Un deuxième cas européen d'infection par *R. aeschlimannii* a été décrit en Italie sans signes de type fièvre boutonneuse méditerranéenne mais

⁵⁸ Également appelé DEBONEL (*Dermacentor-Borne Necrosis Erythema Lymphadenopathy*) ou TIBOLA (*Tick Borne Lymphadenitis*).

avec une hépatite aiguë. Chez ce patient, *R. aeschlimannii* a été détectée par PCR réalisée sur le tissu hépatique (Tosoni *et al.* 2016).

En résumé, les études analysées montrent que *H. rufipes* et *H. marginatum* sont vectrices de *R. aeschlimannii*. Cette bactérie circulant d'ores et déjà sur le territoire français où ses vecteurs sont également présents, l'exposition à *R. aeschlimannii* suite à une piqûre de tique de ces deux espèces de *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque peu élevé à assez élevé (6 à 7 sur 9) avec une incertitude faible pour les êtres humains en France.

7.1.2 *Anaplasma* et *Ehrlichia*

7.1.2.1 Généralités

La famille des *Anaplasmataceae*, membre des Rickettsiales, appartient à la sous-classe alpha des Proteobacteria organisée en quatre genres : *Anaplasma*, *Ehrlichia*, *Neorickettsia* et *Wolbachia* (Dumler *et al.* 2001). Toutes les espèces de la famille des *Rickettsiaceae* sont des bactéries intracellulaires obligatoires qui se développent librement dans le cytoplasme de leurs cellules hôtes eucaryotes.

L'anaplasmose est causée par un certain nombre d'agents pathogènes dont *A. phagocytophilum*, *A. marginale*, *A. ovis*, *A. centrale*, *A. bovis*, *A. capra*, *A. platys* et « *Candidatus Anaplasma cameli* », qui sont présents dans le monde entier, en particulier dans les régions tropicales et subtropicales (Bakken et Dumler 2015; Ranjbar-Bahadori *et al.* 2012; Bastos *et al.* 2015; Sazmand *et al.* 2019). Les *Anaplasma* spp. sont pathogènes pour diverses espèces animales hôtes (Battilani *et al.* 2017; Sazmand *et al.* 2019; Karlsen *et al.* 2020), et *A. phagocytophilum* est un agent pathogène zoonotique chez l'être humain aux États-Unis et en Europe (Doudier *et al.* 2010). *Anaplasma marginale* est pathogène chez les bovins, avec une large distribution dans les régions tropicales et subtropicales (Kocan *et al.* 2003; M'ghirbi *et al.* 2016).

Certaines *Ehrlichia* spp. ont été identifiées comme pathogènes chez l'être humain, comme *Ehrlichia chaffeensis* qui est à l'origine de l'ehrlichiose monocyttaire humaine (Ismail *et al.* 2010). La nature zoonotique de l'ehrlichiose humaine est confirmée par les observations d'infections naturelles chez les chiens, les cervidés, les chevaux et les rongeurs (Sainz *et al.* 2015).

La preuve de transmission d'*Anaplasmataceae* par les tiques *Hyalomma* spp. n'ayant été apportée que pour *A. marginale*, nous n'aborderons ici que cette espèce. Il s'agit de l'espèce la plus pathogène parmi les espèces d'*Anaplasma* bovines, et elle est fréquemment signalée en Amérique du nord et du sud, en Afrique, en Asie et en Australie. En Europe, elle est limitée principalement aux pays méditerranéens et d'Europe centrale. Au moins 20 espèces de tiques ont été reconnues comme vectrices d'*A. marginale* dans le monde (Kocan *et al.* 2010). Cependant, jusqu'à présent, seules *Dermacentor reticulatus* et *Rhipicephalus (Boophilus) annulatus* ont été confirmées comme vectrices d'*A. marginale* en Europe (Zivkovic *et al.* 2007; Estrada-Peña *et al.* 2004). Cette bactérie peut aussi être transmise soit mécaniquement, soit par des diptères piqueurs hématophages (tabanidés, stomoxes). Dans les zones d'enzootie, les diptères piqueurs sont considérés comme les principales voies de transmission en raison de la fréquence de l'infection.

7.1.2.2 Transmission par des *Hyalomma* sp.

Une étude expérimentale ayant comme objectif d'examiner la transmission de deux souches d'*A. marginale* par trois espèces de tiques nourries sur des veaux présentant une bactériémie élevée – *H. excavatum*, *Rhipicephalus sanguineus* et *Rhipicephalus (Boophilus) annulatus* – à des veaux sensibles, a montré que les souches d'*A. marginale* pouvaient être transmises efficacement par *R. sanguineus* et avec un succès variable par *H. excavatum* (Shkap *et al.* 2009).

7.1.2.3 Clinique

Chez les bovins âgés de plus de deux ans, en cas d'infection symptomatique, *A. marginale* peut provoquer une fièvre persistante, une léthargie, un ictère, une perte de poids, un avortement et une diminution du rendement laitier, pouvant conduire à la mort si les animaux ne sont pas traités (M'ghirbi *et al.* 2016). Les bovins qui se remettent d'une maladie aiguë peuvent rester porteurs et servent de réservoirs pour la transmission à d'autres animaux (Eriks, Stiller, et Palmer 1993).

En résumé, les études analysées montrent que *H. excavatum* est vecteur d'*A. marginale*. *Hyalomma excavatum* n'étant pas le vecteur principal de cette bactérie et n'étant pas présent sur le territoire, mais pouvant être potentiellement introduit, **l'exposition à *A. marginale* suite à une piqûre de tique du genre *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque faible (5 sur 9) avec une incertitude faible pour les bovins en France.** Il convient toutefois de noter que *A. marginale* est présente et circule en Corse puisqu'elle a été identifiée dans 18 % (2/11) des tiques de l'espèce *R. (B.) annulatus* analysées lors de collectes réalisées sur des bovins (Grech-Angelini *et al.* 2020).

7.1.3 *Coxiella burnetii*

7.1.3.1 Généralités

Coxiella burnetii est une bactérie intracellulaire stricte à gram négatif responsable de la fièvre Q. Elle appartient à la classe des Gamma *Proteobacteria* et a initialement été considérée comme une rickettsie, et donc nommée *Rickettsia burnetii* avant d'être récemment exclue de l'ordre des Rickettsiales. Elle appartient dorénavant à l'ordre des Legionellales, famille des *Coxiellaceae* et genre *Coxiella*.

La fièvre Q est une zoonose présente dans le monde entier. *Coxiella burnetii* peut infecter un large éventail de vertébrés, notamment le bétail, diverses espèces sauvages et l'être humain (Lang 1990; Plummer *et al.* 2018). De nombreux cas humains sporadiques surviennent chaque année dans le monde, et des épidémies occasionnelles sont également fréquentes. L'épidémie de fièvre Q de 2007-2010 aux Pays-Bas a attiré l'attention en raison de son ampleur et de son caractère exceptionnel, plus de 4 000 cas humains ayant été signalés (van der Hoek *et al.* 2012; van Asseldonk, Prins, et Bergevoet 2013).

7.1.3.2 Transmission par des *Hyalomma* sp.

De nombreux travaux évoquent seulement la détection d'ADN de *C. burnetii* dans différentes espèces de *Hyalomma* (Yessinou *et al.* 2022; Körner *et al.* 2021; Duron *et al.* 2015). Outre le fait que cette détection ne soit pas une preuve de la transmission possible par les tiques, il faut noter que la plupart des travaux publiés ne permettent pas de distinguer *C. burnetii* des endosymbiontes *Coxiella*-like

présentes dans de nombreuses espèces de tiques. Pour faire la distinction, les études doivent avoir indiqué un isolement de la bactérie ou des résultats de séquençage de plusieurs gènes suffisamment discriminants (Duron *et al.* 2015).

Certains travaux ont néanmoins démontré la transmission transstadiale et transovarienne de *C. burnetii* chez *H. lusitanicum* (González *et al.* 2020b) et *H. detritum* (Pandurov et Zaprianov 1975), la transmission transstadiale chez *H. aegyptium* (Siroký *et al.* 2010), et la transmission transstadiale mais l'absence de transmission du mâle à la femelle lors de l'accouplement chez *H. asiaticum* (Daiter 1977).

7.1.3.3 Clinique

Chez les animaux, les infections sont généralement asymptomatiques et ne sont pas considérées comme un problème en santé animale, sauf chez les ruminants où la fièvre Q est une cause bien connue d'avortement (Rousset *et al.* 2010 ; EFSA, 2010). Chez l'être humain, les infections à *C. burnetii* varient d'asymptomatiques à graves (Raoult *et al.* 2005 ; Angelakis & Raoult, 2010). Les symptômes peuvent aller de légers symptômes grippaux à une pneumonie ou une hépatite. La maladie peut également entraîner une endocardite, des infections anévrismales, valvulaires ou vasculaires, un syndrome de fatigue chronique, une naissance prématurée ou un avortement, en particulier chez les personnes présentant des facteurs de risque de gravité. Bien que rarement mortelle, la fièvre Q peut rester très invalidante, même lorsqu'elle est traitée à l'aide d'antibiotiques (comme ce fût le cas lors de l'épidémie aux Pays-Bas (van der Hoek *et al.* 2012; van Asseldonk, Prins, et Bergevoet 2013).

La transmission de *C. burnetii* se fait majoritairement par inhalation d'aérosols contaminés. **L'exposition à *C. burnetii*, suite à une piqûre de tique *Hyalomma* spp. est possible, mais elle représente, selon les experts, un risque extrêmement faible (3 sur 9) avec une incertitude moyenne pour le bétail et l'être humain en France.**

7.2 Virus autres que CCHFV

De nombreux virus ont été détectés chez les tiques du genre *Hyalomma* (détection d'ARN) sans pour autant que leur transmission ait été prouvée en laboratoire. C'est le cas notamment des virus du genre *Orthonairovirus*, (famille *Nairoviridae*) : Tamdy, Meram, Chim, Kupe, Dugbe ; du genre *Bandavirus* (famille *Phenuiviridae*) : Bhanja ; du genre *Cardiovirus* (famille *Picornaviridae*) : Fièvre de la vallée Syr-Darya ; du genre *Thogotovirus* (famille *Orthomyxoviridae*) : Batken, Wanowrie, Dhori ; du genre *Orbivirus* (famille *Sedoreoviridae*) : *St Croix River Virus* ; du genre *Orthobunyavirus* (famille *Peribunyaviridae*) : Bunyamvera ; du genre *Alphavirus* (famille *Togaviridae*) : Forêt de Semliki, Sindbis ; du genre *Flavivirus* (famille *Flaviviridae*) : Chik Ross, Kadam, Forêt de Kyasanur, fièvre hémorragique d'Alkhurma, fièvre hémorragique de Omsk ; du genre *Orthobunyavirus* (famille *Peribunyaviridae*) : Matruh (voir Annexe 2).

Certains virus ont pu être isolés à partir de tiques *Hyalomma* spp. (gorgées ou non sur animaux) collectées sur le terrain comme les virus Karshi (*Flavivirus*), Kundal (*Coltivirus*), Wad Medani (*Orbivirus*), Jingmen tick (*Flavivirus*), Bahig (*Orthonairovirus*), Wanowrie (*Thogotovirus*), Dera Ghazi Khan (*Orthonairovirus*), Dhori (*Thogotovirus*), Thogoto (*Thogotovirus*) ; mais, là encore, sans preuve directe de transmission.

Des essais de transmission transstadiale du virus Dugbe par *H. rufipes* et *H. truncatum* après inoculation intracœlomique suggèrent qu'il pourrait être transmis par ces tiques (Okorie et Fabiyi 1979). En revanche, le virus de la Fièvre de la Vallée du Rift (*Phlebovirus*) n'est pas transmis transstadialement par les tiques *H. truncatum* après gorgement sur animal virémique ni après inoculation intracœlomique (Linthicum *et al.* 1989). Des essais d'infection de *H. dromedarii* par gorgement artificiel avec une large quantité de virus de l'encéphalite à tiques ont montré qu'il se multipliait dans les glandes salivaires et les ovaires de ces tiques (Nawrocka 1978). Ces études n'ont pas été considérées dans ce rapport comme apportant une preuve suffisante pour démontrer la compétence vectorielle des tiques du genre *Hyalomma* à transmettre ces virus.

Finalement, la transmission de seulement trois virus par des tiques du genre *Hyalomma* sélectionnées comme d'intérêt pour la France a été formellement démontrée : le virus West Nile, le virus de l'Encéphalite équine du Venezuela et le virus de la Peste équine.

7.2.1 Virus West Nile

7.2.1.1 Généralités

La fièvre de West Nile est une maladie zoonotique causée par le virus West Nile (WNV), également appelé virus du Nil occidental, appartenant à la famille des *Flaviviridae* et au genre *Flavivirus* (Kuno *et al.* 1998). Le WNV appartient au complexe antigénique (ou séro-complexe) de l'encéphalite japonaise, dont les membres, tous transmis majoritairement par des moustiques, sont capables de provoquer une affection fébrile chez l'être humain, voire une atteinte neurologique. Les différentes souches du WNV présentent une large diversité génomique et sont classées en neuf lignages distincts (Fall *et al.* 2017).

Le WNV est très largement distribué au niveau mondial, avec des dynamiques variables selon les lignages. Originaire d'Afrique, il s'est répandu en Asie et en Europe grâce aux oiseaux migrateurs. Bien que présent en Europe depuis les années 60 (lignage 1), une importante recrudescence de la circulation virale a été observée ces dernières années (émergence du lignage 2 qui présente une plus grande aptitude à se multiplier chez le moustique). Ainsi, en 2018, le nombre de cas a été particulièrement élevé avec 285 cas équins et 1 503 cas humains dans l'Union européenne, soit sept fois plus de cas humains qu'en 2017 (Zientara, Beck, et Lecollinet 2020). En France, après avoir été identifiée en Camargue en 1962 (Sambri *et al.* 2013), la maladie a ré-émergé en 2000 dans les Bouches-du-Rhône, l'Hérault et le Gard, avec des cas animaux et/ou humains diagnostiqués presque chaque année jusqu'en 2006. Une ré-émergence de la circulation virale en 2018 s'est traduite par la découverte de 13 cas équins et 27 cas humains.

Le WNV a un spectre d'hôtes très large (Marra *et al.* 2003). Les oiseaux sont les hôtes réservoirs (Zientara, Beck, et Lecollinet 2020), certains vecteurs faisant office de pont entre les oiseaux et les mammifères en se nourrissant sur diverses espèces des deux groupes. L'être humain et le cheval sont ainsi des hôtes accidentels ne participant pas au cycle épidémiologique (cul-de-sacs épidémiologiques). Le virus est transmis par diverses espèces de moustiques ornithophiles, et principalement appartenant au genre *Culex* (*C. pipiens* dans le monde et *C. modestus* en France) (Pradier *et al.* 2012). Les pics d'infection en Europe suivent les pics d'activité des moustiques et se situent ainsi entre mai et novembre (surtout juillet à septembre).

7.2.1.2 Transmission par des *Hyalomma* sp.

Le WNV a été occasionnellement détecté (ou isolé) à partir de plusieurs espèces de tiques dont des tiques du genre *Hyalomma* (Hubálek et Halouzka 1999). En conditions expérimentales, les tiques *H. marginatum* ont pu être infectées en se nourrissant sur des lapins virémiques puis ont été capables de transmettre le WNV à des hôtes sains (Formosinho et Santos-Silva 2006).

7.2.1.3 Clinique

Les signes cliniques peuvent être exprimés chez l'être humain, les équidés et certains oiseaux. L'infection humaine est le plus souvent asymptomatique. Cependant, dans 15 à 20 % des cas, des atteintes pseudo-grippales sont observées avec fièvre, céphalées, myalgies, arthralgies, nausées, vomissements et parfois un exanthème de type papuleux. Des atteintes neuro-méningées de type méningite ou méningo-encéphalite sont rencontrées dans 1 % des cas, avec létalité dans près de 10 % des cas (Hayes *et al.* 2005). Les manifestations cliniques ne sont observées chez les équidés que dans 5 à 20 % des cas, principalement des formes fébriles, des formes neuro-invasives (encéphalomyélite) survenant dans 1 à 10 % des cas, la létalité oscillant alors entre 20 et 57 %. Enfin, chez les oiseaux, l'infection est généralement inapparente, mais certaines souches virales, très virulentes, peuvent occasionner une atteinte nerveuse et une mortalité chez des oiseaux d'espèces variées : certaines souches de lignage 1 circulant en Moyen-Orient (Israël), en Europe du Sud, en Europe centrale et en Amérique (New York) et de lignage 2 circulant en Europe depuis 2018 (Zientara, Beck, et Lecollinet 2020).

En résumé, les études analysées montrent que *H. marginatum* peut transmettre le WNV. Cependant, *H. marginatum*, n'étant pas le vecteur principal du WNV et le rôle réel des tiques en tant que vecteurs du WNV étant à ce jour très incertain, **l'exposition au WNV suite à une piqûre de tique du genre *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque minime (2 sur 9) avec une incertitude moyenne en France.**

7.2.2 **Virus de l'encéphalite équine du Venezuela**

7.2.2.1 Généralités

Le virus de l'encéphalite équine vénézuélienne (VEEV) est l'un des trois virus américains appartenant au genre *Alphavirus*, de la famille des *Togaviridae* responsable du complexe « Méningoencéphalomyélite virale des équidés⁵⁹ » (MEM). Différents sous-types ont été identifiés au sein de l'espèce VEEV, elle-même composante d'un complexe antigénique plus large (« *Venezuelian equine encephalitis complex* ») (Kuhn 2013). Cependant, actuellement, seul le sous-type I constitue officiellement l'espèce VEEV, les autres sous-types étant maintenant considérés comme des espèces distinctes au sein du complexe antigénique. Parmi ces différents variants, I-AB et I-C sont considérés épizootiques, tandis que les I-D, I-E (plus les II, III, IV, V et VI) sont enzootiques et non pathogènes pour les chevaux, mais pouvant induire une maladie chez l'humain (Taylor et Paessler 2013; Sharma et Knollmann-Ritschel 2019).

⁵⁹ Maladies virales des équidés ayant en commun une expression clinique nerveuse marquée par des troubles méningés, encéphalitiques, myélitiques diversement associés.

Isolé initialement en 1938 sur un cheval mort d'encéphalite (Kubes et Ríos 1939), puis en 1950 à partir de cas humains en Colombie, le virus VEEV est aujourd'hui largement distribué en Amérique du Sud, Amérique Centrale, et dans une moindre mesure aux États-Unis (Guzmán-Terán *et al.* 2020). Les réservoirs sont surtout représentés par les rongeurs sauvages (*Sigmodontinae*) chez lesquels des moustiques principalement du genre *Culex* entretiennent un cycle sylvatique pour les variants enzootiques, responsables de cas sporadiques ou de petites épidémies humaines. À partir de ces populations, des variants épizootiques peuvent émerger, provoquant de fortes virémies chez les équidés qui peuvent alors jouer un rôle d'hôte amplificateur et disséminateur, *via* des moustiques, et entretenir la maladie. Les êtres humains peuvent alors être accidentellement infectés, les taux de morbidité et de létalité dépendant de la souche en cause. Certaines observations lors d'épidémies urbaines ont permis de suggérer que des populations humaines peuvent développer une virémie suffisamment importante pour entretenir le cycle de transmission (Morrison *et al.* 2008).

7.2.2.2 Transmission par des *Hyalomma* sp.

Malgré l'absence de *Hyalomma* sp. sur le continent américain, une étude s'est attelée à démontrer la possible transmission du VEEV par *H. truncatum* en condition expérimentale (Linthicum et Logan, 1994). Les auteurs ont pu montrer que des larves de *H. truncatum* pouvaient s'infecter lors d'un repas sanguin sur des cobayes virémiques, que le VEEV se transmettait alors sur un mode transstadial aux nymphes et adultes, et que des nymphes étaient capables de transmettre le virus entre cobayes.

7.2.2.3 Clinique

Le tableau clinique chez les chevaux est dominé pour la forme aiguë par une atteinte fébrile de l'état général associée ou non à des signes cliniques d'encéphalomyélite ou à des troubles encéphaliques (alternance dépression-excitation, voire crises de fureur, avec surdité et cécité partielle ou totale) évoluant souvent vers la mort (taux de létalité entre 20 et 80 %) (Taylor et Paessler 2013). Des formes suraiguës sont décrites (Walton *et al.* 1973), associant un syndrome fébrile très marqué avec diarrhée et parfois coliques, purpura⁶⁰ et une mort rapide sans signes nerveux, mais aussi des formes subaiguës, et des formes frustes ou inapparentes. Chez l'humain, les signes cliniques évoquent le plus souvent un syndrome grippal (confusion fréquente avec la dengue et la grippe). Les manifestations neurologiques, incluant désorientation, ataxie, dépression et convulsions peuvent être observées chez environ 14 % des patients infectés (le plus souvent des enfants) avec un taux de létalité généralement inférieur à 1 % (pouvant aller jusqu'à 10 % lors de cas sévères) (Guzmán-Terán *et al.* 2020).

En résumé, les études analysées montrent que *H. truncatum* peut transmettre VEEV à des cobayes en laboratoire. *Hyalomma truncatum* n'étant pas le vecteur principal de ce virus et n'étant pas présent sur le territoire français, mais pouvant être potentiellement introduit, **l'exposition au VEEV suite à une piqûre de tique du genre *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque quasi nul (1 sur 9) avec une incertitude moyenne pour les équidés et les humains en France.**

⁶⁰ Le purpura se caractérise par des taches hémorragiques cutanées non effaçables à la vitropression, liées à l'extravasation des hématies hors des vaisseaux de la peau traduisant soit une anomalie des plaquettes, soit une anomalie des vaisseaux.

7.2.3 Virus de la Peste équine

7.2.3.1 Généralités

La Peste équine (ou *African Horse Sickness*) est une maladie majeure des équidés causée par le *African horse sickness virus* (AHSV), appartenant à la famille des *Reoviridae*, genre *Orbivirus* (Borden, Shope, et Murphy 1971). Le AHSV constitue un séro groupe subdivisé en neuf sérotypes (Vreede et Huismans 1994).

En conditions naturelles, le AHSV infecte préférentiellement les équidés et, dans certaines circonstances, les chiens, sans pour autant que ces derniers jouent de rôle dans le cycle de transmission. Le virus est transmis entre équidés lors de piqûres d'arthropodes hématophages, et aux chiens par consommation de viande contaminée⁶¹. Des moustiques ont été trouvés infectés (*Aedes*, *Culex*, Anophèles, etc.), mais le principal vecteur biologique est *Culicoides imicola* (Mellor 1993). La peste équine est enzootique au sud du Sahara (du Sénégal à l'Éthiopie et à la Somalie, s'étendant au sud jusqu'à l'Afrique du Sud), mais a pu épisodiquement être observée au cours du XX^e siècle dans d'autres territoires (Proche- et Moyen-Orient, Afrique du Nord, péninsule ibérique), et plus récemment en 2020 en Thaïlande et Malaisie, sous formes d'épizooties.

7.2.3.2 Transmission par des *Hyalomma* sp.

Le AHSV a été occasionnellement isolé à partir de tiques de l'espèce *H. dromedarii* (Mellor 1993). Ainsi, (Salama, El-Husseini, et Abdalla 1979; 1980) ont isolé le sérotype 9 de 17 % de 2 089 tiques de cette espèce collectée en Égypte. Ces mêmes auteurs ont rapporté la présence du AHSV chez des tiques adultes non gorgées qui ont pu par la suite transmettre le AHSV à des dromadaires et des chevaux lors d'un repas sanguin. (F. I. Awad *et al.* 1981) ont également réussi à transmettre le AHSV de sérotype 9 de chevaux infectés à des chevaux sains par l'intermédiaire de tiques adultes de l'espèce *H. dromedarii*. Enfin, cette même étude a montré une transmission transstadiale des larves aux nymphes et des nymphes aux adultes, mais l'absence de transmission transovarienne. Cette capacité d'infection et de persistance transstadiale (sans passage transovarien) a aussi été observée par (Dardiri et Brown 1989).

7.2.3.3 Clinique

Les chevaux sont très sensibles au virus de la peste équine, la maladie se manifestant sous une forme aiguë à suraiguë (avec une forte létalité). Les mulets, bardots et ânes sont beaucoup moins affectés, les autres équidés (comme les zèbres, *a priori* réservoir du virus) ne manifestant aucun signe clinique. Le chien est la seule autre espèce animale pour laquelle une infection naturelle létale (formes pulmonaires) a été rapportée (Lubroth 1988).

Après une période d'incubation durant en moyenne de trois à six jours, la maladie survient après une poussée fébrile irrégulière et ascendante et évolue sous deux formes principales selon la prédominance de l'atteinte pulmonaire ou cardiaque (Zientara, Weyer, et Lecollinet 2015). La forme pulmonaire est la plus sévère, elle se manifeste par une congestion des muqueuses, une anorexie, des troubles respiratoires marqués accompagnés d'une tachycardie, et conduit le plus souvent à la mort par asphyxie (dans plus de 90 % des cas). La forme cardiaque ou œdémateuse se rencontre chez les individus plus résistants ou infectés par une souche moins pathogène. Dans ce cas, après une poussée fébrile progressive, des œdèmes sous-cutanés apparaissent, s'étendent et deviennent

⁶¹ Il n'y a pas de preuves de transmission vectorielle pour les chiens.

plus ou moins envahissants. Les signes cardiaques apparaissent alors, pouvant conduire à la mort (environ 50 % des cas). Enfin, on peut aussi observer des formes mixtes (pulmonaires et œdémateuses) souvent létales (environ 70 % des cas), et des formes atypiques de type nerveuses, ou frustes, voire inapparentes.

En résumé, les études analysées montrent que *H. dromedarii* peut transmettre le AHSV. Toutefois, *H. dromedarii* n'étant pas le vecteur principal de ce virus et n'étant pas présent sur le territoire, mais pouvant être potentiellement introduit, **l'exposition au AHSV suite à une piqûre de tique *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque quasi nul (1 sur 9) avec une incertitude moyenne pour les équidés en France.**

7.3 Parasites

Les parasites transmis par des *Hyalomma* appartiennent aux genres *Theileria*, *Babesia*, *Hepatozoon* et *Hemolivia*.

7.3.1 *Theileria*

7.3.1.1 Généralités

Les protozoaires du genre *Theileria* appartiennent à l'ordre des *Piroplasmida* et à l'embranchement des *Apicomplexa*, et sont transmis par les tiques dures.

Les maladies associées à l'infection par ces protozoaires sont couramment appelées theilérioses et présentent une importance économique majeure en santé animale dans de nombreux pays. Elles conduisent à des pertes économiques considérables suite à une surmortalité et à des baisses de production chez les ruminants domestiques. À titre d'exemple, l'impact économique de la theilériose tropicale à *Theileria annulata* a été estimé à 498,7 millions de dollars par an en Inde (Rajendran et Ray 2014).

Les *Theileria* spp. présentent une spécificité assez étroite pour leurs hôtes mammifères et ne sont pas zoonotiques (Kumar, Manjunathachar, et Ghosh 2020 ; Yabsley et Shock 2013). Ce sont des parasites intracellulaires obligatoires qui se multiplient à l'intérieur des globules blancs (formes schizontes dans les lymphocytes et macrophages), puis dans les globules rouges (piroplasmes formant des tétrades, souvent en croix de Malte puis formes gamontes) des mammifères infectés (Uilenberg 2006).

7.3.1.2 Transmission par des *Hyalomma* sp.

Les tiques du genre *Hyalomma* sont impliquées dans la transmission de plusieurs *Theileria* sp. aux ruminants et aux chevaux. La reproduction sexuée du parasite a lieu chez la tique chez qui on observe une transmission transstadiale de la larve à la nymphe et de la nymphe à l'adulte. La transmission transovarienne n'est en revanche pas décrite, il n'y a donc *a priori* pas de transmission des agents d'une génération à la suivante.

Chez les bovins, certaines espèces du genre *Hyalomma* sont les vecteurs confirmés de *Theileria annulata*, l'agent de la theilériose tropicale ou theilériose méditerranéenne, endémique en Afrique du Nord, en Asie, au Moyen-Orient et dans le sud de l'Europe (Portugal) (Agina *et al.* 2020). Parmi les espèces d'intérêt pour la France, sept sont des vecteurs confirmés : *H. anatolicum*, *H. dromedarii*, *H. excavatum*, *H. impeltatum*, *H. lusitanicum*, *H. rufipes*, *H. scupense*. En Afrique du Nord, les

principaux vecteurs sont *H. scupense*, *H. anatolicum*, *H. dromedarii* et *H. lusitanicum* (Gharbi *et al.* 2020).

Chez les petits ruminants, les tiques *H. anatolicum* sont des vecteurs confirmés de *T. lestoquardi* (également appelé *T. hirci*), l'agent de la theilériose maligne du mouton et de la chèvre (Yaghfoori, Mohri, et Razmi 2017). De l'ADN de *T. lestoquardi* a été retrouvé dans les tiques *H. marginatum* récoltées sur des petits ruminants sans que le rôle vecteur de cette espèce pour cet agent n'ait pu être confirmé expérimentalement. El-Azazy *et al.* ont évoqué le rôle vecteur potentiel de *H. impeltatum* du fait de la présence de ces tiques sur des moutons infectés en Arabie Saoudite (El-Azazy, El-Metenawy, et Wassef 2001). Cette theilériose est décrite au Moyen-Orient, en Afrique du Nord et de l'Est, en Inde, en Chine, en Asie centrale et dans le sud et l'est de l'Europe⁶² (Ghafar *et al.* 2020).

Les tiques du genre *Hyalomma* sont également impliquées dans la transmission de *Theileria ovis*, responsable d'une theilériose sub-clinique chez les ovins et les caprins en Europe, en Asie et en Afrique (Azmi, Al-Jawabreh, et Abdeen 2019). La compétence vectorielle de *H. anatolicum* pour *Theileria ovis* a été démontrée expérimentalement (Li *et al.* 2010). *Rhipicephalus bursa* et *Haemaphysalis punctata* participent également à la transmission de cet agent en zone d'endémie de la maladie (Stuen 2020).

Chez les chevaux, les tiques du genre *Hyalomma* sont impliquées dans la transmission de *Theileria equi*, un des deux principaux agents de piroplasmose équine avec *Babesia caballi*.

L'infection des équidés (chevaux, ânes, mulets et zèbres) par *T. equi* est décrite dans de nombreuses régions du monde, notamment en Amérique centrale et du Sud, en Asie, dans la péninsule arabique et en Europe avec une séroprévalence supérieure à 20 % dans de nombreux pays européens (Nadal, Bonnet, et Marsot 2021 ; Onyiche *et al.* 2019). La piroplasmose équine à *T. equi* est une maladie endémique en France (Nadal *et al.* 2022). Une étude réalisée dans le sud de la France a évalué la séroprévalence à 58 % (Guidi *et al.* 2015). Pas moins de 26 espèces de tiques appartenant aux genres *Amblyomma*, *Dermacentor*, *Haemaphysalis*, *Hyalomma*, *Ixodes* et *Rhipicephalus* sont des vecteurs suspectés ou confirmés de *T. equi* aux chevaux (Scoles et Ueti 2015). Parmi les tiques du genre *Hyalomma*, la compétence vectorielle de *H. anatolicum*, *H. dromedarii*, *H. excavatum* et *H. lusitanicum* a été confirmée expérimentalement pour *T. equi* (Kumar *et al.* 2007; Zapf et Schein 1994; Zapf et Schein 2004; Moltmann *et al.* 1983).

7.3.1.3 Clinique

Chez les bovins et les petits ruminants, les infections par *T. annulata* et *T. lestoquardi* sont responsables d'un syndrome hémolytique grave. *Theileria annulata*, est considérée comme une des espèces de *Theileria* les plus pathogènes chez les bovins. Trois formes cliniques sont décrites : suraiguë, aiguë et atténuée. Les races européennes sont plus susceptibles de développer des formes cliniques graves avec un taux de mortalité allant de 40 à 90 %, alors qu'il n'est que de 3 % pour les races africaines (Gharbi, Mhadhbi, et Darghouth 2012; Rashid *et al.* 2018).

Chez les bovins, la forme suraiguë de l'infection par *T. annulata* se traduit par une hyperthermie d'apparition brutale, une hypertrophie généralisée des nœuds lymphatiques (parfois localisée aux seuls nœuds lymphatiques drainant le lieu de fixation de la tique), un ictère franc et des troubles nerveux. La mort survient en trois à six jours. La forme aiguë, la plus fréquente, se manifeste par une

⁶² <https://www.oie.int/app/uploads/2021/03/theileriosis.pdf>

lymphadénomégalie le plus souvent généralisée, une hyperthermie, une dysorexie ou une anorexie et un abattement pouvant persister pendant 15 jours. Une anémie hémolytique s'installe. Elle peut évoluer vers un ictère, une hémoglobinurie, l'observation de pétéchies, de suffusions et d'ecchymoses. Une forme atténuée est décrite chez les races autochtones pour lesquels les signes cliniques sont similaires mais moins intenses. L'animal peut en réchapper après une convalescence plus ou moins longue (Gharbi, Mhadhbi, et Darghouth 2012).

Chez les petits ruminants, l'infection à *T. lestoquardi* se manifeste par une forme le plus souvent grave, proche de celle observée lors de l'infection par *T. annulata* chez les bovins. Chez les ovins et les caprins, la morbidité est proche des 100 % et la mortalité peut atteindre 46 à 100 % pour les races les plus sensibles (Awad *et al.* 2020). L'infection se manifeste par de l'anorexie, de l'anémie, de la fièvre, une hypertrophie des ganglions lymphatiques préscapulaires, une hémoglobinurie, une insuffisance cardiaque et peut conduire à la mort (Ghafar, Abbas, *et al.* 2020).

L'infection par *Theileria ovis* est considérée comme bénigne chez les ovins et caprins. Elle se traduit le plus souvent par une forme sub-clinique (Al-Hamidhi *et al.* 2021).

Chez les chevaux, la piroplasmose équine peut être aiguë, subaiguë ou chronique. La forme aiguë se caractérise par une hyperthermie, une baisse de forme, une anorexie ou une dysorexie, une tachycardie et une tachypnée, l'apparition de pétéchies et/ou d'œdèmes, une splénomégalie et une anémie hémolytique associée à une thrombopénie pouvant conduire à une hémoglobinurie, un ictère puis à la mort (Onyiche *et al.* 2019). L'infection peut se traduire également chez les équidés par des troubles digestifs et des avortements (Onyiche *et al.* 2019). Pour les chevaux qui guérissent de la forme aiguë, la maladie peut évoluer vers une forme chronique et les chevaux peuvent rester porteurs pauci- ou asymptomatiques et devenir alors réservoirs du parasite (Onyiche *et al.* 2019; Schnittger *et al.* 2012; Scoles et Ueti 2015). Les manifestations cliniques de la forme chronique, quand elles existent, sont dominées par une baisse des performances due à l'anémie (Onyiche *et al.* 2019; Schnittger *et al.* 2012).

En résumé, les études analysées montrent que de nombreuses espèces de *Hyalomma* sont vectrices de *Theileria* dont certaines déjà présentes sur le territoire (theilerioses des équidés), et d'autres pouvant être potentiellement introduites (theilerioses des bovins et ruminants). *Theileria equi* étant déjà présente en France mais les stades immatures des *Hyalomma* présentes en France se nourrissant peu sur des équidés, **l'exposition à *T. equi*, suite à une piqûre de tique *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque très faible (4/9) pour les équidés en France. En France, l'exposition à *T. ovis* et *T. lestoquardi*, par une piqûre de tique *Hyalomm* représente quant à elle, selon les experts, respectivement des risques extrêmement faible (3 sur 9) et minime (2 sur 9), Enfin, l'exposition à *T. annulata*, par une piqûre de tique *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque peu élevé (6 sur 9) en France. L'incertitude liée à ces expositions est faible pour l'ensemble des évaluations.**

7.3.2 *Babesia*

7.3.2.1 Généralités

Les protozoaires du genre *Babesia*, classés en grandes et petites formes, transmis par des tiques dures, appartiennent à l'ordre des Piroplasmida et à l'embranchement des Apicomplexa.

La maladie associée à l'infection est couramment appelée babésiose ou « piroplasmose » pour faire référence à l'aspect « en poire » des formes intra-érythrocytaires des parasites. Les *Babesia* sp. sont des parasites intracellulaires obligatoires qui se multiplient uniquement à l'intérieur des hématies des

mammifères infectés (Uilenberg 2006). Près de 100 espèces du genre *Babesia* ont été définies, dont plusieurs sont capables d'infecter l'être humain (Chauvin *et al.* 2009).

La reproduction sexuée du parasite a lieu chez la tique. Les protozoaires du genre *Babesia* se transmettent d'une stase à l'autre de la tique par transmission transstadiale et de la femelle infectée à sa descendance par transmission transovarienne, contrairement aux *Theileria* sp. (Chauvin *et al.* 2009).

La babésiose est répandue dans le monde entier et représente une menace importante pour les humains et les animaux. La maladie, touche les animaux – principalement les bovins, les ovins, les caprins, les équidés et les canidés – et les humains (Homer *et al.* 2000).

7.3.2.2 Transmission par les *Hyalomma* sp.

Des *Babesia* spp. peuvent être transmis par plusieurs genres/espèces de tiques notamment *H. rufipes*, *H. anatolicum*, *H. scupense*, *H. dromedarii* et *H. truncatum* pour lesquels des évidences de la transmission ont été apportées. De l'ADN de *B. bovis*, *B. ovis*, *B. bigemina*, *B. pecorum* (cervidés), *Babesia* sp. Tavsan 1, *B. microti*, *B. canis* et *B. caballii* a été détecté dans des tiques du genre *Hyalomma* (Karasartova *et al.* 2018) sans démonstration formelle de la compétence (Kumar, Manjunathachar, et Ghosh 2020; Yabsley et Shock 2013).

Chez les ruminants, parmi les tiques du genre *Hyalomma*, *H. rufipes* est un vecteur confirmé de *Babesia occultans* aux bovins (Gray et De Vos 1981; Ozubek *et al.* 2020). *B. occultans* a été décrit pour la première fois en 1981 en Afrique du Sud. L'espèce est aujourd'hui endémique dans plusieurs pays d'Afrique sub-saharienne et en Afrique du Nord (Ozubek *et al.* 2020; Ros-García *et al.* 2011). Des foyers ont également été décrits en Russie et dans le sud de l'Europe (Italie, Baléares) (Decaro *et al.* 2013; Ghafar *et al.* 2020; Ozubek *et al.* 2020; Ros-García *et al.* 2012)

En Chine, *Hyalomma anatolicum* transmet également aux bovins une espèce de *Babesia* encore mal caractérisée, appelée *Babesia U* sp. Kashi (Luo *et al.* 2002). Cette dernière a été isolée à partir d'une *H. anatolicum*, et les auteurs ont montré que *H. scupense* et *H. rufipes*⁶³ étaient capables de s'infecter sur des bovins parasités et de transmettre le parasite aux stades suivants par transmission transovarienne et transtadiale (Luo *et al.* 2002; 2003; 2005).

7.3.2.3 Clinique

L'infection des érythrocytes par les parasites du genre *Babesia* induit chez l'animal une destruction plus ou moins massive des globules rouges. Dans les formes les plus graves, elle est responsable d'une anémie hémolytique et de la libération de débris cellulaires et de toxines dans le courant sanguin pouvant conduire à des défaillances multi viscérales (Gray, Estrada-Peña, et Zintl 2019). *Babesia occultans* est une espèce considérée comme peu pathogène pour les bovins (Ozubek *et al.* 2020) contrairement à certaines autres espèces de *Babesia* transmises par d'autres genres de tiques dures. L'infection par cette dernière peut toutefois se traduire par de l'anémie, une hyperthermie et une baisse de production chez les animaux infectés. Les signes cliniques rétrocedent le plus souvent rapidement après administration d'un traitement spécifique (Decaro *et al.* 2013).

⁶³ Il convient de noter, que *H. rufipes* n'est normalement pas présente en Chine, les auteurs l'ayant décrit l'ont probablement confondu avec *H. marginatum*.

En résumé, les études analysées montrent que *H. rufipes* est vecteur de *B. occultans*. *Hyalomma rufipes* n'étant pas présente sur le territoire, mais étant introduite régulièrement, **l'exposition à *B. occultans* suite à une piqûre de tique *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque minime (2 sur 9) avec une incertitude moyenne pour les bovins en France.**

7.4 Conclusion du chapitre

Outre le virus de FHCC qui a été présenté dans le chapitre 4, de nombreux agents pathogènes peuvent être transmis par les tiques du genre *Hyalomma*. Les éléments présentés dans ce chapitre sont résumés dans le tableau ci-après (Tableau 20). Il convient de rappeler que pour les agents pathogènes zoonotiques, l'exposition n'est pas équivalente pour les humains et les animaux, les humains n'étant de plus jamais des hôtes préférentiels pour les tiques du genre *Hyalomma*.

Tableau 20 : Synthèse des appréciations, sur avis d'expert, de l'exposition des hôtes en France des agents infectieux pouvant être transmis par les tiques du genre *Hyalomma* spp.

Agent infectieux	Espèces hôtes d'intérêt ⁶⁴	Appréciation de l'exposition pour les hôtes (note de 0 à 9)	Incertitude (de 1 à 4)	Argumentaire
<i>Rickettsia aeschlimannii</i>	Êtres humains	Peu élevée à assez élevée (6 à 7/9)	1	Détecté en France Transmission (TO TS) prouvée pour <i>H. marginatum</i> et <i>H. rufipes</i>
<i>Anaplasma marginale</i>	Bovins	Faible (5/9)	1	Détecté en Corse Transmission à l'hôte prouvée par <i>H. excavatum</i> , non présente en France
<i>Coxiella burnetii</i> (fièvre Q)	Bétail et êtres humains	Extrêmement faible (3/9)	2	Détecté en France Transmission (TO, TS) prouvée pour <i>H. lusitanicum</i> , <i>H. scupense</i> , <i>H. aegyptium</i> , <i>H. asiaticum</i> Transmission à l'hôte par voie vectorielle minoritaire
Virus West Nile	Oiseaux, équidés, êtres humains	Minime (2/9)	2	Détecté en France Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. marginatum</i> Transmission à l'hôte par les tiques marginale
Virus de l'encéphalite équine vénézuélienne (VEEV)	Equidés, rongeurs sauvages	Quasi-nulle (1/9)	2	Non détecté en France, ni en Europe Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. truncatum</i> Transmission à l'hôte par les tiques marginale
Virus de la Peste équine (Peste équine)	Equidés	Quasi-nulle (1/9)	2	Non détecté en France, ni en Europe Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. dromedarii</i> Transmission à l'hôte par les tiques marginale
<i>Theileria annulata</i> (theileriose tropicale ou	Bovins	Peu élevée (6/9)	1	Non détectée en France, présent en Afrique du nord

⁶⁴ Hôtes présentant des signes cliniques

Agent infectieux	Espèces hôtes d'intérêt ⁶⁴	Appréciation de l'exposition pour les hôtes (note de 0 à 9)	Incertitude (de 1 à 4)	Argumentaire
theileriose méditerranéenne)				Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. anatolicum</i> , <i>H. dromedarii</i> , <i>H. excavatum</i> , <i>H. impeltatum</i> , <i>H. lusitanicum</i> , <i>H. rufipes</i> , <i>H. scupense</i>
<i>Theileria lestoquardi</i> (theileriose maligne du mouton et de la chèvre)	Chèvres et moutons	Minime (2/9)	1	Non détecté en France, présent en Europe et Afrique du nord Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. anatolicum</i> , endémique en Afrique du nord
<i>Theileria ovis</i> (theileriose sub-clinique chez les ovins et les caprins)	Chèvres et moutons	Extrêmement faible (3/9)	1	Détecté en France Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. anatolicum</i>
<i>Theileria equi</i> (piroplamose équine)	Équidés	Très faible (4/9)	1	Détecté en France Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. anatolicum</i> , <i>H. dromedarii</i> , <i>H. excavatum</i> , <i>H. lusitanicum</i>
<i>Babesia occultans</i> (babésioses bovines)	Bovins	Minime (2/9)	2	Non détectée en France, présent en Europe et Afrique du nord Transmission à l'hôte prouvée pour <i>H. rufipes</i>

TO : transmission transovarienne ; TS : transmission transstadiale

8 Surveillance, lutte et prévention

8.1 Méthodes de surveillance

8.1.1 Surveillance des tiques en France

Les objectifs de la surveillance des tiques, sont de déterminer les zones géographiques où une espèce donnée de tique est présente et les périodes pendant lesquelles elle infeste ses hôtes, de suivre sa progression géographique, d'identifier les espèces infestant les animaux selon la région et d'évaluer le pourcentage de tiques infectées par divers agents pathogènes. Cette surveillance peut se faire de manière programmée (dite aussi « active ») ou événementielle (passive). La surveillance active englobe l'ensemble des activités de collecte des tiques dans l'environnement ou sur les hôtes qui peuvent être réalisées de manière plus ou moins standardisée et régulière. La surveillance passive, quant à elle, mobilise un ou plusieurs réseaux afin de recueillir des tiques ou des signalements de présence ou de piqûre.

Actuellement, il n'existe pas en France de surveillance active des tiques présentes à l'échelle de tout le territoire, quelle que soit l'espèce. Toutefois, divers projets de surveillance ou de recherche sont ou ont été mis en place afin de collecter des données à visée de surveillance des espèces de tiques présentes en France. Néanmoins, ces recueils de données ne sont soit pas pérennes dans le temps, soit réalisés sur des territoires limités et ne sont pas représentatifs de l'ensemble du territoire car souvent réalisés dans des lieux proches des laboratoires porteurs de ces projets (Perez *et al.* 2020).

8.1.1.1 Surveillance programmée

Concernant la surveillance des tiques du genre *Hyalomma*, il existe depuis 2016 une convention entre le Cirad et la Direction Générale de l'Alimentation (DGAL) afin de réaliser une surveillance active de *H. marginatum* au sud du territoire national par collecte sur chevaux, ces derniers constituant les hôtes domestiques préférentiels des stases adultes de cette tique. Entre 2017 et 2021, 188 structures équestres ont été visitées dans 14 départements du sud de la France. Toutefois, ces actions restant dans le périmètre de la recherche, elles ne peuvent être pérennes et dépendent des financements et des besoins scientifiques du moment. Une réactualisation de ces données est en cours d'analyse pour déterminer l'évolution de l'installation de *H. marginatum*. Enfin, un élevage de chevaux très infesté par *H. marginatum*, situé à la limite de l'Hérault et du Gard, est suivi régulièrement depuis 2016 pour évaluer la dynamique saisonnière de l'infestation par les tiques adultes (Stachurski, comm. pers.). Entre 2016 et 2019, l'infestation des oiseaux présents dans cet élevage par les larves et nymphes de la tique a également été étudiée.

8.1.1.2 Surveillance événementielle

Les méthodes de recherche participatives récemment développées, comme CiTIQUE⁶⁵ pour le signalement de piqûres de tiques (sur l'humain ou l'animal) par les citoyens, éventuellement couplé à l'envoi des tiques, doivent être considérées comme complémentaires des méthodes de surveillance

⁶⁵ <https://www.citique.fr/>

active de terrain. Elles permettent de couvrir un plus vaste territoire, souvent à l'échelle d'un pays ou d'une région, et de détecter plus rapidement d'éventuelles introductions. Elles impliquent toutefois un effort important de communication auprès du public, une mise à disposition régulière des nouveaux résultats au public, aux autorités de santé et aux acteurs de la recherche.

Initié en 2017 dans le cadre du plan national contre la maladie de Lyme⁶⁶, le projet de recherche participative CiTIQUE vise à accumuler des informations sur la répartition géographique des piqûres de tiques et des agents pathogènes qu'elles transportent (recherches non systématiques), en fonction des milieux, de la météorologie et des saisons. Le recueil de signalements de piqûres de tiques se réalise *via* une application smartphone ou directement sur le site internet. Depuis l'initiation du projet en 2017, plus de 70 000 signalements de piqûres ont été récoltés et 50 000 tiques sont conservées congelées dans une « tiquothèque », unique en France. Sur l'année 2020, parmi les 10 000 envois de tiques, sept envois correspondaient à des *Hyalomma* spp. dont une seule qui avait piqué un humain en Corse.

En collaboration avec le projet CITIQUE, le Cirad projette de développer dès 2022 un module de signalement citoyen de la présence de la tique *H. marginatum* qui sera intégré à l'application « signalement tique » déjà existante. Cet outil permettra de surveiller plus aisément et sur une plus large zone la diffusion de cette tique invasive en signalant aussi la présence de tiques non piqueuses, ce qui n'est actuellement pas recommandé dans l'application. En effet, il est apparu que beaucoup de gens repéraient les tiques du genre *Hyalomma* avant qu'elles ne se fixent (voir ci-dessous).

Un projet scientifique porté par INRAE, Pirogotick⁶⁷, fait également appel à la science participative. Ce projet portant sur la piroplasmose équine en France et financé depuis 2021 par l'Institut Français du Cheval et de l'Équitation, a permis la création d'un réseau sentinelle de structures équestres pour rapporter durant deux années le portage de tiques par les chevaux. Il apporte ainsi des informations utiles quant à l'installation de *H. marginatum* dans le sud de la France. En 2021⁶⁸, il y avait 430 structures impliquées dans le projet, avec plus de 2 000 chevaux sentinelles et près de 12 000 tiques collectées (tous genres confondus).

Des initiatives ponctuelles ont également vu le jour, comme en 2020 où, du fait de la pandémie de Covid-19, les collectes sur le terrain n'étaient pas possibles. Le Cirad a alors lancé un appel à contribution dans le journal *Midi Libre* le 14 juin 2020 suite à un article mentionnant l'installation de *H. marginatum* dans la région. Par cet appel, il était demandé aux promeneurs de signaler la présence de tiques *Hyalomma* observées dans la nature ou sur hôtes en envoyant une photographie ou la tique directement au Cirad. Cet appel a été largement repris dans la presse écrite (*le Dauphiné, la Provence, Le Monde, Libération*, etc.) et à la radio (France bleue, Radio Classique, France info, RMC, etc.), et a permis de collecter plus de 130 témoignages dont 65 certains et 34 probables (Figure 47). En 2021, d'autres signalements ont été faits, les personnes observant la « tique aux pattes rayées » (alias *H. marginatum*) pour la première fois trouvant facilement les coordonnées des chercheurs du Cirad impliqués dans la surveillance par les articles toujours en ligne sur Internet ou le communiqué⁶⁹ du Cirad en date du 19 juin 2020 sur le même sujet.

⁶⁶ https://solidarites-sante.gouv.fr/IMG/pdf/plan_lyme_180117.pdf

⁶⁷ <https://www6.inrae.fr/pirogotick/>

⁶⁸ Données au 22/06/2021

⁶⁹ <https://www.Cirad.fr/espace-presse/communiqués-de-presse/2020/tique-pattes-rayees>

Encadré 6 : Témoignages de présence de tiques du genre *Hyalomma* reçus par le Cirad suite à un appel à contribution à la population



Figure 47 : Cartes représentant les témoignages de présence de tiques du genre *Hyalomma* (a) en 2020 (entre le 11/05 et le 03/09⁷⁰) et (b) en 2021 (entre le 25/02 et le 11/08).

En vert : témoignage confirmé de *Hyalomma* sp. (photos) ou de *H. marginatum* (échantillons examinés) (départements 66, 34, 30, 07, 83) ; en orange : témoignage probable mais non confirmé et très éloigné des sites connus pour être infestés ; en rouge : témoignage confirmé de *H. lusitanicum* ; en noir : témoignage confirmé de *H. marginatum* et un mâle *H. rufipes*.

En 2021, malgré l'absence d'article de presse incitant le public au témoignage, il y a eu 37 témoignages confirmés de *H. marginatum* (contre 65 en 2020) et deux probables dans le Var et en Ardèche.

On constate que, pour les deux années, certaines tiques sont éloignées des zones d'endémie ; leur présence est potentiellement due à des disséminations de nymphes par des oiseaux migrateurs.

8.1.2 Surveillance des tiques à l'échelle internationale et réseaux de surveillance

Chaque pays présente un contexte particulier et consacre des ressources variables à la surveillance des tiques ou des maladies liées aux tiques. Toutefois, de nombreux pays conduisent une surveillance avec des modalités très différentes et non standardisées entre eux, voire diverses au sein d'un même pays.

D'après un récent rapport de l'ECDC, qui a réalisé une enquête auprès des 50 pays membres du réseau VectorNet (voir ci-dessous), 33 des 43 pays répondants déclarent avoir un système de surveillance pour les tiques (Figure 48 ; European Centre for Disease Prevention and Control 2021). Ces systèmes de surveillance sont pour la plupart des systèmes de surveillance passive. Dans le cas de la surveillance active, elle est principalement limitée à des échelles locales. Par ailleurs, et à la connaissance des experts du GT, aucun système de surveillance de terrain national spécifique aux espèces de *Hyalomma* n'existe actuellement dans des pays où ces populations sont présentes et installées.

⁷⁰ il y en a eu des signalements rétrospectifs après parution de l'article dans *Le Midi Libre*

Ticks

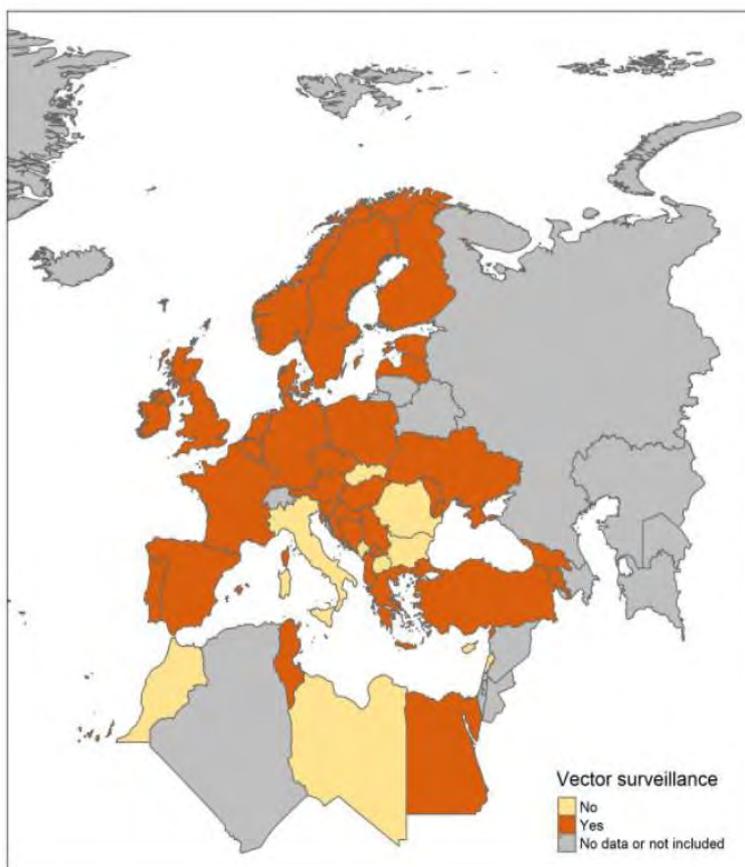


Figure 48 : Carte présentant les pays ayant mis en place un système de surveillance des tiques, active ou passive, sur la période 2016-2020 parmi les pays membres du réseau VectorNet (50 pays concernés)

En orange foncé, les pays déclarant avoir un système de surveillance (programmé ou événementiel) et en jaune, les pays déclarant ne pas avoir de système de surveillance.

Source : European Centre for Disease Prevention and Control (2021).

En 2014, l'EFSA et l'ECDC ont favorisé la mise en place d'un réseau européen, **VectorNet**, permettant le partage de données sur la distribution géographique de différents groupes de vecteurs arthropodes (tiques, moustiques, culicoïdes et phlébotomes) à l'échelle européenne et des pays du sud du bassin méditerranéen. Ce projet, initialement prévu pour quatre ans, et actuellement reconduit jusqu'en 2023, a pour objectif de cartographier les vecteurs d'importance à l'échelle européenne, dont les tiques *H. marginatum* et *H. lusitanicum*, de construire un réseau d'experts maintenant à jour ces cartes de distribution et de standardiser les méthodes de collecte à l'échelle européenne. Ainsi, de manière bisannuelle, l'ECDC publie des cartes de distribution des tiques à l'attention de la communauté scientifique et du grand public. Ces cartes sont basées sur les données transmises par les experts des différents pays participant au projet VectorNet. Elles ne sont donc pas nécessairement exhaustives de l'ensemble des données disponibles au sein de chaque pays.

D'autres dispositifs de surveillance, bien que ne participant pas à l'effort de surveillance des tiques du genre *Hyalomma*, méritent également une certaine attention, car ils pourraient être mobilisés sur le sujet, comme le réseau REMESA (REseau MEDiterranéen de Santé Animale) ou pourraient être adaptés, comme le réseau MediLabSecure.

Le **REMESA**, REseau MEditerranéen de Santé Animale, est un « cadre commun de dialogue et de coopération » créé en 2009 entre 10 pays de la région occidentale de la Méditerranée (Algérie, Egypte, Espagne, France, Italie, Libye, Maroc, Mauritanie, Portugal et Tunisie) auxquels se sont ajoutés par la suite le Liban, la Jordanie, la Mauritanie, Malte, Chypre et la Grèce. Le réseau a pour objectif de favoriser l'échange d'informations sur les maladies animales transfrontalières, le renforcement des compétences et des capacités nationales et régionales, ainsi que l'harmonisation et la coordination des activités de surveillance, prévention et lutte contre les maladies animales. Les maladies vectorielles figurent parmi les maladies considérées par le REMESA comme prioritaires pour la région dans les dix prochaines années. Le réseau engage la responsabilité des pays membres, il est accompagné sur le plan technique et pour la tenue de son secrétariat par la FAO⁷¹ et l'OMSA⁷², et bénéficie du soutien financier de l'UE, de la France, de l'Italie, et de l'Espagne.

Actuellement le REMESA apparaît surtout comme un forum d'échange d'informations entre les autorités sanitaires des pays membres sans mises à jour régulières. Un réseau comme le REMESA pourrait cependant contribuer à la surveillance des tiques du genre *Hyalomma*, notamment grâce à un soutien financier et humain des pays membres.

Le réseau **MediLabSecure**⁷³ est un projet de recherche et d'appui à la surveillance des maladies virales – humaines et animales – transmises par les moustiques. Il est financé par l'UE depuis 2014 (phase en cours : 2019-2022) et engage 22 pays du bassin méditerranéen, d'Afrique sahélo-saharienne et riverains de la mer Noire, soutenus par cinq organismes de recherche européens. Il propose des lignes directrices pour harmoniser la surveillance des maladies vectorielles dans le bassin méditerranéen, selon une approche « *One Health* ». Le réseau comprend à la fois des gestionnaires de risque et des experts du monde académique. Ses objectifs sont de renforcer la collaboration interdisciplinaire et intersectorielle, et de promouvoir les bonnes pratiques dans l'identification des cibles de la surveillance, la construction des systèmes de surveillance, la collecte et l'analyse des données, la dissémination des résultats de surveillance, l'évaluation des dispositifs, et le partage des connaissances. L'objectif finalisé du réseau est la mise en place des actions de surveillance les plus efficaces et adaptées à chaque contexte.

Ce réseau très actif, bien qu'orienté principalement sur les maladies transmises par les moustiques, s'intéresse à la marge aux maladies transmises par les tiques. Un renforcement de la thématique au sein de ce réseau ou le développement d'un réseau similaire permettrait une meilleure coordination de la surveillance des tiques à une échelle internationale.

8.1.3 Surveillance des agents pathogènes transmis par les tiques

La circulation des agents pathogènes transmis par les tiques peut être évaluée de différentes manières. Il est possible d'utiliser des systèmes de surveillance basés sur les infections qu'elles provoquent chez l'humain ou chez l'animal, ou de surveiller la présence des agents directement dans les tiques.

⁷¹ Food and Agriculture Organization

⁷² Organisation mondiale de la santé animale

⁷³ <https://www.medilabsecure.com/project.html>

8.1.3.1 Surveillance chez l'être humain

En France et pour la santé humaine, des systèmes de surveillance spécifiques, coordonnés par **Santé publique France**, existent pour la borréliose de Lyme, la FHCC, l'encéphalite à tiques et la tularémie. La borréliose de Lyme fait partie des maladies rapportées par le réseau de médecins généralistes volontaires du Réseau Sentinelles⁷⁴ et les formes hospitalisées sont identifiées *via* les données des bases médico-administratives hospitalières (PMSI⁷⁵). La FHCC, la tularémie et l'encéphalite à tiques sont des maladies à déclaration obligatoire. Chaque cas de ces maladies doit être déclaré sans délai, par les cliniciens ou biologistes ayant établi le diagnostic, aux autorités de santé régionales qui transmettent ensuite les données anonymisées à Santé publique France.

Par ailleurs **les Centres Nationaux de Référence** (CNR) récoltent les informations disponibles (identification de cas, surveillance microbiologique) sur divers agents pathogènes transmis par les tiques (*Borrelia*, *Rickettsioses*, *Anaplasmoses* et TBEV). Concernant la FHCC, le CNR des Fièvres Hémorragiques Virales (FHV) participe également à la surveillance épidémiologique de la maladie. Il contribue au diagnostic des FHV pour lesquelles il existe très peu de kits de diagnostic commercialisés et pour lesquelles un laboratoire de haute sécurité de niveau de sécurité biologique 4 est requis. À ce jour, les FHV qui ne circulent ni en France ni dans les territoires ultra marins, sont considérées comme des viroses d'importation. Une des missions principales du CNR FHV est donc d'alerter et de diagnostiquer rapidement et efficacement en présence d'un ou plusieurs patients atteints par l'un de ces virus. Outre la surveillance en France, le CNR participe également à la surveillance de ces maladies virales émergentes à l'échelon européen et international *via* de nombreux réseaux.

À ces systèmes de surveillance pérennes peuvent être parfois associées des études ponctuelles ou répétées dans le temps comme les études de séroprévalences, recherchant les anticorps spécifiques d'un agent pathogène donné en population générale ou dans des populations spécifiques (donneurs de sang, populations particulièrement exposées, etc.). À ce jour, aucune étude de séroprévalence n'a été réalisée en France pour la FHCC dans la population humaine.

8.1.3.2 Surveillance chez les animaux

Il n'existe pas en France, de surveillance coordonnée à l'échelle nationale des agents pathogènes vectorisés par les tiques chez l'animal. Pour les animaux sauvages et les animaux domestiques, la surveillance passive est portée principalement par **les vétérinaires praticiens**, les groupements techniques vétérinaires (**GTV**), les **CNR** ou **LNR** pour certains agents pathogènes, et le **RESPE** (Réseau d'Épidémiologie-Surveillance en Pathologie Équine). Un réseau de surveillance épidémiologique des maladies de la faune sauvage (réseau **SAGIR**), historiquement mis en place par l'Office national de la chasse et de la faune sauvage⁷⁶ (ONCFS) et la Fédération Nationale des Chasseurs (FNC),

⁷⁴ Le réseau Sentinelles (<http://www.sentiweb.fr>) (Inserm, Sorbonne Université, Santé publique France) est un réseau de recherche et de veille en soins de premiers recours (médecine générale et pédiatrie) en France métropolitaine. Créé en 1984, son objectif principal est la constitution d'une grande base de données en médecine générale et en pédiatrie, à des fins de veille sanitaire et de recherche. Il fonctionne avant tout grâce aux médecins généralistes et aux pédiatres libéraux qui le constituent.

⁷⁵ Programme de médicalisation des systèmes d'information

⁷⁶ Depuis le 1^{er} janvier 2020, l'Office français de la biodiversité (OFB) est un établissement public, né de la fusion de l'Agence française pour la biodiversité (AFB) et de l'Office national de la chasse et de la faune sauvage (ONCFS), dédié à la sauvegarde de la biodiversité. Il est chargé de la protection et la restauration de la biodiversité dans l'Hexagone et en Outre-mer.

répertorie les maladies liées aux tiques et surveille les mortalités anormales chez la faune sauvage dont les oiseaux.

Tout comme en santé humaine, des études ponctuelles sont par ailleurs réalisées dans le cadre de projets de recherche portés par différents instituts, agences, universités et écoles travaillant sur ces thématiques à l'échelle nationale (INRAE, Cirad, les écoles nationales vétérinaires – EnvA, VetAgro Sup, Oniris, ENVT–, Anses, CNRS, CNR *Borrelia*, etc.).

8.1.3.3 Surveillance chez les tiques

Chez les tiques, il n'existe pas de plan de surveillance pour l'estimation et le suivi dans le temps de la prévalence des agents pathogènes vectorisés à l'échelle nationale. Cependant, des études portées par les diverses structures de recherche citées ci-dessus ont été réalisées sur les territoires français (Perez *et al.* 2020). Ces projets portent sur des études transversales, sur des suivis temporels ou longitudinaux. Des projets de recherche concernant les tiques *Hyalomma* spp. sont menés en France et portés principalement par les équipes de recherche du Cirad, d'INRAE et de l'Université de Corte. Par exemple, une étude réalisée en Corse a analysé les tiques infestant le cheptel bovin, ainsi que leur cortège d'agents pathogènes (Grech-Angelini *et al.* 2020). Les tiques récoltées par le programme CiTIQUE peuvent également faire l'objet de détections d'agents pathogènes mais le système est à ce jour peu optimisé pour la détection de virus.

En résumé, sur les méthodes de surveillance :

La surveillance des tiques (qu'elle soit programmée ou événementielle) est un élément essentiel d'anticipation des risques d'émergence. Ceux-ci doivent être suffisamment sensibles pour détecter une potentielle circulation d'agents pathogènes avant l'émergence des premiers cas chez l'humain ou l'animal. Cela revêt une importance particulière dans le cas de la FHCC pour laquelle aucun cas humain autochtone n'a pour l'instant été diagnostiqué en France. De plus, pour les virus, une détection chez les tiques peut aussi permettre l'identification de souches virales en circulation, ce qui est précieux lorsqu'une virémie faible chez l'humain et l'animal ne le permet pas. Enfin, la surveillance est indispensable pour orienter la lutte anti-vectorielle et évaluer son efficacité.

8.2 Méthodes de lutte contre les tiques

À l'heure actuelle, la lutte anti-vectorielle est basée sur un ensemble de mesures de contrôle que l'on regroupe sous la notion de lutte intégrée. Cette lutte intégrée est l'application rationnelle d'une combinaison de mesures chimiques, physiques, biologiques, écologiques ou ayant recours à une sélection de populations animales moins sensibles, pour maintenir la présence des vecteurs en dessous d'un seuil à partir duquel apparaissent un risque de transmission d'agents pathogènes ou une perte économique inacceptables. Bien qu'à ce jour la lutte chimique reste prépondérante contre les tiques, cette notion de lutte intégrée tend de plus en plus à s'appliquer aussi à la lutte contre ces ectoparasites. Nous détaillons ici les différentes méthodes de lutte envisageables contre les tiques en général avec un état des lieux de ce qui est envisagé ou appliqué dans différentes régions du monde vis-à-vis des *Hyalomma* sp.

8.2.1 Lutte chimique

Contrairement à ce qui peut parfois être fait contre les moustiques par exemple, on ne réalise pas d'épandage de molécules chimiques dans l'environnement pour éliminer les tiques ; ceci à la fois pour des raisons évidentes d'atteinte à l'environnement, mais aussi car les sites de ponte des tiques sont difficilement atteignables, et car, en ce qui concerne les tiques qui affectent la santé humaine, la lutte est essentiellement axée sur l'évitement du contact entre tiques et êtres humains. Ainsi, les acaricides sont quasi exclusivement utilisés chez les animaux et appliqués directement sur l'hôte que l'on cherche à protéger/débarrasser de l'infestation par les tiques. Chez les animaux de rente, l'application est effectuée soit par aspersion/pulvérisation ou passage dans des bains contenant des formulations aqueuses d'acaricides, soit par traitement topique sur le dos (avec un produit *pour-on*). Exceptionnellement, en cas d'infestation massive d'une exploitation par des tiques endophiles, l'application d'acaricides sur les murs des étables peut être recommandée. Néanmoins, dans le cas de *H. scupense* par exemple, cette technique est peu efficace car les nymphes pénètrent profondément dans les fissures et les crevasses (Gharbi et Darghouth 2014).

L'usage des acaricides remonte à la fin du XIX^e siècle, suite à la mise en évidence de l'efficacité, chez le bétail, de bains contenant des dérivés arsenicaux pour éliminer *R. microplus* (Angus 1996). Des molécules de synthèse organochlorées telles le DDT⁷⁷, le lindane et le toxaphène firent ensuite leur apparition dans les années 1950. Comme pour les dérivés arsenicaux, ces molécules ont dû être rapidement remplacées à cause de l'apparition de populations de tiques résistantes, de leur toxicité, et de leur fort impact négatif sur l'environnement. Il en a ensuite été de même des organophosphorés (chloropyrifos, coumaphos, diazinon, malathion, éthion, etc.) découverts et utilisés à partir des années 1960 (George 2000). Les pyréthrinoïdes (deltaméthrine, perméthrine, fluméthrine, etc.), qui inactivent les canaux sodiques, ont ensuite été utilisés à partir du milieu des années 1970 (Mehlhorn *et al.* 2011). Les autres molécules acaricides utilisées à l'heure actuelle comprennent des neurotoxiques comme le fipronil et l'amitraz (Prullage *et al.* 2011), des inhibiteurs de croissance comme le fluazuron (Oliveira *et al.* 2014), ou encore des activateurs des canaux chlorures glutamate-dépendants des invertébrés comme les lactones macrocycliques (éprinomectine, ivermectine, moxidectine, etc.) (Giles 1986).

À l'heure actuelle, une seule spécialité *pour-on* à base de fluméthrine possède une Autorisation de Mise sur le Marché (AMM) spécifique contre les tiques du genre *Hyalomma* en France, chez les bovins. D'autres acaricides, possédant ou non une AMM avec l'indication « tiques », sont utilisés à la fois chez les bovins, les chevaux et les petits ruminants. Leur emploi doit respecter strictement les préconisations d'usage qu'il y ait ou non une AMM (notamment les temps d'attente réglementaires).

Bien que l'essentiel des études réalisées en termes de contrôle de populations de tiques *via* des acaricides chimiques, ou de résistance à ces derniers, portent sur les espèces de *Rhipicephalus (Boophilus) sp.* qui infestent les bovins dans de nombreuses régions du monde⁷⁸ (Graf *et al.* 2004), quelques-unes se sont intéressées aux espèces de *Hyalomma*. Au Pakistan, des tests réalisés en 2009 n'avaient pas montré de résistance à l'ivermectine ou à la cyperméthrine chez des *H. anatolicum* (Sajid *et al.* 2009). Cependant, en 2021, des résistances au fipronil et à l'ivermectine ont été identifiées chez des populations de cette espèce dans ce pays (Kamran *et al.* 2021). Ces deux études avaient classiquement identifié comme facteurs de risque d'apparition de résistances à la fois une

⁷⁷ Dichlorodiphényltrichloroéthane

⁷⁸ Les études se sont essentiellement portées sur les tiques à un seul hôte et de grande importance en santé animale comme *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*, *R. australis* ou *R. decoloratus* car elles subissent une très forte pression de sélection et montrent à l'heure actuelle des niveaux de résistance très élevés.

mauvaise utilisation des acaricides sur de trop longues périodes malgré les recommandations des laboratoires producteurs (avec souvent des doses inadéquates) et une absence d'alternance de produits. En Inde, d'autres populations de *H. anatolicum* ont été identifiées comme résistantes à la deltaméthrine, au diazinon, ainsi qu'au fipronil et à la cyperméthrine (Gaur *et al.* 2016; Singh *et al.* 2015; Shyma *et al.* 2012). Des résistances à l'emamectin benzoate, au spirotetramat et à l'hexaflumuron ont aussi été rapportées chez des populations de *H. asiaticum* en Chine (Lu *et al.* 2015). En revanche, une étude réalisée en 1996 montrait l'efficacité de la fluméthrine en *pour-on* sur des chameaux vis-à-vis de *H. dromedarii* (El-Azazy 1996). L'efficacité du mélange amitraze/cyperméthrine en *pour-on* avait aussi été validée contre des *H. rufipes* infestant des buffles en Afrique du Sud en 2005 (Van Der Merwe *et al.* 2005).

L'apparition de résistances aux acarides n'est pas le seul argument développé pour inciter à limiter leur usage. S'y ajoutent les impacts négatifs des acarides parmi lesquels la contamination des productions animales (lait et viande) et de l'environnement, incluant l'atteinte de la faune non cible et l'exposition de l'être humain (Ghosh, Azhahianambi, et Yadav 2007). C'est pourquoi des recherches sont en cours afin d'identifier de nouvelles molécules acaricides plus « naturelles » et/ou moins dommageables pour l'environnement et l'être humain, comme des substances issues de plantes (Regassa 2000), des huiles essentielles (Salman *et al.* 2020; Kumar, Manjunathachar, et Ghosh 2020; Anses 2018) ou des nanoparticules par exemple (Banumathi *et al.* 2017), mais qui nécessitent encore une validation en termes d'efficacité et d'innocuité. Il a aussi été envisagé d'utiliser des phéromones de tiques couplées à des acaricides afin de mieux cibler l'utilisation de ces derniers (Sonenshine *et al.* 2003).

8.2.2 Lutte biologique

La lutte biologique consiste en l'utilisation de prédateurs, d'agents pathogènes ou d'organismes parasites pour lutter contre un autre organisme vivant. Les tiques ont un certain nombre de pathogènes et de prédateurs (bactéries, champignons, araignées, fourmis, coléoptères, hyménoptères, rongeurs, oiseaux, etc.), et plusieurs études se sont intéressées aux méthodes de lutte pouvant mettre à profit leur action. À l'heure actuelle, ces méthodes présentent des problèmes de stabilité dans le temps des résultats obtenus et des modes d'application, un coût élevé, et aucune n'a montré, employée seule, une efficacité suffisante à grande échelle. D'autre part, avant de les mettre en œuvre à grande échelle sur le terrain, il faudra aussi s'assurer de l'absence d'atteinte de la faune arthropode non-cible. Certaines ont néanmoins présenté des résultats encourageants permettant notamment d'envisager leur utilisation dans le cadre d'une lutte intégrée, consistant à coupler plusieurs méthodes de lutte (Bonnet *et al.*, 2022 ; Van Der Merwe *et al.* 2005).

Parmi les champignons entomopathogènes dont l'activité a été évaluée contre les tiques, *Beauveria bassiana*, *Lecanicillium (Verticillium) lecanii* et *Metarhizium anisopliae*, qui ont été développés commercialement comme biopesticides, ont été les plus étudiés (Ub et Narladkar 2018). Les résultats ont montré que la pathogénicité du champignon dépendait de la stase, du niveau de gorgement et de l'espèce de tique considérée, mais aussi de la souche de champignon et de la saison au cours de laquelle les spores sont employées. Concernant spécifiquement les espèces de *Hyalomma*, des essais ont été réalisés avec des champignons, des nématodes, et des bactéries entomopathogènes. Une formulation commerciale de *B. bassiana* a ainsi été utilisée par pulvérisation dans des terriers de lapins de garenne pour lutter contre *H. lusitanicum* en Espagne. La quantité de tiques collectées sur les lapins 30 jours après traitement a été réduite de près de 80 % au printemps mais seulement de 36 % en été (González *et al.* 2016). Testé *in vitro* sur des femelles gorgées de *H. anatolicum*, ce champignon a aussi montré un effet synergique lors d'une utilisation avec de la deltaméthrine (Sun,

Ren, Liu, *et al.* 2011). Utilisé seul, *B. bassiana*, tout comme *M. anisopliae*, induit 90 % de mortalité chez ces mêmes tiques (Sun *et al.* 2011). L'efficacité *in vitro* de *M. anisopliae* contre tous les stades de *H. anatolicum* collectées au Soudan a ensuite été confirmée (Suleiman, Shigidi, et Hassan 2013), de même que celle de *Scopulariopsis brevicaulis* vis-à-vis des stades adultes (Suleiman, Shigidi, et Hassan 2013). Enfin, une étude a démontré, *in vitro*, un effet ovicide efficace des protéases produites par *Aspergillus sojae* et *Aspergillus oryzae* sur les œufs de *H. dromedarii* (Habeeb, Ashry, et Saad 2017).

Moins d'essais ont été conduits avec des nématodes entomopathogènes (Samish, Alekseev, et Glazer 2000) ou avec des toxines de bactéries comme *Bacillus thuringiensis* (Lormendez *et al.* 2019). Des essais de lutte biologique contre les tiques *Hyalomma* spp. utilisant des nématodes entomopathogènes de diverses souches ont montré que *Steinernema* spp. S1 et *Heterorhabditis* spp. IS-5 étaient les souches de nématodes les plus virulentes contre respectivement *H. dromedarii* et *H. excavatum* (Samish, Alekseev, et Glazer 2000; 1999). L'inverse a cependant été rapporté vis-à-vis d'adultes gorgés de *H. dromedarii* avec une meilleure efficacité de *Heterorhabditis* spp (El-Sadawy, Zayed, et El-Shazly 2008). Enfin, une action de toxines de *B. thuringiensis* sur les hémocytes (cellules de l'hémolymphe) de *H. dromedarii* a été démontrée, laissant supposer une action toxique possible de cette bactérie contre cette espèce de tique (Habeeb et Abouelhag 2008).

Des expériences ont aussi été réalisées avec un hyménoptère parasitoïde des tiques, *Ixodiphagus hookeri* pour lutter contre des tiques *Dermacentor* spp., *I. ricinus* ou *A. variegatum* (Cuisance, Barré, et De Deken 1994; Mwangi *et al.* 1997) avec des résultats très aléatoires et la nécessité de renouveler très régulièrement les lâchers d'hyménoptères pour obtenir une efficacité notable (Krawczyk *et al.* 2020). À notre connaissance, aucun essai n'a été mené pour lutter contre des *Hyalomma* sp. avec cet hyménoptère.

Parmi les prédateurs, peu sont spécialisés dans l'élimination des tiques à l'exception des oiseaux piquebœufs (*Buphagus erythrorhynchus* et *B. africanus*) particulièrement efficaces contre *R. decoloratus* ou *Amblyomma hebraeum* par exemple (Stutterheim, Bezuidenhout, et Elliott 1988). Néanmoins, l'utilisation de ces oiseaux dans le cadre d'une lutte biologique effective reste peu envisageable. En Afrique, il a également été observé que les poules sont efficaces dans la lutte contre les tiques qu'elles consomment en grand nombre comme démontré pour *R. appendiculatus* (Hassan *et al.* 1991; Dreyer, Fourie, et Kok 1997). Favoriser la prédation des tiques par les volailles constituerait un bon moyen de lutte, économique et écologique, notamment chez les fermiers aux revenus faibles (Hassan *et al.* 1991; Dreyer, Fourie, et Kok 1997) mais les experts du GT n'ont identifié aucune donnée concernant les *Hyalomma* sp.

Les autres prédateurs ayant un impact notable sur les tiques seraient les araignées-loups, de la famille des *Lycosidae*, qui ne font pas de toile) et surtout les fourmis. Ainsi, dans certaines régions d'Australie favorables à *R. microplus*, l'absence de la tique a été mise sur le compte de l'action prédatrice des fourmis (Wilkinson 1970). Des fourmis du genre *Solenopsis* ont ainsi été observées se nourrissant de femelles gorgées de *R. (Boophilus)* ou d'*Amblyomma* sp. (Petney, Horak, et Rechav 1987; Burns et Melancon 1977; Butler *et al.* 1979; Barré *et al.* 1991). L'activité prédatrice des fourmis est toutefois extrêmement variable et imprédictible sur le terrain (Petney, Horak, et Rechav 1987; Burns et Melancon 1977; Butler *et al.* 1979; Barré *et al.* 1991; Wilkinson 1970; Stachurski, Zoungrana, et Konkobo 2010) et aucune donnée n'a été rapportée concernant les *Hyalomma* sp.

8.2.3 Lutte génétique

La lutte génétique contre les vecteurs consiste à altérer ou modifier leur potentiel reproducteur ou toute autre fonction d'intérêt pour lutter contre ces arthropodes ou les agents qu'ils transmettent *via* des modifications de leur patrimoine génétique. Les populations de vecteurs ainsi modifiées génétiquement (OGM) sont relâchées dans la nature afin d'entrer en compétition avec les populations naturelles. La réussite d'une telle lutte va donc, entre autres, dépendre de l'existence d'un avantage sélectif des populations de remplacement.

Les experts du GT ont par ailleurs ici également considéré la sélection de races animales résistantes aux tiques sous ce terme de « lutte génétique ».

Les possibilités de mise en place de stratégies de lutte génétique contre les tiques sont très restreintes. En premier lieu, l'élevage de grandes quantités de tiques au laboratoire, nécessaire à une telle lutte, se heurte à diverses difficultés. À celles-ci, s'ajoutent leur faible pouvoir de dispersion dans le milieu naturel, même si elles sont capables de parcourir de longues distances, grâce à leurs hôtes, pendant leur repas sanguin. Enfin, le fait que les tiques aient des périodes générationnelles beaucoup plus longues (plusieurs mois ou années) que la majorité des autres arthropodes représente un autre obstacle à considérer pour une diffusion des modifications génétiques dans les populations naturelles.

Dès 1976, des essais d'irradiation en laboratoire avaient montré l'efficacité de la méthode pour stériliser des mâles de *H. anatolicum* (Srivastava et Sharma 1976). Les doses d'irradiation permettant cette stérilisation des mâles tout en les maintenant compétitifs vis-à-vis des mâles non traités pour s'accoupler avec des femelles, limitant ainsi leur descendance, ont ensuite été établies pour cette espèce (Karaer *et al.* 2009; 2006), pour *H. marginatum* (Karaer *et al.* 2010) et pour *H. excavatum* (Bakirci *et al.* 2013). Mais, à notre connaissance, aucun essai de lâchers de mâles stériles sur le terrain n'a été réalisé à ce jour pour aucune espèce de tiques. De plus, outre le manque de données sur les génomes de tiques dures (à l'exception de *I. scapularis*), ce qui constitue un frein à l'identification de cibles potentielles pour de la lutte génétique, le lâcher d'OGM dans la nature pose à l'heure actuelle de nombreuses questions (éthiques, juridiques, logistiques, etc.).

L'existence de races bovines résistantes aux tiques a été observée dès 1912 en Australie, dans un troupeau de vaches Jersey infesté par *R. microplus* : certains animaux étaient toujours moins infestés, et le caractère semblait héréditaire (voir la revue de Burrow *et al.* (2019)). Depuis, un certain nombre d'études ont mis en évidence l'existence de races plus ou moins résistantes aux tiques, avec une héritabilité plus ou moins importante du caractère. Une étude a identifié trois voies clés dans ce phénomène, représentées par des gènes exprimés différemment chez les individus résistants : le développement de la réponse immunitaire à médiation cellulaire, l'intégrité structurelle du derme et les niveaux intracellulaires de Ca^{2+} (Kongsuwan *et al.* 2008). Une autre étude propose l'implication de la voie de l'interféron gamma (Maryam *et al.* 2012). La résistance se traduit par un rejet des tiques (notamment des larves), un taux de gorgement et donc un poids des femelles diminué, un temps de fixation augmenté, un taux d'éclosion moindre, etc.

La majorité des études réalisées ont donc concerné *R. microplus*, une espèce à un hôte (Jonsson, Piper, et Constantinoiu 2014). Mais des phénomènes de résistance, à la fois innée et acquise, ont aussi été observés avec des tiques à deux ou trois hôtes, vis-à-vis de diverses espèces d'*Amblyomma* (Barnard 1990; Stachurski 1993; Rechav 1987; Spickett *et al.* 1989), d'*Ixodes* comme *I. rubicundus* (Fourie, Kok, et Heyne 1996), et de *Hyalomma* (Spickett *et al.* 1989; Mattioli et Dempfle 1995; Miranpuri 1989; Gill et Luckins 1987; Gill et Walker 1985; Rechav, Dauth, et Els 1990; Sahibi *et al.* 1997; Solomon et Kaaya 1996; Gill, Boid, et Ross 1986; Momin, Banerjee, et Samantaray 1991) dont

H. anatolicum et *H. rufipes*. De fait, l'élevage des bovins résistants (si tant est que cela ne soit pas au détriment de la production souhaitée) fut présenté dans les années 1990 comme une voie très prometteuse de lutte (Griffiths et McCosker 1990). Toutefois, cela n'a pour le moment pas débouché sur des applications utilisables par les éleveurs et, de fait, aucune avancée notable n'a été faite sur le sujet depuis les années 2000.

8.2.4 Vaccination anti-tique

La mise en évidence d'une immunité naturelle contre les piqûres de tiques, identifiée dès le début du XX^e siècle (voir les revues récentes : Karasuyama, Miyake, et Yoshikawa 2020; Narasimhan *et al.* 2021), à même d'apporter une protection indirecte contre des maladies associées aux tiques, a naturellement amené la communauté scientifique à envisager des stratégies vaccinales dirigées contre les tiques. En ciblant le vecteur, les vaccins anti-tiques présentent le double avantage de lutter à la fois contre les tiques elles-mêmes et les pertes directes qu'elles occasionnent, et contre l'ensemble des agents pathogènes potentiellement transmis. De tels vaccins pourraient en effet réduire la transmission d'agents pathogènes par les tiques, soit indirectement en diminuant la population de vecteurs, soit directement en bloquant les processus de gorgement et/ou de transmission. Comparativement aux acaricides, ces vaccins basés sur des protéines ou des peptides antigéniques ne présentent pas de dangers pour l'environnement et sont aussi moins susceptibles de générer des résistances (Bonnet et Richardson 2018).

Deux grands types de vaccins contre les tiques sont développés, ceux utilisant des antigènes exposés aux réponses immunes de l'hôte au cours du gorgement, comme les antigènes salivaires, et ceux qui au contraire s'appuient sur des molécules non exposées au système immunitaire de l'hôte, comme les antigènes du tube digestif (Nuttall *et al.* 2006). Le développement de cette stratégie de vaccination anti-tiques se heurte cependant à de nombreuses difficultés dont le manque de données génomiques sur les tiques mais aussi à la difficulté à disposer de modèles expérimentaux, l'identification des hôtes vertébrés à vacciner notamment pour les espèces polytropes, ou encore le coût élevé de développement de vaccins et le fort lobby de l'industrie des acaricides (Fuente et Estrada-Peña 2019).

Bien que différents essais vaccinaux aient vu le jour (cf Annexe 7), à l'exception de Bm86 pour certaines populations de tiques, aucun antigène de tique n'a, à ce jour, démontré une efficacité suffisante pour protéger contre le gorgement des tiques ou la transmission d'agents pathogènes. Il est probable que la mise en place d'une vaccination efficace nécessite l'utilisation de plusieurs antigènes afin d'obtenir un blocage partiel du gorgement et/ou de la transmission d'agents pathogènes dans un vaccin « cocktail » (Ndawula et Tabor 2020). Ainsi, et très récemment, des études *in silico* ont amené à la construction d'un candidat vaccin, non encore testé, qui inclurait à la fois des épitopes de protéines structurales du CCHFV et la subolesin comme antigène contre les tiques afin de générer une double protection contre la transmission de la FHCC (Shrivastava *et al.* 2019).

8.2.4.1 Lutte écologique

La lutte écologique consiste à créer dans le milieu des conditions défavorables à l'accomplissement du cycle des tiques. Les modes d'action ciblent principalement d'une part les populations des hôtes des tiques, en modifiant ou limitant ces populations ou leur probabilité de contact avec les tiques, et d'autre part l'environnement qu'il s'agit de rendre impropre à leur survie (Cuisance, Barré, et De Deken 1994; Burthe *et al.* 2021; Černý *et al.* 2020). Les difficultés de ces méthodes de lutte résident

dans la nécessité de bien connaître l'écologie des tiques et de comprendre les conséquences écologiques des mesures de lutte à court et long terme, les conséquences écologiques sur l'ensemble de l'écosystème étant difficiles à prédire du fait de l'évolution des dynamiques des communautés.

La plus grande partie de la littérature disponible sur la lutte écologique contre les tiques porte sur des Ixodidés qui ne sont pas du genre *Hyalomma*, mais les mêmes principes peuvent être considérés pour les *Hyalomma* spp.

8.2.4.2 Agir sur les populations des hôtes de tiques

La plupart des tiques ont des préférences trophiques, se fixant et se gorgeant plus facilement et plus efficacement sur certains de leurs hôtes, et la modification des populations d'hôtes a donc un impact sur les populations de tiques. L'action principale consiste alors à contrôler les populations des hôtes amplificateurs de tiques, et pour cela les méthodes utilisées sont principalement la chasse ou l'exclusion avec la mise en place de barrières.

Ainsi, les essais réalisés ont montré une efficacité variable de la diminution des populations de cervidés sur des populations d' *I. ricinus* (Del Fabbro 2015), d'*Amblyomma americanum* (Ginsberg, Butler, et Zhioua 2002), ou encore de *I. scapularis* (Rand *et al.* 2004), sachant que l'effet de réduction des populations d'hôtes dans des zones où les mouvements des hôtes ne sont pas contrôlés est plus nuancé (Jordan, Schulze, et Jahn 2007).

Au-delà, des études ont montré que, dans certaines conditions, dans les milieux où la biodiversité des hôtes était plus faible, les abondances de tiques dans l'environnement étaient plus élevées par rapport aux milieux à biodiversité plus riche. Cela a été notamment observé aux États-Unis avec *I. scapularis* qui se nourrit sur une grande diversité d'hôtes. Les hôtes de prédilection sont favorisés dans les environnements à faible biodiversité et les tiques sont alors plus abondantes. Dans les milieux à forte biodiversité, la probabilité de rencontre entre les tiques et leur hôte de préférence est réduite (Ostfeld et Keesing 2012). Outre la richesse en espèces des milieux, la diversité fonctionnelle est aussi importante, en particulier la présence de prédateurs qui peuvent limiter les populations d'hôtes ou limiter le temps de recherche de nourriture de ces hôtes (et donc de contact potentiel avec les tiques exophiles) (Levi *et al.* 2012; Hofmeester *et al.* 2017).

Concernant les tiques du genre *Hyalomma*, une étude menée en Espagne, comparant une zone ouverte et une zone fermée d'où les cervidés et les sangliers étaient exclus depuis 16 ans, a montré que les populations de *H. lusitanicum* étaient plus abondantes dans la zone ouverte (Valcarcel *et al.* 2017). Dans une étude théorique, basée sur des modèles de dynamique de populations, la baisse de densité de lièvres, hôte des stades immatures, est associée à une diminution des populations de larves de tiques *H. marginatum* l'année suivante (Hoch, Breton, et Vatansever 2018).

8.2.4.3 Agir sur l'environnement

La modification de l'environnement peut avoir un rôle indirect sur les populations de tiques en agissant sur l'abondance et la diversité des hôtes et sur la probabilité de contact entre une tique et un hôte. Mais elle peut aussi avoir un rôle direct en affectant l'activité et la survie des tiques. Par exemple, le défrichage de la végétation a montré une efficacité sur *I. ricinus* (Hubálek *et al.* 2006) ou *A. americanum* (Clymer, Howell, et Hair 1970).

L'effet du feu, utilisé de manière contrôlée, a été étudié sur les populations de tiques (Gleim *et al.* 2014). Le feu peut avoir une action directe sur la survie des tiques ainsi qu'une action *via* la dégradation des populations d'hôtes et de la végétation. Ainsi, des réductions temporaires de populations de *I. scapularis* ont pu être observées suite à des incendies (Stafford *et al.* 1998). Ces

derniers ont néanmoins aussi été associés à des augmentations de populations de tiques d'*A. americanum* (sans doute car les cervidés ont été attirés par la végétation qui repoussait) (Allan 2009) ou de *R. appendiculatus* (Minshull 1982), ou encore à une absence d'effet avec *I. pacificus* en Californie (Padgett *et al.* 2009). Globalement, il semble que toute réduction du nombre de tiques sera de courte durée et que les densités reviendront au niveau d'avant le feu ou même seront plus élevées au bout d'une ou deux années. De plus, les défis et les risques associés à cette pratique font que l'utilisation du feu pour contrôler les populations de tiques doit être considérée avec beaucoup de prudence.

Enfin, l'utilisation de plantes répulsives ou toxiques pour les tiques pourrait limiter leur population (Cuisance *et al.* 1994). Expérimentalement, Civitello *et al.* (2008) ont montré que l'Herbe à échasse japonaise⁷⁹ (*Microstegium vimineum*) augmentait la mortalité de *A. americanum* et *D. variabilis*. Outre, le fait que ce soit une plante invasive (espèce inscrite dans l'Arrêté du 10 mars 2020⁸⁰), cette stratégie semble difficile à mettre en œuvre sur de grandes surfaces et nécessiterait que les espèces de plantes répulsives soient fortement dominantes (Norval 1983).

8.2.4.4 Réduire la possibilité de rencontre

Pour les espèces de tiques se nourrissant sur les animaux d'élevage, la rotation des pâturages pourrait permettre de réduire l'infestation des hôtes en retirant les animaux d'une parcelle le temps nécessaire à la disparition par inanition des tiques libres qui y sont présentes (Wilkinson 1970; 1957). De telles rotations ne peuvent cependant s'envisager dans des régions à petites parcelles. Cette pratique est encore plus efficace si l'on traite les animaux avec un acaricide à chaque changement de parcelle, évitant de la sorte la réinfestation immédiate des pâturages par les tiques gorgées que les animaux y dissémineraient. Cela ne peut être réalisé qu'avec des espèces dont la durée de survie des stases libres dans le milieu n'est pas très longue, comme par exemple *R. microplus* dont la seule stase infestante est la larve à jeun. C'est en revanche impossible à mettre en pratique avec *A. variegatum* et les autres tiques à deux ou trois hôtes comme les *Hyalomma* : la survie des adultes à jeun sur les pâturages peut en effet atteindre plusieurs années dans de bonnes conditions (Barré, Aprelon, et Eugène 1998). En ce qui concerne *H. marginatum*, il a été observé en région méditerranéenne que les tiques adultes sont capables d'attendre toute la saison de croissance de l'herbe lorsque les pâturages sont mis en défens⁸¹. Ainsi, lorsque les hôtes – en l'occurrence des chevaux – sont remis à la pâture, leur niveau d'infestation augmente (Vial et Stachurski, comm. pers.).

Pour que le système de rotation puisse fonctionner, l'absence d'hôtes alternatifs qui permettent l'accomplissement du cycle en l'absence de l'hôte domestique est aussi indispensable, ce qui n'est pas le cas pour les *Hyalomma* en zone méditerranéenne. Il faut aussi que les pâturages soient clôturés, ce qui est rarement observé en Afrique et peut ne pas être le cas en Europe dans certains systèmes extensifs (animaux en estive).

Pour les tiques se nourrissant sur les animaux domestiques, la connaissance de leur rythme de détachement pourrait permettre, en théorie, d'ajuster la conduite des élevages afin de favoriser le détachement des tiques dans des endroits impropres à leur survie ou à celle de leur ponte. Ainsi, il a été observé que les femelles gorgées de *R. microplus* se détachaient principalement le matin. Faire marcher les animaux le matin, avant de les mettre au pâturage, dans des parcs de nuit ou les étables

⁷⁹ Une graminée annuelle native d'Asie, des lisières des forêts et des zones humides

⁸⁰ <https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000041875937/>

⁸¹ La **mise en défens** des terrains et pâturages en montagne est un outil mobilisable pour pouvoir assurer la conservation et la restauration des forêts en montagne, dans les cas où l'état de dégradation du sol n'exige pas de travaux de restauration. Cette servitude peut être utilisée par l'autorité compétente de l'Etat, quels que soient les propriétaires des terrains et pâturages concernés.

où les femelles gorgées détachées ne pourront pas survivre, peut limiter l'infestation de l'environnement (Bianchi et Barré 2003). Les nymphes gorgées d'*A. variegatum* se détachent quant à elles pendant l'après-midi. Si les troupeaux étaient maintenus pendant cette période dans des pâturages défavorables à la survie des tiques, ou dans des parcelles ensuite mises en culture, cela permettrait de réduire fortement l'infestation par les tiques adultes au cours des mois suivants (Stachurski et Adakal 2010). De même, constatant que les adultes d'*A. variegatum* sont plus actifs au cours de la journée que la nuit, Barré, Aprelon, et Eugène (1998) ont proposé de favoriser le pâturage nocturne des bovins. Cependant ces actions sont limitées par leur faisabilité en termes de gestion des troupeaux ainsi que par la plasticité des comportements des tiques qui peuvent s'adapter à leur environnement (White, Heylen, et Matthysen 2012).

8.2.5 Autres pistes

Le déparasitage manuel des hôtes domestiques est utilisé par les éleveurs dans les élevages de petite taille (Masika, Sonandi, et Van Averbeké 1997). Il cible surtout les tiques adultes, car les larves et les nymphes sont difficiles à repérer, et permet de réduire les densités de tiques dans les pâturages. Le risque infectieux doit toutefois être contrôlé lors de la manipulation des tiques.

Les avancées récentes réalisées dans la description et l'étude du microbiome des tiques (voir la revue Bonnet et Pollet (2021)) ouvrent de nouvelles voies de recherche pour identifier des stratégies de lutte contre ces dernières. En effet, des études portant sur les moustiques vecteurs ont révélé que la modulation de leur microbiome réduisait la transmission des agents pathogènes responsables du paludisme, de la dengue et d'autres maladies associées aux moustiques (van Tol et Dimopoulos 2016). L'utilisation de leur propre microbiome comme « arme » contre les tiques peut être envisagée sous deux angles différents. Il serait d'abord possible de cibler les microbes nécessaires à la survie ou au bon développement des tiques, tels que ceux responsables de la supplémentation en nutriments ou de la réduction du stress. Il serait également possible de cibler les composants du microbiome de la tique qui sont directement impliqués dans la transmission des agents pathogènes, en agissant sur l'activation ou la suppression du système immunitaire, la concurrence pour des ressources limitées, ou la régulation d'un processus physiologique spécifique. Il peut être possible, par exemple, d'introduire un endosymbionte transmis verticalement et identifié comme capable d'inhiber la transmission des agents pathogènes dans une population de tiques de laboratoire qui serait relâchée ensuite dans la nature pour prendre le pas sur les populations sauvages. De plus, comme des associations positives entre des composants du microbiome et certains agents pathogènes transmis par les tiques ont été identifiées, des stratégies de vaccination contre ces composants du microbiome améliorant la transmission des agents pathogènes pourraient également être envisagées (Mateos-Hernández *et al.* 2020; Abraham *et al.* 2017).

Bien qu'attractive, cette approche de manipulation du microbiome va néanmoins se heurter, outre le manque de données fonctionnelles à l'heure actuelle, à un certain nombre de défis. Tout d'abord, la dynamique du microbiome des tiques varie non seulement selon les espèces mais aussi selon l'origine géographique, le sexe, la stase ou l'origine du repas sanguin, comme le démontrent de nombreuses études (Bonnet et Pollet 2021). Par conséquent, ces variables devront être prises en compte car elles pourraient représenter des obstacles importants à l'identification d'une cible commune utilisable. Concernant le « relargage » de tiques modifiées dans la nature, les problèmes rencontrés seront ceux déjà évoqués (§ 8.2.3) concernant la lutte génétique. Comme mentionné ci-dessus à propos des vaccins anti-tiques, il faut aussi garder à l'esprit qu'une approche vaccinale dirigée contre des éléments du microbiome sera tout aussi complexe à mettre en œuvre pour les tiques multi-hôtes. Comparativement à d'autres genres, relativement peu de travaux ont concerné le

microbiome des *Hyalomma* spp. (Azagi *et al.* 2017; Elbir, Almathen, et Elnahas 2020; Ivanov *et al.* 2011; Szigeti *et al.* 2014). Une étude très récente a néanmoins démontré, à partir d'échantillons de tiques prélevés sur le terrain au Pakistan, que les populations d'endosymbiontes *Francisella-like* et *Candidatus Midichloria mitochondrii*, majoritaires chez des *H. anatolicum* femelles, ne sont pas modifiées par la présence de deux agents pathogènes qu'elles transmettent : *Theileria* sp. et *A. marginale* (Adegoke *et al.* 2020).

Parmi les approches innovantes et plus respectueuses de l'environnement, signalons le très récent développement d'un piège à phéromones pour les tiques *R. sanguineus* (Gowrishankar *et al.* 2021). L'identification de nouvelles cibles spécifiques des tiques comme des molécules de leur système nerveux pourrait aussi permettre le développement de nouveaux acaricides préservant la faune non ciblée (Le Mauff *et al.* 2020) ou de nouveaux vaccins (Almazán *et al.* 2020).

8.3 Mesures de prévention contre les piqûres de tiques pour l'être humain

En l'absence de vaccin pour la quasi-totalité des virus transmis par les tiques à l'exception de TBEV, le seul moyen de réduire le risque infectieux chez l'humain consiste à sensibiliser les populations aux facteurs de risque de piqûre et à les instruire quant aux mesures pouvant être prises pour diminuer le contact et la probabilité de piqûre par les tiques. Aussi, la prévention contre les piqûres de tiques en général repose majoritairement sur la prévention mécanique et chimique (Figoni *et al.* 2019) et ces mesures sont :

- porter des vêtements protecteurs (manches longues, pantalons longs) et de couleur claire pour pouvoir facilement détecter les tiques ;
- utiliser des répulsifs avec AMM sur la peau. Les produits utilisables sont le DEET, l'IR 3535, la picaridine et le citriodiol (se référer aux recommandations officielles de l'ANSM⁸² et de l'Anses et à leurs mises à jour⁸³) ;
- vérifier régulièrement s'il n'y a pas de tiques dans les vêtements ou sur la peau et les enlever avec précaution (si possible avec un tire-tique si la tique est déjà fixée) si on en trouve ;
- chercher à éliminer ou à limiter les infestations des animaux par les tiques dans les étables et les écuries (*cf.* paragraphes précédents) ;
- éviter les endroits où les tiques abondent aux saisons où elles sont le plus actives.

Malgré l'existence d'une AMM concernant les vêtements imprégnés de pyréthrinoides, la balance bénéfice-risque de leur utilisation est devenue défavorable pour une utilisation par la population générale et donc n'est plus recommandée (HCSP 2022).

Ces différentes mesures, dont une revue a été réalisée récemment concernant *Ixodes ricinus* (Perez *et al.* 2020), sont applicables pour l'ensemble des tiques dures dont *Hyalomma* spp. Cependant, il faut noter que très peu de données existent quant aux circonstances et aux niveaux d'exposition des êtres humains ainsi que sur l'efficacité des mesures de prévention vis-à-vis des tiques du genre *Hyalomma*. Les différentes espèces du genre ne présentant par ailleurs pas la même bio-écologie en

⁸² Agence nationale de sécurité du médicament et des produits de santé

⁸³ Dans le cadre du Règlement biocides (UE) 528/2012, les produits répulsifs sont classés dans le groupe TP19. En raison de la mise en œuvre progressive du Règlement biocide, certains produits ne sont pas encore soumis à autorisation de mise sur le marché (AMM) et n'ont par conséquent pas encore fait l'objet d'une évaluation. La liste des produits disposant d'une AMM évolue au fur et à mesure de l'instruction des dossiers.

termes de cycle ou d'habitat par exemple (voir le chapitre 3), le risque et donc les mesures préventives seront différentes.

Conclusion :

Ainsi, tout comme pour les autres espèces et genres de tiques, il n'existe pas à l'heure actuelle de méthode ayant démontré une efficacité suffisante pour lutter contre les *Hyalomma* spp. Face aux changements globaux actuels et au phénomène croissant de résistance aux acaricides, il est nécessaire de développer de nouvelles méthodes de lutte contre ces vecteurs d'importance majeure. Il faut néanmoins garder à l'esprit que celles-ci devront être adaptées non seulement à la biologie et l'écologie des espèces concernées pour lesquelles beaucoup de données manquent encore à ce jour, mais aussi aux réalités du terrain en prenant en compte la faisabilité de leur application, ainsi que les attentes et l'acceptabilité de la société civile. Ce n'est qu'avec l'adhésion des populations concernées et dans le cadre d'une lutte intégrée visant à changer nos pratiques (élevage, activités humaines dans des zones à risque, etc.), que des solutions de lutte contre les tiques, dont les *Hyalomma* spp., pourront être mises en œuvre.

En l'absence de traitement spécifique ou de vaccin, le respect de mesures de protection contre les piqûres de tiques et contre la dissémination du CCHFV (signalement, isolement, diagnostic précoce, chimioprophylaxie des cas contacts rapprochés) reste le seul moyen de prévenir les infections.

9 Analyse des sources d'incertitude

Les experts du GT ont listé les principales sources d'incertitudes dans le Tableau 21 en suivant les recommandations du GT MER (Anses 2017).

Tableau 21 : Typologie des incertitudes

Catégorie	Sous-catégorie	Origine et sources (causes)	Prise en compte par le GT	Impact (I) et direction (D) sur le résultat
Contexte	Cadrage/ formulation de la question Ce qui est induit par le contexte/ périmètre	Reformulation du périmètre et des questions de la saisine Élargissement de certaines questions de la saisine	Oui (reformulation de certaines questions de l'auto-saisine et clarifications apportées par le GT). Du fait de la circulation du virus de la FHCC en France continentale, les experts se sont intéressés, en plus du risque d'introduction du CCHFV, à sa potentielle émergence et à la survenue d'un cas humain de FHCC sur le territoire français.	I : faible D : non qualifiable
		Le manque de données, voire l'absence de données sur la bio-écologie, les paramètres vitaux et la compétence vectorielle de certaines espèces de tiques <i>Hyalomma</i> vis-à-vis d'agents pathogènes d'intérêt en santé humaine et vétérinaire Le manque de données sur la présence et la densité des tiques <i>Hyalomma</i> spp. ainsi que leur fréquence d'infection par le virus de la FHCC dans certaines régions françaises	Oui. Les connaissances et les limites actuelles sont présentées de manière transparente.	I : fort D : non qualifiable

Catégorie	Sous-catégorie	Origine et sources (causes)	Prise en compte par le GT	Impact (I) et direction (D) sur le résultat
		Le manque de données sur le virus de la FHCC, sur sa présence et distribution en France ; ainsi que sur certaines de ses propriétés biologiques (dose infectieuse, survie dans les matrices, etc.)		
	Méthode de collecte des données Représentativité, protocole, puissance, méthode de mesure	Les recherches bibliographiques ont été réalisées de manière exhaustive ou non en fonction des sujets ; le cas échéant, les articles ont été sélectionnés sur avis d'experts.	Oui (méthode de recherche bibliographique exposée de manière transparente). Les recherches bibliographiques ont par exemple été réalisées de manière exhaustive pour constituer la liste des agents pathogènes potentiellement transmis par les espèces de tiques du genre <i>Hyalomma</i> (avec une évaluation du niveau de preuve pour la compétence vectorielle).	I : faible D : non qualifiable
Consultation de la base de données TRACES-NT		Oui.	- Les bases de données ont été consultées sur plusieurs années pour éviter des biais liés à des événements particuliers (comme la Covid-19) - Les limites, liées à la dénomination, à la catégorisation et à la traçabilité des animaux, sont explicitées dans le rapport et prises en compte dans l'argumentaire.	I : faible D : non qualifiable
Consultation de la base de données Agreste				
Consultation des données des saisies douanières		Oui.	Les données de saisies douanières correspondant à des importations illégales, elles ne représentent pas la réalité ni l'importance des flux d'animaux. Ceci est pris en compte dans l'argumentaire.	I : fort D : sur et sous-estimation
Absence de données pour la faune sauvage		Oui. Les limites actuelles sont présentées de manière transparente.	I : faible D : non qualifiable	

Catégorie	Sous-catégorie	Origine et sources (causes)	Prise en compte par le GT	Impact (I) et direction (D) sur le résultat
	Modèles existants Adéquation, validité, paramètres, etc.	Absence de modèle préexistant pour évaluer l'introduction de tiques <i>Hyalomma</i> (ou d'autres genres) sur le territoire français	Sans objet	
Méthode d'évaluation	Données sélectionnées Critères de sélections, jugement d'experts, extrapolation	Grand nombre d'espèces de tiques du genre <i>Hyalomma</i> avec des bio-écologies différentes	Oui. Les experts ont défini un certain nombre de critères exposés de manière transparente afin de sélectionner les tiques du genre <i>Hyalomma</i> d'intérêt pour le territoire français	I : fort D : surestimation
		Présence de tiques du genre <i>Hyalomma</i> en France et identification d'animaux domestiques et sauvages séropositifs au CCHFV en France	Oui. Les éléments de connaissances disponibles, ainsi que leurs limites ont été discutés dans le rapport. Une analyse ainsi que des hypothèses explicatives du contexte éco-épidémiologique français ont été apportées par le GT.	I : non quantifiable D : non qualifiable
	Evaluation de la probabilité d'introduction de tiques du genre <i>Hyalomma</i> en France	Nombreuses voies d'introduction des tiques du genre <i>Hyalomma</i> en France et du virus de la FHCC	Oui. Les experts ont réalisé une analyse qualitative en exprimant l'incertitude liée à chacune des évaluations. Les experts ont fait le choix de définir plusieurs scénarios d'introduction pour faire des analyses qualitatives du risque d'introduction et de transmission du virus de la FHCC par piqûre de tique du genre <i>Hyalomma</i> .	I : fort D : sur et sous-estimation
	Evaluation de la probabilité d'installation de tiques du genre <i>Hyalomma</i> en France	Nombreux facteurs biotiques et abiotiques non quantifiables et pouvant jouer à une échelle relativement fine. L'impact des changements climatiques en cours modifiant les écosystèmes et l'équilibre dynamique des cycles.	Oui. Les experts ont réalisé une analyse qualitative en exprimant l'incertitude liée à chacune des évaluations. L'analyse a été conduite sur un pas de temps de cinq ans afin de réduire le degré d'incertitude lié à ces facteurs (réchauffement climatique, etc.).	I : fort D : non qualifiable

Catégorie	Sous-catégorie	Origine et sources (causes)	Prise en compte par le GT	Impact (I) et direction (D) sur le résultat
	Evaluation de la probabilité de transmission vectorielle du CCHFV (survenue d'un cas de FHCC) en France	Existence d'un nombre non négligeable de données manquantes pouvant impacter la précision des résultats obtenus.	Oui. Les experts ont réalisé une analyse qualitative en exprimant l'incertitude liée à chacune des évaluations. L'analyse a été conduite sur un pas de temps de cinq ans afin de réduire le degré d'incertitude lié à ce manque de données	I : fort D : non qualifiable
	Evaluation de l'exposition aux agents pathogènes autres que le CCHFV en France par piqûre de tique <i>Hyalomma</i> spp.	Existence d'un nombre non négligeable de données manquantes pouvant impacter la précision des résultats obtenus.	Oui. Les experts ont réalisé une analyse qualitative en exprimant l'incertitude liée à chacune des évaluations.	I : fort D : non qualifiable

Catégorie	Sous-catégorie	Origine et sources (causes)	Prise en compte par le GT	Impact (I) et direction (D) sur le résultat
	Interprétation des résultats Peut générer des incertitudes en raison de biais cognitif des experts, d'extrapolation d'un champ à l'autre ou de perception dans un contexte de forts enjeux économiques et politiques		Pas de source d'incertitude identifiée	
Communication des résultats	Présentation et expression des résultats		Pas de source d'incertitude identifiée	

10 Conclusions du groupe de travail

À l'échelle mondiale, l'évolution actuelle de l'aire de répartition d'espèces de tiques du genre *Hyalomma* est préoccupante. En effet, ces tiques sont vectrices de nombreux agents pathogènes responsables de maladies à la fois pour l'être humain et les autres animaux. Ainsi, la présence de trois espèces de *Hyalomma* en France métropolitaine justifie la réalisation d'une évaluation des risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France, et plus particulièrement le risque de survenue d'un cas humain autochtone de FHCC suite à une transmission vectorielle. Le risque lié aux autres modalités de transmission (contact direct avec les fluides biologiques contaminés) n'a pas été évalué dans ce rapport.

Suite à l'expertise réalisée par le groupe de travail, il apparaît qu'une transmission vectorielle du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (CCHFV) par les tiques du genre *Hyalomma* à l'être humain ou aux animaux est possible sur le territoire français.

Cette conclusion repose tout d'abord sur la présence effective de trois espèces du genre *Hyalomma* (*H. marginatum*, *H. lusitanicum* et *H. scupense*) en France continentale et en Corse, dont *H. marginatum*, vecteur avéré du virus. Sept autres espèces du genre *Hyalomma*, dont plusieurs sont des vecteurs avérés du CCHFV, ont par ailleurs été identifiées comme présentant un risque d'introduction sur le territoire. Après analyse, la voie d'introduction la plus probable est l'arrivée de stases immatures en particulier des espèces *H. marginatum* et *H. rufipes* via des oiseaux migrateurs. La probabilité d'introduction d'au moins une tique du genre *Hyalomma* par cette voie, déjà documentée par ailleurs, est évaluée comme très élevée (9 sur 9 selon l'échelle AFSSA⁸⁴ (AFSSA 2008), avec une incertitude faible⁸⁵). L'introduction, liée à l'activité humaine, d'au moins une tique adulte lors de déplacements transfrontaliers d'animaux terrestres a également été considérée par les experts mais a été évaluée comme ayant un risque de survenue peu élevé pour les bovins et les équidés (6 sur 9, avec une incertitude moyenne), faible pour les lagomorphes (5 sur 9, avec une incertitude élevée) et très faible pour les tortues (4 sur 9, avec une incertitude élevée).

En raison de leurs préférences écologiques (climat sec et nécessité de périodes chaudes pour leur développement), l'installation des tiques du genre *Hyalomma* sur le territoire métropolitain serait favorisée par les changements climatiques actuels et futurs, notamment l'accroissement des températures estivales. En revanche, les territoires ultra marins (Océan indien et départements français d'Amérique) semblent beaucoup moins à risque.

Les tiques du genre *Hyalomma* étant des réservoirs du CCHFV, le risque d'introduction et de diffusion de ce virus est étroitement lié au risque d'introduction et d'installation de tiques originaires de zones géographiques où le virus circule. C'est ainsi que les mouvements d'animaux (oiseaux comme vertébrés terrestres) représentent un risque d'importation de tiques infectées en provenance d'Afrique de l'Ouest, d'Afrique du Nord, de Turquie ou encore de pays frontaliers comme l'Espagne. Bien que l'introduction d'une tique infectée via un oiseau migrateur soit considérée par les experts comme le

⁸⁴ Voir le tTableau 2 : Valeurs chiffrées utilisées pour chaque qualificatif de probabilité et correspondance avec les valeurs ordinales

⁸⁵ Voir le tTableau 3 : Modalités d'expression, de qualification et d'attribution des « indices d'incertitudes » de la notation

scénario le plus probable, la probabilité d'une telle transmission vectorielle ponctuelle a été estimée comme minimale (2 sur 9 avec une incertitude moyenne) en France métropolitaine. La tique devrait tout d'abord être infectée (risque faible du fait d'un taux faible d'infection), se métamorphoser en adulte après s'être détachée dans un milieu et à une période favorable à sa métamorphose et à la rencontre avec un être humain puis piquer ce dernier. L'introduction de tiques via d'autres espèces animales ayant été estimée moins probable, celle du virus par ces autres espèces l'est d'autant moins.

Par ailleurs, la circulation actuelle du CCHFV sur le territoire français est considérée comme probable par les experts. Des enquêtes récentes ont en effet mis en évidence des sérologies positives, validées par séroneutralisation, chez des animaux domestiques et sauvages, à la fois en Corse et dans sept autres départements méditerranéens.

Aucun cas humain autochtone de FHCC n'a été déclaré à ce jour sur le territoire français et aucune tique n'a jusqu'à présent été identifiée comme porteuse du virus. C'est pourquoi, à la lumière des données disponibles et des connaissances actuelles, et du fait des conditions biotiques et abiotiques locales actuelles qui semblent maintenir une prévalence d'infection *a priori* très faible chez le(s) vecteur(s), la probabilité d'une transmission vectorielle autochtone du CCHFV est à ce jour considérée comme très faible à faible (4 à 5 sur 9 avec une incertitude élevée) en France métropolitaine. Cependant, la modification de certains facteurs biotiques et abiotiques susceptibles d'avoir une influence sur les populations de tiques, le virus ou les populations d'hôtes vertébrés, pourrait rendre possible une transmission vectorielle du virus aux humains.

Les experts soulignent néanmoins le fait que certains des nombreux éléments pris en compte dans les analyses et évaluations réalisées dans le présent rapport et pouvant influencer la présence des tiques du genre *Hyalomma* et l'émergence de cas de FHCC, présentent un niveau d'incertitude élevé en raison d'un nombre limité d'études scientifiques disponibles les concernant.

L'analyse effectuée dans ce rapport montre par ailleurs que le danger lié aux tiques du genre *Hyalomma* ne se limite pas à la transmission du CCHFV mais peut concerner la transmission d'autres agents pathogènes, dont notamment des parasites du genre *Theileria* d'importance capitale en santé animale. De plus, lorsqu'elles sont abondantes, ces tiques sont susceptibles d'occasionner des blessures significatives lors de leur fixation et de représenter un problème important pour la santé animale, en dehors de toute transmission d'agent pathogène.

Suite à cette analyse, les experts ont formulé un certain nombre de recommandations en matière de surveillance, de gestion du risque d'introduction, d'installation, et d'exposition aux tiques du genre *Hyalomma* ainsi qu'aux agents pathogènes qu'elles transmettent. Des recommandations en matière de prévention et de prise en charge globale liée à la survenue d'un cas de FHCC ont aussi été faites. Enfin, l'état des lieux réalisé dans le présent rapport a aussi permis d'émettre des propositions en termes de projets de recherche à développer.

11 Recommandations

Plusieurs recommandations sont formulées par les experts du GT « *Hyalomma* », certaines axées sur la prévention des infections liées aux tiques du genre *Hyalomma*, d'autres concernant les recherches à mettre en place. Les recommandations listées dans les paragraphes ci-dessous ne sont pas classées par ordre d'importance. Leur organisation suit celle des axes stratégiques du plan Lyme⁸⁶. Les experts rappellent à cet égard la nécessité de poursuivre et de pérenniser les actions engagées dans le cadre de ce plan, notamment celles applicables à l'ensemble des espèces de tiques présentes en France.

En matière de surveillance, de gestion des risques d'introduction, d'installation et d'expansion des populations de *Hyalomma* sp. en France et de prévention de l'exposition humaine aux *Hyalomma* sp.

Considérant :

- le rôle pathogène direct, ou indirect par transmission vectorielle d'agents pathogènes, des tiques du genre *Hyalomma* ;
- la présence de populations de tiques *Hyalomma* sp. en France (*H. marginatum*, *H. scupense* et *H. lusitanicum*), et le fait que les observations récentes montrent une augmentation de l'aire de répartition de certaines de ces populations ;
- les introductions récurrentes de tiques *Hyalomma* sp. en France, notamment *via* les oiseaux migrateurs, sachant que plusieurs voies de migration de l'avifaune européenne traversent la France ;
- la présence (et la possible introduction) sur le territoire français d'espèces d'hôtes vertébrés terrestres, participant à l'amplification des populations de tiques du genre *Hyalomma*, et réservoirs ou amplificateurs d'agents pathogènes transmis par ces dernières ;
- l'impact des changements environnementaux (climat, disponibilité de l'habitat, présence d'hôtes vertébrés, etc.) sur la répartition géographique des tiques *Hyalomma* sp. ;

les experts recommandent :

- ❖ *Concernant la surveillance des tiques *Hyalomma* sp. et de leurs hôtes*
- d'améliorer la surveillance des tiques à l'échelle nationale, notamment dans les zones géographiques identifiées comme étant les plus à risque :
 - en élargissant et en encourageant les programmes de sciences participatives de signalements de présence ou de piqûres de tiques (comme l'application [signalement tique](#) du programme Citique) ;
 - en élaborant des programmes de collectes régulières et standardisées par le biais des réseaux existants (éleveurs, chasseurs, vétérinaires, chercheurs, etc.) ;
- de promouvoir une organisation en réseau des instituts et instances impliqués dans la surveillance des tiques et/ou de leurs agents pathogènes, aussi bien à l'échelle nationale (Cirad, CNR, LNR, INRAE, etc.) qu'à l'échelle internationale (MediLab, REMESA, etc.), afin de favoriser l'échange

⁸⁶ https://solidarites-sante.gouv.fr/IMG/pdf/plan_lyme_180117.pdf

d'informations (par exemple sur l'extension/introduction d'une nouvelle espèce, d'un agent pathogène, etc.) ;

- d'améliorer et de renforcer la surveillance, et dans certains cas, la traçabilité, des animaux vertébrés hôtes des tiques et réservoirs ou amplificateurs des agents pathogènes transmis comme CCHFV :
 - o lors de l'importation ou de déplacements d'animaux terrestres (notamment les chevaux, bovins, lagomorphes et tortues), particulièrement en provenance des zones géographiques identifiées comme étant les plus à risque ;
 - o en ce qui concerne la faune sauvage locale (sangliers, cerfs, chevreuils, lagomorphes, oiseaux, etc.), dans les centres de soins et de sauvegarde, les parcs naturels, au sein des réseaux de chasseurs, ou encore lors des campagnes de surveillance des oiseaux migrateurs (en impliquant les collectifs de bagueurs par exemple) ;
- de réglementer les lâchers d'espèces sauvages importées (notamment lagomorphes) à visée cynégétique qui ne sont pas soumis à autorisation aujourd'hui.

❖ *Concernant la prévention de l'exposition aux piqûres de tiques*

- de réaliser une synthèse des initiatives de communication existantes et efficaces afin d'harmoniser les messages de prévention et de les adapter aux publics visés ;
- d'informer et de sensibiliser les citoyens et les professionnels potentiellement exposés aux tiques en général, notamment ceux fréquentant les élevages, les centres équestres ou les espaces naturels, des risques liés aux tiques et sur les mesures de prévention : limiter le contact avec les tiques en évitant dans la mesure du possible les zones infestées et en portant des vêtements couvrants, s'inspecter au retour de zones à risque pour retirer au plus vite les tiques potentiellement présentes et fixées ou non ; et plus spécifiquement dans les zones où les tiques *Hyalomma* sp. sont présentes, d'augmenter les campagnes d'information et de prévention autour de ces tiques et des risques liés, par des initiatives comme Le Graine⁸⁷ en Occitanie par exemple et en lien avec les Agences Régionales de Santé concernées ;
- d'informer les citoyens et les professionnels potentiellement exposés au contact des tiques, notamment ceux fréquentant les élevages et les centres équestres, des risques liés à l'utilisation des biocides, répulsifs et acaricides, pour l'environnement (atteinte de la faune non cible) et la santé humaine, et du possible développement de résistance chez les tiques ;
- de promouvoir en conséquence une lutte écologique et une utilisation raisonnée des traitements acaricides chez les espèces animales les plus particulièrement exposées (chevaux et bovins) ;
- de traiter lorsque cela est possible, les animaux infestés par les tiques lors d'importations d'espèces domestiques ou sauvages (bovins, chevaux, tortues, lagomorphes) et/ou lors de déplacements sur le territoire ; à défaut, de retirer manuellement les tiques.

⁸⁷ <https://graine-occitanie.org/>

En matière de prévention et de gestion du risque de circulation et de transmission d'agents pathogènes transmis par des tiques du genre *Hyalomma* en France

Considérant :

- la présence en France d'agents pathogènes pouvant être transmis par les tiques *Hyalomma* sp. et/ou leur possible importation sur le territoire ;
- le risque létal pour l'être humain lié à une infection par le CCHFV ;
- la présence d'animaux d'élevage et sauvages séropositifs pour CCHFV en France ;
- la circulation du CCHFV et la présence de cas humains de FHCC dans les pays limitrophes ;
- la détection de multiples souches du CCHFV en Espagne suggérant que le cycle enzootique du CCHFV s'est déjà établi dans certaines régions du sud-ouest de l'Europe ;
- la possibilité de cas humains importés de FHCC en France ;
- l'impact des changements environnementaux (climat, saisonnalité, disponibilité de l'habitat, etc.) sur l'émergence de maladies infectieuses liées aux *Hyalomma* sp ;

les experts recommandent :

❖ *Concernant l'ensemble des agents pathogènes transmis par les Hyalomma sp. en France*

- de renforcer les actions de sensibilisation vers les professionnels de la santé humaine et de la santé animale sur les risques liés aux agents pathogènes transmis par les tiques ;
- d'intensifier les collaborations à l'échelle européenne (notamment avec l'Italie et l'Espagne) en particulier pour l'échange d'informations sanitaires (prévalence, émergence) concernant les espèces hôtes de *Hyalomma* spp.

❖ *Concernant la transmission du CCHFV par les Hyalomma sp. en France*

- de renforcer les actions de sensibilisation vers les professionnels de la santé humaine et de la santé animale sur le risque d'émergence de la FHCC dans les zones où sont installées les tiques *Hyalomma* en France ;
- de mettre en place un système de surveillance sérologique du CCHFV dans la faune sauvage et domestique, en particulier dans les départements où les tiques du genre *Hyalomma* sont présentes ;
- d'instaurer la réalisation de tests RT-PCR pour les animaux en provenance de zones où le CCHFV circule afin de limiter le risque d'introduction d'un animal virémique, durant la période pendant laquelle les tiques du genre *Hyalomma* sont actives ;
- de comparer puis uniformiser les tests diagnostiques sérologiques et/ou moléculaires existants chez l'être humain ;
- de comparer puis uniformiser les tests diagnostiques sérologiques et/ou moléculaires existants chez les animaux et les tiques ;
- de mettre en œuvre les moyens nécessaires pour isoler le(s) virus circulant(s) en France (à partir d'échantillonnages de tiques et/ou d'hôtes vertébrés, et en lien avec la réglementation relative au Micro-Organismes et aux Toxines – MOT), le(s) séquencer puis partager les données.

❖ *Concernant le développement de l'approche « Une seule santé » pour lutter contre les zoonoses émergentes, dont la FHCC*

- d'élaborer, de mettre en œuvre, et de renforcer et soutenir des programmes d'enseignement⁸⁸ de l'approche « Une seule santé » dans le cadre des programmes de santé destinés aux vétérinaires, aux chercheurs, aux médecins, aux autres professionnels de santé et aux praticiens de la santé publique, ainsi qu'aux décideurs publics ;
- d'élaborer et mettre en œuvre un plan national d'action « Une seule santé » soutenu par des structures de gouvernance (ministères, agences publiques, etc.), afin de déterminer et d'atténuer les facteurs de transmission inter-espèces des agents pathogènes zoonotiques ;
- d'élaborer, de mettre en œuvre, et de soutenir des programmes de sensibilisation à l'urgence de déployer des mesures visant à lutter contre le dérèglement climatique et à préserver la biodiversité.

En matière de prévention et de prise en charge liée à la survenue d'un cas de FHCC

Considérant :

- la circulation possible de CCHFV sur le territoire français (animaux séropositifs dans plusieurs zones géographiques) ;
- les facteurs précités (§6.2.1) pouvant conduire à l'émergence de cas humains ;
- l'installation et/ou l'expansion des populations de tiques *Hyalomma* sp. en France ;
- la détection de cas de FHCC en Europe et notamment en Espagne ;
- les recommandations internationales ou de pays endémiques (voir Annexe 9).

les experts recommandent :

❖ *Concernant la probabilité non nulle de la survenue d'un cas humain de FHCC sur le territoire français dans les cinq prochaines années*

- d'appliquer les mesures préventives recommandées ci-dessus permettant de limiter l'exposition aux piqûres de tiques *Hyalomma* sp. ;
- de mettre en place un système de surveillance virologique pérenne dans les populations de tiques, en définissant un réseau de sites sentinelles à échantillonner régulièrement pour effectuer des recherches de CCHFV chez les tiques collectées ;
- de poursuivre et actualiser régulièrement la préparation des professionnels de santé humaine à la gestion de cas de FHCC, en fonction des connaissances et expériences acquises dans les pays endémiques ;

⁸⁸ tel que le diplôme universitaire mis en place à l'UPEC « DU Zoonoses liées aux tiques: *Impact pour l'Homme et l'Animal dans une approche One Health* »

❖ *En cas de détection du virus chez une tique, un animal ou un humain*

- d'appliquer les mesures préventives décrites par les experts du GT dans ce rapport (§5.6.2) visant à réduire le risque infectieux chez l'humain (port de vêtements de protection, animaux en quarantaine, etc.) ;
- d'isoler et de caractériser le virus en cause (culture, génotypage, séquençage, etc.) en respectant les circuits et réglementations en vigueur ;
- de renforcer la surveillance dans la zone géographique concernée.

➤ *En cas de détection chez une tique ou un animal*

- de réaliser des investigations additionnelles selon le contexte (collecte et recherche de virus dans les tiques, recherche du virus et/ou tests sérologiques dans l'élevage d'origine et les élevages à proximité ou la faune sauvage autour si réalisable) ;
- de définir des protocoles spécifiques sur la conduite à tenir pour les professionnels potentiellement exposés (personnel des abattoirs, éleveurs, etc.).

➤ *En cas de détection chez un humain*

- de réaliser les investigations épidémiologiques et virologiques adéquates (identification des facteurs d'exposition possibles (vectoriels ou non)), enquêtes environnementales autour du cas (collectes de tiques), dépistage des animaux dans l'entourage du cas si nécessaire, etc., voire analyses sérologiques des contacts ou encore études de séroprévalence ciblées (zone géographique, personnes co-exposées) ;
- d'appliquer, en cas d'hospitalisation, les mesures de prévention du risque d'infections nosocomiales pour les fièvres hémorragiques virales (en lien avec la fiche COREB) décrites dans le §5.6.3).

En matière de recherches

Considérant :

- le manque de données et/ou le besoin de données complémentaires :
 - sur la compétence vectorielle des différentes espèces de *Hyalomma* vis-à-vis d'agents pathogènes d'intérêt en santé humaine et vétérinaire ;
 - sur la présence et la densité des tiques *Hyalomma* sp. dans certaines régions françaises ;
 - sur la bio-écologie et certains paramètres vitaux des différentes espèces de *Hyalomma* ;
 - sur l'évaluation des mesures de prévention et lutte contre les piqûres de *Hyalomma* sp. et les agents pathogènes qu'elles transmettent ;
- les résistances aux acaricides documentées chez les tiques et leur possible augmentation dans le futur ;
- le besoin de disposer de méthodes d'étude standardisées et performantes pour détecter, identifier, et caractériser les éventuels nouveaux agents émergents transmis par les tiques ;

les experts recommandent :

- d'évaluer :
 - l'efficacité et la complémentarité des différentes méthodes de lutte contre les tiques *Hyalomma* sp. ;
 - les impacts sur l'environnement et la santé, ainsi que l'acceptabilité sociétale, des différents moyens de lutte et de prévention existants ou à l'étude (utilisation d'acaricides, port de

- vêtements imprégnés à la perméthrine, tiques ou espèces animales génétiquement modifiés, nanoparticules, etc.) ;
- l'efficacité de solutions à long terme pour la gestion des populations de tiques, comme la gestion du paysage ou des espèces animales impliquées dans le cycle de développement des tiques (e.g. *via* le contrôle des populations des hôtes) ;
 - la compétence vectorielle des différentes espèces de tiques (*H. scupense* pour *Theileria annulata* notamment) vis-à-vis des agents pathogènes (cf. ceux mentionnés dans le Tableau 20 en priorité) ;
 - l'effet du microbiome des tiques sur la transmission des agents pathogènes vectorisés par les *Hyalomma* sp. ;
- d'améliorer les connaissances et les techniques de détection des agents pathogènes transmis par les tiques *Hyalomma* sp. ;
 - de développer des projets de recherche pour une meilleure compréhension de l'évolution des tiques et des agents pathogènes qu'elles transmettent, notamment concernant l'apparition de résistance aux acaricides, l'adaptation à de nouveaux environnements ou à de nouveaux hôtes ;
 - de soutenir la recherche, par des moyens humains et financiers, de nouvelles méthodes de lutte contre les tiques, plus respectueuses de l'environnement et de la santé publique que les acaricides (vaccins contre les tiques, substances répulsives naturelles, etc.) ;
 - d'intensifier la recherche sur les hôtes des *Hyalomma* sp., notamment sur l'identification et le rôle des espèces de la faune sauvage dans l'amplification des populations de tiques et/ou des agents pathogènes transmis.

➤ *Concernant spécifiquement le CCHFV :*

- d'identifier et mobiliser tous les acteurs autorisés à travailler sur le CCHFV (cf. réglementation MOT) pour collaborer dans le cadre de projets de recherche multidisciplinaires sur l'étude des interactions vecteurs/virus/hôte, notamment les potentielles variations entre souches différentes en matière de transmission ou de virulence ;
- de mettre en place des études épidémiologiques permettant de comprendre la dynamique spatio-temporelle du virus au sein des populations de tiques et d'animaux vertébrés domestiques et sauvages, d'identifier les facteurs influençant cette dynamique et d'isoler le virus pour le caractériser ;
- d'intensifier la recherche sur les traitements antiviraux contre la FHCC pour en améliorer le pronostic.

12 Bibliographie

- Abdelkadir, K, AM. Palomar, A Portillo, JA. Oteo, K Ait-Oudhia, et D Khelef. 2019. « Presence of *Rickettsia Aeschlimanii*, “*Candidatus Rickettsia Barbariae*” and *Coxiella Burnetii* in Ticks from Livestock in Northwestern Algeria ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 10 (4): 924-28. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.04.018>.
- Abdigoudarzi, M. 2013. « Detection of Naturally Infected Vector Ticks (Acari: Ixodidae) by Different Species of *Babesia* and *Theileria* Agents from Three Different Enzootic Parts of Iran ». *Journal of Arthropod-Borne Diseases* 7 (2): 164-72. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3875883/>.
- Abdullah, Hend H. A. M., Eman E. El-Shanawany, Sobhy Abdel-Shafy, Hala A. A. Abou-Zeina, et Eman H. Abdel-Rahman. 2018. « Molecular and immunological characterization of *Hyalomma dromedarii* and *Hyalomma excavatum* (Acari: Ixodidae) vectors of Q fever in camels ». *Veterinary World* 11 (8): 1109-19. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2018.1109-1119>.
- Abraham, Nabil M., Lei Liu, Brandon Lyon Jutras, Akhilesh K. Yadav, Sukanya Narasimhan, Vissagan Gopalakrishnan, Juliana M. Ansari, et al. 2017. « Pathogen-mediated manipulation of arthropod microbiota to promote infection ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 114 (5): E781-90. <https://doi.org/10.1073/pnas.1613422114>.
- Adegoke, A, D Kumar, C Bobo, M I Rashid, A Z Durrani, M S Sajid, et S Karim. 2020. « Tick-Borne Pathogens Shape the Native Microbiome Within Tick Vectors ». *Microorganisms* 8 (9): E1299. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8091299>.
- Afshari, Asghar, Gholamreza Habibi, Mohammad Abdigoudarzi, et Fereshteh Yazdani. 2020. « Establishment and Validation of *Theileria annulata* Sporozoite Ak-93 Infection in Laboratory-Reared *Hyalomma anatolicum* Tick Using In Vivo and In Vitro Assays ». *Journal of Arthropod-Borne Diseases* 14 (3): 261-69. <https://doi.org/10.18502/jad.v14i3.4559>.
- AFSSA. 2008. « Une méthode qualitative d'estimation du risque en santé animale ». AFSSA - Agence française de sécurité sanitaire des aliments. <https://www.anses.fr/fr/system/files/SANT-Ra-MethodeRisque.pdf>.
- Agina, Onyinyechukwu Ada, Mohd Rosly Shaari, Nur Mahiza Md Isa, Mokrish Ajat, Mohd Zamri-Saad, et Hazilawati Hamzah. 2020. « Clinical Pathology, Immunopathology and Advanced Vaccine Technology in Bovine Theileriosis: A Review ». *Pathogens* 9 (9): 697. <https://doi.org/10.3390/pathogens9090697>.
- Ahmed, B. M., K. M. Taha, et A. M. El Hussein. 2011. « Life Cycle of *Hyalomma Anatolicum* Koch, 1844 (Acari: Ixodidae) Fed on Rabbits, Sheep and Goats ». *Veterinary Parasitology* 177 (3-4): 353-58. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2010.12.012>.
- Ahmeti, Salih, Lindita Ajazaj-Berisha, Bahrije Halili, et Anita Shala. 2014. « Acute Arthritis in Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Journal of Global Infectious Diseases* 6 (2): 79-81. <https://doi.org/10.4103/0974-777X.132052>.
- Ak, Ç, Ö Ergönül, et M. Gönen. 2020. « A Prospective Prediction Tool for Understanding Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Dynamics in Turkey ». *Clinical Microbiology and Infection: The Official Publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases* 26 (1): 123.e1-123.e7. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2019.05.006>.
- Aker, Servet, Halil Akıncı, Cem Kılıçoğlu, et Hakan Leblebicioğlu. 2015. « The Geographic Distribution of Cases of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: Kastamonu, Turkey ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 6 (6): 730-36. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2015.06.008>.

- Akinci, E, H Bodur, M Sunbul, et H Leblebicioglu. 2016. « Prognostic Factors, Pathophysiology and Novel Biomarkers in Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Antiviral Research* 132 (août): 233-43. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2016.06.011>.
- Aktas, M., N. Dumanli, et M. Angin. 2004. « Cattle Infestation by Hyalomma Ticks and Prevalence of Theileria in Hyalomma Species in the East of Turkey ». *Veterinary Parasitology* 119 (1): 1-8. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2003.10.013>.
- Aktas, M. 2014. « A Survey of Ixodid Tick Species and Molecular Identification of Tick-Borne Pathogens ». *Veterinary Parasitology* 200 (3-4): 276-83. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2013.12.008>.
- Aktas, M, S Özübek, K Altay, N D S Ipek, İ Balkaya, A E Utuk, A Kırbas, S Şimsek, et N Dumanlı. 2015. « Molecular detection of tick-borne rickettsial and protozoan pathogens in domestic dogs from Turkey ». *Parasites & Vectors* : 157. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0763-z>.
- Akuffo, R., J. a. M. Brandful, A. Zayed, A. Adjei, N. Watany, N. T. Fahmy, R. Hughes, *et al.* 2016. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Livestock Ticks and Animal Handler Seroprevalence at an Abattoir in Ghana ». *BMC Infectious Diseases* 16 (juillet): 324. <https://doi.org/10.1186/s12879-016-1660-6>.
- Akveran, G A, D Karasartova, A Keskin, A Comba, B Celebi, K Y. Mumcuoglu, et A Taylan-Ozkan. 2020. « Bacterial and Protozoan Agents Found in Hyalomma Aegyptium (L., 1758) (Ixodida: Ixodidae) Collected from Testudo Graeca L., 1758 (Reptilia: Testudines) in Corum Province of Turkey ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 11 (5): 101458. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101458>.
- Akyildiz, G, D Bente, A Gargili Keles, Z Vatansever, et S Kar. 2021. « High Prevalence and Different Genotypes of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Genome in Questing Unfed Adult Hyalomma Marginatum in Thrace, Turkey ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 12 (2): 101622. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101622>.
- Alanazi, A D., A S. Alouffi, M Y. Alshahrani, M S. Alyousif, H H. A. M. Abdullah, A M. Allam, B S. M. Elsayy, *et al.* 2021. « A Report on Tick Burden and Molecular Detection of Tick-Borne Pathogens in Cattle Blood Samples Collected from Four Regions in Saudi Arabia ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 12 (3): 101652. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2021.101652>.
- Al-Fahdi, A, B Alqamashoui, S Al-Hamidhi, O Kose, M H. Tageldin, P Bobade, E H. Johnson, *et al.* 2017. « Molecular Surveillance of Theileria Parasites of Livestock in Oman ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 8 (5): 741-48. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2017.05.008>.
- Al-Ghamdi, A, K Morsy, A Bashtar, F Abdel-Ghaffar, K Al-Rasheid, S Al-Quraishy, et H Mehlhorn. 2011. « Developmental Stages of Hepatozoon Hemprichii Sp. Nov. Infecting the Skink Scincus Hemprichii and the Tick Hyalomma Impeltatum from Saudi Arabia ». *The Journal of Parasitology* 97 (5): 878-83. <https://doi.org/10.1645/GE-2778.1>.
- Al-Hamidhi, S, E I. Elshafie, S Yaghfoori, W. I Morrison, E H. Johnson, et H A. Babiker. 2021. « A comparative study of single Theileria lestoquardi and mixed infections with Theileria ovis ». *Parasites & Vectors* 14 (1): 370. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-04864-6>.
- Al-Hosary, A, C Răileanu, O Tauchmann, S Fischer, A M. Nijhof, et C Silaghi. 2021. « Tick Species Identification and Molecular Detection of Tick-Borne Pathogens in Blood and Ticks Collected from Cattle in Egypt ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 12 (3): 101676. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2021.101676>.
- Ali, A, M A Khan, H Zahid, P M Yaseen, M Q Khan, J Nawab, Z U Rehman, M Ateeq, S Khan, et M Ibrahim. 2019. « Seasonal Dynamics, Record of Ticks Infesting Humans, Wild and Domestic Animals and Molecular Phylogeny of Rhipicephalus microplus in Khyber Pakhtunkhwa Pakistan ». *Frontiers in Physiology* 10: 793. <https://doi.org/10.3389/fphys.2019.00793>.

- Aligholipour F. T, K Földes, A Hanifehnezhad, B Y Ilce, S B Dagalp, N A Khiabani, Koray Ergünay, *et al.* 2019. « Bovine Herpesvirus Type 4 (BoHV-4) Vector Delivering Nucleocapsid Protein of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Induces Comparable Protective Immunity against Lethal Challenge in IFN α / β /IR-/- Mice Models ». *Viruses* 11 (3): E237. <https://doi.org/10.3390/v11030237>.
- Al-Khalifa, M S., F M. Diab, et G M. Khalil. 2007. « Man-Threatening Viruses Isolated from Ticks in Saudi Arabia ». *Saudi Medical Journal* 28 (12): 1864-67.
- Al'khovskii, S. V., D. K. L'vov, M. I Shchelkanov, A. M. Shchetinin, P. G. Deriabin, D. N. L'vov, S. S. L'vov, E. I. Samokhvalov, A. K. Gitel'man, et A. G. Botikov. 2014. « [Genetic characterization of the Batken virus (BKNV) (Orthomyxoviridae, Thogotovirus) isolated from the Ixodidae ticks *Hyalomma marginatum* Koch, 1844 and the mosquitoes *Aedes caspius* Pallas, 1771, as well as the *Culex hortensis* Ficalbi, 1889 in the Central Asia] ». *Voprosy Virusologii* 59 (2): 33-37.
- Allan, B F. 2009. « Influence of Prescribed Burns on the Abundance of *Amblyomma Americanum* (Acari: Ixodidae) in the Missouri Ozarks ». *Journal of Medical Entomology* 46 (5): 1030-36. <https://doi.org/10.1603/033.046.0509>.
- Almazán, C, L Šimo, L Fourniol, S Rakotobe, J Borneres, M Cote, S Peltier, *et al.* 2020. « Multiple Antigenic Peptide-Based Vaccines Targeting *Ixodes Ricinus* Neuropeptides Induce a Specific Antibody Response but Do Not Impact Tick Infestation ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 9 (11): E900. <https://doi.org/10.3390/pathogens9110900>.
- Al-Quraishy, S, F Abdel-Ghaffar, M A. Dkhil, et R Abdel-Gaber. 2021. « Haemogregarines and Criteria for Identification ». *Animals: an Open Access Journal from MDPI* 11 (1): 170. <https://doi.org/10.3390/ani11010170>.
- Álvarez-Rodríguez, B, C Tiede, A C. R. Hoste, R A. Surtees, C H. Trinh, G S. Slack, J Chamberlain, *et al.* 2020. « Characterization and Applications of a Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Nucleoprotein-Specific Affimer: Inhibitory Effects in Viral Replication and Development of Colorimetric Diagnostic Tests ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 14 (6): e0008364. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008364>.
- Amiri, M, S Yaghfoori, et Gh Razmi. 2021. « Molecular Detection of *Theileria annulata* among Dairy Cattle and Vector Ticks in the Herat Area, Afghanistan ». *Archives of Razi Institute* 76 (mars): 79-85. <https://doi.org/10.22092/ari.2019.128212.1407>.
- Anderson, C. R., et J. Casals. 1973. « Dhori Virus, a New Agent Isolated from *Hyalomma Dromedarii* in India ». *The Indian Journal of Medical Research* 61 (10): 1416-20.
- Andersson, I, L Bladh, M Mousavi-Jazi, K-E Magnusson, A Lundkvist, O Haller, et A Mirazimi. 2004. « Human MxA Protein Inhibits the Replication of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ». *Journal of Virology* 78 (8): 4323-29. <https://doi.org/10.1128/jvi.78.8.4323-4329.2004>.
- Andersson, I, Å Lundkvist, O Haller, et A Mirazimi. 2006. « Type I Interferon Inhibits Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Human Target Cells ». *Journal of Medical Virology* 78 (2): 216-22. <https://doi.org/10.1002/jmv.20530>.
- Angus, B. M. 1996. « The History of the Cattle Tick *Boophilus Microplus* in Australia and Achievements in Its Control ». *International Journal for Parasitology* 26 (12): 1341-55. [https://doi.org/10.1016/s0020-7519\(96\)00112-9](https://doi.org/10.1016/s0020-7519(96)00112-9).
- Anses. 2016. « Prise en compte de l'incertitude en évaluation des risques : revue de la littérature et recommandations pour l'Anses ». Avis de l'Anses. <https://www.anses.fr/fr/system/files/AUTRE2015SA0090Ra.pdf>.
- Anses. 2018. « NOTE AST de l'Anses relative à l'efficacité des biocides répulsifs contre les tiques et aux modalités de leur utilisation ». Anses. <https://www.anses.fr/fr/content/note-ast-de>

lances-relative-%C3%A0-l%E2%80%99efficacit%C3%A9-des-biocides-r%C3%A9pulsifs-contre-les-tiques-et-aux.

- Apanaskevich, D A., N A. Filippova, et I G. Horak. 2010. « The Genus Hyalomma Koch, 1844. x. Redescription of All Parasitic Stages of H. (Euhyalomma) Scupense Schulze, 1919 (= H. Detritum Schulze) (Acari: Ixodidae) and Notes on Its Biology ». *Folia Parasitologica* 57 (1): 69-78. <https://doi.org/10.14411/fp.2010.009>.
- Apanaskevich, D A., et I G. Horak. 2008. « The genus Hyalomma Koch, 1844: v. re-evaluation of the taxonomic rank of taxa comprising the H. (Euhyalomma) marginatum koch complex of species (Acari: Ixodidae) with redescription of all parasitic stages and notes on biology ». *International Journal of Acarology* 34 (1): 13-42. <https://doi.org/10.1080/01647950808683704>.
- Apanaskevich, D A., et I G. Horak. 2009. « The Genus Hyalomma Koch, 1844. IX. Redescription of All Parasitic Stages of H. (Euhyalomma) Impeltatum Schulze & Schlottko, 1930 and H. (E.) Somalicum Tonelli Rondelli, 1935 (Acari: Ixodidae) ». *Systematic Parasitology* 73 (3): 199-218. <https://doi.org/10.1007/s11230-009-9190-x>.
- Apanaskevich, D, et I Horak. 2005. « The genus Hyalomma Koch, 1844. II. Taxonomic status of Hyalomma (Euhyalomma) anatolicum Koch, 1844 and H. (E.) excavatum Koch, 1844 (Acari, Ixodidae) with redescription of all stages ». *Acarina* 13 (janvier): 181-97.
- Apanaskevich, D, et I Horak. 2005. 2006. « The genus Hyalomma Koch, 1844. I. Reinstatement of Hyalomma (Euhyalomma) glabrum Delpy, 1949 (Acari, Ixodidae) as a valid species with a redescription of the adults, the first description of its immature stages and notes on its biology ». *The Onderstepoort journal of veterinary research* 73 (avril): 1-12. <https://doi.org/10.4102/ojvr.v73i1.164>.
- Apanaskevich, D A., M M Santos-Silva, et I G. Horak. 2008. « The Genus Hyalomma Koch, 1844. IV. Redescription of All Parasitic Stages of H. (Euhyalomma) Lusitanicum Koch, 1844 and the Adults of H. (E.) Franchinii Tonelli Rondelli, 1932 (Acari: Ixodidae) with a First Description of Its Immature Stages ». *Folia Parasitologica* 55 (1): 61-74. <https://doi.org/10.14411/fp.2008.009>.
- Appannanavar, S B, et B Mishra. 2011. « An Update on Crimean Congo Hemorrhagic Fever ». *Journal of Global Infectious Diseases* 3 (3): 285-92. <https://doi.org/10.4103/0974-777X.83537>.
- Arendt, W J. 1988. « Range Expansion of the Cattle Egret (*Bubulcus ibis*) in the Greater Caribbean Basin ». *Colonial Waterbirds* 11 (2): 252-62. <https://doi.org/10.2307/1521007>.
- Aristova, V. A., E. A. Gushchina, V. L. Gromashevskii, et B. V. Gushchin. 1986. « [Experimental infection of ixodid ticks with Karshi virus ». *Parazitologiya* 20 (5): 347-50.
- Arjmand Y J, et M Tavassoli. 2016. « Survey on Infection Rate, Vectors and Molecular Identification of Theileria Annulata in Cattle from North West, Iran ». *Journal of Parasitic Diseases* 40 (3): 1071-76. <https://doi.org/10.1007/s12639-014-0636-y>.
- Arteaga, L M, J L Muñoz Bellido, A I Negrodo, J García Criado, M Carmen Vieira Lista, J Á Sánchez Serrano, M B Vicente Santiago, et al. 2021. « New Circulation of Genotype V of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Humans from Spain ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 15 (2): e0009197. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009197>.
- Arteaga, L M, J L Muñoz Bellido, M C Vieira Lista, M B Vicente Santiago, P F Soto, I Bas, N Leralta, et al. 2020. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever (CCHF) Virus-Specific Antibody Detection in Blood Donors, Castile-León, Spain, Summer 2017 and 2018 ». *Euro Surveillance: Bulletin European Sur Les Maladies Transmissibles = European Communicable Disease Bulletin* 25 (10): 1900507. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.10.1900507>.

- Asseldonk, M. a. P. M. van, J. Prins, et R. H. M. Bergevoet. 2013. « Economic Assessment of Q Fever in the Netherlands ». *Preventive Veterinary Medicine* 112 (1-2): 27-34. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2013.06.002>.
- Atkinson, B., J. Latham, J. Chamberlain, C. Logue, L. O'Donoghue, J. Osborne, G. Carson, *et al.* 2012. « Sequencing and Phylogenetic Characterisation of a Fatal Crimean - Congo Haemorrhagic Fever Case Imported into the United Kingdom, October 2012 ». *Euro Surveillance: Bulletin Europeen Sur Les Maladies Transmissibles = European Communicable Disease Bulletin* 17 (48): 20327.
- Aupée, M, JL Avril, C Bailly, B Branger, J Dissais, D Escourolle, Ronan Garlantézec, *et al.* 2005. « Investigation autour d'un cas importé de fièvre hémorragique Crimée-Congo en France, novembre 2004 ». *Bull Epidemiol Hebdo*, avril.
- Awad, F. I., M. M. Amin, S. A. Salama, et S. Khide. 1981. « The Role Played by Hyalomma Dromedarii in the Transmission of African Horse Sickness Virus in Egypt ». *Bulletin of Animal Health and Production in Africa. Bulletin Des Sante Et Production Animales En Afrique* 29 (4): 337-40.
- Awad, H, A Gadalla, M Postigo, S Al-Hamidhi, M Tageldin, S Skariah, A Sultan, *et al.* 2020. « Dynamics and within-host interaction of Theileria lestoquardi and T. ovis among naive sheep in Oman ». *Scientific Reports* 10 (novembre). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-76844-2>.
- Azagi, T, E Klement, G Perlman, Y Lustig, K Y. Mumcuoglu, D A. Apanaskevich, et Y Gottlieb. 2017. « Francisella-Like Endosymbionts and Rickettsia Species in Local and Imported Hyalomma Ticks ». *Applied and Environmental Microbiology* 83 (18): e01302-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.01302-17>.
- Azazy, O. M. el-. 1996. « Camel Tick (Acari:Ixodidae) Control with Pour-on Application of Flumethrin ». *Veterinary Parasitology* 67 (3-4): 281-84. [https://doi.org/10.1016/s0304-4017\(96\)00938-7](https://doi.org/10.1016/s0304-4017(96)00938-7).
- Azhahianambi, P., J. De La Fuente, V. V. S. Suryanarayana, et S. Ghosh. 2009. « Cloning, Expression and Immunoprotective Efficacy of RHaa86, the Homologue of the Bm86 Tick Vaccine Antigen, from Hyalomma Anatolicum Anatolicum ». *Parasite Immunology* 31 (3): 111-22. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3024.2008.01082.x>.
- Azmi, K, A Al-Jawabreh, et Z Abdeen. 2019. « Molecular Detection of Theileria ovis and Theleiria equi in Livestock from Palestine ». *Scientific Reports* 9 (août): 11557. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47965-0>.
- Bah, M T, V Grosbois, F Stachurski, F Muñoz, M Duhayon, I Rakotoarivony, A Appelgren, *et al.* 2022. « The Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Tick Vector Hyalomma Marginatum in the South of France: Modelling Its Distribution and Determination of Factors Influencing Its Establishment in a Newly Invaded Area ». *Transboundary and Emerging Diseases* 69 (5): e2351-65. <https://doi.org/10.1111/tbed.14578>.
- Bailly-Choumara, H, P C Morel, et J Rageau. 1976. « Sommaire des données actuelles sur les tiques du Maroc (Acari, Ixodoidea) », 17.
- Bakheit, M A., A A. Latif, Z Vatansever, U Seitzer, et J Ahmed. 2012. « The Huge Risks Due to Hyalomma Ticks ». In *Arthropods as Vectors of Emerging Diseases*, édité par Heinz Mehlhorn, 167-94. Parasitology Research Monographs. Berlin, Heidelberg: Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-28842-5_8.
- Bakir, M, A Engin, M Gokhan Gozel, N Elaldi, S Kilickap, et Z Cinar. 2012. « A New Perspective to Determine the Severity of Cases with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Journal of Vector Borne Diseases* 49 (2): 105-10.
- Bakir, M, M Ugurlu, B Dokuzoguz, H Bodur, Me A. Tasyaran, H Vahaboglu, et The Turkish Cchf Study Group. 2005. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Outbreak in Middle Anatolia: A

- Multicentre Study of Clinical Features and Outcome Measures ». *Journal of Medical Microbiology* 54 (Pt 4): 385-89. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.45865-0>.
- Bakirci, S, H B Bilgiç, Z K, A Düzgün, et Z Emre. 2013. « Studies on the Application of the Sterile-Male Technique on the Tick ». *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi* 60 (2): 93-98. https://doi.org/10.1501/Vetfak_0000002560.
- Bakirci, S, H Sarali, L Aydin, H Eren, et T Karagenc. 2012. « Distribution and Seasonal Activity of Tick Species on Cattle in the West Aegean Region of Turkey ». *Experimental & Applied Acarology* 56 (2): 165-78. <https://doi.org/10.1007/s10493-011-9502-0>.
- Bakır, M., M. G. Gözel, I. Köksal, Z. Aşık, Ö. Günel, H. Yılmaz, A. But, G. Yılmaz, et A. Engin. 2015. « Validation of a Severity Grading Score (SGS) System for Predicting the Course of Disease and Mortality in Patients with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) ». *European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases: Official Publication of the European Society of Clinical Microbiology* 34 (2): 325-30. <https://doi.org/10.1007/s10096-014-2238-0>.
- Bakken, J S., et J. S Dumler. 2015. « Human Granulocytic Anaplasmosis ». *Infectious Disease Clinics of North America* 29 (2): 341-55. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2015.02.007>.
- Balinandi, S, K Patel, J Ojwang, J Kyondo, S Mulei, A Tumusiime, B Lubwama, et al. 2018. « Investigation of an Isolated Case of Human Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Central Uganda, 2015 ». *International Journal of Infectious Diseases: IJID: Official Publication of the International Society for Infectious Diseases* 68 (mars): 88-93. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2018.01.013>.
- Banerjee, D. P., R. Kumar, S. Kumar, et P. P. Sengupta. 2003. « Immunization of Crossbred Cattle (Bos Indicus x Bos Taurus) with Fractionated Midgut Antigens against Hyalomma Anatolicum Anatolicum ». *Tropical Animal Health and Production* 35 (6): 509-19. <https://doi.org/10.1023/a:1027325717124>.
- Banerjee, D. P., R. R. Momin, et S. Samantaray. 1990. « Immunization of Cattle (Bos Indicus X Bos Taurus) against Hyalomma Anatolicum Anatolicum Using Antigens Derived from Tick Salivary Gland Extracts ». *International Journal for Parasitology* 20 (7): 969-72. [https://doi.org/10.1016/0020-7519\(90\)90037-n](https://doi.org/10.1016/0020-7519(90)90037-n).
- Banumathi, B, B Vaseeharan, P Rajasekar, N M Prabhu, P Ramasamy, K Murugan, A Canale, et G Benelli. 2017. « Exploitation of Chemical, Herbal and Nanoformulated Acaricides to Control the Cattle Tick, Rhipicephalus (Boophilus) Microplus - A Review ». *Veterinary Parasitology* 244 (septembre): 102-10. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2017.07.021>.
- Barnard, D. R. 1990. « Population Growth Rates for Amblyomma Americanum (Acari: Ixodidae) on Bos Indicus, B. Taurus and B. Indicus x B. Taurus Cattle ». *Experimental & Applied Acarology* 9 (3-4): 259-65. <https://doi.org/10.1007/BF01193432>.
- Barradas, P F., C Lima, L Cardoso, I Amorim, F Gärtner, et J R. Mesquita. 2020a. « Molecular Evidence of Hemolivia Mauritanica, Ehrlichia Spp. and the Endosymbiont Candidatus Midichloria Mitochondrii in Hyalomma Aegyptium Infesting Testudo Graeca Tortoises from Doha, Qatar ». *Animals: An Open Access Journal from MDPI* 11 (1): 30. <https://doi.org/10.3390/ani11010030>.
- Barradas, P F., C Lima, L Cardoso, I Amorim, F Gärtner, et J R. Mesquita. 2020b. « Molecular Evidence of Hemolivia Mauritanica, Ehrlichia Spp. and the Endosymbiont Candidatus Midichloria Mitochondrii in Hyalomma Aegyptium Infesting Testudo Graeca Tortoises from Doha, Qatar ». *Animals: An Open Access Journal from MDPI* 11 (1): E30. <https://doi.org/10.3390/ani11010030>.
- Barré, N., R. Aprelon, et M. Eugène. 1998. « Attempts to Feed Amblyomma Variegatum Ticks on Artificial Membranes ». *Annals of the New York Academy of Sciences* 849 (1): 384-90. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.1998.tb11077.x>.

- Barré, N., G. Matheron, B. Rogez, F. Roger, D. Martinez, et C. Sheikboudou. 1988. « Dermatophilus congolensis dermatophilosis in cattle in the French West Indies. II. Susceptibility related to the animals ». *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux* 41 (4): 339-45. <https://www.scopus.com/inward/record.uri?eid=2-s2.0-0024236506&partnerID=40&md5=036b1a06be9d07c8d862c5b91ba51e83>.
- Barré, N., H. Mauléon, G.I. Garris, et A. Kermarrec. 1991. « Predators of the Tick *Amblyomma Variegatum* (Acari: Ixodidae) in Guadeloupe, French West Indies ». *Experimental & Applied Acarology* 12 (3-4): 163-70. <https://doi.org/10.1007/BF01193464>.
- Barré, N, et P-C Morel. 1983. « Tiques (Acariens, Ixodoidea) des Mascareignes (Ocean Indien) et maladies transmises Babesioses, Theileriose, Borreliose, Cowdriose ». *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux* 36 (4): 371-77. <https://doi.org/10.19182/remvt.8340>.
- Bartolini, B, C Em Gruber, M Koopmans, T Avšič, S Bino, I Christova, R Grunow, et al. 2019. « Laboratory Management of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Infections: Perspectives from Two European Networks ». *Euro Surveillance: Bulletin Europeen Sur Les Maladies Transmissibles = European Communicable Disease Bulletin* 24 (5). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.5.1800093>.
- Bastos, A D. S., O B. Mohammed, N C. Bennett, C Petevinos, et A N. Alagaili. 2015. « Molecular Detection of Novel Anaplasmataceae Closely Related to *Anaplasma Platys* and *Ehrlichia Canis* in the Dromedary Camel (*Camelus Dromedarius*) ». *Veterinary Microbiology* 179 (3-4): 310-14. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2015.06.001>.
- Battilani, M, S De Arcangeli, A Balboni, et F Dondi. 2017. « Genetic Diversity and Molecular Epidemiology of *Anaplasma* ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 49 (avril): 195-211. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.01.021>.
- Battisti, E, K Urach, A Hodžić, L Fusani, P Hufnagl, G Felsberger, E Ferroglio, et G Gerhard Duscher. 2020. « Zoonotic Pathogens in Ticks from Migratory Birds, Italy ». *Emerging Infectious Diseases* 26 (12): 2986-88. <https://doi.org/10.3201/eid2612.181686>.
- Batu, N, Y Wang, Z Liu, T Huang, W Bao, H He, et L Geri. 2020. « Molecular Epidemiology of *Rickettsia* Sp. and *Coxiella Burnetii* Collected from *Hyalomma Asiaticum* in Bactrian Camels (*Camelus Bactrianus*) in Inner Mongolia of China ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 11 (6): 101548. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101548>.
- Bayram, Y, M Parlak, A Özkaçmaz, A Çıkman, H Güdücüoğlu, S Kılıç, M Berktaş, et C A. Andac. 2017. « Seroprevalence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Turkey's Van Province ». *Japanese Journal of Infectious Diseases* 70 (1): 65-68. <https://doi.org/10.7883/yoken.JJID.2015.675>.
- Bażanów, B A., J Pacoń, Ł Gadzała, A Frącka, Mirosław Welz, et J Paweska. 2017. « Vector and Serologic Survey for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Poland ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 17 (7): 510-13. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.2075>.
- Beati, L., M. Meskini, B. Thiers, et D. Raoult. 1997. « *Rickettsia Aeschlimannii* Sp. Nov., a New Spotted Fever Group *Rickettsia* Associated with *Hyalomma Marginatum* Ticks ». *International Journal of Systematic Bacteriology* 47 (2): 548-54. <https://doi.org/10.1099/00207713-47-2-548>.
- Beck, H E., Ns E. Zimmermann, T R. McVicar, N Vergopolan, A Berg, et E F. Wood. 2018. « Present and future Köppen-Geiger climate classification maps at 1-km resolution ». *Scientific Data* 5 (octobre): 180214. <https://doi.org/10.1038/sdata.2018.214>.
- Begum, F., C. L. Wisseman, et J. Casals. 1970. « Tick-Borne Viruses of West Pakistan. II. Hazara Virus, a New Agent Isolated from *Ixodes Redikorzevi* Ticks from the Kaghan Valley, W. Pakistan ».

- American Journal of Epidemiology* 92 (3): 192-94.
<https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aje.a121197>.
- Bekloo, A J, H Bakhshi, A Soufizadeh, M Mehdi Sedaghat, R J Bekloo, M R Ramzgouyan, A H Chegeni, F Faghihi, et Z Telmadarraiy. 2017. « Ticks Circulate Anaplasma, Ehrlichia, Babesia and Theileria Parasites in North of Iran ». *Veterinary Parasitology* 248 (décembre): 21-24.
<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2017.10.015>.
- Belet, N, A Top, O Terzi, H N Arslan, K Baysal, et G Sensoy. 2014. « Evaluation of Children with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in the Central Blacksea Region ». *The Pediatric Infectious Disease Journal* 33 (8): e194-197. <https://doi.org/10.1097/INF.0000000000000281>.
- Bellabidi, M, M Hocine Benaissa, S Bissati-Bouafia, Z Harrat, K Brahmi, et T Kernif. 2020. « Coxiella Burnetii in Camels (Camelus Dromedarius) from Algeria: Seroprevalence, Molecular Characterization, and Ticks (Acari: Ixodidae) Vectors ». *Acta Tropica* 206 (juin): 105443.
<https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105443>.
- Bell-Sakyi, L, A Kohl, D A. Bente, et J K. Fazakerley. 2012. « Tick Cell Lines for Study of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus and Other Arboviruses ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 12 (9): 769-81. <https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0766>.
- Ben Said, M, Y Galai, M Ben Ahmed, M Gharbi, J de la Fuente, MJedidi, et M Aziz Darghouth. 2013. « Hd86 mRNA Expression Profile in Hyalomma Scupense Life Stages, Could It Contribute to Explain Anti-Tick Vaccine Effect Discrepancy between Adult and Immature Instars? » *Veterinary Parasitology* 198 (1-2): 258-63. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2013.07.035>.
- Ben Said, M, Y Galai, M Canales, A Menzo Nijhof, M Mhadhbi, M Jedidi, J de la Fuente, et M A Darghouth. 2012. « Hd86, the Bm86 Tick Protein Ortholog in Hyalomma Scupense (Syn. H. Detritum): Expression in Pichia Pastoris and Analysis of Nucleotides and Amino Acids Sequences Variations Prior to Vaccination Trials ». *Veterinary Parasitology* 183 (3-4): 215-23.
<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2011.07.049>.
- Ben Said, M, Y Galai, M Mhadhbi, M Jedidi, J de la Fuente, et M A Darghouth. 2012. « Molecular Characterization of Bm86 Gene Orthologs from Hyalomma Excavatum, Hyalomma Dromedarii and Hyalomma Marginatum Marginatum and Comparison with a Vaccine Candidate from Hyalomma Scupense ». *Veterinary Parasitology* 190 (1-2): 230-40.
<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2012.05.017>.
- Bente, D A., J B. Alimonti, W-J Shieh, G Camus, U Ströher, S Zaki, et S M. Jones. 2010. « Pathogenesis and Immune Response of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in a STAT-1 Knockout Mouse Model ». *Journal of Virology* 84 (21): 11089-100. <https://doi.org/10.1128/JVI.01383-10>.
- Bente, D A., N L. Forrester, D M. Watts, A J. McAuley, C A. Whitehouse, et M Bray. 2013. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: History, Epidemiology, Pathogenesis, Clinical Syndrome and Genetic Diversity ». *Antiviral Research* 100 (1): 159-89.
<https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2013.07.006>.
- Berezky, S, G Lindegren, H Karlberg, S Akerström, J Klingström, et A Mirazimi. 2010. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Infection Is Lethal for Adult Type I Interferon Receptor-Knockout Mice ». *The Journal of General Virology* 91 (Pt 6): 1473-77.
<https://doi.org/10.1099/vir.0.019034-0>.
- Berkvens, D. L., D. M. Geysen, G. Chaka, M. Madder, et J. R. Brandt. 1998. « A Survey of the Ixodid Ticks Parasitising Cattle in the Eastern Province of Zambia ». *Medical and Veterinary Entomology* 12 (3): 234-40. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2915.1998.00106.x>.
- Bernard, C, P Holzmüller, M T Bah, M Bastien, B Combes, F Jori, V Grosbois, et L Vial. 2022. « Systematic Review on Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Enzootic Cycle and Factors

- Favoring Virus Transmission: Special Focus on France, an Apparently Free-Disease Area in Europe ». *Frontiers in Veterinary Science* 9. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2022.932304>.
- Bertolotti-Ciarlet, A, J Smith, K Strecker, J Paragas, L A. Altamura, J M. McFalls, N Frias-Stäheli, A García-Sastre, C S. Schmaljohn, et R W. Doms. 2005. « Cellular Localization and Antigenic Characterization of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Glycoproteins ». *Journal of Virology* 79 (10): 6152-61. <https://doi.org/10.1128/JVI.79.10.6152-6161.2005>.
- Beyhan, Y E, M Mungan, et C Babur. 2016. « The Species of Ticks Bites on Human and Their Seasonal Distribution In Ankara, Turkey ». *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi* 63 (2): 115-19. https://doi.org/10.1501/Vetfak_0000002718.
- Bhagwan, J, A Kumar, R Kumar, L Goyal, P Goel, et S Kumar. 2015. « Molecular Evidence of Theileria Equi Infection in Hyalomma Anatolicum Ticks Infested on Sero-Positive Indian Horses ». *Acta Parasitologica* 60 (2): 322-29. <https://doi.org/10.1515/ap-2015-0045>.
- Bianchi, M. W., et N. Barré. 2003. « Factors Affecting the Detachment Rhythm of Engorged Boophilus Microplus Female Ticks (Acari: Ixodidae) from Charolais Steers in New Caledonia ». *Veterinary Parasitology* 112 (4): 325-36. [https://doi.org/10.1016/s0304-4017\(02\)00271-6](https://doi.org/10.1016/s0304-4017(02)00271-6).
- Biglari, P, H Bakhshi, Sh Chinikar, H Belqezizadeh, M Ghaffari, S Javaherizadeh, F Faghighi, et Z Telmadarraiy. 2018. « Hyalomma anatolicum as the Main Infesting Tick in an Important Livestock Rearing Region, Central Area of Iran ». *Iranian Journal of Public Health* 47 (5): 742-49. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6005964/>.
- Bitam, I., T. Kernif, Z. Harrat, P. Parola, et D. Raoult. 2009. « First Detection of Rickettsia Aeschlimannii in Hyalomma Aegyptium from Algeria ». *Clinical Microbiology and Infection* 15 (s2): 253-54. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02274.x>.
- Blitvich, Bradley J., Tereza Magalhaes, S. Viridiana Laredo-Tiscareño, et Brian D. Foy. 2020. « Sexual Transmission of Arboviruses: A Systematic Review ». *Viruses* 12 (9): E933. <https://doi.org/10.3390/v12090933>.
- Blouin, E. F., et D. T. De Waal. 1989. « The Fine Structure of Developmental Stages of Babesia Caballi in the Salivary Glands of Hyalomma Truncatum ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 56 (3): 189-93.
- Bodur, H, E Akinci, S Ascioğlu, P Öngürü, et Y Uyar. 2012. « Subclinical Infections with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus, Turkey ». *Emerging Infectious Diseases* 18 (4): 640-42. <https://doi.org/10.3201/eid1804.111374>.
- Bolaños-Rivero, M, C Carranza-Rodríguez, N F. Rodríguez, C Gutiérrez, et J-L Pérez-Arellano. 2017. « Detection of Coxiella Burnetii DNA in Peridomestic and Wild Animals and Ticks in an Endemic Region (Canary Islands, Spain) ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 17 (9): 630-34. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2120>.
- Bonnet, S I., G Vourc'h, A Raffetin, A Falchi, J Figoni, J Fite, T Hoch, S Moutailler, et E Quillery. 2022. « The Control of Hyalomma Ticks, Vectors of the Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus: Where Are We Now and Where Are We Going? » *PLoS Neglected Tropical Diseases* 16 (11): e0010846. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010846>.
- Bonnet, S I, et T Pollet. 2021. « Update on the Intricate Tango between Tick Microbiomes and Tick-Borne Pathogens ». *Parasite Immunology* 43 (5): e12813. <https://doi.org/10.1111/pim.12813>.
- Bonnet, S I, et J Richardson. 2018. « La vaccination anti-tiques comme outil de prévention contre les multiples agents qu'elles transmettent ». *Bulletin de l'Académie Vétérinaire de France*, n° 1: 14. <https://doi.org/10.4267/2042/68002>.

- Borawski, K, S Pancewicz, P Czupryna, J Zajkowska, et A Moniuszko-Malinowska. 2018. « Tick Paralysis ». *Przegląd Epidemiologiczny* 72 (1): 17-24.
- Borden, E. C., R. E. Shope, et F. A. Murphy. 1971. « Physicochemical and Morphological Relationships of Some Arthropod-Borne Viruses to Bluetongue Virus -- A New Taxonomic Group. Physicochemical and Serological Studies ». *Journal of General Virology* 13 (2): 261-71. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-13-2-261>.
- Bouaicha, F, A Eisenbarth, K Elati, A Schulz, B Ben Smida, MBouajila, L Sassi, M Rekik, M H. Groschup, et M K Khbou. 2021. « Epidemiological Investigation of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Infection among the One-Humped Camels (*Camelus Dromedarius*) in Southern Tunisia ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 12 (1): 101601. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101601>.
- Boucher, F., Y. Moutroifi, B. Peba, M. Ali, Y. Moindjie, A.-S. Ruget, S. Abdouroihmane, et al. 2020. « Tick-Borne Diseases in the Union of the Comoros Are a Hindrance to Livestock Development: Circulation and Associated Risk Factors ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 11 (1): 101283. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.101283>.
- Boularias, G, N Azzag, C Galon, L Šimo, H-J Boulouis, et S Moutailler. 2021. « High-Throughput Microfluidic Real-Time PCR for the Detection of Multiple Microorganisms in Ixodid Cattle Ticks in Northeast Algeria ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 10 (3): 362. <https://doi.org/10.3390/pathogens10030362>.
- Brianti, E., F. Dantas-Torres, S. Giannetto, A. Risitano, G. Brucato, G. Gaglio, et D. Otranto. 2010. « Risk for the Introduction of Exotic Ticks and Pathogens into Italy through the Illegal Importation of Tortoises, *Testudo Graeca* ». *Medical and Veterinary Entomology* 24 (3): 336-39. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2010.00874.x>.
- Brinck, P, A Svedmyr, et Gvon Zeipel. 1965. « Migrating Birds at Ottenby Sweden as Carriers of Ticks and Possible Transmitters of Tick-Borne Encephalitis Virus ». *Oikos* 16 (1/2): 88-99. <https://doi.org/10.2307/3564868>.
- Brinkmann, A, O Hekimoğlu, E Dinçer, P Hagedorn, A Nitsche, et K Ergünay. 2019. « A cross-sectional screening by next-generation sequencing reveals *Rickettsia*, *Coxiella*, *Francisella*, *Borrelia*, *Babesia*, *Theileria* and *Hemolivia* species in ticks from Anatolia ». *Parasites & Vectors* 12 (janvier): 26. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-3277-7>.
- Buczek, A, et W Buczek. 2020. « Importation of Ticks on Companion Animals and the Risk of Spread of Tick-Borne Diseases to Non-Endemic Regions in Europe ». *Animals: An Open Access Journal from MDPI* 11 (1): E6. <https://doi.org/10.3390/ani11010006>.
- Bukbuk, D Nadeba, S Fukushi, H Tani, T Yoshikawa, S Taniguchi, K Iha, A Fukuma, et al. 2014. « Development and Validation of Serological Assays for Viral Hemorrhagic Fevers and Determination of the Prevalence of Rift Valley Fever in Borno State, Nigeria ». *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* 108 (12): 768-73. <https://doi.org/10.1093/trstmh/tru163>.
- Burns, E C., et D G. Melancon. 1977. « Effect of Imported Fire Ant (Hymenoptera: Formicidae) Invasion on Lone Star Tick (Acarina: Ixodidae) Populations ». *Journal of Medical Entomology* 14 (2): 247-49. <https://doi.org/10.1093/jmedent/14.2.247>.
- Burns, F, M A. Eaton, I J. Burfield, A Klvaňová, E Šilarová, A Staneva, et R D. Gregory. 2021. « Abundance Decline in the Avifauna of the European Union Reveals Cross-Continental Similarities in Biodiversity Change ». *Ecology and Evolution* 11 (23): 16647-60. <https://doi.org/10.1002/ece3.8282>.
- Burridge, M. J., et L. A. Simmons. 2003. « Exotic Ticks Introduced into the United States on Imported Reptiles from 1962 to 2001 and Their Potential Roles in International Dissemination of

- Diseases ». *Veterinary Parasitology* 113 (3-4): 289-320. [https://doi.org/10.1016/s0304-4017\(03\)00060-8](https://doi.org/10.1016/s0304-4017(03)00060-8).
- Burrow, H M., B J. Mans, F F. Cardoso, M A. Birkett, A C. Kotze, B J. Hayes, N Mapholi, *et al.* 2019. « Towards a New Phenotype for Tick Resistance in Beef and Dairy Cattle: A Review ». *Animal Production Science* 59 (8): 1401. <https://doi.org/10.1071/AN18487>.
- Bursali, A, A Keskin, *et S* Tekin. 2012. « A Review of the Ticks (Acari: Ixodida) of Turkey: Species Diversity, Hosts and Geographical Distribution ». *Experimental & Applied Acarology* 57 (1): 91-104. <https://doi.org/10.1007/s10493-012-9530-4>.
- Burt, F. J., R. Swanepoel, W. J. Shieh, J. F. Smith, P. A. Leman, P. W. Greer, L. M. Coffield, *et al.* 1997. « Immunohistochemical and in Situ Localization of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) Virus in Human Tissues and Implications for CCHF Pathogenesis ». *Archives of Pathology & Laboratory Medicine* 121 (8): 839-46.
- Burthe, S J., S M. Schäfer, F A. Asaaga, N Balakrishnan, M M Chanda, N Darshan, S L. Hoti, *et al.* 2021. « Reviewing the Ecological Evidence Base for Management of Emerging Tropical Zoonoses: Kyasanur Forest Disease in India as a Case Study ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 15 (4): e0009243. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009243>.
- Butler JF, Camino ML, Perez TO. 1979. « Boophilus Microplus and the Fire Ant Solenopsis Geninata ». In *Recent Advances in Acarology*, in: Rodriguez, J., 1:469-72. Elsevier.
- Buttigieg, K R., S D. Dowall, S Findlay-Wilson, A Miloszewska, E Rayner, R Hewson, *et M W.* Carroll. 2014. « A Novel Vaccine against Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Protects 100% of Animals against Lethal Challenge in a Mouse Model ». *PloS One* 9 (3): e91516. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0091516>.
- Cajimat, M N. B., S E. Rodriguez, I U. E. Schuster, D M. Swetnam, T G. Ksiazek, M A. Habela, A I Negredo, A Estrada-Peña, A D. T. Barrett, *et D A.* Bente. 2017. « Genomic Characterization of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Hyalomma Tick from Spain, 2014 ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 17 (10): 714-19. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2190>.
- Calvete, C., R. Estrada, J. Lucientes, *et A.* Estrada. 2003. « Ectoparasite Ticks and Chewing Lice of Red-Legged Partridge, *Alectoris Rufa*, in Spain ». *Medical and Veterinary Entomology* 17 (1): 33-37. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2915.2003.00402.x>.
- Camicas, J. L., J. P. Cornet, J. P. Gonzalez, M. L. Wilson, F. Adam, *et H. G.* Zeller. 1994. « [Crimean-Congo hemorrhagic fever in Senegal. Latest data on the ecology of the CCHF virus] ». *Bulletin De La Societe De Pathologie Exotique (1990)* 87 (1): 11-16.
- Canakoglu, N, E Berber, S Tonbak, M Ertek, I Sozdutmaz, M Aktas, A Kalkan, *et A* Ozdarendeli. 2015. « Immunization of Knock-out α/β Interferon Receptor Mice against High Lethal Dose of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus with a Cell Culture Based Vaccine ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 9 (3): e0003579. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003579>.
- Cangi, N., I.G. Horak, D.A. Apanaskevich, S. Matthee, L.C.B.G. das Neves, A. Estrada-Peña, *et C.A.* Matthee. 2013. « The Influence of Interspecific Competition and Host Preference on the Phylogeography of Two African Ixodid Tick Species ». *PLoS ONE* 8 (10). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0076930>.
- Capek, M, I Literak, E Kocianova, O Sychra, T Najer, A Trnka, *et P* Kverek. 2014. « Ticks of the Hyalomma Marginatum Complex Transported by Migratory Birds into Central Europe ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 5 (5): 489-93. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.03.002>.
- Capponi, M., L. Chambon, J.L. Camicas, *et N.* Dumas. 1970. « 1st isolation of a strain of Rickettsia (Cocksilla) burneti from ticks (Hyalomma truncatum) in Senegal ». *Bulletin de la Societe de pathologie exotique et de ses filiales* 63 (5): 530-34.

- Cardoen, S, X Van Huffel, D Berkvens, H Imberechts, C Saegerman, K Dierick, J Dewulf, et N Speybroeck. 2014. « Vers un monitoring des facteurs de risque d'émergence des maladies animales? »
- Carrera-Faja, L, J Cardells, L Pailler-García, V Lizana, G Alfaro-Deval, J Espunyes, S Napp, et O Cabezón. 2022. « Evidence of Prolonged Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Endemicity by Retrospective Serosurvey, Eastern Spain ». *Emerging Infectious Diseases* 28 (5): 1031-34. <https://doi.org/10.3201/eid2805.212335>.
- Carroll, S A., B H. Bird, P E. Rollin, et S T. Nichol. 2010. « Ancient Common Ancestry of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ». *Molecular Phylogenetics and Evolution* 55 (3): 1103-10. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2010.01.006>.
- Causey, O. R., G. E. Kemp, M. H. Madbouly, et T. S. David-West. 1970. « Congo Virus from Domestic Livestock, African Hedgehog, and Arthropods in Nigeria ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 19 (5): 846-50. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1970.19.846>.
- Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitaria. 2019. « Informe de situación y evaluación del riesgo de transmisión del virus de fiebre hemorrágica de Crimea-Congo (FHCC) en España ». Ministerio de Sanidad, Consumo y Bienestar Social. https://www.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/analisisituacion/doc/ER_FHCC.pdf.
- Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias. 2022. « Detección de casos de Fiebre hemorrágica de Crimea-Congo en el Bierzo (León) ». EVALUACIÓN RÁPIDA DE RIESGO. https://www.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/Crimea_Congo/docs/20220805_Crimea_Congo_El_Bierzo.pdf.
- Černý, J et Balát. 1989. « New records of ixodid ticks on warblers of the genus *Acrocephalus*] (In Czech). », 1989, *Biología* édition, sect. 44.
- Černý, J, G Lynn, J Hrnková, M Golovchenko, N Rudenko, et L Grubhoffer. 2020. « Management Options for Ixodes Ricinus-Associated Pathogens: A Review of Prevention Strategies ». *International Journal of Environmental Research and Public Health* 17 (6): 1830. <https://doi.org/10.3390/ijerph17061830>.
- Cevik, M A., A Erbay, H Bodur, E Gülderen, A Baştuğ, A Kubar, et E Akinci. 2008. « Clinical and Laboratory Features of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: Predictors of Fatality ». *International Journal of Infectious Diseases: IJID: Official Publication of the International Society for Infectious Diseases* 12 (4): 374-79. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2007.09.010>.
- Cevik, M A, A Erbay, H Bodur, S S Eren, E Akinci, K Sener, P Ongürü, et A Kubar. 2007. « Viral Load as a Predictor of Outcome in Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Clinical Infectious Diseases: An Official Publication of the Infectious Diseases Society of America* 45 (7): e96-100. <https://doi.org/10.1086/521244>.
- Chaligiannis, I., V. Musella, L. Rinaldi, G. Cringoli, J. de la Fuente, A. Papa, et S. Sotiraki. 2016. « Species Diversity and Spatial Distribution of Ixodid Ticks on Small Ruminants in Greece ». *Parasitology Research* 115 (12): 4673-80. <https://doi.org/10.1007/s00436-016-5259-z>.
- Chapman, L. E., M. L. Wilson, D. B. Hall, B. LeGuanno, E. A. Dykstra, K. Ba, et S. P. Fisher-Hoch. 1991. « Risk Factors for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Rural Northern Senegal ». *The Journal of Infectious Diseases* 164 (4): 686-92. <https://doi.org/10.1093/infdis/164.4.686>.
- Chare, E R., E A. Gould, et E C. Holmes. 2003. « Phylogenetic Analysis Reveals a Low Rate of Homologous Recombination in Negative-Sense RNA Viruses ». *The Journal of General Virology* 84 (Pt 10): 2691-2703. <https://doi.org/10.1099/vir.0.19277-0>.

- Chauvin, A, E Moreau, S I Bonnet, O Plantard, et L Malandrin. 2009. « Babesia and Its Hosts: Adaptation to Long-Lasting Interactions as a Way to Achieve Efficient Transmission ». *Veterinary Research* 40 (2): 37. <https://doi.org/10.1051/vetres/2009020>.
- Chen, S. 2013. « Molecular Evolution of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Based on Complete Genomes ». *The Journal of General Virology* 94 (Pt 4): 843-50. <https://doi.org/10.1099/vir.0.049379-0>.
- Chen, Z, X Yang, F Bu, X Yang, X Yang, et J Liu. 2010. « Ticks (Acari: Ixodoidea: Argasidae, Ixodidae) of China ». *Experimental & Applied Acarology* 51 (4): 393-404. <https://doi.org/10.1007/s10493-010-9335-2>.
- Chevalier, V., de la Rocque S, Baldet T, Vial L, et Roger F. 2004. « Epidemiological Processes Involved in the Emergence of Vector-Borne Diseases: West Nile Fever, Rift Valley Fever, Japanese Encephalitis and Crimean-Congo Haemorrhagic Fever ». *Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)* 23 (2). <https://doi.org/10.20506/rst.23.2.1505>.
- Cheylan, M. 2001. « Testudo hermanni Gmelin, 1789 - Griechische Landschildkröte ». *Handbuch der Reptilien und Amphibien Europas*, janvier, 179-289.
- Chinikar, S, S Bouzari, M A Shokrgozar, E Mostafavi, T Jalali, S Khakifirouz, N Nowotny, A R. Fooks, et N Shah-Hosseini. 2016. « Genetic Diversity of Crimean Congo Hemorrhagic Fever Virus Strains from Iran ». *Journal of Arthropod-Borne Diseases* 10 (2): 127-40. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4906752/>.
- Chinikar, S, S-M Persson, M Johansson, L Bladh, M Goya, B Houshmand, A Mirazimi, A Plyusnin, A Lundkvist, et M Nilsson. 2004. « Genetic Analysis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Iran ». *Journal of Medical Virology* 73 (3): 404-11. <https://doi.org/10.1002/jmv.20106>.
- Chisu, V, C Foxi, R Mannu, G Satta, et G Masala. 2018. « A Five-Year Survey of Tick Species and Identification of Tick-Borne Bacteria in Sardinia, Italy ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 9 (3): 678-81. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2018.02.008>.
- Chisu, V, F Loi, C Foxi, G Chessa, G Masu, S Rolesu, et G Masala. 2020. « Coexistence of Tick-Borne Pathogens in Ticks Collected from Their Hosts in Sardinia: An Update ». *Acta Parasitologica* 65 (4): 999-1004. <https://doi.org/10.1007/s11686-020-00240-z>.
- Chitimia-Dobler, L, S Nava, M Bestehorn, G Dobler, et S Wölfel. 2016. « First Detection of Hyalomma Rufipes in Germany ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 7 (6): 1135-38. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2016.08.008>.
- Chitimia-Dobler, L, S Schaper, R Rieß, K Bitterwolf, D Frangoulidis, M Bestehorn, A Springer, et al. 2019. « Imported Hyalomma Ticks in Germany in 2018 ». *Parasites & Vectors* 12 (1): 134. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3380-4>.
- Chiuya, T, D K. Masiga, L C. Falzon, A D. S. Bastos, E M. Fèvre, et J Villinger. 2021. « Tick-Borne Pathogens, Including Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus, at Livestock Markets and Slaughterhouses in Western Kenya ». *Transboundary and Emerging Diseases* 68 (4): 2429-45. <https://doi.org/10.1111/tbed.13911>.
- Choubdar, N, F Karimian, M Koosha, J Nejati, et M A Oshaghi. 2021. « Hyalomma spp. ticks and associated Anaplasma spp. and Ehrlichia spp. on the Iran-Pakistan border ». *Parasites & Vectors* 14 (1): 469. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-04956-3>.
- Choubdar, N, M A Oshaghi, J Rafinejad, M R Pourmand, N Maleki-Ravasan, M Salehi-Vaziri, Z Telmadarraiy, et al. 2019. « Effect of Meteorological Factors on Hyalomma Species Composition and Their Host Preference, Seasonal Prevalence and Infection Status to Crimean-Congo Haemorrhagic Fever in Iran ». *Journal of Arthropod-Borne Diseases* 13 (3): 268-83.
- Christova, I, E Panayotova, M H. Groschup, I Trifonova, S Tchakarova, et M A Sas. 2018. « High Seroprevalence for Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Ruminants in the Absence of

- Reported Human Cases in Many Regions of Bulgaria ». *Experimental & Applied Acarology* 75 (2): 227-34. <https://doi.org/10.1007/s10493-018-0258-7>.
- Chunikhin, S. P., L. F. Stefuktina, M. B. Korolev, I. A. Reshetnikov, et G. A. Khozinskaia. 1983. « [Sexual transmission of the tick-borne encephalitis virus in ixodid ticks (Ixodidae) ». *Parazitologiya* 17 (3): 214-17.
- Cicculi, V., N. Ayhan, L. Luciani, L. Pezzi, A. Maitre, D. Decarreux, X. de Lamballerie, et al. 2022. « Molecular Detection of Parapoxvirus in Ixodidae Ticks Collected from Cattle in Corsica, France ». *Veterinary Medicine and Science*. <https://doi.org/10.1002/vms3.700>.
- Cicculi, V., L. Capai, Y. Quilichini, S. Masse, A. Fernández-Alvarez, L. Minodier, P. Bompard, R. Charrel, et A. Falchi. 2019. « Molecular Investigation of Tick-Borne Pathogens in Ixodid Ticks Infesting Domestic Animals (Cattle and Sheep) and Small Rodents (Black Rats) of Corsica, France ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 10 (3): 606-13. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.02.007>.
- Cicculi, V., X. de Lamballerie, R. Charrel, et A. Falchi. 2019. « First Molecular Detection of Rickettsia Africae in a Tropical Bont Tick, Amblyomma Variegatum, Collected in Corsica, France ». *Experimental and Applied Acarology* 77 (2): 207-14. <https://doi.org/10.1007/s10493-018-00336-2>.
- Civitello, D J., S. L. Flory, et K. Clay. 2008. « Exotic Grass Invasion Reduces Survival of Amblyomma Americanum and Dermacentor Variabilis Ticks (Acari: Ixodidae) ». *Journal of Medical Entomology* 45 (5): 867-72. [https://doi.org/10.1603/0022-2585\(2008\)45\[867:egirso\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1603/0022-2585(2008)45[867:egirso]2.0.co;2).
- Clymer, B C., D. E. Howell, et J A. Hair. 1970. « Environmental Alteration in Recreational Areas by Mechanical and Chemical Treatment as a Means of Lone Star Tick Control12 ». *Journal of Economic Entomology* 63 (2): 504-9. <https://doi.org/10.1093/jee/63.2.504>.
- Connolly-Andersen, A-M, I. Douagi, A A. Kraus, et A. Mirazimi. 2009. « Crimean Congo Hemorrhagic Fever Virus Infects Human Monocyte-Derived Dendritic Cells ». *Virology* 390 (2): 157-62. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2009.06.010>.
- Connolly-Andersen, A-M, G. Moll, C. Andersson, S. Akerström, H. Karlberg, I. Douagi, et A. Mirazimi. 2011. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Activates Endothelial Cells ». *Journal of Virology* 85 (15): 7766-74. <https://doi.org/10.1128/JVI.02469-10>.
- Contreras, M, C. San José, A. Estrada-Peña, V. Talavera, E. Rayas, C. Isabel León, J. Luis Núñez, I. García Fernández de Mera, et J. de la Fuente. 2020. « Control of Tick Infestations in Wild Roe Deer (Capreolus Capreolus) Vaccinated with the Q38 Subolesin/Akirin Chimera ». *Vaccine* 38 (41): 6450-54. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2020.07.062>.
- Converse, J. D., H. Hoogstraal, M. I. Moussa, M. Stek, et M. N. Kaiser. 1974. « Bahig Virus (Tete Group) in Naturally- and Transovarially-Infected Hyalomma Marginatum Ticks from Egypt and Italy ». *Archiv Für Die Gesamte Virusforschung* 46 (1): 29-35. <https://doi.org/10.1007/BF01240201>.
- Converse, J.D., et M. I. Moussa. 1982. « Quarantil Virus from Hyalomma Dromedarii (Acari: Ixodoidea) Collected in Kuwait, Iraq and Yemen1 ». *Journal of Medical Entomology* 19 (2): 209-10. <https://doi.org/10.1093/jmedent/19.2.209>.
- Cross, R W., A N. Prasad, V. Borisevich, J B. Geisbert, K N. Agans, D J. Deer, K A. Fenton, et T W. Geisbert. 2020. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Strains Hoti and Afghanistan Cause Viremia and Mild Clinical Disease in Cynomolgus Monkeys ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 14 (8): e0008637. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008637>.
- Cuisance, D, N. Barré, et R. De Deken. 1994. « Ectoparasites des animaux : méthodes de lutte écologique, biologique, génétique et mécanique ». *Revue scientifique et Technique - Office International des Epizooties*. <https://doi.org/10.20506/rst.13.4.823>.
- Dahmani, M, B. Davoust, M. Sambou, H. Bassene, P. Scandola, T. Ameur, D. Raoult, F. Fenollar, et O. Mediannikov. 2019. « Molecular investigation and phylogeny of species of the

- Anaplasmataceae infecting animals and ticks in Senegal ». *Parasites & Vectors* 12 (1): 495. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3742-y>.
- Daiter, A. B. 1977. « Transovarial and transpermal transmission of *Coxiella burnetii* by the tick *Hyalomma asiaticum* and its role in the ecology of Q rickettsiosis ». *Parazitologija*.
- Daiter, A. B. 1979. « [An experimental infection of *Hyalomma asiaticum* and *Ornithodoros papillipes* ticks with a single and combined infection with *Coxiella burnetii* and *Dermacentroxenus sibericus*] ». *Parazitologija* 13 (1): 8-18.
- Dandawate, C. N., K. V. Shah, et L. V. D'Lima. 1970. « Wanowrie Virus: A New Arbovirus Isolated from *Hyalomma Marginatum* Isaaci ». *The Indian Journal of Medical Research* 58 (8): 985-89.
- Dardiri, A, et C Brown. 1989. « African horse sickness update ». In .
- Das, G., S. Ghosh, M. H. Khan, et J. K. Sharma. 2000. « Immunization of Cross-Bred Cattle against *Hyalomma Anatolicum* Anatolicum by Purified Antigens ». *Experimental & Applied Acarology* 24 (8): 645-59. <https://doi.org/10.1023/a:1026581200514>.
- Das, G., S. Ghosh, et D. D. Ray. 2005. « Reduction of *Theileria Annulata* Infection in Ticks Fed on Calves Immunized with Purified Larval Antigens of *Hyalomma Anatolicum* Anatolicum ». *Tropical Animal Health and Production* 37 (5): 345-61. <https://doi.org/10.1007/s11250-005-5080-7>.
- De Deken, R., V. Martin, A. Saido, M. Madder, J. Brandt, et D. Geysen. 2007. « An Outbreak of East Coast Fever on the Comoros: A Consequence of the Import of Immunised Cattle from Tanzania? » *Veterinary Parasitology* 143 (3-4): 245-53. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2006.08.018>.
- De Liberato, C, R Frontoso, A Magliano, A Montemaggiore, G L Autorino, M Sala, A Bosworth, et M T Scicluna. 2018. « Monitoring for the Possible Introduction of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Italy Based on Tick Sampling on Migratory Birds and Serological Survey of Sheep Flocks ». *Preventive Veterinary Medicine* 149 (janvier): 47-52. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2017.10.014>.
- De Waal, D. T. 1990. « The Transovarial Transmission of *Babesia Caballi* by *Hyalomma Truncatum* ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 57 (1): 99-100.
- Decaro, N, V Larocca, A Parisi, M Losurdo, R P Lia, M F Greco, A Miccolis, G Ventrella, D Otranto, et C Buonavoglia. 2013. « Clinical Bovine Piropasmosis Caused by *Babesia occultans* in Italy ». *Journal of Clinical Microbiology* 51 (7): 2432-34. <https://doi.org/10.1128/JCM.00713-13>.
- Dehuri, M, M Panda, N Sahoo, B Mohanty, et B Behera. 2022. « Nested PCR assay for detection of *Theileria annulata* in *Hyalomma anatolicum* infesting cattle from coastal Odisha, India ». *Animal Biotechnology* 33 (6): 1229-34. <https://doi.org/10.1080/10495398.2021.1885427>.
- Del Fabbro, S. 2015. « Fencing and Mowing as Effective Methods for Reducing Tick Abundance on Very Small, Infested Plots ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 6 (2): 167-72. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.11.009>.
- Demoncheaux, J-P, C Socolovschi, B Davoust, S Haddad, D Raoult, et P Parola. 2012. « First Detection of *Rickettsia Aeschlimannii* in *Hyalomma Dromedarii* Ticks from Tunisia ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 3 (5): 398-402. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.10.003>.
- Deyde, V M., M L. Khristova, P E. Rollin, T G. Ksiazek, et S T. Nichol. 2006. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Genomics and Global Diversity ». *Journal of Virology* 80 (17): 8834-42. <https://doi.org/10.1128/JVI.00752-06>.
- Diakou, A, A C Norte, I L de Carvalho, S Núncio, M Nováková, M Kautman, H Alivizatos, S Kazantzidis, O Sychra, et I Literák. 2016. « Ticks and Tick-Borne Pathogens in Wild Birds in Greece ». *Parasitology Research* 115 (5): 2011-16. <https://doi.org/10.1007/s00436-016-4943-3>.
- Diarra, A Z, L Almeras, M Laroche, J-M Berenger, A K. Koné, Z Bocoum, A Dabo, O Doumbo, D Raoult, et P Parola. 2017. « Molecular and MALDI-TOF Identification of Ticks and Tick-Associated

- Bacteria in Mali ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 11 (7): e0005762. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005762>.
- Dickson, D. L., et M. J. Turell. 1992. « Replication and Tissue Tropisms of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Experimentally Infected Adult *Hyalomma truncatum* (Acari: Ixodidae) ». *Journal of Medical Entomology* 29 (5): 767-73. <https://doi.org/10.1093/jmedent/29.5.767>.
- Dieng, I, M A Barry, M M Diagne, B Diop, M Ndiaye, M Faye, M H Dior Ndione, et al. 2020. « Detection of Crimean Congo Haemorrhagic Fever Virus in North-Eastern Senegal, Bokidiawé 2019 ». *Emerging Microbes & Infections* 9 (1): 2485-87. <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1847605>.
- Dilber, E., M. Cakir, E. A. Acar, F. Orhan, N. Yaris, E. Bahat, A. Okten, et E. Erduran. 2009. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever among Children in North-Eastern Turkey ». *Annals of Tropical Paediatrics* 29 (1): 23-28. <https://doi.org/10.1179/146532809X401999>.
- Dilcher, M, O Faye, O Faye, F Weber, A Koch, C Sadegh, M Weidmann, et A Alpha Sall. 2015. « Zahedan Rhabdovirus, a Novel Virus Detected in Ticks from Iran ». *Virology Journal* 12 (1): 183. <https://doi.org/10.1186/s12985-015-0410-5>.
- Dinçer, E, S Hacıoğlu, S Kar, N Emanet, A Brinkmann, A Nitsche, A Özkul, Y-M Linton, et K Ergünay. 2019. « Survey and Characterization of Jingmen Tick Virus Variants ». *Viruses* 11 (11): 1071. <https://doi.org/10.3390/v11111071>.
- Diop, A, D Raoult, et P-E Fournier. 2019. « Paradoxical Evolution of Rickettsial Genomes ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 10 (2): 462-69. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2018.11.007>.
- Dipeolu, O. O., et A. Amoo. 1984. « The Presence of Kinetes of a Babesia Species in the Haemolymph Smears of Engorged *Hyalomma* Ticks in Nigeria ». *Veterinary Parasitology* 17 (1): 41-46. [https://doi.org/10.1016/0304-4017\(84\)90063-3](https://doi.org/10.1016/0304-4017(84)90063-3).
- Doğan, H.M., I. Çetin, et M. Eğri. 2009. « Investigating Geographical Distribution of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Tokat County of Turkey ». *Journal of Biological Sciences* 9 (3): 217-23. <https://doi.org/10.3923/jbs.2009.217.223>.
- Dogan, M, C Devge, O Tanriover, Y S Pata, et M Sonmezoglu. 2013. « Facial Nerve Paralysis Due to Intra-Aural *Hyalomma* Tick Infestation ». *Turkish Journal of Parasitology* 36 (4): 254-57. <https://doi.org/10.5152/tpd.2012.60>.
- Doganci, L, M Ceyhan, N Fisgin Tasdeler, H Sarikayalar, et N Tulek. 2008. « Crimean Congo Hemorrhagic Fever and Diffuse Alveolar Haemorrhage ». *Tropical Doctor* 38 (4): 252-54. <https://doi.org/10.1258/td.2008.070406>.
- Dohm, D. J., T. M. Logan, K. J. Linthicum, C. A. Rossi, et M. J. Turell. 1996. « Transmission of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus by *Hyalomma impeltatum* (Acari: Ixodidae) after Experimental Infection ». *Journal of Medical Entomology* 33 (5): 848-51. <https://doi.org/10.1093/jmedent/33.5.848>.
- Dolan, T. T., et R. M. Newson. 1980. « Sweating Sickness in Adult Cattle ». *Tropical Animal Health and Production* 12 (2): 119-24. <https://doi.org/10.1007/BF02242621>.
- Doudier, B., J. Olano, P. Parola, et P. Brouqui. 2010. « Factors Contributing to Emergence of Ehrlichia and Anaplasma Spp. as Human Pathogens ». *Veterinary Parasitology* 167 (2-4): 149-54. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2009.09.016>.
- Dowall, S. D., K. S. Richards, V. A. Graham, J. Chamberlain, et R. Hewson. 2012. « Development of an Indirect ELISA Method for the Parallel Measurement of IgG and IgM Antibodies against Crimean-Congo Haemorrhagic Fever (CCHF) Virus Using Recombinant Nucleoprotein as Antigen ». *Journal of Virological Methods* 179 (2): 335-41. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2011.11.020>.

- Dowall, Stuart D., Victoria A. Graham, Emma Rayner, Laura Hunter, Robert Watson, Irene Taylor, Antony Rule, Miles W. Carroll, et Roger Hewson. 2016. « Protective Effects of a Modified Vaccinia Ankara-Based Vaccine Candidate against Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Require Both Cellular and Humoral Responses ». *PloS One* 11 (6): e0156637. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156637>.
- Dreyer, K., L. J. Fourie, et D. J. Kok. 1997. « Predation of Livestock Ticks by Chickens as a Tick-Control Method in a Resource-Poor Urban Environment ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 64 (4): 273-76.
- Duh, D, S T. Nichol, M L. Khristova, A Saksida, I Hafner-Bratkovič, M Petrovec, I Dedushaj, S Ahmeti, et T Avšič-Županc. 2008. « The complete genome sequence of a Crimean-Congo Hemorrhagic Fever virus isolated from an endemic region in Kosovo ». *Virology Journal* 5 (1): 7. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-5-7>.
- Dumler, J. S., A. F. Barbet, C. P. Bekker, G. A. Dasch, G. H. Palmer, S. C. Ray, Y. Rikihisa, et F. R. Rurangirwa. 2001. « Reorganization of Genera in the Families Rickettsiaceae and Anaplasmataceae in the Order Rickettsiales: Unification of Some Species of Ehrlichia with Anaplasma, Cowdria with Ehrlichia and Ehrlichia with Neorickettsia, Descriptions of Six New Species Combinations and Designation of Ehrlichia Equi and "HGE Agent" as Subjective Synonyms of Ehrlichia Phagocytophila ». *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 51 (Pt 6): 2145-65. <https://doi.org/10.1099/00207713-51-6-2145>.
- Duran, A., A. Küçükbayrak, T. Ocak, N. I. Hakyemez, T. Taş, M. Karadağ, et Z. F. Mengelođlu. 2013. « Evaluation of Patients with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Bolu, Turkey ». *African Health Sciences* 13 (2): 233-42. <https://doi.org/10.4314/ahs.v13i2.5>.
- Duron, O, K Sidi-Boumedine, E Rousset, S Moutailler, et E Jourdain. 2015. « The Importance of Ticks in Q Fever Transmission: What Has (and Has Not) Been Demonstrated? ». *Trends in Parasitology* 31 (11): 536-52. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2015.06.014>.
- Duscher, G G, A Hodžić, P Hufnagl, W Wille-Piazzai, A-M Schötta, M A Markowicz, A Estrada-Peña, G Stanek, et F Allerberger. 2018. « Adult Hyalomma Marginatum Tick Positive for Rickettsia Aeschlimannii in Austria, October 2018 ». *Euro Surveillance: Bulletin Europeen Sur Les Maladies Transmissibles = European Communicable Disease Bulletin* 23 (48). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.48.1800595>.
- Duygu, F, T Sari, O Gunal, S Barut, A Atay, et F Aytekin. 2018. « Cutaneous Findings of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: A Study of 269 Cases ». *Japanese Journal of Infectious Diseases* 71 (6): 408-12. <https://doi.org/10.7883/yoken.JJID.2018.005>.
- Ebel, G D., et L D. Kramer. 2004. « Short Report: Duration of Tick Attachment Required for Transmission of Powassan Virus by Deer Ticks ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 71 (3): 268-71.
- EFSA. 2010. « Scientific Opinion on the Role of Tick Vectors in the Epidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever and African Swine Fever in Eurasia ». *EFSA Journal - Panel on Animal Health and Welfare* 8 (8): 1703. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2010.1703>.
- EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW). 2009. « Scientific Opinion on Epizootic Hemorrhagic Disease ». *EFSA Journal* 7 (12): 1418. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2009.1418>.
- Ehounoud, C B, K P Yao, M Dahmani, Y L Achi, N Amanzougaghene, A K N'Douba, J D N'Guessan, D Raoult, F Fenollar, et O Mediannikov. 2016. « Multiple Pathogens Including Potential New Species in Tick Vectors in Côte d'Ivoire ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 10 (1): e0004367. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004367>.
- El Hakim, Amr E., Yasser E. Shahein, Sobhy Abdel-Shafy, Amira Mk Abouelella, et Ragaa R. Hamed. 2011. « Evaluation of Glycoproteins Purified from Adult and Larval Camel Ticks (Hyalomma

- Dromedarii) as a Candidate Vaccine ». *Journal of Veterinary Science* 12 (3): 243-49. <https://doi.org/10.4142/jvs.2011.12.3.243>.
- Elaldi, N, H Bodur, S Ascioğlu, A Celikbas, Z Ozkurt, H Vahaboglu, H Leblebicioglu, *et al.* 2009. « Efficacy of Oral Ribavirin Treatment in Crimean-Congo Haemorrhagic Fever: A Quasi-Experimental Study from Turkey ». *The Journal of Infection* 58 (3): 238-44. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2009.01.014>.
- El-Azazy, O. M., T. M. El-Metenawy, et H. Y. Wassef. 2001. « Hyalomma Impeltatum (Acari: Ixodidae) as a Potential Vector of Malignant Theileriosis in Sheep in Saudi Arabia ». *Veterinary Parasitology* 99 (4): 305-9. [https://doi.org/10.1016/s0304-4017\(01\)00468-x](https://doi.org/10.1016/s0304-4017(01)00468-x).
- Elbir, H, F Almathen, et A Elnahas. 2020. « Low genetic diversity among Francisella-like endosymbionts within different genotypes of Hyalomma dromedarii ticks infesting camels in Saudi Arabia ». *Veterinary World* 13 (7): 1462-72. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.1462-1472>.
- Elghali, A., et S. M. Hassan. 2010. « Drop-off Rhythms and Survival Periods of Hyalomma Dromedarii (Acari: Ixodidae) Fed on Camels (Camelus Dromedarius) in the Sudan ». *Veterinary Parasitology* 170 (3-4): 302-6. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2010.02.025>.
- Elliott, L. H., J. B. McCormick, et K. M. Johnson. 1982. « Inactivation of Lassa, Marburg, and Ebola Viruses by Gamma Irradiation ». *Journal of Clinical Microbiology* 16 (4): 704-8. <https://doi.org/10.1128/jcm.16.4.704-708.1982>.
- El-Sadawy, H A., A. A. Zayed, et A El-Shazly. 2008. « Characterization of Midgut and Salivary Gland Proteins of Hyalomma Dromedarii Females Controlled by Entomopathogenic Nematodes ». *Pakistan Journal of Biological Sciences: PJSB* 11 (4): 508-16. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2008.508.516>.
- Emmerich, P, T Avsic-Zupanc, S Chinikar, A Saksida, C Thomé-Bolduan, A Parczany-Hartmann, A G Langroudi, *et al.* 2010. « Early Serodiagnosis of Acute Human Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Infections by Novel Capture Assays ». *Journal of Clinical Virology: The Official Publication of the Pan American Society for Clinical Virology* 48 (4): 294-95. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2010.05.002>.
- Emmerich, P, A Mika, R von Possel, A Rackow, Y Liu, H Schmitz, S Günther, *et al.* 2018. « Sensitive and Specific Detection of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV)-Specific IgM and IgG Antibodies in Human Sera Using Recombinant CCHFV Nucleoprotein as Antigen in μ -Capture and IgG Immune Complex (IC) ELISA Tests ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 12 (3): e0006366. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006366>.
- Ereqat, S, A Nasereddin, M Vayssier-Taussat, A Abdelkader, Ar Al-Jawabreh, T Zaid, K Azmi, et Z Abdeen. 2016. « Molecular Evidence of Bartonella Species in Ixodid Ticks and Domestic Animals in Palestine ». *Frontiers in Microbiology* 7: 1217. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01217>.
- Ergonul, O., A. Celikbas, N. Baykam, S. Eren, et B. Dokuzoguz. 2006. « Analysis of Risk-Factors among Patients with Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Infection: Severity Criteria Revisited ». *Clinical Microbiology and Infection: The Official Publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases* 12 (6): 551-54. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2006.01445.x>.
- Ergönül, O. 2006. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever ». *The Lancet Infectious Diseases* 6 (4): 203-14. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(06\)70435-2](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(06)70435-2).
- Ergonul, Or. 2008. « Treatment of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Antiviral Research* 78 (1): 125-31. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2007.11.002>.

- Ergönül, Or, A Celikbaş, B Dokuzoguz, S Eren, N Baykam, et H Esener. 2004. « Characteristics of Patients with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in a Recent Outbreak in Turkey and Impact of Oral Ribavirin Therapy ». *Clinical Infectious Diseases: An Official Publication of the Infectious Diseases Society of America* 39 (2): 284-87. <https://doi.org/10.1086/422000>.
- Ergönül, O, Ş Keske, M G Çeldir, İ A Kara, N Pshenichnaya, G Abuova, L Blumberg, et M Gönen. 2018. « Systematic Review and Meta-Analysis of Postexposure Prophylaxis for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus among Healthcare Workers ». *Emerging Infectious Diseases* 24 (9): 1642-48. <https://doi.org/10.3201/eid2409.171709>.
- Ergonul, O, A Mirazimi, et D S. Dimitrov. 2007. « Treatment of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Crimean-Congo Hemorrhagic Fever*, 245-69. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_19.
- Ergünay, K, E Dinçer, S Kar, N Emanet, D Yalçinkaya, P F Polat Dinçer, A Brinkmann, et al. 2020. « Multiple Orthonairoviruses Including Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus, Tamdy Virus and the Novel Meram Virus in Anatolia ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 11 (5): 101448. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101448>.
- Ergunay, K, Z Kocak Tufan, C Bulut, S Kinikli, A Pekcan Demiroz, et A Ozkul. 2014. « Antibody Responses and Viral Load in Patients with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: A Comprehensive Analysis during the Early Stages of the Infection ». *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease* 79 (1): 31-36. <https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2013.12.015>.
- Eriks, I. S., D. Stiller, et G. H. Palmer. 1993. « Impact of Persistent Anaplasma Marginale Rickettsemia on Tick Infection and Transmission ». *Journal of Clinical Microbiology* 31 (8): 2091-96. <https://doi.org/10.1128/jcm.31.8.2091-2096.1993>.
- Ertugrul, B, S Kirdar, O Saylak Ersoy, M Ture, N Erol, B Ozturk, et S Sakarya. 2012. « The Seroprevalence of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever among Inhabitants Living in the Endemic Regions of Western Anatolia ». *Scandinavian Journal of Infectious Diseases* 44 (4): 276-81. <https://doi.org/10.3109/00365548.2011.621445>.
- Espunyes, J, O Cabezón, L Pailler-García, A Dias-Alves, L Lobato-Bailón, I Marco, M P. Ribas, P E. Encinosa-Guzmán, M Valldeperes, et S Napp. 2021. « Hotspot of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Seropositivity in Wildlife, Northeastern Spain ». *Emerging Infectious Diseases* 27 (9): 2480-84. <https://doi.org/10.3201/eid2709.211105>.
- Estrada-Peña, A., Robert Farkas, Thomas G. T. Jaenson, Frank Koenen, Maxime Madder, Ilaria Pascucci, Mo Salman, Jordi Tarrés-Call, et Frans Jongejan. 2013. « Association of environmental traits with the geographic ranges of ticks (Acari: Ixodidae) of medical and veterinary importance in the western Palearctic. A digital data set ». *Experimental & Applied Acarology* 59 (3): 351-66. <https://doi.org/10.1007/s10493-012-9600-7>.
- Estrada-Peña, A., et F. Jongejan. 1999. « Ticks Feeding on Humans: A Review of Records on Human-Biting Ixodoidea with Special Reference to Pathogen Transmission ». *Experimental & Applied Acarology* 23 (9): 685-715. <https://doi.org/10.1023/a:1006241108739>.
- Estrada-Peña, A, A Bouattour, Camicas J-L, et A Walker. 2004. *Ticks of Domestic Animals in the Mediterranean Region. A Guide to Identification of Species*.
- European Centre for Disease Prevention and Control. 2021. *Organisation of Vector Surveillance and Control in Europe*. Stockholm: Publications Office. <https://doi.org/10.2900/853486>.
- Fall, G, N Di Paola, M Faye, M Dia, C C de Melo Freire, C Loucoubar, P Marinho de Andrade Zanotto, O Faye, et A A Sall. 2017. « Biological and Phylogenetic Characteristics of West African Lineages of West Nile Virus ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 11 (11): e0006078. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006078>.
- Fanelli, A, D Buonavoglia, G Lanave, F Monaco, V Quaranta, R Catanzariti, F Ruiz-Fons, et C Buonavoglia. 2022. « First Serological Evidence of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus

- in Transhumant Bovines in Italy ». *Transboundary and Emerging Diseases* 69 (6): 4022-27. <https://doi.org/10.1111/tbed.14710>.
- Fard, N. S. R., et M. Khalili. 2011. « PCR-Detection of *Coxiella Burnetii* in Ticks Collected from Sheep and Goats in Southeast Iran ». *Iranian Journal of Arthropod-Borne Diseases* 5 (1): 1-6.
- Fard, N. S. R., O. Omid Ghashghaei, M. Khalili, et H. Sharifi. 2016. « Tick Diversity and Detection of *Coxiella Burnetii* in Tick of Small Ruminants Using Nested Trans PCR in Southeast Iran ». *Tropical Biomedicine* 33 (3): 506-11.
- Farougou, S, M. Kpodekon, et A.W. Tassou. 2007. « Seasonal abundance of ticks (Acari: Ixodidae) infesting cattle in the Sudan area of Benin: case of the departments of Borgou and Alibori ». *Revue Africaine de Santé et de Productions Animales* 5 (janvier): 61-67.
- Faye, O., J. P. Cornet, J. L. Camicas, D. Fontenille, et J. P. Gonzalez. 1999. « Transmission expérimentale du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo : place de trois espèces vectrices dans les cycles de maintenance et de transmission au Sénégal ». *Parasite* 6 (1): 27-32. <https://doi.org/10.1051/parasite/1999061027>.
- Figoni, J., C. Chirouze, Y. Hansmann, C. Lemogne, V. Hentgen, A. Saunier, K. Bouiller, *et al.*. 2019. « Lyme Borreliosis and Other Tick-Borne Diseases. Guidelines from the French Scientific Societies (I): Prevention, Epidemiology, Diagnosis ». *Médecine et Maladies Infectieuses* 49 (5): 318-34. <https://doi.org/10.1016/j.medmal.2019.04.381>.
- Filipe, A. R., et J. Casals. 1979. « Isolation of Dhori Virus from *Hyalomma Marginatum* Ticks in Portugal ». *Intervirology* 11 (2): 124-27. <https://doi.org/10.1159/000149023>.
- Fisher-Hoch, S. P., J. B. McCormick, R. Swanepoel, A. Van Middlekoop, S. Harvey, et H. G. Kustner. 1992. « Risk of Human Infections with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in a South African Rural Community ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 47 (3): 337-45. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1992.47.337>.
- Flusin, O., Frédéric Iseni, R. Rodrigues, Glauca Paranhos-Baccala, J. Crance, P. Marianneau, M. Bouloy, et C. Peyrefitte. 2010. « La Fièvre Hémorragique de Crimée-Congo: L'essentiel Pour Le Praticien ». *Undefined*. <https://www.semanticscholar.org/paper/La-fi%C3%A8vre-h%C3%A9morrhagique-de-Crim%C3%A9e-Congo%3A-l%27essentiel-Flusin-Iseni/d438416202c3a59c9981b31274e12e6438f718b5>.
- Földes, K, T Aligholipour Farzani, K Ergünay, et A Ozkul. 2020. « Differential Growth Characteristics of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Kidney Cells of Human and Bovine Origin ». *Viruses* 12 (6): E685. <https://doi.org/10.3390/v12060685>.
- Formosinho, P., et M. M. Santos-Silva. 2006. « Experimental Infection of *Hyalomma Marginatum* Ticks with West Nile Virus ». *Acta Virologica* 50 (3): 175-80.
- Fourie, L. J., D. J. Kok, et H. Heyne. 1996. « Adult Ixodid Ticks on Two Cattle Breeds in the South-Western Free State, and Their Seasonal Dynamics ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 63 (1): 19-23.
- Fuente, J de la, C Almazán, M Canales, J M Pérez de la Lastra, K M. Kocan, et P Willadsen. 2007. « A Ten-Year Review of Commercial Vaccine Performance for Control of Tick Infestations on Cattle ». *Animal Health Research Reviews* 8 (1): 23-28. <https://doi.org/10.1017/S1466252307001193>.
- Fuente, J de la, Sandra Antunes, S I Bonnet, A Cabezas-Cruz, A G. Domingos, A Estrada-Peña, N Johnson, *et al.* 2017. « Tick-Pathogen Interactions and Vector Competence: Identification of Molecular Drivers for Tick-Borne Diseases ». *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 7: 114. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00114>.

- Fuente, J de la, et A Estrada-Peña. 2019. « Why New Vaccines for the Control of Ectoparasite Vectors Have Not Been Registered and Commercialized? » *Vaccines* 7 (3): E75. <https://doi.org/10.3390/vaccines7030075>.
- Fuente, J de la, A Estrada-Peña, J M. Venzal, K M. Kocan, et D E. Sonenshine. 2008. « Overview: Ticks as Vectors of Pathogens That Cause Disease in Humans and Animals ». *Frontiers in Bioscience: A Journal and Virtual Library* 13 (mai): 6938-46. <https://doi.org/10.2741/3200>.
- Galai, Y, M Canales, M Ben Saïd, M Gharbi, M Mhadhbi, M Jedidi, J de La Fuente, et M-A Darghouth. 2012. « Efficacy of Hyalomma Scupense (Hd86) Antigen against Hyalomma Excavatum and H. Scupense Tick Infestations in Cattle ». *Vaccine* 30 (49): 7084-89. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2012.09.051>.
- Gale, P., B. Stephenson, A. Brouwer, M. Martinez, A. de la Torre, J. Bosch, M. Foley-Fisher, et al. 2012. « Impact of Climate Change on Risk of Incursion of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Livestock in Europe through Migratory Birds ». *Journal of Applied Microbiology* 112 (2): 246-57. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2011.05203.x>.
- Gamino, V, et U Höfle. 2013. « Pathology and tissue tropism of natural West Nile virus infection in birds: a review ». *Veterinary Research* 44 (1): 39. <https://doi.org/10.1186/1297-9716-44-39>.
- Gaowa, W, X Yin, S Guo, C Ding, M Cao, H Kawabata, et al. 2018. « Spotted Fever Group Rickettsiae in Inner Mongolia, China, 2015–2016 - Volume 24, Number 11—November 2018 - Emerging Infectious Diseases Journal - CDC ». <https://doi.org/10.3201/eid2411.162094>.
- Garcia, S., S. Chinikar, D. Coudrier, A. Billecocq, B. Hooshmand, J. M. Crance, D. Garin, et M. Bouloy. 2006. « Evaluation of a Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Recombinant Antigen Expressed by Semliki Forest Suicide Virus for IgM and IgG Antibody Detection in Human and Animal Sera Collected in Iran ». *Journal of Clinical Virology: The Official Publication of the Pan American Society for Clinical Virology* 35 (2): 154-59. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2005.02.016>.
- Gargili, A, A Estrada-Peña, J R. Spengler, A Lukashov, P A. Nuttall, et D A. Bente. 2017. « The Role of Ticks in the Maintenance and Transmission of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus: A Review of Published Field and Laboratory Studies ». *Antiviral Research* 144 (août): 93-119. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2017.05.010>.
- Gargili, A, A M. Palomar, K Midilli, A Portillo, S Kar, et J A. Oteo. 2012. « Rickettsia Species in Ticks Removed from Humans in Istanbul, Turkey ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 12 (11): 938-41. <https://doi.org/10.1089/vbz.2012.0996>.
- Gargili, A, S Thangamani, et D Bente. 2013. « Influence of Laboratory Animal Hosts on the Life Cycle of Hyalomma Marginatum and Implications for an in Vivo Transmission Model for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ». *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 3: 39. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2013.00039>.
- Garrison, A R., S V. A Альховский Сергей Владимирович, Tatjana Avšič-Županc, D A. Bente, E Bergeron, F Burt, N Di Paola, et al. 2020. « ICTV Virus Taxonomy Profile: Nairoviridae ». *The Journal of General Virology* 101 (8): 798-99. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001485>.
- Garrison, A R., C J. Shoemaker, J W. Golden, C J. Fitzpatrick, J J. Suschak, M J. Richards, C V. Badger, et al. 2017. « A DNA Vaccine for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Protects against Disease and Death in Two Lethal Mouse Models ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 11 (9): e0005908. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005908>.
- Gaur, R S, A Kumar Sangwan, N Sangwan, et S Kumar. 2016. « Acaricide Resistance in Rhipicephalus (Boophilus) Microplus and Hyalomma Anatolicum Collected from Haryana and Rajasthan States of India ». *Experimental & Applied Acarology* 69 (4): 487-500. <https://doi.org/10.1007/s10493-016-0046-1>.

- George, J. E. 2000. « Present and Future Technologies for Tick Control ». *Annals of the New York Academy of Sciences* 916: 583-88. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2000.tb05340.x>.
- Gergova, I, M Kunchev, et B Kamarinchev. 2012. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus-Tick Survey in Endemic Areas in Bulgaria ». *Journal of Medical Virology* 84 (4): 608-14. <https://doi.org/10.1002/jmv.23214>.
- Germanakis, A, D Chochlakis, E Angelakis, Y Tselentis, et A Psaroulaki. 2013. « Rickettsia Aeschlimannii Infection in a Man, Greece ». *Emerging Infectious Diseases* 19 (7): 1176-77. <https://doi.org/10.3201/eid1907.130232>.
- Gevorgyan, H, G G. Grigoryan, H A. Atoyian, M Rukhkyan, A Hakobyan, H Zakaryan, et S A. Aghayan. 2019. « Evidence of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Occurrence in Ixodidae Ticks of Armenia ». *Journal of Arthropod-Borne Diseases* 13 (1): 9-16. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6643020/>.
- Ghafar, A, T Abbas, A Rehman, Z-U-D Sandhu, A Cabezas-Cruz, et A Jabbar. 2020. « Systematic Review of Ticks and Tick-Borne Pathogens of Small Ruminants in Pakistan ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 9 (11). <https://doi.org/10.3390/pathogens9110937>.
- Ghafar, A, A Cabezas-Cruz, C Galon, D Obregon, R B. Gasser, S Moutailler, et A Jabbar. 2020a. « Bovine Ticks Harbour a Diverse Array of Microorganisms in Pakistan ». *Parasites & Vectors* 13 (1): 1. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3862-4>.
- Ghafar, A, A Cabezas-Cruz, C Galon, D Obregon, R B. Gasser, S Moutailler, et A Jabbar. 2020b. « Bovine Ticks Harbour a Diverse Array of Microorganisms in Pakistan ». *Parasites & Vectors* 13 (1): 1. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3862-4>.
- Gharbi, M, et M A Darghouth. 2014. « A Review of Hyalomma Scupense (Acari, Ixodidae) in the Maghreb Region: From Biology to Control ». *Parasite* 21: 2. <https://doi.org/10.1051/parasite/2014002>.
- Gharbi, M, M A Darghouth, K Elati, A A. T. AL-Hosary, O Ayadi, D A. Salih, A M. El Hussein, et al. 2020. « Current Status of Tropical Theileriosis in Northern Africa: A Review of Recent Epidemiological Investigations and Implications for Control ». *Transboundary and Emerging Diseases* 67 (S1): 8-25. <https://doi.org/10.1111/tbed.13312>.
- Gharbi, M, M A Darghouth, K Elati, A A. T. Al-Hosary, O Ayadi, D A. Salih, A M. El Hussein, et al. 2020. « Current Status of Tropical Theileriosis in Northern Africa: A Review of Recent Epidemiological Investigations and Implications for Control ». *Transboundary and Emerging Diseases* 67 Suppl 1 (mars): 8-25. <https://doi.org/10.1111/tbed.13312>.
- Gharbi, M, M Ettaïeb Hayouni, L Sassi, W Dridi, et M A Darghouth. 2013. « Hyalomma Scupense (Acari, Ixodidae) in Northeast Tunisia: Seasonal Population Dynamics of Nymphs and Adults on Field Cattle ». *Parasite* 20: 12. <https://doi.org/10.1051/parasite/2013012>.
- Gharbi, M, M Mhadhbi, et M A Darghouth. 2012. « Diagnostic de la theilériose tropicale du boeuf (infection par Theileria annulata) en Afrique du Nord », décembre 2012, Revue de Médecine Vétérinaire édition, sect. 163.
- Gharbi, M, M R Rjeibi, M Rouatbi, M Mabrouk, M Mhadhbi, S Amairia, Y Amdouni, et M A Boussaadoun. 2015. « Infestation of the Spur-Thighed Tortoise (Testudo Graeca) by Hyalomma Aegyptium in Tunisia ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 6 (3): 352-55. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2015.02.009>.
- Ghosh, S., P. Azhahianambi, et José de la Fuente. 2006. « Control of Ticks of Ruminants, with Special Emphasis on Livestock Farming Systems in India: Present and Future Possibilities for Integrated Control--a Review ». *Experimental & Applied Acarology* 40 (1): 49-66. <https://doi.org/10.1007/s10493-006-9022-5>.

- Ghosh, S., P. Azhahianambi, et M. P. Yadav. 2007. « Upcoming and Future Strategies of Tick Control: A Review ». *Journal of Vector Borne Diseases* 44 (2): 79-89.
- Ghosh, S., et M. H. Khan. 1999. « Immunization of Cattle against *Hyalomma Anatolicum* Using Larval Antigens ». *Indian Journal of Experimental Biology* 37 (2): 203-5.
- Giles, M. B. 1986. « Ivermectin in Tick Control ». *The Veterinary Record* 118 (3): 82. <https://doi.org/10.1136/vr.118.3.82-b>.
- Gill, H. S., R. Boid, et C. A. Ross. 1986. « Isolation and Characterization of Salivary Antigens from *Hyalomma Anatolicum* ». *Parasite Immunology* 8 (1): 11-25. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3024.1986.tb00829.x>.
- Gill, H. S., et A. G. Luckins. 1987. « *Hyalomma Anatolicum*: The Role of Humoral Factors in the Acquisition of Host Resistance ». *Experimental Parasitology* 64 (3): 430-37. [https://doi.org/10.1016/0014-4894\(87\)90057-9](https://doi.org/10.1016/0014-4894(87)90057-9).
- Gill, H. S., et A. R. Walker. 1985. « Differential Cellular Responses at *Hyalomma Anatolicum* Feeding Sites on Susceptible and Tick-Resistant Rabbits ». *Parasitology* 91 (Pt 3) (décembre): 591-607. <https://doi.org/10.1017/s0031182000062831>.
- Gillespie, J J., M S. Beier, M. Sayeedur Rahman, N C. Ammerman, J M. Shallom, A Purkayastha, B S. Sobral, et A F. Azad. 2007. « Plasmids and Rickettsial Evolution: Insight from *Rickettsia Felis* ». *PLOS ONE* 2 (3): e266. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000266>.
- Ginsberg, H S. 2014. « Tick control: trapping, bio-control, host management and other alternative strategies ». In *Biology of ticks*, In Sonenshine D. E., Roe R. M. (eds), 409-44. Oxford: Oxford University Press.
- Ginsberg, H S., M Butler, et E Zhioua. 2002. « Effect of Deer Exclusion by Fencing on Abundance of *Amblyomma Americanum* (Acari: Ixodidae) on Fire Island, New York, USA ». *Journal of Vector Ecology: Journal of the Society for Vector Ecology* 27 (2): 215-21.
- Gleim, E R., L. M Conner, R D. Berghaus, M L. Levin, G E. Zemtsova, et M J. Yabsley. 2014. « The Phenology of Ticks and the Effects of Long-Term Prescribed Burning on Tick Population Dynamics in Southwestern Georgia and Northwestern Florida ». *PLoS ONE* 9 (11): e112174. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0112174>.
- Goedhals, D., P. A. Bester, J. T. Paweska, R. Swanepoel, et F. J. Burt. 2014. « Next-Generation Sequencing of Southern African Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Isolates Reveals a High Frequency of M Segment Reassortment ». *Epidemiology and Infection* 142 (9): 1952-62. <https://doi.org/10.1017/S0950268814000818>.
- Golden, J W., C J. Shoemaker, M E. Lindquist, X Zeng, S P. Daye, J A. Williams, J Liu, et al. 2019. « GP38-targeting monoclonal antibodies protect adult mice against lethal Crimean-Congo hemorrhagic fever virus infection ». *Science Advances* 5 (7): eaaw9535. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aaw9535>.
- Gonzalez, J. P., J. L. Camicas, J. P. Cornet, O. Faye, et M. L. Wilson. 1992. « Sexual and Transovarian Transmission of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in *Hyalomma Truncatum* Ticks ». *Research in Virology* 143 (1): 23-28. [https://doi.org/10.1016/s0923-2516\(06\)80073-7](https://doi.org/10.1016/s0923-2516(06)80073-7).
- Gonzalez, J. P., J. L. Camicas, J. P. Cornet, et M. L. Wilson. 1998. « Biological and Clinical Responses of West African Sheep to Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Experimental Infection ». *Research in Virology* 149 (6): 445-55. [https://doi.org/10.1016/s0923-2516\(99\)80013-2](https://doi.org/10.1016/s0923-2516(99)80013-2).
- Gonzalez, J.P., J.P. Cornet, M.L. Wilson, et J.L. Camicas. 1991. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Replication in Adult *Hyalomma Truncatum* and *Amblyomma Variegatum* Ticks ». *Research in Virology* 142 (6): 483-88. [https://doi.org/10.1016/0923-2516\(91\)90071-A](https://doi.org/10.1016/0923-2516(91)90071-A).
- González, J., F. Valcárcel, J. L. Pérez-Sánchez, J. M. Tercero-Jaime, M. T. Cutuli, et A. S. Olmeda. 2016. « Control of *Hyalomma Lusitanicum* (Acari: Ixodidae) Ticks Infesting *Oryctolagus Cuniculus*

- (Lagomorpha: Leporidae) Using the Entomopathogenic Fungus *Beauveria Bassiana* (Hyocreales: Clavicipitaceae) in Field Conditions ». *Journal of Medical Entomology* 53 (6): 1396-1402. <https://doi.org/10.1093/jme/tjw088>.
- González, J, M G. González, F Valcárcel, M Sánchez, R Martín-Hernández, J M. Tercero, et A. S Olmeda. 2020a. « Transstadial Transmission from Nymph to Adult of *Coxiella Burnetii* by Naturally Infected *Hyalomma Lusitanicum* ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 9 (11): E884. <https://doi.org/10.3390/pathogens9110884>.
- González, J, M. González, F Valcárcel, M Sánchez, R Martín-Hernández, J María Tercero, et A. S Olmeda. 2020b. « Prevalence of *Coxiella Burnetii* (Legionellales: Coxiellaceae) Infection Among Wildlife Species and the Tick *Hyalomma Lusitanicum* (Acari: Ixodidae) in a Meso-Mediterranean Ecosystem ». *Journal of Medical Entomology* 57 (2): 551-56. <https://doi.org/10.1093/jme/tjz169>.
- González-Redondo, Pedro, et R Sánchez-Martínez. 2014. « Characterisation of Wild Rabbit Commercial Game Farms in Spain ». *World Rabbit Science* 22 (1): 51-58. <https://doi.org/10.4995/wrs.2014.1213>.
- Gordon, S. W., K. J. Linthicum, et J. R. Moulton. 1993. « Transmission of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Two Species of *Hyalomma* Ticks from Infected Adults to Cofeeding Immature Forms ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 48 (4): 576-80. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1993.48.576>.
- Gowrishankar, S, B Ravi Latha, C Sreekumar, et V. Leela 2021. « Solar Tick Trap with a Pheromone Lure – A Stand-in Approach for off-Host Control of *Rhipicephalus Sanguineus* Sensu Lato Ticks ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 12 (3): 101656. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2021.101656>.
- Gozel, M G, M Bakir, A Y Oztop, A Engin, I Dokmetas, et N Elaldi. 2014. « Investigation of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Transmission from Patients to Relatives: A Prospective Contact Tracing Study ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 90 (1): 160-62. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.13-0306>.
- Gozel, M G, I Dokmetas, A Y Oztop, A Engin, N Elaldi, et M Bakir. 2013. « Recommended Precaution Procedures Protect Healthcare Workers from Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ». *International Journal of Infectious Diseases: IJID: Official Publication of the International Society for Infectious Diseases* 17 (11): e1046-1050. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2013.05.005>.
- Graf, J. F., R. Gogolewski, N. Leach-Bing, G. A. Sabatini, M. B. Molento, E. L. Bordin, et G. J. Arantes. 2004. « Tick Control: An Industry Point of View ». *Parasitology* 129 Suppl: S427-442. <https://doi.org/10.1017/s0031182004006079>.
- Grandi, G, L Chitimia-Dobler, P Choklikitumnuey, C Strube, A Springer, A Albihn, T G. T. Jaenson, et A Omazic. 2020. « First Records of Adult *Hyalomma Marginatum* and *H. Rufipes* Ticks (Acari: Ixodidae) in Sweden ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 11 (3): 101403. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101403>.
- Gray, J. S., et A. J. De Vos. 1981. « Studies on a Bovine *Babesia* Transmitted by *Hyalomma Marginatum* *Rufipes* Koch, 1844 ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 48 (4): 215-23.
- Gray, J. S., H. Dautel, A. Estrada-Peña, O. Kahl, et E. Lindgren. 2009. « Effects of Climate Change on Ticks and Tick-Borne Diseases in Europe ». *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases* 2009: 593232. <https://doi.org/10.1155/2009/593232>.
- Gray, J S., A Estrada-Peña, et A Zintl. 2019. « Vectors of Babesiosis ». *Annual Review of Entomology* 64 (janvier): 149-65. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-011118-111932>.

- Grech-Angelini, S, F Stachurski, R Lancelot, J Boissier, J-F Allienne, S Marco, O Maestrini, et G Uilenberg. 2016. « Ticks (Acari: Ixodidae) infesting cattle and some other domestic and wild hosts on the French Mediterranean island of Corsica ». *Parasites & Vectors* 9 (1): 582. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1876-8>.
- Grech-Angelini, S, R Lancelot, O Ferraris, C N Peyrefitte, N Vachieri, A Pédarrieu, APeyraud, *et al.* 2020. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Antibodies among Livestock on Corsica, France, 2014–2016 - Volume 26, Number 5—May 2020 - Emerging Infectious Diseases Journal - CDC ». <https://doi.org/10.3201/eid2605.191465>.
- Grech-Angelini, S, F Stachurski, M Vayssier-Taussat, E Devillers, F Casabianca, R Lancelot, G Uilenberg, et S Moutailler. 2020. « Tick-Borne Pathogens in Ticks (Acari: Ixodidae) Collected from Various Domestic and Wild Hosts in Corsica (France), a Mediterranean Island Environment ». *Transboundary and Emerging Diseases* 67 (2): 745-57. <https://doi.org/10.1111/tbed.13393>.
- Griffiths, R. B., et P. J. McCosker. 1990. *Proceedings of the FAO Expert Consultation on Revision of Strategies for the Control of Ticks and Tick-Borne Diseases (Rome, 25-29 September 1989)*. Institute of Parasitology of the University of Rome « La Sapienza » for the Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Guglielmone, A A., et S Nava. 2014. « Names for Ixodidae (Acari: Ixodoidea): Valid, Synonyms, Incertae Sedis, Nomina Dubia, Nomina Nuda, Lapsus, Incorrect and Suppressed Names—with Notes on Confusions and Misidentifications ». *Zootaxa* 3767 (février): 1-256. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3767.1.1>.
- Guglielmone, A A., et R G. Robbins. 2018. *Hard Ticks (Acari: Ixodida: Ixodidae) Parasitizing Humans: A Global Overview*. Springer.
- Guglielmone, A A., R G. Robbins, D A. Apanaskevich, T N. Petney, A Estrada-Peña, et I G. Horak. 2009. « Comments on Controversial Tick (Acari: Ixodida) Species Names and Species Described or Resurrected from 2003 to 2008 ». *Experimental & Applied Acarology* 48 (4): 311-27. <https://doi.org/10.1007/s10493-009-9246-2>.
- Guglielmone, A A., R G. Robbins, D A. Apanaskevich, T N. Petney, A Estrada-Peña, I G. Horak, R Shao, et S C. Barker. 2010. « The Argasidae, Ixodidae and Nuttalliellidae (Acari: Ixodida) of the World: A List of Valid Species Names ». *Zootaxa* 2528 (1): 1. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.2528.1.1>.
- Guidi, E, S Pradier, I Lebert, et A Leblond. 2015. « Piroplasmosis in an Endemic Area: Analysis of the Risk Factors and Their Implications in the Control of Theileriosis and Babesiosis in Horses ». *Parasitology Research* 114 (1): 71-83. <https://doi.org/10.1007/s00436-014-4161-9>.
- Gunes, T, A Engin, O Poyraz, N Elaldi, S Kaya, I Dokmetas, M Bakir, et Z Cinar. 2009. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in High-Risk Population, Turkey ». *Emerging Infectious Diseases* 15 (3): 461-64. <https://doi.org/10.3201/eid1503.080687>.
- Gunes, T, O Poyraz, et Zi Vatansever. 2011. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ticks Collected from Humans, Livestock, and Picnic Sites in the Hyperendemic Region of Turkey ». *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 11 (10): 1411-16. <https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0651>.
- Guo, R, S Shen, Y Zhang, J Shi, Z Su, D Liu, J Liu, *et al.* 2017. « A New Strain of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Isolated from Xinjiang, China ». *Virologica Sinica* 32 (1): 80-88. <https://doi.org/10.1007/s12250-016-3936-9>.
- Guo, W-P, YH Wang, Q Lu, G Xu, Y Luo, X Ni, et E-M Zhou. 2019. « Molecular Detection of Spotted Fever Group Rickettsiae in Hard Ticks, Northern China ». *Transboundary and Emerging Diseases* 66 (4): 1587-96. <https://doi.org/10.1111/tbed.13184>.

- Guzmán-Terán, C, A Calderón-Rangel, A Rodriguez-Morales, et S Mattar. 2020. « Venezuelan equine encephalitis virus: the problem is not over for tropical America ». *Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials* 19 (1): 19. <https://doi.org/10.1186/s12941-020-00360-4>.
- Habeeb, S, et H Abouelhag. 2008. « Ultrastructural Changes in Hemocyte Cells of Hard tick (*Hyalomma dromedarii*: Ixodidae): A model of *Bacillus thuringiensis* var. *thuringiensis* H14 δ -endotoxin mode of action ». *Am-Euras J Agric Environ Sci* 3 (janvier).
- Habeeb, S M., H M. Ashry, et M M. Saad. 2017. « Ovicidal Effect of Chitinase and Protease Enzymes Produced by Soil Fungi on the Camel Tick *Hyalomma Dromedarii* Eggs (Acari:Ixodidae) ». *Journal of Parasitic Diseases: Official Organ of the Indian Society for Parasitology* 41 (1): 268-73. <https://doi.org/10.1007/s12639-016-0791-4>.
- Habela, M., J. A. Rol, J. M. Antón, J. Peña, E. Corchero, I. van Ham, et E. Jongejan. 1999. « Epidemiology of Mediterranean Theileriosis in Extremadura Region, Spain ». *Parassitologia* 41 Suppl 1 (septembre): 47-51.
- Hadani, A, I Tsur, E Pipano, et Z Zenft. 1963. « Studies on the transmission of *Theileria annulata* by ticks (Ixodidea, Ixodidae) I. *Hyalomma excavatum* ». *Journal of Protozoology* 10 (Supplement): 35.
- Haddock, E, F Feldmann, D W. Hawman, M Zivcec, P W. Hanley, G Saturday, D P. Scott, et al. 2018. « A *Cynomolgus* Macaque Model for Crimean-Congo Haemorrhagic Fever ». *Nature Microbiology* 3 (5): 556-62. <https://doi.org/10.1038/s41564-018-0141-7>.
- Hahn, S, S Bauer, et F Liechti. 2009. « The Natural Link between Europe and Africa – 2.1 Billion Birds on Migration ». *Oikos* 118 (4): 624-26. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2008.17309.x>.
- Hamed, M I., A M. A. Zaitoun, Taha A. A. El-Allawy, et Mourad I. Mourad. 2011. « Investigation of *Theileria Camelensis* in Camels Infested by *Hyalomma Dromedarii* Ticks in Upper Egypt ». *Journal of Advanced Veterinary Research* 1 (1): 4-7. <https://www.advetresearch.com/index.php/AVR/article/view/206>.
- Hansford, K M, M E Pietzsch, B Cull, E L Gillingham, et J M Medlock. 2018. « Potential Risk Posed by the Importation of Ticks into the UK on Animals: Records from the Tick Surveillance Scheme ». *Veterinary Record* 182 (4): 107-107. <https://doi.org/10.1136/vr.104263>.
- Hars, J, S Rossi, E Faure, A-E Taconet, P Gay, P Landelle, et C Richomme. 2015. « Risques sanitaires liés à l'importation de gibier sauvage d'élevage et de repeuplement ». *Bulletin épidémiologique Santé animale – alimentation*, n° 66: 3.
- Hasle, G, G Bjune, E Edvardsen, C Jakobsen, B Linnehol, J E Røer, R Mehl, K H. Røed, J Pedersen, et H P Leinaas. 2009. « Transport of Ticks by Migratory Passerine Birds to Norway ». *The Journal of Parasitology* 95 (6): 1342-51. <https://doi.org/10.1645/GE-2146.1>.
- Hassan, S. M., O. O. Dipeolu, A. O. Amoo, et T. R. Odhiambo. 1991. « Predation on Livestock Ticks by Chickens ». *Veterinary Parasitology* 38 (2-3): 199-204. [https://doi.org/10.1016/0304-4017\(91\)90129-j](https://doi.org/10.1016/0304-4017(91)90129-j).
- Hatipoglu, C A, C Bulut, M A Yetkin, G T Ertem, F S Erdinc, E K Kilic, T Sari, S Kinikli, B Oral, et A P Demiroz. 2010. « Evaluation of Clinical and Laboratory Predictors of Fatality in Patients with Crimean-Congo Haemorrhagic Fever in a Tertiary Care Hospital in Turkey ». *Scandinavian Journal of Infectious Diseases* 42 (6-7): 516-21. <https://doi.org/10.3109/00365540903582418>.
- Hawman, D W., G Ahlén, K. S Appelberg, K Meade-White, P W. Hanley, D Scott, V Monteil, et al. 2021. « A DNA-Based Vaccine Protects against Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Disease in a *Cynomolgus* Macaque Model ». *Nature Microbiology* 6 (2): 187-95. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-00815-6>.

- Hawman, D W., E Haddock, K Meade-White, G Nardone, F Feldmann, P W. Hanley, J Lovaglio, *et al.* 2020. « Efficacy of Favipiravir (T-705) against Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Infection in Cynomolgus Macaques ». *Antiviral Research* 181 (septembre): 104858. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2020.104858>.
- Hawman, D W., K Meade-White, S Leventhal, F Feldmann, A Okumura, B Smith, D Scott, et H Feldmann. 2021. « Immunocompetent Mouse Model for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ». *ELife* 10 (janvier): e63906. <https://doi.org/10.7554/eLife.63906>.
- Hayes, E B., J J. Sejvar, S R. Zaki, R S. Lanciotti, A V. Bode, et G L. Campbell. 2005. « Virology, Pathology, and Clinical Manifestations of West Nile Virus Disease ». *Emerging Infectious Diseases* 11 (8): 1174-79. <https://doi.org/10.3201/eid1108.050289b>.
- HCSP, 2021. « Conduite à tenir face à des patients suspects de fièvre hémorragique virale, dont la maladie à virus Ebola ». *Rapport de l'HCSP*. Paris: Haut Conseil de la Santé Publique. <https://www.hcsp.fr/explore.cgi/avisrapportsdomaine?clefr=1129>.
- HCSP, 2022. « Recommandations sanitaires 2022 pour les voyageurs (à l'attention des professionnels de santé) ». *Rapport de l'HCSP*. Paris: Haut Conseil de la Santé Publique. <https://www.hcsp.fr/explore.cgi/avisrapportsdomaine?clefr=1215>.
- Hepner, S, V Fingerle, G G Duscher, G Felsberger, D Marosevic, R E Rollins, M Okeyo, A Sing, et G Margos. 2020. « Population Structure of Borrelia Turcica from Greece and Turkey ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 77 (janvier): 104050. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2019.104050>.
- Hewson, R, A Gmyl, L Gmyl, S E. Smirnova, G Karganova, B Jamil, R Hasan, J Chamberlain, et C Clegg. 2004. « Evidence of Segment Reassortment in Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus ». *The Journal of General Virology* 85 (Pt 10): 3059-70. <https://doi.org/10.1099/vir.0.80121-0>.
- Hinkula, J, S Devignot, S Åkerström, H Karlberg, E Wattrang, S Bereczky, M Mousavi-Jazi, *et al.* 2017. « Immunization with DNA Plasmids Coding for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Capsid and Envelope Proteins and/or Virus-Like Particles Induces Protection and Survival in Challenged Mice ». *Journal of Virology* 91 (10): e02076-16. <https://doi.org/10.1128/JVI.02076-16>.
- Hoch, T, E Breton, et Z Vatansever. 2018. « Dynamic Modeling of Crimean Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) Spread to Test Control Strategies ». *Journal of Medical Entomology* 55 (5): 1124-32. <https://doi.org/10.1093/jme/tjy035>.
- Hoek, W van der, G Morroy, N H. M. Renders, P C. Wever, M H. A. Hermans, A C. A. P. Leenders, et P M. Schneeberger. 2012. « Epidemic Q Fever in Humans in the Netherlands ». *Advances in Experimental Medicine and Biology* 984: 329-64. https://doi.org/10.1007/978-94-007-4315-1_17.
- Hoffman, T, M Lindeborg, C Barboutis, K Erciyas-Yavuz, M Evander, T Fransson, J Figuerola, *et al.* 2018. « Alkhurma Hemorrhagic Fever Virus RNA in Hyalomma rufipes Ticks Infesting Migratory Birds, Europe and Asia Minor ». *Emerging Infectious Diseases* 24 (5): 879-82. <https://doi.org/10.3201/eid2405.171369>.
- Hofmeester, T R., H Sprong, P A. Jansen, H H. T. Prins, et S E. van Wieren. 2017. « Deer presence rather than abundance determines the population density of the sheep tick, Ixodes ricinus, in Dutch forests ». *Parasites & Vectors* 10 (1): 433. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2370-7>.
- Homer, M. J., I. Aguilar-Delfin, S. R. Telford, P. J. Krause, et D. H. Persing. 2000. « Babesiosis ». *Clinical Microbiology Reviews* 13 (3): 451-69. <https://doi.org/10.1128/CMR.13.3.451>.
- Hoogstraal, H., M. A. Traylor, S. Gaber, G. Malakatis, E. Guindy, et I. Helmy. 1964. « Ticks (Ixodidae) on migrating birds in Egypt, spring and fall 1962 ». *Bulletin of the World Health Organization* 30: 355-67.

- Hoogstraal, H, H.Y. Wassef, et W. Buttiker. 1981. « Ticks (Acarina) of Saudi Arabia fam argasidae ixodidae ». *Fauna Saudi Arabia*, n° 3: 25-110.
- Hoogstraal, H. 1979. « Review Article1: The Epidemiology of Tick-Borne Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Asia, Europe, and Africa23 ». *Journal of Medical Entomology* 15 (4): 307-417. <https://doi.org/10.1093/jmedent/15.4.307>.
- Horak, Ivan G., J-L Camicas, et J E. Keirans. 2002. « The Argasidae, Ixodidae and Nuttalliellidae (Acari: Ixodida): A World List of Valid Tick Names ». *Experimental & Applied Acarology* 28 (1): 27-54. <https://doi.org/10.1023/A:1025381712339>.
- Hornok, S, A Grima, N Takács, S Szekeres, et J Kontschán. 2020. « First Records and Molecular-Phylogenetic Analyses of Three Tick Species (Ixodes Kaiserii, Hyalomma Lusitanicum and Ornithodoros Coniceps) from Malta ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 11 (3): 101379. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101379>.
- Hosseini-Chegeni, A, M Asadi, et M Tavakoli. 2019. « The record of Alveonasus canestrinii and Hyalomma marginatum (Acari:Ixodoidea) parasitizing partridge, Alectoris chukar (Aves: Phasianidae) in Iran ». *International Journal of Acarology* 45 (8): 512-15. <https://doi.org/10.1080/01647954.2019.1694981>.
- Hubálek, Z., et J. Halouzka. 1999. « West Nile fever--a reemerging mosquito-borne viral disease in Europe. » *Emerging Infectious Diseases* 5 (5): 643-50. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2627720/>.
- Hubálek, Z., J. Halouzka, Z. Juřicová, S. Šikutová, et I. Rudolf. 2006. « Effect of Forest Clearing on the Abundance of Ixodes Ricinus Ticks and the Prevalence of Borrelia Burgdorferi s.l. » *Medical and Veterinary Entomology* 20 (2): 166-72. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2006.00615.x>.
- Hubálek, Z. 2009. « Biogeography of Tick-Borne Bhanja Virus (Bunyaviridae) in Europe ». *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases* 2009: 372691. <https://doi.org/10.1155/2009/372691>.
- Hubálek, Z, P Sedláček, A Estrada-Peña, J Vojtišek, et I Rudolf. 2020. « First record of Hyalomma rufipes in the Czech Republic, with a review of relevant cases in other parts of Europe ». *Ticks and Tick-borne Diseases* 11 (avril). <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101421>.
- IFCE. 2020. « rapport d'activité 2019 ». Institut français du cheval et de l'équitation.
- Ioannou, I, V Sandalakis, N Kassinis, D Chochlakis, B Papadopoulos, F Loukaides, Y Tselentis, et A Psaroulaki. 2011. « Tick-Borne Bacteria in Mouflons and Their Ectoparasites in Cyprus ». *Journal of Wildlife Diseases* 47 (2): 300-306. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-47.2.300>.
- Ionita, M, I L Mitrea, K Pfister, D Hamel, et C Silaghi. 2013. « Molecular Evidence for Bacterial and Protozoan Pathogens in Hard Ticks from Romania ». *Veterinary Parasitology* 196 (1): 71-76. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2013.01.016>.
- Iori, A, S Gabrielli, P Calderini, A Moretti, M Pietrobelli, M Paola Tampieri, R Galuppi, et G Cancrini. 2010. « Tick Reservoirs for Piroplasms in Central and Northern Italy ». *Veterinary Parasitology* 170 (3-4): 291-96. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2010.02.027>.
- Ismail, N, K C. Bloch, et J W. McBride. 2010. « Human Ehrlichiosis and Anaplasmosis ». *Clinics in Laboratory Medicine* 30 (1): 261-92. <https://doi.org/10.1016/j.cll.2009.10.004>.
- Ivanov, I N., N Mitkova, A L. Reye, J M. Hübschen, R S. Vatcheva-Dobrevska, E G. Dobрева, T V. Kantardjiev, et C P. Muller. 2011. « Detection of New Francisella-Like Tick Endosymbionts in Hyalomma spp. and Rhipicephalus spp. (Acari: Ixodidae) from Bulgaria ▽ ». *Applied and Environmental Microbiology* 77 (15): 5562-65. <https://doi.org/10.1128/AEM.02934-10>.
- Izadi, S, K H Naieni, S R Madjdzadeh, et A Nadim. 2004. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Sistan and Baluchestan Province of Iran, a Case-Control Study on Epidemiological Characteristics ».

- International Journal of Infectious Diseases* 8 (5): 299-306.
<https://doi.org/10.1016/j.ijid.2003.10.008>.
- Izadi, S, et M Salehi. 2009. « Evaluation of the Efficacy of Ribavirin Therapy on Survival of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Patients: A Case-Control Study ». *Japanese Journal of Infectious Diseases* 62 (1): 11-15.
- Jameson, L J., et J M. Medlock. 2009. « Results of HPA Tick Surveillance in Great Britain ». *Veterinary Record* 165 (5): 154-154. <https://doi.org/10.1136/vr.165.5.154-a>.
- Jameson, L J., P J. Morgan, J M. Medlock, G Watola, et A G. C. Vaux. 2012. « Importation of Hyalomma marginatum, Vector of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus, into the United Kingdom by Migratory Birds ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 3 (2): 95-99. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2011.12.002>.
- Jeyabal, L., P. Azhahianambi, K. Susitha, D. D. Ray, P. Chaudhuri, null Vanlahmuaka, et S. Ghosh. 2010. « Efficacy of RHaa86, an Orthologue of Bm86, against Challenge Infestations of Hyalomma Anatolicum Anatolicum ». *Transboundary and Emerging Diseases* 57 (1-2): 96-102. <https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2010.01107.x>.
- Jeyabal, L., B Kumar, D Ray, P Azahahianambi, et S Ghosh. 2012. « Vaccine Potential of Recombinant Antigens of Theileria Annulata and Hyalomma Anatolicum Anatolicum against Vector and Parasite ». *Veterinary Parasitology* 188 (3-4): 231-38. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2012.03.051>.
- Joly, D, T Brossard, H Cardot, J Cavailhes, M Hilal, et P Wavresky. 2010. « Les types de climats en France, une construction spatiale ». *Cybergeo: European Journal of Geography*, juin. <https://doi.org/10.4000/cybergeo.23155>.
- Jones, K E., N G. Patel, M A. Levy, A Storeygard, De Balk, J L. Gittleman, et P Daszak. 2008. « Global Trends in Emerging Infectious Diseases ». *Nature* 451 (7181): 990-93. <https://doi.org/10.1038/nature06536>.
- Jongejan, F., S. P. Morzaria, O E H Mustafa, et A. A. Latif. 1983. « Infection Rates of Theileria Annulata in the Salivary Glands of the Tick Hyalomma Marginatum Rufipes ». *Veterinary Parasitology* 13 (2): 121-26. [https://doi.org/10.1016/0304-4017\(83\)90071-7](https://doi.org/10.1016/0304-4017(83)90071-7).
- Jongejan, F., et G. Uilenberg. 1994. « Ticks and Control Methods ». *Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics)* 13 (4): 1201-26. <https://doi.org/10.20506/rst.13.4.818>.
- Jonsson, N. N., E. K. Piper, et C. C. Constantinoiu. 2014. « Host Resistance in Cattle to Infestation with the Cattle Tick Rhipicephalus Microplus ». *Parasite Immunology* 36 (11): 553-59. <https://doi.org/10.1111/pim.12140>.
- Jordan, R A., T L. Schulze, et M et B. Jahn. 2007. « Effects of Reduced Deer Density on the Abundance of Ixodes Scapularis (Acari: Ixodidae) and Lyme Disease Incidence in a Northern New Jersey Endemic Area ». *Journal of Medical Entomology* 44 (5): 752-57. [https://doi.org/10.1603/0022-2585\(2007\)44\[752:eorddo\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1603/0022-2585(2007)44[752:eorddo]2.0.co;2).
- Jouglin, M, I G Fernández-De-Mera, N de La Cotte, F Ruiz-Fons, C Gortázar, E Moreau, S Bastian, J de La Fuente, et L Malandrín. 2014. « Isolation and characterization of Babesia pecorum sp. nov. from farmed red deer (Cervus elaphus) ». *Veterinary Research* 45 (1): 78. <https://doi.org/10.1186/s13567-014-0078-7>.
- Jourdain, E, M Gauthier-Clerc, D J. Bicot, et P Sabatier. 2007. « Bird Migration Routes and Risk for Pathogen Dispersion into Western Mediterranean Wetlands ». *Emerging Infectious Diseases* 13 (3): 365-72. <https://doi.org/10.3201/eid1303.060301>.
- Kalaycioglu, A T., R Durmaz, Y Uyar, O Unaldi, E Aksekili, A Ozkul, G Korukluoglu, et M Ertek. 2012. « Lack of Genetic Diversity in Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Viruses in Turkey: »

- Assessment of Present and Future Patterns of Disease ». *Journal of Medical Virology* 84 (3): 471-78. <https://doi.org/10.1002/jmv.22224>.
- Kalmár, Z, V Cozma, H Sprong, Se Jahfari, G D'Amico, D I. Mărcuțan, A M. Ionică, C Magdaş, D Modrý, et A D. Mihalca. 2015. « Transstadial Transmission of *Borrelia turcica* in *Hyalomma aegyptium* Ticks ». *PLoS ONE* 10 (2): e0115520. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0115520>.
- Kamran, K, A Ali, C A. Villagra, Z A Bazai, A Iqbal, et M S Sajid. 2021. « *Hyalomma Anatolicum* Resistance against Ivermectin and Fipronil Is Associated with Indiscriminate Use of Acaricides in Southwestern Balochistan, Pakistan ». *Parasitology Research* 120 (1): 15-25. <https://doi.org/10.1007/s00436-020-06981-0>.
- Kar, S, S E. Rodriguez, G Akyildiz, M N. B. Cajimat, R Bircan, M C. Mears, D A. Bente, et A G. Keles. 2020. « Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in tortoises and *Hyalomma aegyptium* ticks in East Thrace, Turkey: potential of a cryptic transmission cycle ». *Parasites & Vectors* 13 (1): 201. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04074-6>.
- Karaer, Z., E. Güven, S. Kar, Z. Emre, A. Akçay, S. Nalbantoğlu, A. Çakmak, et A. Düzgün. 2010. « Examination of competitiveness of irradiated (Caesium-137) *Hyalomma marginatum* males in copulation ». *Journal of the Faculty of Veterinary Medicine, University of Kafkas, Kars (Turkey)*.
- Karaer, Z, S Kar, A Düzgün, E Guven, G Z Pekmezci, et Z Emre. 2006. « [The importance of gamma irradiations with caesium-137 for *Hyalomma anatolicum anatolicum* (Metastigmata, Ixodidae) control] ». *Türkiye parazitolojii dergisi / Türkiye Parazitoloji Derneği = Acta parasitologica Turcica / Turkish Society for Parasitology* 30 (février): 322-26.
- Karaer, Z, S Kar, A Düzgün, E Güven, A Çakmak, Z Emre, S Nalbantoğlu, T Saribaş, et A Akçay. 2009. « Comparison of the ability to fertilize females by *Hyalomma anatolicum anatolicum* males irradiated with gamma radiation from caesium 137 with non-irradiated males », 6.
- Karakeçili, F, A Cikman, M Aydın, U D Binay, O A Kesik, et F Ozcicek. 2018. « Evaluation of Epidemiological, Clinical, and Laboratory Characteristics and Mortality Rate of Patients with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in the Northeast Region of Turkey ». *Journal of Vector Borne Diseases* 55 (3): 215-21. <https://doi.org/10.4103/0972-9062.249479>.
- Karasartova, D., A. S. Gureser, T. Gokce, B. Celebi, D. Yapar, A. Keskin, S. Celik, et al. 2018. « Bacterial and protozoal pathogens found in ticks collected from humans in Corum province of Turkey ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 12 (4). <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006395>.
- Karasartova, D, A S Gureser, T Gokce, B Celebi, D Yapar, A Keskin, S Celik, et al. 2018. « Bacterial and Protozoal Pathogens Found in Ticks Collected from Humans in Corum Province of Turkey ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 12 (4): e0006395. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006395>.
- Karasuyama, H, K Miyake, et S Yoshikawa. 2020. « Immunobiology of Acquired Resistance to Ticks ». *Frontiers in Immunology* 11: 601504. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2020.601504>.
- Karimov, S. K., D. K. L'vov, S. G. Rogovaia, T. V. Kiriushchenko, et T. D. Ukbaeva. 1978. « [Isolation of the Karshi virus from *Hyalomma asiaticum* ticks in Alma-Ata Province, Kazakh SSR ». *Meditinskaiia parazitologiia i parazitarnye bolezni* 47 (3): 50-51.
- Karlsen, A., B Vojtek, J. Mojžišová, M. Prokeš, et M Drážovská. 2020. « Anaplasmosis in Animals ». *Folia Veterinaria* 64 (décembre): 17-26. <https://doi.org/10.2478/fv-2020-0033>.
- Kartashov, M. Y, Y V. Kononova, I. D. Petrova, N. L. Tupota, T. P. Mikryukova, V. A. Ternovoi, F. H. Tishkova, et V. B. Loktev. 2020. « Detection of Ehrlichia Spp. and Theileria Spp. in *Hyalomma Anatolicum* Ticks Collected in Tajikistan ». *Vavilovskii Zhurnal Genetiki I Seleksii* 24 (1): 55-59. <https://doi.org/10.18699/VJ20.595>.

- Karti, S. S, Z Odabasi, VKorten, M Yilmaz, M Sonmez, R Caylan, E Akdogan, *et al.* 2004. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Turkey ». *Emerging Infectious Diseases* 10 (8): 1379-84. <https://doi.org/10.3201/eid1008.030928>.
- Kasi, K K, F von Arnim, A Schulz, A Rehman, A Chudhary, M Oneeb, M A Sas, *et al.* 2020. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Ticks Collected from Livestock in Balochistan, Pakistan ». *Transboundary and Emerging Diseases* 67 (4): 1543-52. <https://doi.org/10.1111/tbed.13488>.
- Kautman, M, G Tiar, A Papa, et P Široký. 2016. « AP92-like Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Hyalomma aegyptium Ticks, Algeria ». *Emerging Infectious Diseases* 22 (2): 354-56. <https://doi.org/10.3201/eid2202.151528>.
- Kaya, A, A Engin, A S Güven, F D Içağasioğlu, O Cevit, N Elaldi, et A Gültürk. 2011. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Disease Due to Tick Bite with Very Long Incubation Periods ». *International Journal of Infectious Diseases: IJID: Official Publication of the International Society for Infectious Diseases* 15 (7): e449-452. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2011.03.007>.
- Kaya, S, N Elaldi, A Kubar, N Gursoy, M Yilmaz, G Karakus, T Gunes, *et al.* 2014. « Sequential Determination of Serum Viral Titers, Virus-Specific IgG Antibodies, and TNF- α , IL-6, IL-10, and IFN- γ Levels in Patients with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *BMC Infectious Diseases* 14 (juillet): 416. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-14-416>.
- Kayedi, M H, S Chinikar, E Mostafavi, S Khakifirouz, T Jalali, A Hosseini-Chegeni, A Naghizadeh, M Niedrig, A R. Fooks, et N Shahhosseini. 2015. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Clade IV (Asia 1) in Ticks of Western Iran ». *Journal of Medical Entomology* 52 (5): 1144-49. <https://doi.org/10.1093/jme/tjv081>.
- Keirans, J. E., et L. A. Durden. 2001. « Invasion: Exotic Ticks (Acari: Argasidae, Ixodidae) Imported into the United States. A Review and New Records ». *Journal of Medical Entomology* 38 (6): 850-61. <https://doi.org/10.1603/0022-2585-38.6.850>.
- Kernif, T, A Djerbouh, O Mediannikov, B Ayach, J-M Rolain, D Raoult, P Parola, et I Bitam. 2012. « Rickettsia Africae in Hyalomma Dromedarii Ticks from Sub-Saharan Algeria ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 3 (5-6): 377-79. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.10.013>.
- Keshtkar-Jahromi, M, J H. Kuhn, I Christova, S B. Bradfute, P B. Jahrling, et S Bavari. 2011. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: Current and Future Prospects of Vaccines and Therapies ». *Antiviral Research* 90 (2): 85-92. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2011.02.010>.
- Keskin, A, A Bursali, D E. Snow, S E. Dowd, et S Tekin. 2017. « Assessment of Bacterial Diversity in Hyalomma Aegyptium, H. Marginatum and H. Excavatum Ticks through Tag-Encoded Pyrosequencing ». *Experimental & Applied Acarology* 73 (3-4): 461-75. <https://doi.org/10.1007/s10493-017-0186-y>.
- Khalafalla, A I., Y Li, A Uehara, N A. Hussein, J Zhang, Y Tao, E Bergeron, *et al.* 2021. « Identification of a Novel Lineage of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Dromedary Camels, United Arab Emirates ». *The Journal of General Virology* 102 (2). <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001473>.
- Khan, A. S., G. O. Maupin, P. E. Rollin, A. M. Noor, H. H. Shurie, A. G. Shalabi, S. Wasef, *et al.* 1997. « An Outbreak of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in the United Arab Emirates, 1994-1995 ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 57 (5): 519-25. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1997.57.519>.
- Khurshid, A, M Hassan, M M Alam, U B Aamir, L Rehman, S Sharif, S Shaukat, M S Rana, M Angez, et S S Z Zaidi. 2015. « CCHF Virus Variants in Pakistan and Afghanistan: Emerging Diversity and Epidemiology ». *Journal of Clinical Virology: The Official Publication of the Pan American Society for Clinical Virology* 67 (juin): 25-30. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2015.03.021>.

- Khutoretskaya, N. V., V. A. Aristova, S. G. Rogovaya, D. K. Lvov, S. K. Karimov, T. M. Skvortsova, et N. G. Kondrashina. 1985. « Experimental Study of the Reproduction of Karshi Virus (Togaviridae, Flavivirus) in Some Species of Mosquitoes and Ticks ». *Acta Virologica* 29 (3): 231-36.
- Kilicoglu, Y, A A Cagirgan, G Serdar, S Kaya, Y Durmaz, et Y Gur. 2020. « Molecular Investigation, Isolation and Phylogenetic Analysis of Coxiella Burnetii from Aborted Fetus and Ticks ». *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases* 73 (décembre): 101571. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2020.101571>.
- King, L.J. 2004. « Maladies zoonotiques émergentes et ré-émergentes : défis et opportunités. » In *Recueil des thèmes techniques présentés au Comité international ou aux Commissions régionales de l'OIE, 2004*. OIE (Organisation mondiale de la santé animale).
- Kleinerman, G, G Baneth, K Mumcuoglu, M van Straten, D Berlin, D Apanaskevich, Z Abdeen, A Nasereddin, et S Harrus. 2013. « Molecular Detection of Rickettsia africae, Rickettsia aeschlimannii, and Rickettsia sibirica mongolitimonae in Camels and Hyalomma spp. Ticks from Israel ». *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)* 13 (octobre). <https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1330>.
- Knuth, P, P Behn, et P Schulze. 1918. « Experiments on equine piroplasmiasis (biliary fever) in 1917 », *Z. Veterinark. Bes. Berucksicht. Hyg*, 241 (64).
- Kocan, K M., J de la Fuente, E F. Blouin, J F. Coetzee, et S. A. Ewing. 2010. « The Natural History of Anaplasma Marginale ». *Veterinary Parasitology* 167 (2-4): 95-107. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2009.09.012>.
- Kocan, K M., J de la Fuente, A A. Guglielmone, et R D. Meléndez. 2003. « Antigens and Alternatives for Control of Anaplasma Marginale Infection in Cattle ». *Clinical Microbiology Reviews* 16 (4): 698-712. <https://doi.org/10.1128/CMR.16.4.698-712.2003>.
- Kok, J. B. de, C. d'Oliveira, et F. Jongejan. 1993. « Detection of the Protozoan Parasite Theileria Annulata in Hyalomma Ticks by the Polymerase Chain Reaction ». *Experimental & Applied Acarology* 17 (11): 839-46. <https://doi.org/10.1007/BF00225857>.
- Koksal, I, G Yilmaz, F Aksoy, H Aydin, I Yavuz, S Iskender, K Akcay, S Erensoy, R Caylan, et K Aydin. 2010. « The Efficacy of Ribavirin in the Treatment of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Eastern Black Sea Region in Turkey ». *Journal of Clinical Virology: The Official Publication of the Pan American Society for Clinical Virology* 47 (1): 65-68. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2009.11.007>.
- Kolodziejek, J, M Marinov, B J. Kiss, V Alexe, et N Nowotny. 2014. « The Complete Sequence of a West Nile Virus Lineage 2 Strain Detected in a Hyalomma Marginatum Marginatum Tick Collected from a Song Thrush (Turdus Philomelos) in Eastern Romania in 2013 Revealed Closest Genetic Relationship to Strain Volgograd 2007 ». *Plos One* 9 (10): e109905. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0109905>.
- Kondratenko, V., N. Blagoveschenskaya, A. Butenko, L. Vyshnivetskaya, L. Zarubina, V. Milyutin, V. Kuchin, et al. 1970. « Results of virological investigation of ixodid ticks in Crimean hemorrhagic fever focus in Rostov Oblast ». *Crimean Hemorrhagic Fever*, 29-35.
- Kondratenko, V. F. 1976. « [Importance of ixodid ticks in the transmission and preservation of the causative agent of Crimean hemorrhagic fever in foci of the infection ». *Parazitologiya* 10 (4): 297-302.
- Kongsuwan, K., E. K. Piper, N. H. Bagnall, K. Ryan, P. Moolhuijzen, M. Bellgard, A. Lew, L. Jackson, et N. N. Jonsson. 2008. « Identification of Genes Involved with Tick Infestation in Bos Taurus and Bos Indicus ». *Developments in Biologicals* 132: 77-88. <https://doi.org/10.1159/000317146>.
- Körner, S, G R. Makert, S Ulbert, M Pfeffer, et K M-Scholz. 2021. « The Prevalence of Coxiella burnetii in Hard Ticks in Europe and Their Role in Q Fever Transmission Revisited—A Systematic

- Review ». *Frontiers in Veterinary Science* 8. <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fvets.2021.655715>.
- Kortekaas, J, R P. M. Vloet, A J. McAuley, X Shen, B Jan Bosch, L de Vries, R J. M. Moormann, et D A. Bente. 2015. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Subunit Vaccines Induce High Levels of Neutralizing Antibodies But No Protection in STAT1 Knockout Mice ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 15 (12): 759-64. <https://doi.org/10.1089/vbz.2015.1855>.
- Köseoğlu, A Efe, H Can, M Güvendi, S E Alak, Ç Kandemir, T Taşkın, S Demir, et al. 2021. « Molecular Investigation of Bacterial and Protozoal Pathogens in Ticks Collected from Different Hosts in Turkey ». *Parasites & Vectors* 14 (1): 270. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-04779-2>.
- Kostiukov, M. A., O. Daniyarov, T. M. Skvortsova, N. G. Kondrashina, et L. K. Berezina. 1981. « [Isolation of the Sindbis virus from Hyalomma anatolicum CL Kock 1844 ticks in Tadzhikistan] ». *Meditssinskaia Parazitologiya I Parazitarnye Bolezni* 50 (3): 34-35.
- Krawczyk, A I., J W. Bakker, C J. M. Koenraadt, M Fonville, K Takumi, H Sprong, et S Demir. 2020. « Tripartite Interactions among Ixodiphagus Hookeri, Ixodes Ricinus and Deer: Differential Interference with Transmission Cycles of Tick-Borne Pathogens ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 9 (5): E339. <https://doi.org/10.3390/pathogens9050339>.
- Kubes, V., et F. A. Ríos. 1939. « The causative agent of infectious equine encephalomyelitis in Venezuela ». *Science (New York, N.Y.)* 90 (2323): 20-21. <https://doi.org/10.1126/science.90.2323.20>.
- Kuhn, R. J. 2013. « Togaviridae ». In *Fields' Virology*, Lippincott Williams&Wilkins., 629-50. Philadelphia, USA: D. M. Knipe & P. M. Howley.
- Kumar, B, H. V. Manjunathachar, G Nagar, G. Ravikumar, J de la Fuente, B. C. Saravanan, et S Ghosh. 2017. « Functional Characterization of Candidate Antigens of Hyalomma Anatolicum and Evaluation of Its Cross-Protective Efficacy against Rhipicephalus Microplus ». *Vaccine* 35 (42): 5682-92. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2017.08.049>.
- Kumar, B., Haranahally Vasanthachar Manjunathachar, et Srikanta Ghosh. 2020. « A Review on Hyalomma Species Infestations on Human and Animals and Progress on Management Strategies ». *Heliyon* 6 (12): e05675. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e05675>.
- Kumar, S, D. V. Malhotra, A. K. Sangwan, P. Goel, Ashok Kumar, et S. Kumar. 2007. « Infectivity Rate and Transmission Potential of Hyalomma Anatolicum Anatolicum Ticks for Babesia Equi Infection ». *Veterinary Parasitology* 144 (3-4): 338-43. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2006.10.009>.
- Kumar, S, V Sudan, D Shanker, et A Devi. 2020. « Babesia (Theileria) Equi Genotype A among Indian Equine Population ». *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports* 19 (janvier): 100367. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2019.100367>.
- Kumsa, B, C Socolovschi, L Almeras, D Raoult, et P Parola. 2015. « Occurrence and Genotyping of Coxiella Burnetii in Ixodid Ticks in Oromia, Ethiopia ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 93 (5): 1074-81. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.14-0758>.
- Kuno, G., G. J. Chang, K. R. Tsuchiya, N. Karabatsos, et C. B. Cropp. 1998. « Phylogeny of the Genus Flavivirus ». *Journal of Virology* 72 (1): 73-83. <https://doi.org/10.1128/JVI.72.1.73-83.1998>.
- Lafferty, K D. 2009. « The Ecology of Climate Change and Infectious Diseases ». *Ecology* 90 (4): 888-900. <https://doi.org/10.1890/08-0079.1>.
- Lambert, A J., et R S. Lanciotti. 2009. « Consensus Amplification and Novel Multiplex Sequencing Method for S Segment Species Identification of 47 Viruses of the Orthobunyavirus, Phlebovirus, and Nairovirus Genera of the Family Bunyaviridae ». *Journal of Clinical Microbiology* 47 (8): 2398-2404. <https://doi.org/10.1128/JCM.00182-09>.

- Lang, G H. 1990. « Coxiellosis (Q fever) in animals ». In *Q FEVER (Vol. 1) The Disease*, Marrie T J, editor, 23-48. CRC Press.
- Le Mauff, A, H Chouikh, A Cartereau, C L. Charvet, C Neveu, C Rispe, O Plantard, E Taillebois, et S H. Thany. 2020. « Nicotinic Acetylcholine Receptors in the Synganglion of the Tick *Ixodes Ricinus*: Functional Characterization Using Membrane Microtransplantation ». *International Journal for Parasitology. Drugs and Drug Resistance* 14 (décembre): 144-51. <https://doi.org/10.1016/j.ijpddr.2020.10.005>.
- Leblebicioglu, H, H Bodur, B Dokuzoguz, N Elaldi, R Guner, I Koksall, H Kurt, et G C Senturk. 2012. « Case Management and Supportive Treatment for Patients with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 12 (9): 805-11. <https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0896>.
- Leblebicioglu, H, C Eroglu, K Erciyas-Yavuz, M Hokelek, M Acici, et H Yilmaz. 2014. « Role of Migratory Birds in Spreading Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Turkey ». *Emerging Infectious Diseases* 20 (8): 1331-34. <https://doi.org/10.3201/eid2008.131547>.
- Leblebicioglu, H, R Ozaras, T E. Fletcher, N J. Beeching, et ESCMID Study Group for Infections in Travellers and Migrants (ESGITM). 2016. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever in Travellers: A Systematic Review ». *Travel Medicine and Infectious Disease* 14 (2): 73-80. <https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2016.03.002>.
- Léger, E, X Liu, S Masegla, V Noël, G Vourc'h, S I Bonnet, et K D. McCoy. 2015. « Reliability of molecular host-identification methods for ticks: an experimental in vitro study with *Ixodes ricinus* ». *Parasites & Vectors* 8 (1): 433. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-1043-7>.
- Lesiczka, P M, O Daněk, D Modrý, K Hrazdilová, J Votýpka, et L Zurek. 2022. « A New Report of Adult *Hyalomma Marginatum* and *Hyalomma Rufipes* in the Czech Republic ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 13 (2): 101894. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2021.101894>.
- Letty, J A Olivier, L Tatin, et O Galaup. 2021. « *Lepus granatensis* ». In , 186-90.
- Levi, T, A. M Kilpatrick, M Mangel, et C C. Wilmers. 2012. « Deer, predators, and the emergence of Lyme disease ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109 (27): 10942-47. <https://doi.org/10.1073/pnas.1204536109>.
- Levi, V. 1972. « Study of the Crimean Hemorrhagic Fever (CHF) Virus Transmission Mechanism in *Hyalomma p. Plumbeum* Ticks ». https://scholar.google.com/scholar_lookup?q=Study+of+the+Crimean+hemorrhagic+fever+%28CHF%29+virus+transmission+mechanism+in+Hyalomma+p.+plumbeum+ticks.
- Li, Y., G. Guan, A. Liu, Y. Peng, J. Luo, et H. Yin. 2010. « Experimental transmission of *Theileria ovis* by *Hyalomma anatolicum anatolicum* ». *Parasitology Research* 106 (4): 991-94. <https://doi.org/10.1007/s00436-010-1763-8>.
- Li, Y, C Yan, D Liu, B He, et C Tu. 2020. « Seroepidemiological Investigation of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Sheep and Camels of Inner Mongolia of China ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 20 (6): 461-67. <https://doi.org/10.1089/vbz.2019.2529>.
- Li, Y, E M Galon, Q Guo, M A Rizk, P F A Moumouni, M Liu, J Li, S Ji, B Chahan, et X Xuan. 2020. « Molecular Detection and Identification of *Babesia* spp., *Theileria* spp., and *Anaplasma* spp. in Sheep From Border Regions, Northwestern China ». *Frontiers in Veterinary Science* 7. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2020.00630>.
- Li, Y, G Guan, A Liu, Y Peng, J Luo, et H Yin. 2010. « Experimental Transmission of *Theileria Ovis* by *Hyalomma Anatolicum Anatolicum* ». *Parasitology Research* 106 (4): 991-94. <https://doi.org/10.1007/s00436-010-1763-8>.
- Li, Y, G Guan, M Ma, J Liu, Q Ren, J Luo, et H Yin. 2011. « *Theileria Ovis* Discovered in China ». *Experimental Parasitology* 127 (1): 304-7. <https://doi.org/10.1016/j.exppara.2010.07.002>.

- Lindquist, M E., X Zeng, L A. Altamura, S P. Daye, K L. Delp, C Blancett, K M. Coffin, *et al.* 2018. « Exploring Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus-Induced Hepatic Injury Using Antibody-Mediated Type I Interferon Blockade in Mice ». *Journal of Virology* 92 (21): e01083-18. <https://doi.org/10.1128/JVI.01083-18>.
- Linthicum, K. J., et T. M. Logan. 1994. « Laboratory Transmission of Venezuelan Equine Encephalomyelitis Virus by the Tick *Hyalomma truncatum* ». *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* 88 (1): 126. [https://doi.org/10.1016/0035-9203\(94\)90536-3](https://doi.org/10.1016/0035-9203(94)90536-3).
- Linthicum, K. J., T. M. Logan, C. L. Bailey, D. J. Dohm, et J. R. Moulton. 1989. « Transstadial and Horizontal Transmission of Rift Valley Fever Virus in *Hyalomma truncatum* ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 41 (4): 491-96. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1989.41.491>.
- Liu, X, X Zhang, Z Wang, Z Dong, S Xie, M Jiang, R Song, *et al.* 2020. « A Tentative Tamdy Orthonairovirus Related to Febrile Illness in Northwestern China ». *Clinical Infectious Diseases: An Official Publication of the Infectious Diseases Society of America* 70 (10): 2155-60. <https://doi.org/10.1093/cid/ciz602>.
- Loftis, A., W K. Reeves, D E. Szumlas, M M. Abbassy, I M. Helmy, J R. Moriarity, et G A. Dasch. 2006. « Rickettsial Agents in Egyptian Ticks Collected from Domestic Animals ». *Experimental & Applied Acarology* 40 (1): 67. <https://doi.org/10.1007/s10493-006-9025-2>.
- Logan, T. M., K. J. Linthicum, J. P. Kondig, et C. L. Bailey. 1989. « Biology of *Hyalomma impeltatum* (Acari: Ixodidae) Under Laboratory Conditions ». *Journal of Medical Entomology* 26 (5): 479-83. <https://doi.org/10.1093/jmedent/26.5.479>.
- Logan, T M., K J. Linthicum, C L. Bailey, D M. Watts, D J. Dohm, et J R. Moulton. 1990. « Replication of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Four Species of Ixodid Ticks (Acari) Infected Experimentally ». *Journal of Medical Entomology* 27 (4): 537-42. <https://doi.org/10.1093/jmedent/27.4.537>.
- LoGiudice, Kathleen, Richard S. Ostfeld, Kenneth A. Schmidt, et Felicia Keesing. 2003. « The ecology of infectious disease: Effects of host diversity and community composition on Lyme disease risk ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 100 (2): 567-71. <https://doi.org/10.1073/pnas.0233733100>.
- Lopez-Velez, Rogelio, Ana M. Palomar, José A. Oteo, Francesca F. Norman, José A. Pérez-Molina, et Aránzazu Portillo. 2015. « Novel Candidatus Rickettsia Species Detected in Nostril Tick from Human, Gabon, 2014 ». *Emerging Infectious Diseases* 21 (2): 325-27. <https://doi.org/10.3201/eid2102.141048>.
- Lormendez, Caleb C., Manuel Fernandez-Ruvalcaba, Markis Adames-Mancebo, Victor Manuel Hernandez-Velazquez, Fernando Zuñiga-Navarrete, Gabriela Flores-Ramirez, Laura Lina-Garcia, et Guadalupe Peña-Chora. 2019. « Mass Production of a S-Layer Protein of *Bacillus Thuringiensis* and Its Toxicity to the Cattle Tick *Rhipicephalus Microplus* ». *Scientific Reports* 9 (1): 17586. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53854-3>.
- Loth, Leo. 2005. « Review of exotic tick interceptions in New Zealand since 1980 ». *Surveillance* 32 (janvier): 7-9.
- Lu, Haiyan, Qiaoyun Ren, Youquan Li, Junlong Liu, Qingli Niu, Hong Yin, Qingling Meng, Guiquan Guan, et Jianxun Luo. 2015. « The Efficacies of 5 Insecticides against Hard Ticks *Hyalomma Asiaticum*, *Haemaphysalis Longicornis* and *Rhipicephalus Sanguineus* ». *Experimental Parasitology* 157 (octobre): 44-47. <https://doi.org/10.1016/j.exppara.2015.06.011>.

- Lubroth, J. 1988. « African Horsesickness and the Epizootic in Spain 1987 ». *Equine Practice (USA)*. https://scholar.google.com/scholar_lookup?title=African+horsesickness+and+the+epizootic+in+Spain+1987&author=Lubroth%2C+J.&publication_year=1988.
- Luo, Jianxun, Fuyan Chen, Wenshun Lu, Guiquan Guan, Miling Ma, et Hong Yin. 2003. « Experimental Transmission of an Unnamed Bovine Babesia by Hyalomma Spp., Haemaphysalis Longicornis and Boophilus Microplus ». *Veterinary Parasitology* 116 (2): 115-24. [https://doi.org/10.1016/S0304-4017\(03\)00262-0](https://doi.org/10.1016/S0304-4017(03)00262-0).
- Luo, J, H Yin, G Guan, Q Zhang, et W Lu. 2002. « Description of a New Babesia Sp. Infective for Cattle in China ». *Parasitology Research* 88 (13 Suppl 1): S13-15. <https://doi.org/10.1007/s00436-001-0562-7>.
- Luo, J, H Yin, Z Liu, D Yang, G Guan, A Liu, M Ma, et al. 2005. « Molecular Phylogenetic Studies on an Unnamed Bovine Babesia Sp. Based on Small Subunit Ribosomal RNA Gene Sequences ». *Veterinary Parasitology* 133 (1): 1-6. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2005.02.014>.
- Luo, J, M-Xn Liu, Qiao-Yun Ren, Ze Chen, Zhan-Cheng Tian, Jia-Wei Hao, Feng Wu, et al. 2017. « Micropathogen Community Analysis in Hyalomma rufipes via High-Throughput Sequencing of Small RNAs ». *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 7: 374. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00374>.
- Lutomiah, J, L Musila, A Makio, C Ochieng, H Koka, E Chepkorir, J Mutisya, et al. 2014. « Ticks and Tick-Borne Viruses from Livestock Hosts in Arid and Semiarid Regions of the Eastern and Northeastern Parts of Kenya ». *Journal of Medical Entomology* 51 (1): 269-77. <https://doi.org/10.1603/me13039>.
- L'vov, D. K., S. V. Al'khovskii, M. Iu Shchelkanov, A. M. Shchetinin, P. G. Deriabin, A. K. Gitel'man, V. A. Aristova, et A. G. Botikov. 2014. « [Taxonomic status of the Burana virus (BURV) (Bunyaviridae, Nairovirus, Tamdy group) isolated from the ticks Haemaphysalis punctata Canestrini et Fanzago, 1877 and Haem. concinna Koch, 1844 (Ixodidae, Haemaphysalinae) in Kyrgyzstan] ». *Voprosy Virusologii* 59 (4): 10-15.
- L'vov, D. K., G. A. Sidorova, V. L. Gromashevskii, T. M. Skvortsova, et V. A. Aristova. 1984. « [Isolation of Tamdy virus (Bunyaviridae) pathogenic for man from natural sources in Central Asia, Kazakhstan and Transcaucasia] ». *Voprosy Virusologii* 29 (4): 487-90.
- L'vov, D. K., G. A. Sidorova, V. L. Gromashevsky, M. Kurbanov, L. M. Skvoztsova, Y. P. Gofman, L. K. Berezina, et al. 1976. « Virus "Tamdy"--a New Arbovirus, Isolated in the Uzbee S.S.R. and Turkmen S.S.R. from Ticks Hyalomma Asiaticum Asiaticum Schulee et Schlottkke, 1929, and Hyalomma Plumbeum Plumbeum Panzer, 1796 ». *Archives of Virology* 51 (1-2): 15-21. <https://doi.org/10.1007/BF01317830>.
- L'vov, D. N., A. F. Dzharkenov, V. A. Aristova, A. I. Kovtunov, V. L. Gromashevskii, O. I. Vyshemirskii, I. V. Galkina, V. F. Larichev, A. M. Butenko, et D. K. L'vov. 2002. « [The isolation of Dhori viruses (Orthomyxoviridae, Thogotovirus) and Crimean-Congo hemorrhagic fever virus (Bunyaviridae, Nairovirus) from the hare (Lepus europaeus) and its ticks Hyalomma marginatum in the middle zone of the Volga delta, Astrakhan region, 2001] ». *Voprosy Virusologii* 47 (4): 32-36.
- Lwande, O Wesula, J Lutomiah, V Obanda, F Gakuya, J Mutisya, F Mulwa, G Michuki, et al. 2013. « Isolation of Tick and Mosquito-Borne Arboviruses from Ticks Sampled from Livestock and Wild Animal Hosts in Ijara District, Kenya ». *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 13 (9): 637-42. <https://doi.org/10.1089/vbz.2012.1190>.
- Lytle, C. D, et J-Ls Sagripanti. 2005. « Predicted Inactivation of Viruses of Relevance to Biodefense by Solar Radiation ». *Journal of Virology* 79 (22): 14244-52. <https://doi.org/10.1128/JVI.79.22.14244-14252.2005>.

- Maiga, O, M Andrada Sas, K Rosenke, B Kamissoko, M Mertens, N Sogoba, A Traore, *et al.* 2017. « Serosurvey of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Cattle, Mali, West Africa ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 96 (6): 1341-45. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.16-0818>.
- Maillard, J-C, et N. Maillard. 1998. « Historique du peuplement bovin et de l'introduction de la tique *Amblyomma variegatum* dans les îles françaises des Antilles : synthèse bibliographique ». *Ethnozootechnie*. <https://agritrop.cirad.fr/401313/>.
- Maina, A N., J Jiang, S A. Omulo, S J. Cutler, F Ade, E Ogola, D R. Feikin, *et al.* 2014. « High Prevalence of Rickettsia Africae Variants in Amblyomma Variegatum Ticks from Domestic Mammals in Rural Western Kenya: Implications for Human Health ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 14 (10): 693-702. <https://doi.org/10.1089/vbz.2014.1578>.
- Mamman, A H, V Lorusso, B M Adam, G A Dogo, K J. Bown, et R J. Birtles. 2021. « Correction to: First report of Theileria annulata in Nigeria: Findings from cattle ticks in Zamfara and Sokoto States ». *Parasites & Vectors* 14 (1): 353. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-04818-y>.
- Mancini, F, F Vescio, L Toma, M Di Luca, F Severini, S Cacciò, C Mariano, *et al.* 2019. « Detection of tick-borne pathogens in ticks collected in the suburban area of Monte Romano, Lazio Region, Central Italy ». *Annali dell'Istituto superiore di sanita* 55 (avril): 143-50. https://doi.org/10.4415/ANN_19_02_06.
- Mancuso, E, L Toma, A Polci, S G. d'Alessio, M Di Luca, M Orsini, M Di Domenico, *et al.* 2019. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Genome in Tick from Migratory Bird, Italy - Volume 25, Number 7—July 2019 - Emerging Infectious Diseases Journal - CDC ». <https://doi.org/10.3201/eid2507.181345>.
- Mangombi, J B, C Roqueplo, M Sambou, M Dahmani, O Mediannikov, L Comtet, et B Davoust. 2020. « Seroprevalence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Domesticated Animals in Northwestern Senegal ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 20 (10): 797-99. <https://doi.org/10.1089/vbz.2019.2592>.
- Manjunathachar, H V, B Kumar, B Chandrasekaran Saravanan, S Choudhary, A K. Mohanty, G Nagar, Gajanan Chigure, G V. P. P. S. Ravi Kumar, J de la Fuente, et S Ghosh. 2019. « Identification and Characterization of Vaccine Candidates against Hyalomma Anatolicum-Vector of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus ». *Transboundary and Emerging Diseases* 66 (1): 422-34. <https://doi.org/10.1111/tbed.13038>.
- Marra, P P., S M. Griffing, et Rt G. McLean. 2003. « West Nile Virus and Wildlife Health ». *Emerging Infectious Diseases* 9 (7): 898-99. <https://doi.org/10.3201/eid0907.030277>.
- Marriott, A. C., T. Polyzoni, A. Antoniadis, et P. A. Nuttall. 1994. « Detection of Human Antibodies to Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Using Expressed Viral Nucleocapsid Protein ». *The Journal of General Virology* 75 (Pt 9) (septembre): 2157-61. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-75-9-2157>.
- Maryam, J., M. E. Babar, A. Nadeem, et T. Hussain. 2012. « Genetic Variants in Interferon Gamma (IFN- γ) Gene Are Associated with Resistance against Ticks in Bos Taurus and Bos Indicus ». *Molecular Biology Reports* 39 (4): 4565-70. <https://doi.org/10.1007/s11033-011-1246-8>.
- Masika, P.J., A Sonandi, et Wim Van Averbeke. 1997. « Perceived causes, diagnosis and treatment of babesiosis and anaplasmosis in cattle by livestock farmers in communal areas of the central Eastern Cape Province, South Africa ». *Journal of the South African Veterinary Association* 68 (juillet): 40-44. <https://doi.org/10.4102/jsava.v68i2.867>.
- Mateos-Hernández, L, D Oregón, J Maye, J Borneres, N Versille, J de la Fuente, A Estrada-Peña, A Hodžić, L Šimo, et A Cabezas-Cruz. 2020. « Anti-Tick Microbiota Vaccine Impacts Ixodes

- Ricinus Performance during Feeding ». *Vaccines* 8 (4): 702. <https://doi.org/10.3390/vaccines8040702>.
- Mateos-Hernández, L, M Villar, A Moral, C GarcíaRodríguez, T Alfaya Arias, V de la Osa, F F Brito, *et al.* 2017. « Tick-host conflict: immunoglobulin E antibodies to tick proteins in patients with anaphylaxis to tick bite ». *Oncotarget* 8 (13): 20630-44. <https://doi.org/10.18632/oncotarget.15243>.
- Mathison, B A., W J. Gerth, B S. Pritt, et S Baugh. 2015. « Introduction of the Exotic Tick *Hyalomma Truncatum* on a Human with Travel to Ethiopia: A Case Report ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 6 (2): 152-54. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.11.005>.
- Matsumoto, K., P. Parola, P. Brouqui, et D. Raoult. 2004. « Rickettsia Aeschlimannii in Hyalomma Ticks from Corsica ». *European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases: Official Publication of the European Society of Clinical Microbiology* 23 (9): 732-34. <https://doi.org/10.1007/s10096-004-1190-9>.
- Mattioli, R. C., et L. Dempfle. 1995. « Recent Acquisitions on Tick and Tick-Borne Disease Resistance in N'dama (*Bos Taurus*) and Gobra Zebu (*Bos Indicus*) Cattle ». *Parassitologia* 37 (1): 63-67.
- Mazlum, Z. 1969. « Transmission of *Theileria Annulata* by the Crushed Infected Unfed *Hyalomma Dromedarii* ». *Parasitology* 59 (3): 597-600. <https://doi.org/10.1017/s0031182000031139>.
- Medialdea-Carrera, R, T Melillo, C Micallef, et M L Borg. 2021. « Detection of *Hyalomma Rufipes* in a Recently Arrived Asylum Seeker to the EU ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 12 (1): 101571. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101571>.
- Mehl, Michaelsen, et Lid. 1984. « Ticks (Acari, Ixodides) on migratory birds in Norway ». *Fauna Norv Ser B*, 1984.
- Mehlhorn, H, B Schumacher, A Jatzlau, F Abdel-Ghaffar, K A. S. Al-Rasheid, S Klimpel, et H Pohle. 2011. « Efficacy of Deltamethrin (Butox® 7.5 Pour on) against Nymphs and Adults of Ticks (*Ixodes Ricinus*, *Rhipicephalus Sanguineus*) in Treated Hair of Cattle and Sheep ». *Parasitology Research* 108 (4): 963-71. <https://doi.org/10.1007/s00436-010-2141-2>.
- Meissner, J. D., S. S. Seregin, S. V. Seregin, N. V. Yakimenko, O. I. Vyshemirskii, S. V. Netesov, et V. S. Petrov. 2006. « Complete L Segment Coding-Region Sequences of Crimean Congo Hemorrhagic Fever Virus Strains from the Russian Federation and Tajikistan ». *Archives of Virology* 151 (3): 465-75. <https://doi.org/10.1007/s00705-005-0648-0>.
- Mellor, P. S. 1993. « African Horse Sickness: Transmission and Epidemiology ». *Veterinary Research* 24 (2): 199-212.
- Meng, K., Z. Li, Y. Wang, Z. Jing, X. Zhao, J. Liu, D. Cai, L. Zhang, D. Yang, et S. Wang. 2014. « PCR-Based Detection of *Theileria Annulata* in *Hyalomma Asiaticum* Ticks in Northwestern China ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 5 (2): 105-6. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2013.09.006>.
- Merhej, V, E Angelakis, C Socolovschi, et D Raoult. 2014. « Genotyping, Evolution and Epidemiological Findings of *Rickettsia* Species ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 25 (juillet): 122-37. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.03.014>.
- Mertens, M, I Schuster, M A. Sas, Z Vatansever, Z Hubalek, E Güven, A Deniz, G Georgiev, R Peshev, et M H. Groschup. 2016. « Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Virus in Bulgaria and Turkey ». *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 16 (9): 619-23. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.1944>.
- Mertens, M, Z Vatansever, S Mrenoshki, K Krstevski, J Stefanovska, I Djadjovski, I Cvetkovikj, *et al.* 2015. « Circulation of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in the Former Yugoslav Republic of Macedonia Revealed by Screening of Cattle Sera Using a Novel Enzyme-Linked Immunosorbent Assay ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 9 (3): e0003519. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003519>.

- Metanat, M., B. Sharifi-Mood, M. Salehi, et R. Alavi-Naini. 2010. « Clinical Outcomes in Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: A Five-Years Experience in the Treatment of Patients with Oral Ribavirin. » *International Journal of Virology* 6 (1): 27-30. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20123220735>.
- M'ghirbi, Y, M Bèji, B Oporto, F Khrouf, A Hurtado, et A Bouattour. 2016. « Anaplasma marginale and A. phagocytophilum in cattle in Tunisia ». *Parasites & Vectors* 9 (octobre): 556. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1840-7>.
- Mihalca, A. D., M. P. Pfäffle, et T. N. Petney. 2017. « Hyalomma Dromedarii Koch, 1844 (Figs. 146–148) ». In *Ticks of Europe and North Africa: A Guide to Species Identification*, édité par Agustín Estrada-Peña, Andrei Daniel Mihalca, et Trevor N. Petney, 365-69. Cham: Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-63760-0_69.
- Mihalca, A D. 2015. « Ticks Imported to Europe with Exotic Reptiles ». *Veterinary Parasitology* 213 (1-2): 67-71. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2015.03.024>.
- Mild, M, M Simon, J Albert, et A Mirazimi. 2010. « Towards an Understanding of the Migration of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ». *The Journal of General Virology* 91 (Pt 1): 199-207. <https://doi.org/10.1099/vir.0.014878-0>.
- Milhano, N, I Lopes de Carvalho, A S Alves, S Arroubé, J Soares, P Rodriguez, M Carolino, M S Nuncio, J Piesman, et R de Sousa. 2010. « Coinfections of Rickettsia Slovaca and Rickettsia Helvetica with Borrelia Lusitaniae in Ticks Collected in a Safari Park, Portugal ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 1 (4): 172-77. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2010.09.003>.
- Milyutin, V. N., A.M. Butenko, Artyushenko A. A., Bliznichenko A. G., Zavodova T. 1., Zarubina L. V., Novikova E. M., Rubin S.G., et Chernyshev N.1. & Chumakov M. P. 1969. « Experimental infection of horses with Crimean Hemorrhagic Fever virus ». *report 1 Clinical observations*, Nauchn scss. Inst. Polio. virus. entsefalitov, Mater16 (2): 145-46.
- Minshull, J I. & Norval N.I. 1982. « Factors influencing the spatial distribution of Rhipicephalus appendiculatus in Kyle Recreational Park, Zimbabwe ». *South African Journal of Wildlife Research - 24-month delayed open access* 12 (4): 118-23. https://doi.org/10.10520/AJA03794369_2628.
- Miranpuri, G. S. 1989. « Relationship between the Resistance of Crossbred Cattle to Ticks, Boophilus Microplus (Canestrini, 1887) and Hyalomma Anatolicum Anatolicum (Koch, 1844) ». *Veterinary Parasitology* 31 (3-4): 289-301. [https://doi.org/10.1016/0304-4017\(89\)90079-4](https://doi.org/10.1016/0304-4017(89)90079-4).
- Mitchell, S. W., et J. B. McCormick. 1984. « Physicochemical Inactivation of Lassa, Ebola, and Marburg Viruses and Effect on Clinical Laboratory Analyses ». *Journal of Clinical Microbiology* 20 (3): 486-89. <https://doi.org/10.1128/jcm.20.3.486-489.1984>.
- Mohammadi, S M, B Esmailnejad, et G Jalilzadeh-Amin. 2017. « Molecular detection, infection rate and vectors of Theileria lestoquardi in goats from West Azerbaijan province, Iran ». *Veterinary Research Forum* 8 (2): 139-44. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5524552/>.
- Molaei, G, T G. Andreadis, J F. Anderson, et K C. Stafford. 2018. « An Exotic Hitchhiker: A Case Report of Importation into Connecticut from Africa of the Human Parasitizing Tick, Hyalomma Truncatum (Acari: Ixodidae) ». *The Journal of Parasitology* 104 (3): 302-5. <https://doi.org/10.1645/18-13>.
- Molin, Y, M Lindeborg, Fk Nyström, M Madder, E Hjelm, B Olsen, T G. T. Jaenson, et C Ehrenborg. 2011. « Migratory Birds, Ticks, and Bartonella ». *Infection Ecology & Epidemiology* 1. <https://doi.org/10.3402/iee.v1i0.5997>.
- Moltmann, Ulrich G., Heinz Mehlhorn, Eberhard Schein, Wolf P. Voigt, et Karl T. Friedhoff. 1983. « Ultrastructural Study on the Development of Babesia Equi (Coccidia: Piroplasmia) in the

- Salivary Glands of Its Vector Ticks¹ ». *The Journal of Protozoology* 30 (2): 218-25. <https://doi.org/10.1111/j.1550-7408.1983.tb02907.x>.
- Momin, R. R., D. P. Banerjee, et S. Samantaray. 1991. « Attempted Immunisation of Crossbred Calves (Bos Taurus x Bos Indicus) by Repeated Natural Attachment of Ticks *Hyalomma Anatolicum Anatolicum* Koch (1844) ». *Tropical Animal Health and Production* 23 (4): 227-31. <https://doi.org/10.1007/BF02357105>.
- Moming, A, X Yue, S Shen, C Chang, C Wang, T Luo, Y Zhang, et al. 2018. « Prevalence and Phylogenetic Analysis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ticks from Different Ecosystems in Xinjiang, China ». *Virologica Sinica* 33 (1): 67-73. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0016-3>.
- Moraga-Fernández, A, F Ruiz-Fons, M A. Habela, L Royo-Hernández, R Calero-Bernal, C Gortazar, de la Fuente, et I G. Fernández de Mera. 2021. « Detection of New Crimean–Congo Haemorrhagic Fever Virus Genotypes in Ticks Feeding on Deer and Wild Boar, Spain ». *Transboundary and Emerging Diseases* 68 (3): 993-1000. <https://doi.org/10.1111/tbed.13756>.
- Morel, P-C. 1959. « Les *Hyalomma* (acariens, Ixodidae) de France ». *Annales de Parasitologie Humaine et Comparée*. <https://agritrop.cirad.fr/398023/>.
- Morel, P-C. 2003. *Les tiques d'Afrique et du bassin méditerranéen*. CIRAD-EMVT. <https://agritrop.cirad.fr/521055/>.
- Morita, C, A Rahim M El Hussein, E Matsuda, K M A A Gabbar, Y Muramatsu, M B A Rahman, A M H Eleragi, S M Hassan, A M Chitambo, et H Ueno. 2004. « Spotted Fever Group Rickettsiae from Ticks Captured in Sudan ». *Japanese Journal of Infectious Diseases* 57 (3): 107-9.
- Morrison, A C., B M. Forshey, D Notyce, H Astete, V Lopez, C Rocha, R Carrion, et al. 2008. « Venezuelan Equine Encephalitis Virus in Iquitos, Peru: Urban Transmission of a Sylvatic Strain ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 2 (12): e349. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000349>.
- Morse, S. S. 2004. « Factors and Determinants of Disease Emergence ». *Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics)* 23 (2): 443-51. <https://doi.org/10.20506/rst.23.2.1494>.
- Mossaad, E, A Gaithuma, Y O. Mohamed, K Sukanuma, R Umemiya-Shirafuji, Y Ohari, B Salim, M Liu, et X Xuan. 2021. « Molecular Characterization of Ticks and Tick-Borne Pathogens in Cattle from Khartoum State and East Darfur State, Sudan ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 10 (5): 580. <https://doi.org/10.3390/pathogens10050580>.
- Mostafavi, E, S Chinikar, M Moradi, N Bayat, M Meshkat, M Khalili Fard, et S Mojtaba Ghiasi. 2013. « A Case Report of Crimean Congo Hemorrhagic Fever in Ostriches in Iran ». *The Open Virology Journal* 7 (1). <https://doi.org/10.2174/1874357901307010081>.
- Mourya, D T., P D. Yadav, A M. Shete, Y K. Gurav, C G. Raut, R S. Jadhav, Shailesh D. Pawar, Stuart T. Nichol, et Akhilesh C. Mishra. 2012. « Detection, Isolation and Confirmation of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Human, Ticks and Animals in Ahmadabad, India, 2010–2011 ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 6 (5): e1653. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001653>.
- Mousavi-Jazi, M, H Karlberg, A Papa, I Christova, et A Mirazimi. 2012. « Healthy Individuals' Immune Response to the Bulgarian Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Vaccine ». *Vaccine* 30 (44): 6225-29. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2012.08.003>.
- Moussa, M. I., I. Z. Imam, J. D. Converse, et R. M. El-Karamany. 1974. « Isolation of Matruh Virus from *Hyalomma Marginatum* Ticks in Egypt ». *The Journal of the Egyptian Public Health Association* 49 (6): 341-48.

- Moutailler, S, C Valiente Moro, E Vaumourin, L Michelet, F H Tran, E Devillers, J-F Cosson, *et al.* 2016. « Co-Infection of Ticks: The Rule Rather Than the Exception ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 10 (3): e0004539. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004539>.
- Msimang, V., J. Weyer, C.L. Roux, A. Kemp, F.J. Burt, S. Tempia, A. Grobbelaar, *et al.* 2021. « Risk Factors Associated with Exposure to Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Animal Workers and Cattle, and Molecular Detection in Ticks, South Africa ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 15 (5). <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009384>.
- Mustafa Uel-H, null, F. Jongejan, et S. P. Morzaria. 1983. « Note on the Transmission of Theileria Annulata by Hyalomma Ticks in the Sudan ». *The Veterinary Quarterly* 5 (3): 112-13. <https://doi.org/10.1080/01652176.1983.9693883>.
- Mwangi, E. N., S. M. Hassan, G. P. Kaaya, et S. Essuman. 1997. « The Impact of Ixodiphagus Hookeri, a Tick Parasitoid, on Amblyomma Variegatum (Acari: Ixodidae) in a Field Trial in Kenya ». *Experimental & Applied Acarology* 21 (2): 117-26. <https://doi.org/10.1023/b:appa.0000031790.30821.57>.
- Nadal, C., M. Marsot, G. Le Metayer, P. Boireau, J. Guillot, et S.I. Bonnet. 2022. « Spatial and Temporal Circulation of Babesia Caballi and Theileria Equi in France Based on Seven Years of Serological Data ». *Pathogens* 11 (2). <https://doi.org/10.3390/pathogens11020227>.
- Nadal, C, S I. Bonnet, et M Marsot. 2021. « Eco-Epidemiology of Equine Piroplasmiasis and Its Associated Tick Vectors in Europe: A Systematic Literature Review and a Meta-Analysis of Prevalence ». *Transboundary and Emerging Diseases*, août. <https://doi.org/10.1111/tbed.14261>.
- Najjar, C, B Kaabi, H Younsi, M Petretto, P Riordan, et E Zhioua. 2020. « Ticks parasiting the spur-thighed tortoise (Testudo graeca) population of Tunisia ». *Journal of Wildlife Diseases* 56 (4): 815-22. <https://doi.org/10.7589/2019-09-219>.
- Narankhajid, M, C Yeruult, A Gurbadam, J Battsetseg, S W. Aberle, B Bayartogtokh, A Joachim, et G G Duscher. 2018. « Some Aspects on Tick Species in Mongolia and Their Potential Role in the Transmission of Equine Piroplasms, Anaplasma Phagocytophilum and Borrelia Burgdorferi L ». *Parasitology Research* 117 (11): 3557-66. <https://doi.org/10.1007/s00436-018-6053-x>.
- Narasimhan, S, C Kurokawa, M DeBlasio, J Matias, A Sajid, U Pal, G Lynn, et E Fikrig. 2021. « Acquired Tick Resistance: The Trail Is Hot ». *Parasite Immunology* 43 (5): e12808. <https://doi.org/10.1111/pim.12808>.
- Nawrocka, E. 1978. « Studies on the Experimental Infection of Hyalomma Dromedarii (Koch) Ticks with Tick-Born Encephalitis Virus ». *Acta Microbiologica Polonica* 27 (1): 19-24.
- Ndawula, C, et A.E. Tabor. 2020. « Cocktail Anti-Tick Vaccines: The Unforeseen Constraints and Approaches toward Enhanced Efficacies ». *Vaccines* 8 (3): E457. <https://doi.org/10.3390/vaccines8030457>.
- Negredo, A, M Á Habela, E Ramírez de Arellano, F Diez, F Lasala, P López, A Sarriá, *et al.* 2019. « Survey of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Enzootic Focus, Spain, 2011–2015 ». *Emerging Infectious Diseases* 25 (6): 1177-84. <https://doi.org/10.3201/eid2506.180877>.
- Negredo, A, M Sánchez-Ledesma, F Llorente, M Pérez-Olmeda, M Belhassen-García, D González-Calle, M Paz Sánchez-Seco, et M Ángel Jiménez-Clavero. 2021. « Retrospective Identification of Early Autochthonous Case of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Spain, 2013 ». *Emerging Infectious Diseases* 27 (6): 1754-56. <https://doi.org/10.3201/eid2706.204643>.
- Negredo, A, F de la Calle-Prieto, E Palencia-Herrejón, M Mora-Rillo, J Astray-Mochales, M P. Sánchez-Seco, E Bermejo Lopez, *et al.* 2017. « Autochthonous Crimean–Congo Hemorrhagic Fever in Spain ». *New England Journal of Medicine* 377 (2): 154-61. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1615162>.

- Negredo, A, R Sánchez-Arroyo, F Díez-Fuertes, F de Ory, M A Budiño, A Vázquez, Á Garcinuño, *et al.* 2021. « Fatal Case of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Caused by Reassortant Virus, Spain, 2018 - Volume 27, Number 4—April 2021 - Emerging Infectious Diseases Journal - CDC ». <https://doi.org/10.3201/eid2704.203462>.
- Ni, J, H Lin, X Xu, Q Ren, M Aizezi, J Luo, Y Luo, *et al.* 2020. « Coxiella burnetii is widespread in ticks (Ixodidae) in the Xinjiang areas of China ». *BMC Veterinary Research* 16 (1): 317. <https://doi.org/10.1186/s12917-020-02538-6>.
- Nijhof, A M., J A. Balk, M Postigo, A M Rhebergen, A Taoufik, et F Jongejan. 2010. « Bm86 Homologues and Novel ATAQ Proteins with Multiple Epidermal Growth Factor (EGF)-like Domains from Hard and Soft Ticks ». *International Journal for Parasitology* 40 (14): 1587-97. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2010.06.003>.
- Norte, A C, D J Harris, D Silveira, C S Nunes, M S Núncio, E G Martínez, A Giménez, R de Sousa, I Lopes de Carvalho, et A Perera. 2022. « Diversity of Microorganisms in Hyalomma Aegyptium Collected from Spur-Thighed Tortoise (Testudo Graeca) in North Africa and Anatolia ». *Transboundary and Emerging Diseases* 69 (4): 1951-62. <https://doi.org/10.1111/tbed.14188>.
- Norval, R. a. I. 1983. « The Ticks of Zimbabwe. VII. The Genus Amblyomma. » *Zimbabwe Veterinary Journal* 14 (1/4): 3-18. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/19850523624>.
- Nowak-Chmura, M. 2014. « A Biological/Medical Review of Alien Tick Species (Acari: Ixodida) Accidentally Transferred to Poland ». *Annals of Parasitology* 60 (1): 49-59.
- Nuorteva, P, et H Hoogstraal. 1963. « The incidence of ticks (Ixodoidea, Ixodidae) on migratory birds arriving in Finland during the spring of 1962 ». *Ann Med Exp Biol Fenn* 41.
- Nurmakhanov, T, Y Sansyzbaev, B Atshabar, P Deryabin, S Kazakov, A Zholshorinov, A Matzhanova, *et al.* 2015. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Kazakhstan (1948-2013) ». *International Journal of Infectious Diseases: IJID: Official Publication of the International Society for Infectious Diseases* 38 (septembre): 19-23. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2015.07.007>.
- Nuttall, P. A., et M. Labuda. 2004. « Tick-Host Interactions: Saliva-Activated Transmission ». *Parasitology* 129 Suppl: S177-189. <https://doi.org/10.1017/s0031182004005633>.
- Nuttall, P. A., A. R. Trimnell, M. Kazimirova, et M. Labuda. 2006. « Exposed and Concealed Antigens as Vaccine Targets for Controlling Ticks and Tick-Borne Diseases ». *Parasite Immunology* 28 (4): 155-63. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3024.2006.00806.x>.
- Oehme, R, M Bestehorn, S Wölfel, et L Chitimia-Dobler. 2017. « Hyalomma Marginatum in Tübingen, Germany ». *Systematic and Applied Acarology*.
- Oestereich, L, T Rieger, M Neumann, C Bernreuther, M Lehmann, S Krasemann, S Wurr, *et al.* 2014. « Evaluation of Antiviral Efficacy of Ribavirin, Arbidol, and T-705 (Favipiravir) in a Mouse Model for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 8 (5): e2804. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002804>.
- Okorie, T. G. 1991. « Comparative Studies on the Vector Capacity of the Different Stages of Amblyomma Variegatum Fabricius and Hyalomma Rufipes Koch for Congo Virus, after Intracoelomic Inoculation ». *Veterinary Parasitology* 38 (2-3): 215-23. [https://doi.org/10.1016/0304-4017\(91\)90131-e](https://doi.org/10.1016/0304-4017(91)90131-e).
- Okorie, T. G., et A. Fabiyi. 1979. « The Multiplication of Dugbe Virus in the Ixodid Tick, Hyalomma Rufipes Koch, after Experimental Infection ». *Tropenmedizin Und Parasitologie* 30 (4): 439-42.
- Okur-Gumusova, S., C. Tamer, E. Ozan, A. Cavunt, H. Kadi, B. Muftuoglu, A. Eisa Elhag, Z. Yazici, et H. Albayrak. 2020. « An Investigation of the Seroprevalence of CrimeanCongo Hemorrhagic Fever and Lumpy Skin Disease in Domesticated Water Buffaloes in Northern Turkey ». *Tropical Biomedicine* 37 (1): 165-73.

- Oliveira, C. d', M. van der Weide, P. Jacquet, et F. Jongejan. 1997. « Detection of Theileria Annulata by the PCR in Ticks (Acari: Ixodidae) Collected from Cattle in Mauritania ». *Experimental & Applied Acarology* 21 (5): 279-91. <https://doi.org/10.1023/A:1018455223462>.
- Oliveira, P, I Calligaris, P Nunes, G Bechara, et M Mathias. 2014. « Fluazuron-induced morphological changes in Rhipicephalus sanguineus Latreille, 1806 (Acari: Ixodidae) nymphs: An ultra-structural evaluation of the cuticle formation and digestive processes ». *Acta Tropica* 133 (mai). <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2014.01.008>.
- Omer, S A., D F. Alsuwaid, et O B. Mohammed. 2021. « Molecular Characterization of Ticks and Tick-Borne Piroplasms from Cattle and Camel in Hofuf, Eastern Saudi Arabia ». *Saudi Journal of Biological Sciences* 28 (3): 2023-28. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.01.005>.
- Onyiche, T E., C Răileanu, O Tauchmann, S Fischer, A Vasić, M Schäfer, A A. Biu, N I. Ogo, O Thekiso, et C Silaghi. 2020. « Prevalence and molecular characterization of ticks and tick-borne pathogens of one-humped camels (Camelus dromedarius) in Nigeria ». *Parasites & Vectors* 13 (1): 428. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04272-2>.
- Onyiche, T E., K Sukanuma, I Igarashi, N Yokoyama, X Xuan, et O Thekiso. 2019. « A Review on Equine Piroplasmiasis: Epidemiology, Vector Ecology, Risk Factors, Host Immunity, Diagnosis and Control ». *International Journal of Environmental Research and Public Health* 16 (10). <https://doi.org/10.3390/ijerph16101736>.
- Orkun, Ö. 2019. « Molecular Investigation of the Natural Transovarial Transmission of Tick-Borne Pathogens in Turkey ». *Veterinary Parasitology* 273 (septembre): 97-104. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2019.08.013>.
- Orkun, Ö, et H Emir. 2020. « Identification of Tick-Borne Pathogens in Ticks Collected from Wild Animals in Turkey ». *Parasitology Research* 119 (9): 3083-91. <https://doi.org/10.1007/s00436-020-06812-2>.
- Orkun, Ö, H Emir, et Z Karaer. 2016. « Ticks Threatening Lineage of Anatolian Wild Sheep (Ovis Gmelinii Anatolica) and Determination of Their Tick-Borne Pathogens ». *Veterinary Parasitology* 228 (septembre): 77-84. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2016.08.013>.
- Orkun, Ö, Z Karaer, A Çakmak, et S Nalbantoğlu. 2014. « Identification of Tick-Borne Pathogens in Ticks Feeding on Humans in Turkey ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 8 (8): e3067. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003067>.
- Orkun, Ö. 2017. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ticks in Turkey: A Broad Range Tick Surveillance Study ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 52 (août): 59-66. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.04.017>.
- Ostfeld, R, et f Keesing. 2012. « Effects of Host Diversity on Infectious Disease ». *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 43 (novembre): 157-82. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-102710-145022>.
- Ozan, E, et A Ozkul. 2020. « Investigation of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ruminant Species Slaughtered in Several Endemic Provinces in Turkey ». *Archives of Virology* 165 (8): 1759-67. <https://doi.org/10.1007/s00705-020-04665-9>.
- Ozdarendeli, A., K. Aydin, S. Tonbak, M. Aktas, K. Altay, I. Koksall, Y. Bolat, N. Dumanli, et A. Kalkan. 2008. « Genetic Analysis of the M RNA Segment of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Strains in Turkey ». *Archives of Virology* 153 (1): 37-44. <https://doi.org/10.1007/s00705-007-1056-4>.
- Ozkurt, Z, I Kiki, S Erol, F Erdem, N Yilmaz, M Parlak, M Gundogdu, et M A. Tasyaran. 2006. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Eastern Turkey: Clinical Features, Risk Factors and Efficacy of

- Ribavirin Therapy ». *The Journal of Infection* 52 (3): 207-15. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2005.05.003>.
- Ozubek, S, R G. Bastos, H F. Alzan, A Inci, M Aktas, et C E. Suarez. 2020. « Bovine Babesiosis in Turkey: Impact, Current Gaps, and Opportunities for Intervention ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 9 (12). <https://doi.org/10.3390/pathogens9121041>.
- Özüpak, T., et H. Albayrak. 2020. « Molecular Detection of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) in Tick Samples but Not in Blood and Milk Samples of Domestic Ruminant Species (Cattle, Sheep and Goat) in Northern Turkey ». *Polish Journal of Veterinary Sciences* 23 (4): 651-53. <https://doi.org/10.24425/pjvs.2020.135809>.
- Padbidri, V. S., J. J. Rodrigues, P. S. Shetty, M. V. Joshi, B. L. Rao, et R. N. Shukla. 1984. « Tick-Borne Rickettsioses in Pune District, Maharashtra, India ». *International Journal of Zoonoses* 11 (1): 45-52.
- Padgett, K. A., L. E. Casher, S. L. Stephens, et R. S. Lane. 2009. « Effect of Prescribed Fire for Tick Control in California Chaparral ». *Journal of Medical Entomology* 46 (5): 1138-45. <https://doi.org/10.1603/033.046.0522>.
- Palomar, A M., A Portillo, P Santibáñez, D Mazuelas, J Arizaga, A Crespo, Ó Gutiérrez, J F Cuadrado, et J A. Oteo. 2013. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ticks from Migratory Birds, Morocco ». *Emerging Infectious Diseases* 19 (2): 260-63. <https://doi.org/10.3201/eid1902.121193>.
- Palomar, A M., A Portillo, S Santibáñez, L García-Álvarez, A Muñoz-Sanz, F J. Márquez, L Romero, J M. Eiros, et J A. Oteo. 2017. « Molecular (Ticks) and Serological (Humans) Study of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in the Iberian Peninsula, 2013-2015 ». *Enfermedades Infecciosas Y Microbiología Clínica* 35 (6): 344-47. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2017.01.009>.
- Pandurov, S., et M. Zaprianov. 1975. « [Studies on the retention of R. burneti in Rh. bursa and H. detritum ticks] ». *Veterinarno-Meditsinski Nauki* 12 (4): 43-48.
- Papa, A. 2019. « Diagnostic Approaches for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ». *Expert Review of Molecular Diagnostics* 19 (6): 531-36. <https://doi.org/10.1080/14737159.2019.1615450>.
- Papa, A, C Drosten, S Bino, E Papadimitriou, M Panning, E Velo, M Kota, A Harxhi, et A Antoniadis. 2007. « Viral Load and Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Emerging Infectious Diseases* 13 (5): 805-6. <https://doi.org/10.3201/eid1305.061588>.
- Papa, A, E Papadimitriou, et I Christova. 2011. « The Bulgarian Vaccine Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus Strain ». *Scandinavian Journal of Infectious Diseases* 43 (3): 225-29. <https://doi.org/10.3109/00365548.2010.540036>.
- Papa, A, E Velo, P Kadijaj, K Tsioka, A Kontana, M Kota, et S Bino. 2017. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ticks Collected from Livestock in Albania ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 54 (octobre): 496-500. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.08.017>.
- Papa, A, D Yagci Caglayik, I Christova, K Tsergouli, G Korukluoglu, et Y Uyar. 2015. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: CXCL10 Correlates with the Viral Load ». *Journal of Medical Virology* 87 (6): 899-903. <https://doi.org/10.1002/jmv.24141>.
- Papadopoulos, B., P.F. Humair, A. Aeschlimann, C. Vaucher, et W. Büttiker. 2001. « Ticks on birds in Switzerland ». *Acarologia* 42 (janvier): 3-19.
- Paperna, I., T. Kremer-Mecabell, et S. Finkelman. 2002. « Hepatozoon Kisrae n. Sp. Infecting the Lizard Agama Stellio Is Transmitted by the Tick Hyalomma Cf. Aegyptium ». *Parasite (Paris, France)* 9 (1): 17-27. <https://doi.org/10.1051/parasite/200209117>.

- Parola, P., H. Inokuma, J. L. Camicas, P. Brouqui, et D. Raoult. 2001. « Detection and Identification of Spotted Fever Group Rickettsiae and Ehrlichiae in African Ticks ». *Emerging Infectious Diseases* 7 (6): 1014-17. <https://doi.org/10.3201/eid0706.010616>.
- Parola, P, C D. Paddock, C Socolovschi, M B. Labruna, O Mediannikov, T Kernif, M Y Abdad, *et al.* 2013. « Update on Tick-Borne Rickettsioses around the World: A Geographic Approach ». *Clinical Microbiology Reviews* 26 (4): 657-702. <https://doi.org/10.1128/CMR.00032-13>.
- Pascucci, I, M Di Domenico, G C Dondona, A Di Gennaro, A Polci, A C Dondona, E Mancuso, *et al.* 2019. « Assessing the Role of Migratory Birds in the Introduction of Ticks and Tick-Borne Pathogens from African Countries: An Italian Experience ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 10 (6): 101272. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.101272>.
- Paștiu, A I, I A Matei, A D Mihalca, G D'Amico, M O Dumitrache, Z Kalmár, A D Sándor, M Lefkaditis, C M Gherman, et V Cozma. 2012. « Zoonotic pathogens associated with *Hyalomma aegyptium* in endangered tortoises: evidence for host-switching behaviour in ticks? » *Parasites & Vectors* 5 (décembre): 301. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-301>.
- Pegram, R. G., et G. P. Oosterwijk. 1990. « The Effect of *Amblyomma Variegatum* on Liveweight Gain of Cattle in Zambia ». *Medical and Veterinary Entomology* 4 (3): 327-30. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.1990.tb00448.x>.
- Pegram, R. G., B. D. Perry, F. L. Musisi, et B. Mwanaumo. 1986. « Ecology and Phenology of Ticks in Zambia: Seasonal Dynamics on Cattle ». *Experimental & Applied Acarology* 2 (1): 25-45. <https://doi.org/10.1007/BF01193353>.
- Pereira, A, L Figueira, M Nunes, A Esteves, A J Cotão, M L Vieira, C Maia, L Campino, et R Parreira. 2017. « Multiple Phlebovirus (Bunyaviridae) Genetic Groups Detected in Rhipicephalus, Hyalomma and Dermacentor Ticks from Southern Portugal ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 8 (1): 45-52. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2016.09.015>.
- Perez, G, H-J Boulouis, S I Bonnet, N Boulanger, B Livoreil, K McCoy, E Quillery, L Bournez, M René, et J Fite. 2020. « Rapport bibliographique sur l'écologie, l'épidémiologie, la surveillance, la prévention et la lutte contre la tique *Ixodes ricinus* en France métropolitaine ». University works. <https://hal-anses.archives-ouvertes.fr/anses-03263410>.
- Pérez-Eid, C. 2007. *Les tiques : identification, biologie, importance médicale et vétérinaire*. Lavoisier.
- Petney, T. N., I. G. Horak, et Y. Rechav. 1987. « The Ecology of the African Vectors of Heartwater, with Particular Reference to *Amblyomma Hebraeum* and *Amblyomma Variegatum* ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 54 (3): 381-95.
- Petney, T. N., et M. P. Pfäffle. 2017. « *Hyalomma Impeltatum* Schulze and Schlotzke, 1929 (Figs. 149–151) ». In *Ticks of Europe and North Africa: A Guide to Species Identification*, édité par Agustín Estrada-Peña, Andrei Daniel Mihalca, et Trevor N. Petney, 371-75. Cham: Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-63760-0_70.
- Petrova, I. D., Iu V. Kononova, E. V. Chausov, A. M. Shestopalov, et F. Kh Tishkova. 2013. « [Genetic variants of the Crimean-Congo hemorrhagic fever virus circulating in endemic areas of the southern Tajikistan in 2009] ». *Molekuliarnaia Genetika, Mikrobiologiya I Virusologiya*, n° 3: 29-36.
- Petunin, FA. 1948. « *Hyalomma Scupense* P Sch-a Vector of Nuttalliasis of Horses ». *Veterinariia*, janvier, 14-14. <https://eurekamag.com/research/038/313/038313397.php>.
- Pilipenko, V. G., et K. I. Derevianchenko. 1955. « [Detection of *Hyalomma plumbeum* Panz infected with *Pasteurella tularensis* on *Lepus europaeus*] ». *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii I Immunobiologii* 4 (avril): 63-67.
- Plummer, P J., J. T McClure, P Menzies, P S. Morley, R Van den Brom, et D C. Van Metre. 2018. « Management of *Coxiella Burnetii* Infection in Livestock Populations and the Associated

- Zoonotic Risk: A Consensus Statement ». *Journal of Veterinary Internal Medicine* 32 (5): 1481-94. <https://doi.org/10.1111/jvim.15229>.
- Poupon, M, E Lommano, P-F Humair, V Douet, O Rais, M Schaad, L Jenni, et L Gern. 2006. « Prevalence of *Borrelia burgdorferi* Sensu Lato in Ticks Collected from Migratory Birds in Switzerland ». *Applied and Environmental Microbiology* 72 (1): 976-79. <https://doi.org/10.1128/AEM.72.1.976-979.2006>.
- Pradier, S., S. Lecollinet, et A. Leblond. 2012. « West Nile Virus Epidemiology and Factors Triggering Change in Its Distribution in Europe ». *Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics)* 31 (3): 829-44. <https://doi.org/10.20506/rst.31.3.2167>.
- Prullage, J B., H V. Tran, P Timmons, J Harriman, S. T Chester, et K Powell. 2011. « The Combined Mode of Action of Fipronil and Amitraz on the Motility of *Rhipicephalus Sanguineus* ». *Veterinary Parasitology* 179 (4): 302-10. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2011.03.041>.
- Psaroulaki, A., D. Ragiadakou, G. Kouris, B. Papadopoulos, B. Chaniotis, et Y. Tselentis. 2006. « Ticks, Tick-Borne Rickettsiae, and *Coxiella Burnetii* in the Greek Island of Cephalonia ». *Annals of the New York Academy of Sciences* 1078 (octobre): 389-99. <https://doi.org/10.1196/annals.1374.077>.
- Pshenichnaya, N Y, et S A Nenadskaya. 2015. « Probable Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Transmission Occurred after Aerosol-Generating Medical Procedures in Russia: Nosocomial Cluster ». *International Journal of Infectious Diseases* 33 (avril): 120-22. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2014.12.047>.
- Pshenichnaya, N Y, I S Sydenko, E Pavlovna Klinovaya, E Borisovna Romanova, et A Sergeevich Zhuravlev. 2016. « Possible Sexual Transmission of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *International Journal of Infectious Diseases* 45 (avril): 109-11. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2016.02.1008>.
- Punda-Polic, V, M Petrovec, T Trilar, D Duh, N Bradaric, Z Klismanic, et T Avsic-Zupanc. 2002. « Detection and Identification of Spotted Fever Group Rickettsiae in Ticks Collected in Southern Croatia ». *Experimental & Applied Acarology* 28 (1): 169-76. <https://doi.org/10.1023/A:1025334113190>.
- Raabe, V N. 2020. « Diagnostic Testing for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Journal of Clinical Microbiology* 58 (4): e01580-19. <https://doi.org/10.1128/JCM.01580-19>.
- Rahmani-Varmale, Mozghan, Mousa Tavassoli, et Bijan Esmaeilnejad. 2019. « Molecular Detection and Differentiation of *Theileria lestoquardi*, *T. ovis* and *T. annulata* in Blood of Goats and Ticks in Kermanshah Province, Iran ». *Journal of Arthropod-Borne Diseases* 13 (3): 297-309. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6928382/>.
- Rajendran, C., et D. D. Ray. 2014. « Diagnosis of Tropical Bovine Theileriosis by ELISA with Recombinant Merozoite Surface Protein of *Theileria Annulata* (Tams1) ». *Journal of Parasitic Diseases: Official Organ of the Indian Society for Parasitology* 38 (1): 41-45. <https://doi.org/10.1007/s12639-012-0183-3>.
- Ramírez de Arellano, E, L Hernández, M. J Goyanes, M Arsuaga, A F Cruz, A Negrodo, et M P Sánchez-Seco. 2017. « Phylogenetic Characterization of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus, Spain ». *Emerging Infectious Diseases* 23 (12): 2078-80. <https://doi.org/10.3201/eid2312.171002>.
- Ranadheera, C, E J. Valcourt, B M. Warner, G Poliquin, K Rosenke, K Frost, K Tierney, et al. 2020. « Characterization of a Novel STAT 2 Knock-out Hamster Model of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Pathogenesis ». *Scientific Reports* 10 (1): 12378. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-69054-3>.

- Rand, P W., C Lubelczyk, M S. Holman, E H. Lacombe, et R P. Smith. 2004. « Abundance of Ixodes Scapularis (Acari: Ixodidae) after the Complete Removal of Deer from an Isolated Offshore Island, Endemic for Lyme Disease ». *Journal of Medical Entomology* 41 (4): 779-84. <https://doi.org/10.1603/0022-2585-41.4.779>.
- Rangunwala, A., R. R. Samudzi, et F. J. Burt. 2014. « Short Report: Detection of IgG antibody against Crimean-Congo haemorrhagic fever virus using ELISA with recombinant nucleoprotein antigens from genetically diverse strains ». *Epidemiology and Infection* 142 (10): 2147-54. <https://www.jstor.org/stable/24477190>.
- Ranjbar-B, S, B Eckert, Z Omidian, N S Shirazi, et P Shayan. 2012. « Babesia Ovis as the Main Causative Agent of Sheep Babesiosis in Iran ». *Parasitology Research* 110 (4): 1531-36. <https://doi.org/10.1007/s00436-011-2658-z>.
- Raoult, D, P-E Fournier, P Abboud, et F Caron. 2002. « First Documented Human Rickettsia aeschlimannii Infection ». *Emerging Infectious Diseases* 8 (7): 748-49. <https://doi.org/10.3201/eid0807.010480>.
- Rashid, M, H Akbar, I Rashid, K Saeed, L Ahmad, A S Ahmad, W Shehzad, S Islam, et S Farooqi. 2018. « Economic Significance of Tropical Theileriosis on a Holstein Friesian Dairy Farm in Pakistan ». *The Journal of Parasitology* 104 (3): 310-12. <https://doi.org/10.1645/16-179>.
- Ravi, A, S Ereqat, A Al-Jawabreh, Z Abdeen, O Abu Shamma, H Hall, M J. Pallen, et A Nasereddin. 2019. « Metagenomic Profiling of Ticks: Identification of Novel Rickettsial Genomes and Detection of Tick-Borne Canine Parvovirus ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 13 (1): e0006805. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006805>.
- Razmi, G. R., M. Hosseini, et M. R. Aslani. 2003. « Identification of Tick Vectors of Ovine Theileriosis in an Endemic Region of Iran ». *Veterinary Parasitology* 116 (1): 1-6. [https://doi.org/10.1016/s0304-4017\(03\)00254-1](https://doi.org/10.1016/s0304-4017(03)00254-1).
- Razmi, GhR, et E Nouroozi. 2010. « Transovarial Transmission of Babesia ovis by Rhipicephalus sanguineus and Hyalomma marginatum ». *Iranian Journal of Parasitology* 5 (3): 35-39. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3279845/>.
- Rechav, Y. 1987. « Resistance of Brahman and Hereford Cattle to African Ticks with Reference to Serum Gamma Globulin Levels and Blood Composition ». *Experimental & Applied Acarology* 3 (3): 219-32. <https://doi.org/10.1007/BF01270458>.
- Rechav, Y., J. Dauth, et D. A. Els. 1990. « Resistance of Brahman and Simmentaler Cattle to Southern African Ticks ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 57 (1): 7-12.
- Rechav, Y., et L. J. Fielden. 1997. « The Effect of Various Host Species in the Feeding Performance of Immature Stages of the Tick Hyalomma Truncatum (Acari: Ixodidae) ». *Experimental & Applied Acarology* 21 (8): 551-59. <https://doi.org/10.1023/a:1018444315709>.
- Rees, D.J., M. Dioli, et L.R. Kirkendall. 2003. « Molecules and Morphology: Evidence for Cryptic Hybridization in African Hyalomma (Acari: Ixodidae) ». *Molecular Phylogenetics and Evolution* 27 (1): 131-42. [https://doi.org/10.1016/S1055-7903\(02\)00374-3](https://doi.org/10.1016/S1055-7903(02)00374-3).
- Regassa, A. 2000. « The Use of Herbal Preparations for Tick Control in Western Ethiopia ». *Journal of the South African Veterinary Association* 71 (4): 240-43. <https://doi.org/10.4102/jsava.v71i4.722>.
- Reháček, J., et R. Brezina. 1968. « Detection of Coxiella Burneti in Saliva of Experimentally Infected Ticks, Hyalomma Dromedarii Koch ». *Bulletin of the World Health Organization* 39 (6): 974-77.
- Ripoche, M, C Bouchard, A Irace-Cima, P Leighton, et K Thivierge. 2022. « Current and Future Distribution of Ixodes Scapularis Ticks in Québec: Field Validation of a Predictive Model ». *PLOS ONE* 17 (2): e0263243. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0263243>.

- Robbins, R. G., W. B. Karesh, P. P. Calle, O. A. Leontyeva, S. L. Pereshkolnik, et S. Rosenberg. 1998. « First Records of *Hyalomma Aegyptium* (Acari: Ixodida: Ixodidae) from the Russian Spur-Thighed Tortoise, *Testudo Graeca* Nikolskii, with an Analysis of Tick Population Dynamics ». *The Journal of Parasitology* 84 (6): 1303-5.
- Robinson, P. M. 1982. « Theileriosis Annulata and Its Transmission—A Review ». *Tropical Animal Health and Production* 14 (1): 3-12. <https://doi.org/10.1007/BF02281092>.
- Rocque, S de la. 2008. « Climate Change: Impact on the Epidemiology and Control of Animal Diseases. Introduction ». *Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics)* 27 (2): 303-8.
- Rodhain, F., et C. Perez. 1985. « Précis d'entomologie médicale et vétérinaire; notions d'épidémiologie des maladies à vecteurs ». Paris (France) Maloine.
- Rodríguez, M., M. L. Penichet, A. E. Mouris, V. Labarta, L. L. Luaces, R. Rubiera, C. Cordovés, P. A. Sánchez, E. Ramos, et A. Soto. 1995. « Control of *Boophilus Microplus* Populations in Grazing Cattle Vaccinated with a Recombinant Bm86 Antigen Preparation ». *Veterinary Parasitology* 57 (4): 339-49. [https://doi.org/10.1016/0304-4017\(94\)00678-6](https://doi.org/10.1016/0304-4017(94)00678-6).
- Rodríguez, S E., R W. Cross, K A. Fenton, D A. Bente, C E. Mire, et T W. Geisbert. 2019. « Vesicular Stomatitis Virus-Based Vaccine Protects Mice against Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Scientific Reports* 9 (1): 7755. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44210-6>.
- Rollins, R E., S Schaper, C Kahlhofer, D Frangoulidis, A F. T. Strauß, M Cardinale, A Springer, et al. 2021. « Ticks (Acari: Ixodidae) on Birds Migrating to the Island of Ponza, Italy, and the Tick-Borne Pathogens They Carry ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 12 (1): 101590. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101590>.
- Rollins, R E., J Wülbern, F Röttgerding, T A. Nowak, S Hepner, V Fingerle, G Margos, Y-P Lin, P Kraiczy, et N S. Becker. 2022. « Utilizing Two *Borrelia bavariensis* Isolates Naturally Lacking the PFam54 Gene Array To Elucidate the Roles of PFam54-Encoded Proteins ». *Applied and Environmental Microbiology* 88 (5): e01555-21. <https://doi.org/10.1128/aem.01555-21>.
- Ros-García, A., A. L. García-Pérez, J. Verdura, R. A. Juste, et A. Hurtado. 2012. « Monitoring Piroplasms Infection in Three Cattle Farms in Minorca (Balearic Islands, Spain) with Previous History of Clinical Piroplamosis ». *Veterinary Parasitology* 190 (3-4): 318-25. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2012.07.024>.
- Ros-García, A., Y. M'Ghirbi, A. Bouattour, et A. Hurtado. 2011. « First Detection of *Babesia Occultans* in *Hyalomma* Ticks from Tunisia ». *Parasitology* 138 (5): 578-82. <https://doi.org/10.1017/S0031182011000060>.
- Ros-García, A., Y M'ghirbi, A Hurtado, et A Bouattour. 2013. « Prevalence and Genetic Diversity of Piroplasm Species in Horses and Ticks from Tunisia ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 17 (juillet): 33-37. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.03.038>.
- Sadeddine, R, A Z Diarra, M Laroche, O Mediannikov, S Righi, A Benakhla, H Dahmana, D Raoult, et P Parola. 2020. « Molecular Identification of Protozoal and Bacterial Organisms in Domestic Animals and Their Infesting Ticks from North-Eastern Algeria ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 11 (2): 101330. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.101330>.
- Sahibi, H., A. Rhalem, N. Tikki, F. Ben Kouka, et O. Barriga. 1997. « *Hyalomma* Ticks: Bovine Resistance under Field Conditions as Related to Host Age and Breed ». *Parasite (Paris, France)* 4 (2): 159-65. <https://doi.org/10.1051/parasite/1997042159>.
- Saijo, M, T Qing, M Niikura, A Maeda, T Ikegami, K Sakai, C Prehaud, I Kurane, et S Morikawa. 2002. « Immunofluorescence Technique Using HeLa Cells Expressing Recombinant Nucleoprotein for Detection of Immunoglobulin G Antibodies to Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ».

- Journal of Clinical Microbiology* 40 (2): 372-75. <https://doi.org/10.1128/JCM.40.2.372-375.2002>.
- Saijo, M, Q Tang, B Shimayi, L Han, Y Zhang, M Asiguma, D Tianshu, A Maeda, I Kurane, et S Morikawa. 2005. « Antigen-Capture Enzyme-Linked Immunosorbent Assay for the Diagnosis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Using a Novel Monoclonal Antibody ». *Journal of Medical Virology* 77 (1): 83-88. <https://doi.org/10.1002/jmv.20417>.
- Sainz, Á, X Roura, G Miró, A Estrada-Peña, B Kohn, S Harrus, et L Solano-Gallego. 2015. « Guideline for veterinary practitioners on canine ehrlichiosis and anaplasmosis in Europe ». *Parasites & Vectors* 8 (1): 75. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0649-0>.
- Sajid, M S., Z Iqbal, M N. Khan, et G Muhammad. 2009. « In Vitro and in Vivo Efficacies of Ivermectin and Cypermethrin against the Cattle Tick *Hyalomma Anatolicum Anatolicum* (Acari: Ixodidae) ». *Parasitology Research* 105 (4): 1133-38. <https://doi.org/10.1007/s00436-009-1538-2>.
- Saksida, A, D Duh, B Wraber, I Dedushaj, S Ahmeti, et T Avsic-Zupanc. 2010. « Interacting Roles of Immune Mechanisms and Viral Load in the Pathogenesis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Clinical and Vaccine Immunology: CVI* 17 (7): 1086-93. <https://doi.org/10.1128/CVI.00530-09>.
- Salama, SA, MM El-Husseini, et SK Abdalla. 1979. « Isolations and identification of African horse sickness virus in camel tick ». *3rd Ann Rep US AHS Project Cairo*, 55-69.
- Salama, S A. 1980. « Isolations and identification of African horse sickness virus in camel tick. » *4th Ann Rep US AHS Project Cairo*, 91-98.
- Salman, M, R Z Abbas, M Israr, A Abbas, K Mehmood, M K Khan, Z U D Sindhu, R Hussain, M K Saleemi, et S Shah. 2020. « Repellent and Acaricidal Activity of Essential Oils and Their Components against *Rhipicephalus* Ticks in Cattle ». *Veterinary Parasitology* 283 (juillet): 109178. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2020.109178>.
- Saluzzo, J. F., B. Leguenno, et G. Van der Groen. 1988. « Use of Heat Inactivated Viral Haemorrhagic Fever Antigens in Serological Assays ». *Journal of Virological Methods* 22 (2-3): 165-72. [https://doi.org/10.1016/0166-0934\(88\)90099-7](https://doi.org/10.1016/0166-0934(88)90099-7).
- Sambri, V., M. Capobianchi, R. Charrel, M. Fyodorova, P. Gaibani, E. Gould, M. Niedrig, et al. 2013. « West Nile Virus in Europe: Emergence, Epidemiology, Diagnosis, Treatment, and Prevention ». *Clinical Microbiology and Infection: The Official Publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases* 19 (8): 699-704. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12211>.
- Samish, M., E. Alekseev, et I. Glazer. 1999. « Interaction between Ticks (Acari: Ixodidae) and Pathogenic Nematodes (Nematoda): Susceptibility of Tick Species at Various Developmental Stages ». *Journal of Medical Entomology* 36 (6): 733-40. <https://doi.org/10.1093/jmedent/36.6.733>.
- Samish, M. 2000. « Biocontrol of Ticks by Entomopathogenic Nematodes. Research Update ». *Annals of the New York Academy of Sciences* 916: 589-94. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2000.tb05341.x>.
- Samish, M., et E. Pipano. 1978. « Development of Infectivity in *Hyalomma Detritum* (Schulze, 1919) Ticks Infected with *Theileria Annulata* (Dchunkowsky and Luhs, 1904) ». *Parasitology* 77 (3): 375-79. <https://doi.org/10.1017/s0031182000050320>.
- Sánchez-Seco, M P, M J Sierra, A Estrada-Peña, F Valcárcel, R Molina, E R de Arellano, A S Olmeda, et al. 2022. « Widespread Detection of Multiple Strains of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ticks, Spain ». *Emerging Infectious Diseases* 28 (2): 394-402. <https://doi.org/10.3201/eid2802.211308>.

- Sands, A F., D A. Apanaskevich, S Matthee, I G. Horak, A Harrison, S Karim, M K. Mohammad, *et al.* 2017. « Effects of Tectonics and Large Scale Climatic Changes on the Evolutionary History of Hyalomma Ticks ». *Molecular Phylogenetics and Evolution* 114 (septembre): 153-65. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2017.06.002>.
- Sangwan, A. K., S. S. Chaudhri, N. Sangwan, et R. P. Gupta. 1994. « Seasonal Distribution of Theileria in Hyalomma Anatolicum Anatolicum Ticks of an Endemic Area of Haryana, India ». *Tropical Animal Health and Production* 26 (4): 241-46. <https://doi.org/10.1007/BF02240394>.
- Sangwan, A.K., D.P. Banerjee, et N. Sangwan. 1998. « Immunization of Cattle with Nymphal Hyalomma Anatolicum Anatolicum Extracts: Effects on Tick Biology ». *Tropical Animal Health and Production* 30 (2): 97-106. <https://doi.org/10.1023/A:1005095717136>.
- Sannikova, I. V., V. D. Pacechnikov, et V. V. Maleev. 2007. « [Respiratory lesions in Congo-Crimean hemorrhagic fever] ». *Terapevticheskii Arkhiv* 79 (11): 20-23.
- Santos-Silva, M. M., L. Beati, A. S. Santos, R. De Sousa, M. S. Nuncio, P. Melo, M. Santos-Reis, *et al.* 2011. « The Hard-Tick Fauna of Mainland Portugal (Acari: Ixodidae): An Update on Geographical Distribution and Known Associations with Hosts and Pathogens ». *Experimental & Applied Acarology* 55 (1): 85-121. <https://doi.org/10.1007/s10493-011-9440-x>.
- Santos-Silva, M. M., et Z. Vatansever. 2017. « Hyalomma Marginatum Koch, 1844 (Figs. 139–141) ». In *Ticks of Europe and North Africa: A Guide to Species Identification*, édité par Agustín Estrada-Peña, Andrei Daniel Mihalca, et Trevor N. Petney, 349-54. Cham: Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-63760-0_66.
- Sargianou, M, G Panos, A Tsatsaris, C Gogos, et A Papa. 2013. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: Seroprevalence and Risk Factors among Humans in Achaia, Western Greece ». *International Journal of Infectious Diseases: IJID: Official Publication of the International Society for Infectious Diseases* 17 (12): e1160-1165. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2013.07.015>.
- Sas, M A., L Comtet, F Donnet, M Mertens, Z Vatansever, N Tordo, P Pourquier, et M H. Groschup. 2018. « A Novel Double-Antigen Sandwich ELISA for the Species-Independent Detection of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus-Specific Antibodies ». *Antiviral Research* 151 (mars): 24-26. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2018.01.006>.
- Sas, M A., M Mertens, E Isselmou, N Reimer, B O. El Mamy, B Doumbia, et M H. Groschup. 2017. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus-Specific Antibody Detection in Cattle in Mauritania ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 17 (8): 582-87. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.2084>.
- Sayin, F., S. Dinçer, Z. Karaer, A. Cakmak, A. Inci, B.A. Yukari, H. Eren, Z. Vatansever, et S. Nalbantoglu. 2003. « Studies on the Epidemiology of Tropical Theileriosis (Theileria Annulata Infection) in Cattle in Central Anatolia, Turkey ». *Tropical Animal Health and Production* 35 (6): 521-39. <https://doi.org/10.1023/A:1027348708038>.
- Sazmand, A, J Harl, B Eigner, A Hodžić, R Beck, S Hekmatimoghaddam, M Mirzaei, Hs-P Fuehrer, et A Joachim. 2019. « Vector-borne bacteria in blood of camels in Iran: New data and literature review ». *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases* 65 (août): 48-53. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2019.04.004>.
- Schnittger, L, A E. Rodriguez, M Florin-Christensen, et D A. Morrison. 2012. « Babesia: A World Emerging ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 12 (8): 1788-1809. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2012.07.004>.
- Scholte, F E. M., J R. Spengler, S R. Welch, J R. Harmon, J D. Coleman-McCray, B T. Freitas, M H. Kainulainen, *et al.* 2019. « Single-Dose Replicon Particle Vaccine Provides Complete

- Protection against Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Mice ». *Emerging Microbes & Infections* 8 (1): 575-78. <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1601030>.
- Schulz, A, Y Barry, F Stoek, A Ba, J Schulz, M L. Haki, M A. Sas, *et al.* 2021. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Antibody Prevalence in Mauritanian Livestock (Cattle, Goats, Sheep and Camels) Is Stratified by the Animal's Age ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 15 (4): e0009228. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009228>.
- Schuster, I, S C. Chaintoutis, C I. Dovas, M H. Groschup, et M Mertens. 2017. « Detection of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus-Specific IgG Antibodies in Ruminants Residing in Central and Western Macedonia, Greece ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 8 (4): 494-98. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2017.02.009>.
- Schuster, I, M Mertens, B Köllner, T Korytář, M Keller, B Hammerschmidt, T Müller, *et al.* 2016. « A Competitive ELISA for Species-Independent Detection of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Specific Antibodies ». *Antiviral Research* 134 (octobre): 161-66. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2016.09.004>.
- Schuster, I, M Mertens, S Mrenoshki, C Staubach, C Mertens, F Brüning, K Wernike, *et al.* 2016. « Sheep and goats as indicator animals for the circulation of CCHFV in the environment ». *Experimental & Applied Acarology* 68: 337-46. <https://doi.org/10.1007/s10493-015-9996-y>.
- Schwarz, T. F., H. Nsanze, M. Longson, H. Nitschko, S. Gilch, H. Shurie, A. Ameen, A. R. Zahir, U. G. Acharya, et G. Jager. 1996. « Polymerase Chain Reaction for Diagnosis and Identification of Distinct Variants of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in the United Arab Emirates ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 55 (2): 190-96. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1996.55.190>.
- Scoles, G A., et M W. Ueti. 2015a. « Vector Ecology of Equine Piroplasmiasis ». *Annual Review of Entomology* 60 (janvier): 561-80. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-010814-021110>.
- Scoles, G A. 2015b. « Vector Ecology of Equine Piroplasmiasis ». *Annual Review of Entomology* 60 (janvier): 561-80. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-010814-021110>.
- Selmi, R, M Ben Said, A Mamlouk, H Ben Yahia, et L Messadi. 2019. « Molecular Detection and Genetic Characterization of the Potentially Pathogenic Coxiella Burnetii and the Endosymbiotic Candidatus Midichloria Mitochondrii in Ticks Infesting Camels (Camelus Dromedarius) from Tunisia ». *Microbial Pathogenesis* 136 (novembre): 103655. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2019.103655>.
- Sentausa, E, K El Karkouri, C Michelle, A Caputo, D Raoult, et P-E Fournier. 2014. « Genome Sequence of Rickettsia Tamurae, a Recently Detected Human Pathogen in Japan ». *Genome Announcements* 2 (5): e00838-14. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00838-14>.
- Seregin, S V., E I. Samokhvalov, I D. Petrova, O I. Vyshemirskii, E G. Samokhvalova, D K. Lvov, V V. Gutorov, *et al.* 2004. « Genetic Characterization of the M RNA Segment of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Strains Isolated in Russia and Tajikistan ». *Virus Genes* 28 (2): 187-93. <https://doi.org/10.1023/B:VIRU.0000016857.94136.89>.
- Shahid, M Furqan, T Yaqub, M Ali, A Ul-Rahman, et D A Bente. 2021. « Prevalence and Phylogenetic Analysis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ticks Collected from Punjab Province of Pakistan ». *Acta Tropica* 218 (juin): 105892. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2021.105892>.
- Shakya, M, B Kumar, G Nagar, J de la Fuente, et S Ghosh. 2014. « Subolesin: A Candidate Vaccine Antigen for the Control of Cattle Tick Infestations in Indian Situation ». *Vaccine* 32 (28): 3488-94. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2014.04.053>.

- Sharifi-Mood, B, M Metanat, A Ghorbani-Vaghei, F Fayyaz-Jahani, et E Akrami. 2009. « The Outcome of Patients with Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Zahedan, Southeast of Iran: A Comparative Study ». *Archives of Iranian Medicine* 12 (2): 151-53.
- Sharifi-Mood, B, M Metanat, et R Alavi-Naini. 2014. « Prevalence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever among High Risk Human Groups ». *International Journal of High Risk Behaviors & Addiction* 3 (1): e11520. <https://doi.org/10.5812/ijhrba.11520>.
- Sharma, A, et B Knollmann-Ritschel. 2019. « Current Understanding of the Molecular Basis of Venezuelan Equine Encephalitis Virus Pathogenesis and Vaccine Development ». *Viruses* 11 (2): E164. <https://doi.org/10.3390/v11020164>.
- Sharma, J. K., S. Ghosh, M. H. Khan, et G. Das. 2001. « Immunoprotective Efficacy of a Purified 39 KDa Nymphal Antigen of Hyalomma Anatolicum Anatolicum ». *Tropical Animal Health and Production* 33 (2): 103-16. <https://doi.org/10.1023/a:1005281429652>.
- Shepherd, A. J., P. A. Leman, et R. Swanepoel. 1989. « Viremia and Antibody Response of Small African and Laboratory Animals to Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Infection ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 40 (5): 541-47. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1989.40.541>.
- Shepherd, A. J., R. Swanepoel, S. P. Shepherd, P. A. Leman, et O. Mathee. 1991. « Viraemic Transmission of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus to Ticks ». *Epidemiology and Infection* 106 (2): 373-82. <https://doi.org/10.1017/s0950268800048524>.
- Sherifi, K, D Cadar, S Muji, A Robaj, S Ahmeti, X Jakupi, P Emmerich, et A Krüger. 2014. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Clades V and VI (Europe 1 and 2) in Ticks in Kosovo, 2012 ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 8 (9): e3168. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003168>.
- Shkap, V, K. Kocan, T. Molad, M. Mazuz, B. Leibovich, Y. Krigel, A. Michoytchenko, et al. 2009. « Experimental Transmission of Field Anaplasma Marginale and the A. Centrale Vaccine Strain by Hyalomma Excavatum, Rhipicephalus Sanguineus and Rhipicephalus (Boophilus) Annulatus Ticks ». *Veterinary Microbiology* 134 (3-4): 254-60. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2008.08.004>.
- Shrivastava, N, A Shrivastava, S M. Ninawe, S Sharma, J S. Kumar, S I Alam, A Kanani, S K Sharma, et P K Dash. 2019. « Development of Multispecies Recombinant Nucleoprotein-Based Indirect ELISA for High-Throughput Screening of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus-Specific Antibodies ». *Frontiers in Microbiology* 10: 1822. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01822>.
- Shyma, K. P., S Kumar, A K Sharma, D. D. Ray, et S. Ghosh. 2012. « Acaricide Resistance Status in Indian Isolates of Hyalomma Anatolicum ». *Experimental & Applied Acarology* 58 (4): 471-81. <https://doi.org/10.1007/s10493-012-9592-3>.
- Šimo, L, M Kazimirova, J Richardson, et S I. Bonnet. 2017. « The Essential Role of Tick Salivary Glands and Saliva in Tick Feeding and Pathogen Transmission ». *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 7 (juin): 281. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00281>.
- Singh, K. R., et P. N. Bhatt. 1968. « Transmission of Kyasanur Forest Disease Virus by Hyalomma Marginatum Isaaci ». *The Indian Journal of Medical Research* 56 (4): 610-13.
- Singh, N. K., I. S. Gelot, Jyoti, S. A. Bhat, Harkirat Singh, et Veer Singh. 2015. « Detection of acaricidal resistance in Hyalomma anatolicum anatolicum from Banaskantha district, Gujarat ». *Journal of Parasitic Diseases: Official Organ of the Indian Society for Parasitology* 39 (3): 563-66. <https://doi.org/10.1007/s12639-013-0397-z>.
- Singh, N Kumar, et S S Rath. 2013. « Epidemiology of Ixodid Ticks in Cattle Population of Various Agro-Climatic Zones of Punjab, India ». *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine* 6 (12): 947-51. [https://doi.org/10.1016/S1995-7645\(13\)60169-8](https://doi.org/10.1016/S1995-7645(13)60169-8).

- Siroký, P, T Bělohávek, I Papoušek, D Jandzik, P Mikulíček, M Kubelová, et L Zdražilová-Dubská. 2014. « Hidden Threat of Tortoise Ticks: High Prevalence of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Ticks *Hyalomma Aegyptium* in the Middle East ». *Parasites & Vectors* 7 (mars): 101. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-7-101>.
- Siroký, P, M Kamler, F L. Frye, P Fictum, et D Modrý. 2007. « Endogenous Development of *Hemolivia Mauritanica* (Apicomplexa: Adeleina: Haemogregarinidae) in the Marginated Tortoise *Testudo Marginata* (Reptilia: Testudinidae): Evidence from Experimental Infection ». *Folia Parasitologica* 54 (1): 13-18.
- Siroký, P, M Kamler, et D Modrý. 2005. « Prevalence of *Hemolivia Mauritanica* (Apicomplexa: Adeleina: Haemogregarinidae) in Natural Populations of Tortoises of the Genus *Testudo* in the East Mediterranean Region ». *Folia Parasitologica* 52 (4): 359-61. <https://doi.org/10.14411/fp.2005.049>.
- Siroký, P, M Kubelová, D Modrý, J Erhart, I Literák, E Spitalská, et E Kocianová. 2010. « Tortoise Tick *Hyalomma Aegyptium* as Long Term Carrier of Q Fever Agent *Coxiella Burnetii*--Evidence from Experimental Infection ». *Parasitology Research* 107 (6): 1515-20. <https://doi.org/10.1007/s00436-010-2037-1>.
- Siroký, P, K J. Petzelková, M Kamler, A D. Mihalca, et D Modrý. 2006. « *Hyalomma Aegyptium* as Dominant Tick in Tortoises of the Genus *Testudo* in Balkan Countries, with Notes on Its Host Preferences ». *Experimental & Applied Acarology* 40 (3-4): 279-90. <https://doi.org/10.1007/s10493-006-9036-z>.
- Sisman, A. 2013. « Epidemiologic Features and Risk Factors of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Samsun Province, Turkey ». *Journal of Epidemiology* 23 (2): 95-102. <https://doi.org/10.2188/jea.je20120097>.
- Slingenbergh, J. I., M. Gilbert, K. I. de Balogh, et W. Wint. 2004. « Ecological Sources of Zoonotic Diseases ». *Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics)* 23 (2): 467-84. <https://doi.org/10.20506/rst.23.2.1492>.
- Smirnova, S. E., A. S. Karavanov, IuV Zimina, et A. G. Sedova. 1991. « [The virus carriage of ticks, vectors of the causative agent of Crimean hemorrhagic fever ». *Meditinskaja parazitologija i parazitarnye bolezni*, n° 1 (janvier): 32-34.
- Smirnova, S. E., V. I. Mamaev, N. M. Nepesova, P. I. Filipenko, et V. Ia Kalieva. 1978. « [Study of the circulation of Crimean hemorrhagic fever virus in Turkmenistan] ». *Zhurnal Mikrobiologii, Epidemiologii I Immunobiologii*, n° 1 (janvier): 92-97.
- Solomon, G., et G. P. Kaaya. 1996. « Comparison of Resistance in Three Breeds of Cattle against African Ixodid Ticks ». *Experimental & Applied Acarology* 20 (4): 223-30. <https://doi.org/10.1007/BF00054514>.
- Sonenshine, D E., T Adams, S A. Allan, J McLaughlin, et F X. Webster. 2003. « Chemical Composition of Some Components of the Arrestment Pheromone of the Black-Legged Tick, *Ixodes Scapularis* (Acari: Ixodidae) and Their Use in Tick Control ». *Journal of Medical Entomology* 40 (6): 849-59. <https://doi.org/10.1603/0022-2585-40.6.849>.
- Song, R., Q. Wang, F. Guo, X. Liu, S. Song, C. Chen, C. Tu, H. Wureli, et Y. Wang. 2018. « Detection of *Babesia* Spp., *Theileria* Spp. and *Anaplasma Ovis* in Border Regions, Northwestern China ». *Transboundary and Emerging Diseases* 65 (6): 1537-44. <https://doi.org/10.1111/tbed.12894>.
- Sormunen, J J., T Klemola, et E J. Vesterinen. 2022. « Ticks (Acari: Ixodidae) Parasitizing Migrating and Local Breeding Birds in Finland ». *Experimental and Applied Acarology* 86 (1): 145-56. <https://doi.org/10.1007/s10493-021-00679-3>.

- Soubeyroux, S Bernus, L Corre, A Drouin, B Dubuisson, P Etchevers, V Gouget, P Josse, M Kerdoncuff, Ra Samacoits et F Tocqueret *et al.* 2020. « Les nouvelles projections climatiques de référence DRIAS-2020 pour la Métropole ». Rapport DRIAS 2020 *Météo France*, 98.
- Spengler, J R., É Bergeron, et P E. Rollin. 2016. « Seroepidemiological Studies of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Domestic and Wild Animals ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 10 (1): e0004210. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004210>.
- Spengler, J R., A Estrada-Peña, A R. Garrison, C Schmaljohn, C F. Spiropoulou, É Bergeron, et D A. Bente. 2016. « A Chronological Review of Experimental Infection Studies of the Role of Wild Animals and Livestock in the Maintenance and Transmission of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus ». *Antiviral Research* 135 (novembre): 31-47. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2016.09.013>.
- Spengler, J R., M. K Keating, A K. McElroy, M Zivcec, J D. Coleman-McCray, J R. Harmon, B C. Bollweg, *et al.* 2017. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Humanized Mice Reveals Glial Cells as Primary Targets of Neurological Infection ». *The Journal of Infectious Diseases* 216 (11): 1386-97. <https://doi.org/10.1093/infdis/jix215>.
- Spengler, J R., S R. Welch, F E. M. Scholte, J D. Coleman-McCray, J R. Harmon, S T. Nichol, É Bergeron, et C F. Spiropoulou. 2019. « Heterologous Protection against Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Mice after a Single Dose of Replicon Particle Vaccine ». *Antiviral Research* 170 (octobre): 104573. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2019.104573>.
- Spickett, A. M., D. De Klerk, C. B. Enslin, et M. M. Scholtz. 1989. « Resistance of Nguni, Bonsmara and Hereford Cattle to Ticks in a Bushveld Region of South Africa ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 56 (4): 245-50.
- Springer, A, Y A Shuaib, M H Isaa, M I-E Ezz-Eldin, A Y Osman, I A Yagoub, M A Abdalla, *et al.* 2020. « Tick Fauna and Associated Rickettsia, Theileria, and Babesia Spp. in Domestic Animals in Sudan (North Kordofan and Kassala States). » *Microorganisms* 8 (12): E1969. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8121969>.
- Sran, H. S., A. S. Grewal, et J. K. Kondal. 1996. « Enhanced Immunity to Hyalomma Anatolicum Anatolicum Ticks in Cross-Bred (Bos Indicus x Bos Taurus) Calves Using Ascaris Extract Immunomodulator with the Tick Salivary Gland Extract Antigens ». *Veterinary Immunology and Immunopathology (Netherlands)*.
- Srivastava, P.S., et N.N. Sharma. 1976. « Effects of 60Co Irradiation on Unfed Adults and Engorged Females of the Tick Hyalomma Anatolicum ». *International Journal of Radiation Biology and Related Studies in Physics, Chemistry and Medicine* 29 (3): 241-48. <https://doi.org/10.1080/09553007614550271>.
- Stachurski, F., et H. Adakal. 2010. « Exploiting the heterogeneous drop-off rhythm of Amblyomma variegatum nymphs to reduce pasture infestation by adult ticks ». *Parasitology* 137 (7): 1129-37. <https://doi.org/10.1017/S0031182009992071>.
- Stachurski, F., E. N. Musonge, M. D. Achu-kwi, et J. T. Saliki. 1993. « Impact of Natural Infestation of Amblyomma Variegatum on the Liveweight Gain of Male Gudali Cattle in Adamawa (Cameroon) ». *Veterinary Parasitology* 49 (2): 299-311. [https://doi.org/10.1016/0304-4017\(93\)90128-A](https://doi.org/10.1016/0304-4017(93)90128-A).
- Stachurski, F. 1993. « Variability of Cattle Infestation by Amblyomma Variegatum and Its Possible Utilisation for Tick Control ». *Revue d'Elevage et de Médecine Vétérinaire Des Pays Tropicaux*. <https://agritrop.cirad.fr/398651/>.
- Stachurski, F, et L Vial. 2018. « Installation de la tique Hyalomma marginatum, vectrice du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo, en France continentale ». *Bulletin Epidémiologique*. <https://agritrop.cirad.fr/589517/>.

- Stachurski, F, S Zoungrana, et M Konkobo. 2010. « Moulting and Survival of *Amblyomma Variegatum* (Acari: Ixodidae) Nymphs in Quasi-Natural Conditions in Burkina Faso; Tick Predators as an Important Limiting Factor ». *Experimental and Applied Acarology* 52 (4): 363-76. <https://doi.org/10.1007/s10493-010-9370-z>.
- Stafford, K. C., M. L. Cartter, L. A. Magnarelli, S. H. Ertel, et P. A. Mshar. 1998. « Temporal Correlations between Tick Abundance and Prevalence of Ticks Infected with *Borrelia burgdorferi* and Increasing Incidence of Lyme Disease ». *Journal of Clinical Microbiology* 36 (5): 1240-44. <https://doi.org/10.1128/JCM.36.5.1240-1244.1998>.
- « State of the World's Birds 2022 ». 2022. BirdLife International. 27 septembre 2022. <https://www.birdlife.org/papers-reports/state-of-the-worlds-birds-2022/>.
- Stuen, S. 2020. « Haemoparasites—Challenging and Wasting Infections in Small Ruminants: A Review ». *Animals: an Open Access Journal from MDPI* 10 (11): 2179. <https://doi.org/10.3390/ani10112179>.
- Stutterheim, I. M., J. D. Bezuidenhout, et E. G. Elliott. 1988. « Comparative Feeding Behaviour and Food Preferences of Oxpeckers (*Buphagus Erythrorhynchus* and *B. Africanus*) in Captivity ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 55 (3): 173-79.
- Suleiman, E, M Shigidi, et S Hussan. 2013. « Activity of *Scopulariopsis Brevicaulis* on *Hyalomma Anatolicum* and *Amblyomma Lepidum* (Acari: Ixodidae) ». *J Med Sci* 13: 667-75. <https://doi.org/10.3923/jms.2013.667.675>.
- Suleiman, E, M.T. Shigidi, et S Hassan. 2013. « *Metarhizium anisopliae* as a Biological Control Agent Against *Hyalomma anatolicum* (Acari: Ixodidae) ». *Pakistan journal of biological sciences: PJBS* 16 (décembre): 1943-49. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2013.1943.1949>.
- Sultana Loporto, L, G Morganti, I Moretta, et P J. Schembri. 2018. « A first record of the tortoise tick, *Hyalomma aegyptium* (Linnaeus 1758) on Malta ». *International Journal of Acarology* 44 (1): 49-51. <https://doi.org/10.1080/01647954.2017.1404641>.
- Sun, M, Q Ren, G Guan, Z Liu, M Ma, H Gou, Z Chen, et al. 2011. « Virulence of *Beauveria Bassiana*, *Metarhizium Anisopliae* and *Paecilomyces Lilacinus* to the Engorged Female *Hyalomma Anatolicum* (Acari: Ixodidae) ». *Veterinary Parasitology* 180 (3): 389-93. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2011.03.027>.
- Sun, M, Q Ren, Z Liu, G Guan, H Gou, M Ma, Y Li, et al. 2011. « *Beauveria Bassiana*: Synergistic Effect with Acaricides against the Tick *Hyalomma Anatolicum* (Acari: Ixodidae) ». *Experimental Parasitology* 128 (3): 192-95. <https://doi.org/10.1016/j.exppara.2011.03.012>.
- Sun, M, J Wang, Z Liu, G Guan, Y Li, J Liu, J Xu, H Yin, et J Luo. 2019. « First Molecular Evidence of *Babesia Occultans* and *Theileria Separata* Infection in Ticks and Sheep in China ». *Experimental and Applied Acarology* 78 (2): 223-29. <https://doi.org/10.1007/s10493-019-00369-1>.
- Sun, S, X Dai, M Aishan, X Wang, W Meng, C Feng, F Zhang, C Hang, Z Hu, et Y Zhang. 2009. « Epidemiology and Phylogenetic Analysis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Viruses in Xinjiang, China ». *Journal of Clinical Microbiology* 47 (8): 2536-43. <https://doi.org/10.1128/JCM.00265-09>.
- Suschak, J J., J W. Golden, C J. Fitzpatrick, C J. Shoemaker, C V. Badger, C S. Schmaljohn, et Aura R. Garrison. 2021. « A CCHFV DNA Vaccine Protects against Heterologous Challenge and Establishes GP38 as Immunorelevant in Mice ». *Npj Vaccines* 6 (1): 1-11. <https://doi.org/10.1038/s41541-021-00293-9>.
- Swanepoel, R., D. E. Gill, A. J. Shepherd, P. A. Leman, J. H. Mynhardt, et S. Harvey. 1989. « The Clinical Pathology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Reviews of Infectious Diseases* 11 Suppl 4 (juin): S794-800. https://doi.org/10.1093/clinids/11.supplement_4.s794.

- Swanepoel, R., P. A. Leman, F. J. Burt, J. Jardine, D. J. Verwoerd, I. Capua, G. K. Brückner, et W. P. Burger. 1998. « Experimental Infection of Ostriches with Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus ». *Epidemiology and Infection* 121 (2): 427-32. <https://doi.org/10.1017/s0950268898001344>.
- Swanepoel, R., J.K. Struthers, A.J. Shepherd, G.M. McGillivray, M.J. Nel, et P.G. Jupp. 1983. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in South Africa ». *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 32 (6): 1407-15. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1983.32.1407>.
- Szigeti, A, Z Kreizinger, S Hornok, G Abichu, et M Gyuranecz. 2014. « Detection of Francisella-like Endosymbiont in Hyalomma Rufipes from Ethiopia ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 5 (6): 818-20. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.06.002>.
- Taha, Khalid M., et A. M. Elhussein. 2010. « Experimental Transmission of Theileria Lestoquardi by Developmental Stages of Hyalomma Anatolicum Ticks ». *Parasitology Research* 107 (4): 1009-12. <https://doi.org/10.1007/s00436-010-1968-x>.
- Taha, K M., D A. Salih, B M. Ahmed, K A. Enan, A M. Ali, et A M. ElHusseini. 2011. « First Confirmed Report of Outbreak of Malignant Ovine Theileriosis among Goats in Sudan ». *Parasitology Research* 109 (6): 1525-27. <https://doi.org/10.1007/s00436-011-2428-y>.
- Tajeri, S, G Razmi, et A Haghparast. 2016. « Establishment of an Artificial Tick Feeding System to Study Theileria Lestoquardi Infection ». *PLOS ONE* 11 (12): e0169053. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0169053>.
- Takano, A, K Goka, Y Une, Y Shimada, H Fujita, T Shiino, H Watanabe, et H Kawabata. 2010. « Isolation and Characterization of a Novel Borrelia Group of Tick-Borne Borreliae from Imported Reptiles and Their Associated Ticks ». *Environmental Microbiology* 12 (1): 134-46. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2009.02054.x>.
- Tanaka, S., M. Mikhailov, et P. Roy. 1995. « Synthesis of Bluetongue Virus Chimeric VP3 Molecules and Their Interactions with VP7 Protein to Assemble into Virus Core-like Particles ». *Virology* 214 (2): 593-601. <https://doi.org/10.1006/viro.1995.0070>.
- Taylor, K G., et S Paessler. 2013. « Pathogenesis of Venezuelan Equine Encephalitis ». *Veterinary Microbiology* 167 (1-2): 145-50. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2013.07.012>.
- Tekin, S, A Bursali, N Mutluay, A Keskin, et E Dundar. 2012. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Various Ixodid Tick Species from a Highly Endemic Area ». *Veterinary Parasitology* 186 (3-4): 546-52. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2011.11.010>.
- Telmadarraiy, Z, S Chinikar, H Vatandoost, F Faghihi, et A Hosseini-Chegeni. 2015. « Vectors of Crimean Congo Hemorrhagic Fever Virus in Iran ». *Journal of Arthropod-Borne Diseases* 9 (2): 137-47.
- Temocin, F, H Köse, T Sarı, F Duygu, et R O Şahin. 2018. « Seroprevalence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever among Health Care Workers in a Hospital in an Endemic Region of Turkey ». *Journal of Infection in Developing Countries* 12 (7): 587-91. <https://doi.org/10.3855/jidc.9816>.
- Temur, A Irfan, J H. Kuhn, D B. Pecor, D A. Apanaskevich, et M Keshtkar-Jahromi. 2021. « Epidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) in Africa—Underestimated for Decades ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 104 (6): 1978-90. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.20-1413>.
- Teshale, S, B Kumsa, M L Menandro, R Cassini, et M Martini. 2016. « Anaplasma, Ehrlichia and Rickettsial Pathogens in Ixodid Ticks Infesting Cattle and Sheep in Western Oromia, Ethiopia ». *Experimental & Applied Acarology* 70 (2): 231-37. <https://doi.org/10.1007/s10493-016-0067-9>.

- Tezer, H, I Ayranci Sucakli, T R Sayli, E Celikel, I Yakut, A Kara, B Tunc, et O Ergonul. 2010. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Children ». *Journal of Clinical Virology: The Official Publication of the Pan American Society for Clinical Virology* 48 (3): 184-86. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2010.04.001>.
- Tiar, G., M. Tiar-Saadi, S. Benyacoub, R. Rouag, et P. Široký. 2016. « The Dependence of Hyalomma Aegyptium on Its Tortoise Host Testudo Graeca in Algeria ». *Medical and Veterinary Entomology* 30 (3): 351-59. <https://doi.org/10.1111/mve.12175>.
- Tirosh-Levy, S, Y Gottlieb, D A. Apanaskevich, K Y. Mumcuoglu, et A Steinman. 2018. « Species distribution and seasonal dynamics of equine tick infestation in two Mediterranean climate niches in Israel ». *Parasites & Vectors* 11 (1): 546. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-3093-0>.
- Tirosh-Levy, S, Y Gottlieb, L M. Fry, D P. Knowles, et A Steinman. 2020. « Twenty Years of Equine Piroplasmiasis Research: Global Distribution, Molecular Diagnosis, and Phylogeny ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 9 (11): 926. <https://doi.org/10.3390/pathogens9110926>.
- Tol, S. van, et G. Dimopoulos. 2016. « Chapter Nine - Influences of the Mosquito Microbiota on Vector Competence ». In *Advances in Insect Physiology*, édité par Alexander S. Raikhel, 51:243-91. Progress in Mosquito Research. Academic Press. <https://doi.org/10.1016/bs.aip.2016.04.006>.
- Toledo, A, A. S Olmeda, R Escudero, I Jado, F Valcárcel, M A. Casado-Nistal, M Rodríguez-Vargas, Gil, et Anda. 2009. « Tick-Borne Zoonotic Bacteria in Ticks Collected from Central Spain ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 81 (1): 67-74.
- Toma, L., E. Mancuso, S. G. d'Alessio, M. Menegon, F. Spina, I. Pascucci, F. Monaco, M. Goffredo, et M. Di Luca. 2021. « Tick Species from Africa by Migratory Birds: A 3-Year Study in Italy ». *Experimental & Applied Acarology* 83 (1): 147-64. <https://doi.org/10.1007/s10493-020-00573-4>.
- Toma, L, M Di Luca, F Mancini, F Severini, C Mariano, G Nicolai, V Laghezza Masci, A Ciervo, A M Fausto, et S M Cacciò. 2017. « Molecular Characterization of Babesia and Theileria Species in Ticks Collected in the Outskirt of Monte Romano, Lazio Region, Central Italy ». *Annali Dell'Istituto Superiore Di Sanita* 53 (1): 30-34. https://doi.org/10.4415/ANN_17_01_07.
- Toma, L, F Mancini, M Di Luca, J G. Cecere, R Bianchi, C Khoury, E Quarchioni, F Manzia, G Rezza, et Ciervo. 2014. « Detection of Microbial Agents in Ticks Collected from Migratory Birds in Central Italy ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 14 (3): 199-205. <https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1458>.
- Tomassone, L., E. Grego, D. Auricchio, A. Iori, F. Giannini, et L. Rambozzi. 2013. « Lyme Borreliosis Spirochetes and Spotted Fever Group Rickettsiae in Ixodid Ticks from Pianosa Island, Tuscany Archipelago, Italy ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 13 (2): 84-91. <https://doi.org/10.1089/vbz.2012.1046>.
- Torina, A, C Khoury, S Caracappa, et M Maroli. 2006. « Ticks Infesting Livestock on Farms in Western Sicily, Italy ». *Experimental & Applied Acarology* 38 (1): 75-86. <https://doi.org/10.1007/s10493-005-5629-1>.
- Tosoni, A, A Mirijello, A Ciervo, F Mancini, G Rezza, F D, R C, A Gasbarrini, et G Addolorato. 2016. « Human Rickettsia aeschlimannii infection in Italy: a case with liver involvement and very high transaminases levels ». *European review for medical and pharmacological sciences* 20 (juin): 2630-33.
- Tovornik, D. 1990. « The Significance of the Birds (Aves) as the Hosts and Disseminators of Ixodid Ticks (Yugoslavia). » *Biološki Vestnik* 38 (2): 77-108. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/19920510620>.

- Tuncer, P, K Yesilbag, G Alpay, E Dincer, A. O Girisgin, L Aydin, Y Uyar, et A Ozkul. 2014. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Infection in Domestic Animals in Marmara Region, Western Turkey ». *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi* 61 (1): 49-53. https://doi.org/10.1501/Vetfak_0000002604.
- Tuygun, N, G Tanir, D Yagci Caglayik, Y Uyar, G Korukluoglu, et F Cenesiz. 2012. « Pediatric Cases of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Turkey ». *Pediatrics International: Official Journal of the Japan Pediatric Society* 54 (3): 402-6. <https://doi.org/10.1111/j.1442-200X.2011.03549.x>.
- Ub, Dr Greeshma Rao, et Dr BW Narladkar. 2018. « Role of Entomopathogenic Fungi in Tick Control: A Review ». *Journal of Entomology and Zoology Studies* 6 (1): 1265-69. <https://www.entomoljournal.com/archives/?year=2018&vol=6&issue=1&ArticleId=3097>.
- Uel-H, Mustafa, F. Jongejan, et S. P. Morzaria. 1983. « Note on the Transmission of Theileria Annulata by Hyalomma Ticks in the Sudan ». *The Veterinary Quarterly* 5 (3): 112-13. <https://doi.org/10.1080/01652176.1983.9693883>.
- Uilenberg, G. 1964. « Notes sur les hématozoaires et tiques des animaux domestiques à Madagascar ». *Revue d'Elevage et de Médecine Vétérinaire des Pays Tropicaux*. <https://agritrop.cirad.fr/433747/>.
- Uilenberg, G. 2006. « Babesia--a Historical Overview ». *Veterinary Parasitology* 138 (1-2): 3-10. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2006.01.035>.
- Uilenberg, G, H Hoogstraal, et J-M Klein. 1979. « Les Tiques (Ixodoidea) De Madagascar Et Leur Role Vecteur (Ticks of Madagascar in Their Roles as Vectors) ». *Arch Inst Pasteur Madagascar*, janvier, 154.
- Uiterwijk, M, A Ibáñez-Justicia, B van de Vossenbergh, F Jacobs, P Overgaauw, R Nijse, C Dabekaussen, A Stroo, et H Sprong. 2021. « Imported Hyalomma ticks in the Netherlands 2018–2020 ». *Parasites & Vectors* 14 (1): 244. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-04738-x>.
- Umair, M, A Khurshid, M Masroor Alam, R Akhtar, M Salman, et A Ikram. 2020. « Genetic Diversity and Phylogenetic Analysis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Viruses Circulating in Pakistan during 2019 ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 14 (6): e0008238. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008238>.
- Vakalova, E. V., A. M. Butenko, T. V. Vishnevskaya, T. E. Dorofeeva, A. K. Gitelman, L. N. Kulikova, D. K. Lvov, et S. V. Alkhovsky. 2019. « [Results of investigation of ticks in Volga river delta (Astrakhan region, 2017) for Crimean-Congo hemorrhagic fever virus (Nairoviridae, Orthonairovirus, CCHFV) and other tick-borne arboviruses.] ». *Voprosy Virusologii* 64 (5): 221-28. <https://doi.org/10.36233/0507-4088-2019-64-5-221-228>.
- Valcárcel, F., J. González, J. M. Tercero, et A. S. Olmeda. 2016. « Long Term Study of Ixodid Ticks Feeding on Red Deer (Cervus Elaphus) in a Meso-Mediterranean Climate ». *Experimental & Applied Acarology* 69 (1): 61-72. <https://doi.org/10.1007/s10493-015-0008-z>.
- Valcárcel, F, J González, M G. González, M Sánchez, J M Tercero, L Elhachimi, J D. Carbonell, et A. S Olmeda. 2020. « Comparative Ecology of Hyalomma Lusitanicum and Hyalomma Marginatum Koch, 1844 (Acarina: Ixodidae) ». *Insects* 11 (5): 303. <https://doi.org/10.3390/insects11050303>.
- Valcarcel, F, J González, J. Tercero, et A Olmeda. 2017. « The effect of excluding ungulates on the abundance of ixodid ticks on wild rabbit (Oryctolagus cuniculus) ». *Experimental and Applied Acarology* 72 (août): 1-9. <https://doi.org/10.1007/s10493-017-0166-2>.
- Valcarcel, F, J L Pérez Sanchez, J Tercero, P Basco, S Cota, M Cutuli, R Martín-Hernández, et A Olmeda. 2014. « Control of Host-seeking Adults of Hyalomma lusitanicum with Oxalic Acid under Field Conditions ». *International Journal of Veterinary Medicine: Research & Reports* 2014 (janvier): 1-9. <https://doi.org/10.5171/2014.871622>.

- Van Der Merwe, J. S., F. J. Smit, A. M. Durand, L. P. Krüger, et L. M. Michael. 2005. « Acaricide Efficiency of Amitraz/Cypermethrin and Abamectin Pour-on Preparations in Game ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 72 (4): 309-14. <https://doi.org/10.4102/ojvr.v72i4.187>.
- Vashakidze, E., et I. Mikadze. 2015. « Epidemiology, clinical and laboratory features of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Georgia ». *Georgian Medical News*, n° 247 (octobre): 54-58.
- Vassilenko, S. M., T. L. Vassilev, L. G. Bozadjiev, I. L. Bineva, et G. Z. Kazarov. 1990. « Specific Intravenous Immunoglobulin for Crimean-Congo Haemorrhagic Fever ». *Lancet (London, England)* 335 (8692): 791-92. [https://doi.org/10.1016/0140-6736\(90\)90906-l](https://doi.org/10.1016/0140-6736(90)90906-l).
- Vatansever, Z. 2017. « Hyalomma Excavatum Koch, 1844 (Figs. 161–163) ». In *Ticks of Europe and North Africa: A Guide to Species Identification*, édité par Agustín Estrada-Peña, Andrei Daniel Mihalca, et Trevor N. Petney, 397-401. Cham: Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-63760-0_75.
- Vatansever, Zati. 2017. « Hyalomma scupense Schulze, 1919 (Figs. 152–154) ». In , 377-81. https://doi.org/10.1007/978-3-319-63760-0_71.
- Vatansever, Zati, Ramazan Uzun DVM, Agustin Estrada-Pena, et Onder Ergonul. 2007. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Turkey ». In *Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: A Global Perspective*, édité par Onder Ergonul et Chris A. Whitehouse, 59-74. Dordrecht: Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_6.
- Vial, L, F Stachurski, A Leblond, K Huber, G Vourc'h, M René-Martellet, I Desjardins, et al. 2016. « Strong Evidence for the Presence of the Tick Hyalomma Marginatum Koch, 1844 in Southern Continental France ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 7 (6): 1162-67. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2016.08.002>.
- Villinger, J, M K. Mbaya, D Ouso, P N. Kipanga, J Lutomiah, et D K. Masiga. 2017. « Arbovirus and Insect-Specific Virus Discovery in Kenya by Novel Six Genera Multiplex High-Resolution Melting Analysis ». *Molecular Ecology Resources* 17 (3): 466-80. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12584>.
- Viseras, J., L. E. Hueli, F. J. Adroher, et P. García-Fernández. 1999. « Studies on the Transmission of Theileria Annulata to Cattle by the Tick Hyalomma Lusitanicum ». *Journal of Veterinary Medicine, Series B* 46 (8): 505-9. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0450.1999.tb01242.x>.
- Vos, S. de, L. Zeinstra, O. Taoufik, P. Willadsen, et F. Jongejan. 2001. « Evidence for the Utility of the Bm86 Antigen from Boophilus Microplus in Vaccination against Other Tick Species ». *Experimental & Applied Acarology* 25 (3): 245-61. <https://doi.org/10.1023/a:1010609007009>.
- Vreede, F. T., et H. Huismans. 1994. « Cloning, Characterization and Expression of the Gene That Encodes the Major Neutralization-Specific Antigen of African Horsesickness Virus Serotype 3 ». *Journal of General Virology* 75 (12): 3629-33. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-75-12-3629>.
- Walker, A. R. 2003. *Ticks of Domestic Animals in Africa: A Guide to Identification of Species*. Vol. International Consortium on Ticks and Tick-borne Diseases. Edinburgh: Bioscience Reports.
- Wallménius, K, C Barboutis, T Fransson, T G. T. Jaenson, P-E Lindgren, F Nyström, B Olsen, E Salaneck, et K Nilsson. 2014. « Spotted Fever Rickettsia Species in Hyalomma and Ixodes Ticks Infesting Migratory Birds in the European Mediterranean Area ». *Parasites & Vectors* 7 (juillet): 318. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-7-318>.
- Walter, G., A. Liebisch, et G. Vauk. 1979. « Untersuchungen zur Biologie und Verbreitung von Zecken (Ixodoidea, Ixodidae) in Norddeutschland. II. Zecken der Zugvogel auf der Insel Helgoland ». *Zeitschrift für angewandte Zoologie*.

- Walton, T E., O Alvarez Jr., R M. Buckwalter, et K M. Johnson. 1973. « Experimental Infection of Horses with Enzootic and Epizootic Strains of Venezuelan Equine Encephalomyelitis Virus ». *The Journal of Infectious Diseases* 128 (3): 271-82. <https://doi.org/10.1093/infdis/128.3.271>.
- Wang, W, X Liu, X Wang, H Dong, C Ma, J Wang, B Liu, *et al.* 2015. « Structural and Functional Diversity of Nairovirus-Encoded Nucleoproteins ». *Journal of Virology* 89 (23): 11740-49. <https://doi.org/10.1128/JVI.01680-15>.
- Weidmann, M, A A. Sall, JC Manuguerra, L Koivogui, A Adjami, F F Traoré, K-O Hedlund, G Lindegren, et A Mirazimi. 2011. « Quantitative analysis of particles, genomes and infectious particles in supernatants of haemorrhagic fever virus cell cultures ». *Virology Journal* 8 (1): 81. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-8-81>.
- Welch, S R., F E. M. Scholte, J R. Spengler, J M. Ritter, J D. Coleman-McCray, J R. Harmon, S T. Nichol, Sherif R. Zaki, C F. Spiropoulou, et E Bergeron. 2020. « The Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus NSm Protein Is Dispensable for Growth In Vitro and Disease in Ifnar-/- Mice ». *Microorganisms* 8 (5): E775. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8050775>.
- White, J., D. J. A. Heylen, et E. Matthysen. 2012. « Adaptive timing of detachment in a tick parasitizing hole-nesting birds ». *Parasitology* 139 (2): 264-70. <https://doi.org/10.1017/S0031182011001806>.
- Whitehouse, C A. 2004. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». *Antiviral Research* 64 (3): 145-60. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2004.08.001>.
- Wilkinson, P. R. 1957. « The Spelling of Pasture in Cattle Tick Control ». *Australian Journal of Agricultural Research* 8 (4): 414-23. <https://doi.org/10.1071/ar9570414>.
- Wilkinson, P. R. 1970. « Factors Affecting the Distribution and Abundance of the Aattle Tick in Australia. Observations and Hypotheses ». *Acarologia* 12 (3): 492-508.
- Willadsen, P., P. Bird, G. S. Cobon, et J. Hungerford. 1995. « Commercialisation of a Recombinant Vaccine against Boophilus Microplus ». *Parasitology* 110 Suppl: S43-50. <https://doi.org/10.1017/s0031182000001487>.
- Williams, R. J., S. Al-Busaidy, F. R. Mehta, G. O. Maupin, K. D. Wagoner, S. Al-Awaidy, A. J. Suleiman, A. S. Khan, C. J. Peters, et T. G. Ksiazek. 2000. « Crimean-Congo Haemorrhagic Fever: A Seroepidemiological and Tick Survey in the Sultanate of Oman ». *Tropical Medicine & International Health: TM & IH* 5 (2): 99-106. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3156.2000.00524.x>.
- Wilson, M. L., J. P. Gonzalez, J. P. Cornet, et J. L. Camicas. 1991. « Transmission of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus from Experimentally Infected Sheep to Hyalomma Truncatum Ticks ». *Research in Virology* 142 (5): 395-404. [https://doi.org/10.1016/0923-2516\(91\)90007-p](https://doi.org/10.1016/0923-2516(91)90007-p).
- Wilson, M.L., J.-P. Gonzalez, B. LeGuénno, J.-P. Cornet, M. Guillaud, M.-A. Calvo, J.-P. Digoutte, et J.-L. Camicas. 1990. « Epidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Senegal: Temporal and Spatial Patterns ». *Archives of Virology, Supplement*, n° 1: 323-40. https://doi.org/10.1007/978-3-7091-9091-3_35.
- Wölfel, R, Janusz T. Paweska, N Petersen, A A. Grobbelaar, P A. Leman, R Hewson, M Georges-Courbot, A Papa, S Günther, et C Drosten. 2007. « Virus Detection and Monitoring of Viral Load in Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Patients ». *Emerging Infectious Diseases* 13 (7): 1097-1100. <https://doi.org/10.3201/eid1307.070068>.
- Wood, O L., M I. Moussa, H Hoogstraal, et W Büttiker. 1982. « Kadam Virus (Togaviridae, Flavivirus) Infecting Camel-Parasitizing Hyalomma Dromedarii Ticks (Acari: Ixodidae) in Saudi Arabia12 ». *Journal of Medical Entomology* 19 (2): 207-8. <https://doi.org/10.1093/jmedent/19.2.207>.

- Woolhouse, M E.J., et S Gowtage-Sequeria. 2005. « Host Range and Emerging and Reemerging Pathogens ». *Emerging Infectious Diseases* 11 (12): 1842-47. <https://doi.org/10.3201/eid1112.050997>.
- Xia, H, A S. Beck, A Gargili, N Forrester, A D. T. Barrett, et D A. Bente. 2016. « Transstadial Transmission and Long-Term Association of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Ticks Shapes Genome Plasticity ». *Scientific Reports* 6 (1): 35819. <https://doi.org/10.1038/srep35819>.
- Xiao, X, Y Feng, Z Zhu, et D S. Dimitrov. 2011. « Identification of a Putative Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Entry Factor ». *Biochemical and Biophysical Research Communications* 411 (2): 253-58. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2011.06.109>.
- Yabsley, M J., et B C. Shock. 2013. « Natural History of Zoonotic Babesia: Role of Wildlife Reservoirs ». *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife* 2 (décembre): 18-31. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2012.11.003>.
- Yadav, P D., S L. M. Whitmer, P Sarkale, T Fei Fan Ng, C S. Goldsmith, D A. Nyayanit, M D. Esona, et al. 2019. « Characterization of Novel Reoviruses Wad Medani Virus (Orbivirus) and Kundal Virus (Coltivirus) Collected from Hyalomma Anatolicum Ticks in India during Surveillance for Crimean Congo Hemorrhagic Fever ». *Journal of Virology* 93 (13): e00106-19. <https://doi.org/10.1128/JVI.00106-19>.
- Yagci-Caglayik, D, B Kayaaslan, D Yapar, A Kocagul-Celikbas, A Ozkaya-Parlakay, M Emek, N Baykam, H Tezer, G Korukluoglu, et A Ozkul. 2020. « Monitoring Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus RNA Shedding in Body Secretions and Serological Status in Hospitalised Patients, Turkey, 2015 ». *Eurosurveillance* 25 (10): 1900284. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.10.1900284>.
- Yagci-Caglayik, D, G Korukluoglu, et Y Uyar. 2014. « Seroprevalence and Risk Factors of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Selected Seven Provinces in Turkey ». *Journal of Medical Virology* 86 (2): 306-14. <https://doi.org/10.1002/jmv.23699>.
- Yaghfoori, S, M Mohri, et G Razmi. 2017. « Experimental Theileria Lestoquardi Infection in Sheep: Biochemical and Hematological Changes ». *Acta Tropica* 173 (septembre): 55-61. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2017.05.029>.
- Yang, Y, J Tong, H Ruan, M Yang, C Sang, G Liu, W Hazihan, et al. 2021. « Genetic Diversity of Hard Ticks (Acari: Ixodidae) in the South and East Regions of Kazakhstan and Northwestern China ». *The Korean Journal of Parasitology* 59 (1): 103-8. <https://doi.org/10.3347/kjp.2021.59.1.103>.
- Yashina, L, I Petrova, S Seregin, O Vyshemirskii, D Lvov, V Aristova, J Kuhn, et al. 2003. « Genetic Variability of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus in Russia and Central Asia ». *The Journal of General Virology* 84 (Pt 5): 1199-1206. <https://doi.org/10.1099/vir.0.18805-0>.
- Yesilbag, K, Levent A, Er Dincer, Gizem Alpay, A. Onur Girisgin, Pelin Tuncer, et Aykut Ozkul. 2013. « Tick Survey and Detection of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Tick Species from a Non-Endemic Area, South Marmara Region, Turkey ». *Experimental and Applied Acarology* 60 (2): 253-61. <https://doi.org/10.1007/s10493-012-9642-x>.
- Yessinou, R E, Mertens-Scholz K, Neubauer H, et S Farougou. 2022. « Prevalence of Coxiella-Infections in Ticks - Review and Meta-Analysis ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 13 (3): 101926. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.101926>.
- Yilmaz, G R, T Buzgan, H Irmak, A Safran, R Uzun, M A Cevik, et M A Torunoglu. 2009. « The Epidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Turkey, 2002-2007 ». *International Journal of Infectious Diseases: IJID: Official Publication of the International Society for Infectious Diseases* 13 (3): 380-86. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2008.07.021>.
- Yousfi-Monod, R., et A. Aeschlimann. 1986. « Recherches sur les tiques (Acarina, Ixodidae), Parasites de Bovidés dans l'Ouest algérien - I — Inventaire systématique et dynamique saisonnière ».

- Annales de Parasitologie Humaine et Comparée* 61 (3): 341-58.
<https://doi.org/10.1051/parasite/1986613341>.
- Youssef, S Y, S Yasien, W M A Mousa, S M Nasr, E A M El-Kelesh, K M Mahran, et A H Abd-El-Rahman. 2015. « Vector Identification and Clinical, Hematological, Biochemical, and Parasitological Characteristics of Camel (*Camelus Dromedarius*) Theileriosis in Egypt ». *Tropical Animal Health and Production* 47 (4): 649-56. <https://doi.org/10.1007/s11250-015-0771-1>.
- Yssouf, A, E Lagadec, A Bakari, C Foray, F Stachurski, E Cardinale, O Plantard, et P Tortosa. 2011. « Colonization of Grande Comore Island by a lineage of *Rhipicephalus appendiculatus* ticks ». *Parasites & Vectors* 4 (1): 38. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-4-38>.
- Yu, K. F., et K. P. Pauls. 1993. « Segregation of random amplified polymorphic DNA markers and strategies for molecular mapping in tetraploid alfalfa ». *Genome* 36 (5): 844-51. <https://doi.org/10.1139/g93-112>.
- Yu, P., Z. Liu, Q. Niu, J. Yang, M. O. Abdallah, Z. Chen, G. Liu, J. Luo, et H. Yin. 2017. « Molecular Evidence of Tick-Borne Pathogens in *Hyalomma Anatolicum* Ticks Infesting Cattle in Xinjiang Uygur Autonomous Region, Northwestern China ». *Experimental & Applied Acarology* 73 (2): 269-81. <https://doi.org/10.1007/s10493-017-0162-6>.
- Yurchenko, Oksana O., Dmytro O. Dubina, Nataliya O. Vynograd, et Jean-Paul Gonzalez. 2017. « Partial Characterization of Tick-Borne Encephalitis Virus Isolates from Ticks of Southern Ukraine ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 17 (8): 550-57. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.2094>.
- Zapf, E., et E. Schein. 2004. « New findings in the development of *Babesia* (*Theileria*) *equi* (Laveran, 1901) in the salivary glands of the vector ticks, *Hyalomma* species ». *Parasitology Research*. <https://doi.org/10.1007/BF00933000>.
- Zapf, F., et E. Schein. 1994. « The Development of *Babesia* (*Theileria*) *Equi* (Laveran, 1901) in the Gut and the Haemolymph of the Vector Ticks, *Hyalomma* Species ». *Parasitology Research* 80 (4): 297-302. <https://doi.org/10.1007/BF02351869>.
- Zeb, J., S. Szekeres, N. Takács, J. Kontschán, S. Shams, S. Ayaz, et S. Hornok. 2019. « Genetic Diversity, Piroplasms and Trypanosomes in *Rhipicephalus Microplus* and *Hyalomma Anatolicum* Collected from Cattle in Northern Pakistan ». *Experimental & Applied Acarology* 79 (2): 233-43. <https://doi.org/10.1007/s10493-019-00418-9>.
- Zehender, G., E. Ebranati, R. Shkjezi, A. Papa, C. Luzzago, E. Gabanelli, A. Lo Presti, et al. 2013. « Bayesian Phylogeography of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Europe ». *PLoS ONE* 8 (11): e79663. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0079663>.
- Zeller, H. G., J. P. Cornet, et J. L. Camicas. 1994a. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Infection in Birds: Field Investigations in Senegal ». *Research in Virology* 145 (janvier): 105-9. [https://doi.org/10.1016/S0923-2516\(07\)80012-4](https://doi.org/10.1016/S0923-2516(07)80012-4).
- Zeller, H. G. 1994b. « Experimental Transmission of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus by West African Wild Ground-Feeding Birds to *Hyalomma Marginatum Rufipes* Ticks ». *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 50 (6): 676-81. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1994.50.676>.
- Zeller, H. G., J. P. Cornet, A. Diop, et J. L. Camicas. 1997. « Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Ticks (*Acari: Ixodidae*) and Ruminants: Field Observations of an Epizootic in Bandia, Senegal (1989-1992) ». *Journal of Medical Entomology* 34 (5): 511-16. <https://doi.org/10.1093/jmedent/34.5.511>.
- Zeller, H.G. 2007. « Laboratory Diagnosis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever ». In *Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: A Global Perspective*, édité par Onder Ergonul et Chris A. Whitehouse, 233-43. Dordrecht: Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_18.

- Zgurskaya, G. N., V Berezin, S Smirnova, et M Chumakov. 1971. « Investigation of the question of Crimean hemorrhagic fever virus transmission and interepidemic survival in the tick *Hyalomma plumbeum plumbeum* Panzer ». In *Viral Hemorrhagic Fevers, Crime Hemorrhagic Fever, Omsk Hemorrhagic Tever, Hemorrhagic Fever with Ren. Syndrome. Tr.*, M. Chumakov (Ed.), 19:217-20. Inst. Polio Virus Entsef. Akad. Med. Nauk SSSR,.
- Zhang, Y., S. Shen, Y. Fang, J. Liu, Z. Su, J. Liang, Z. Zhang, et al. 2018. « Isolation, Characterization, and Phylogenetic Analysis of Two New Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Strains from the Northern Region of Xinjiang Province, China ». *Virologica Sinica* 33 (1): 74-86. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0020-7>.
- Zhou, H., Z. Ma, T. Hu, Y. Bi, A. Mamuti, R. Yu, M. J. Carr, et al. 2019. « Tamdy Virus in Ixodid Ticks Infesting Bactrian Camels, Xinjiang, China, 2018 ». *Emerging Infectious Diseases* 25 (11): 2136-38. <https://doi.org/10.3201/eid2511.190512>.
- Zientara, S., C. Beck, et S. Lecollinet. 2020. « [Emerging vectorial diseases: West Nile fever, Bluetongue and Schmallenberg] ». *Bulletin De l'Academie Nationale De Medecine* 204 (9): 992-99. <https://doi.org/10.1016/j.banm.2020.09.041>.
- Zientara, S., C. T. Weyer, et S. Lecollinet. 2015. « African Horse Sickness ». *Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics)* 34 (2): 315-27. <https://doi.org/10.20506/rst.34.2.2359>.
- Zivcec, M., D. Safronetz, D. Scott, S. Robertson, et H. Feldmann. 2018. « Nucleocapsid Protein-Based Vaccine Provides Protection in Mice against Lethal Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Challenge ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 12 (7): e0006628. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006628>.
- Zivcec, M., D. Safronetz, D. Scott, S. Robertson, H. Ebihara, et H. Feldmann. 2013. « Lethal Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Infection in Interferon α/β Receptor Knockout Mice Is Associated with High Viral Loads, Proinflammatory Responses, and Coagulopathy ». *The Journal of Infectious Diseases* 207 (12): 1909-21. <https://doi.org/10.1093/infdis/jit061>.
- Zivkovic, Z., Ard M. Nijhof, J. de la Fuente, K.M. Kocan, et F. Jongejan. 2007. « Experimental transmission of *Anaplasma marginale* by male *Dermacentor reticulatus* ». *BMC Veterinary Research* 3 (1): 32. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-3-32>.
- Zouaghi, K., A. Bouattour, H. Aounallah, R. Surtees, E. Krause, J. Michel, A. Mamlouk, A. Nitsche, et Y. M'ghirbi. 2021. « First Serological Evidence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus and Rift Valley Fever Virus in Ruminants in Tunisia ». *Pathogens (Basel, Switzerland)* 10 (6): 769. <https://doi.org/10.3390/pathogens10060769>.

ANNEXES

Annexe 1 : Lettre de saisine



anses
agence nationale de sécurité sanitaire
alimentation, environnement, travail
Connaître, évaluer, protéger

2 0 2 0 -SA- 0 0 3 9

Décision N° 2020-049

AUTOSAISINE

Le directeur général de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses),

Vu le code de la santé publique, et notamment son article L. 1313-3 conférant à l'Anses la prérogative de se saisir de toute question en vue de l'accomplissement de ses missions,

Décide :

Article 1^{er}.- L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail se saisit afin de réaliser une expertise dont les caractéristiques sont listées ci-dessous.

1.1 Thématiques et objectifs de l'expertise
Il s'agit de réaliser une expertise relative à l'analyse des risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France.

1.2 Contexte de l'autosaisine
Les populations de tiques du genre *Hyalomma* (*H. marginatum* et *H. scupense* pour citer les principales) sont considérées en augmentation sur une partie de leur aire de répartition, qui semble s'étendre en Europe depuis la fin du XX^e siècle. Les tiques *Hyalomma marginatum* et *scupense* sont présentes en Corse depuis plusieurs décennies (Grech-Angelini et al. 2016). La tique *Hyalomma marginatum* est considérée comme une espèce de tique invasive en France continentale, puisque de récentes publications semblent confirmer son installation sur le littoral méditerranéen (Vial et al. 2016). Des données récentes indiquent qu'en Corse, c'est la 2^{ème} espèce la plus retrouvée sur les bovins et la 1^{ère} sur les chevaux (Grech Angelini, Vial et al., données non publiées). *H. scupense* est également fréquente chez les bovins et secondairement chez d'autres ongulés domestiques.

Cette évolution est préoccupante, car ces tiques sont vectrices de nombreux agents pathogènes responsables de maladies pour l'Homme (notamment du virus de la Fièvre hémorragique de Crimée Congo – FHCC ou de Rickettsies) et de maladies animales (*Babesia caballi*).

Le virus de la FHCC est responsable, chez l'Homme, de flambées de fièvres hémorragiques virales sévères, dont le taux de létalité est de 5 à près de 30 % (Spengler, Bergeron, and Spiropoulou 2019). Une séroprévalence du virus de la FHCC (de l'ordre de 10 %) aurait récemment été mise en évidence chez les ruminants domestiques en Corse, sans qu'aucun cas humain n'ait encore été observé (Grech Angelini, Vial et al., données non publiées). En 2016, deux cas autochtones de FHCC ont été confirmés à Madrid (Negredo et al. 2017), pour la première fois en Europe de l'Ouest. De plus, la circulation du virus est en recrudescence dans la région des Balkans et en Turquie.

ANSES/PR1/9/02-01 [version c] – code Ennov : ANSES/FGE/00391 / 2

La transmission de la FHCC et des autres agents pathogènes par les tiques du genre *Hyalomma* constitue un enjeu de santé publique (humaine et animale) et un enjeu économique potentiellement important, qui justifie la mise en œuvre de stratégies de surveillance et de prévention (lutte anti-vectorielle intégrée et mesures sanitaires en cas de confirmation de circulation du virus ou d'apparition de cas humains).

1.3 Questions sur lesquelles portent les travaux d'expertise à mener

Il s'agira d'évaluer les risques liés aux tiques du genre *Hyalomma* pour les territoires de la France, notamment en s'intéressant aux questions suivantes :

1. Quelles sont les données disponibles sur la présence des tiques du genre *Hyalomma* en France (en métropole et dans les départements et régions d'Outre-mer - DROM) ? Comment améliorer la surveillance de ces tiques (surveillance entomologique active et/ou passive, avec l'aide de projets de science citoyenne tel que CiTique) ? Quels sont les facteurs favorisant leur extension ?
2. Quels sont les agents pathogènes pour l'animal et/ou l'Homme susceptibles d'être transmis par les tiques du genre *Hyalomma* (qu'ils soient « exotiques » ou déjà présents) en France métropolitaine et dans les DROM ?
3. Quelle est la probabilité d'introduction du virus de la FHCC en France continentale via les tiques *Hyalomma* dans un contexte de changement climatique et de mondialisation des échanges ?
4. Quelles sont les différentes mesures de prévention et de lutte anti-vectorielle possibles contre les tiques du genre *Hyalomma* ? Quelle est leur efficacité ?
5. Quelles sont les données de la littérature scientifique sur les mesures de gestion envisageables en cas de circulation virale (chez l'Homme ou les animaux) ou d'apparition de cas humains de FHCC et leur efficacité ?

1.4 Durée prévisionnelle de l'expertise

La durée prévisionnelle de ce travail d'expertise collective est de 12 mois à partir de la décision de création du GT *ad hoc*.

Article 2.- Un avis sera émis et publié par l'Agence à l'issue des travaux.

Fait à Maisons-Alfort, le 04 MARS 2020

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

Pr Gérard LASFARGUES

Dr Roger Genet
Directeur général

Annexe 2 : Liste des agents pathogènes évoqués comme transmis ou potentiellement transmis par les espèces de tiques du genre *Hyalomma* et niveau de preuve apporté

Les dix espèces sélectionnées comme d'intérêt pour les territoires français (voir Chapitre 3) sont soulignées dans le tableau.

(*) des arguments épidémiologiques tels que : isolement viral pour les virus à ARN chez des tiques à jeun, co-occurrence d'un agent pathogène donné dans une espèce de tique et dans les hôtes vertébrés infestés, co-infection avec des agents pathogènes connus pour être transmis par les tiques, l'apparition d'une maladie suite à des piqûres avérées de tiques ... Voir Encadré 1.

(**) : validation expérimentale : 0 → aucune ; 1 → succès de reproduction/réplication dans les tiques ; 2 → transstadiale ; 3 → transovarienne ; 4 → transmission à l'hôte vertébré ; 5 → transmission sexuelle entre tiques mâles et femelles.

(***): sont mentionnées ici l'ensemble des références concernant la validation expérimentale et les arguments épidémiologiques d'une transmission mais la liste concernant la détection d'ADN/ARN n'est pas exhaustive.

Espèce de tique	Nombre de références dans PubMed/Scopus	Agent pathogène transmis/suspecté de l'être	Détection ADN/antigène/agent pathogène dans les tiques	Arguments épidémiologiques en faveur d'une transmission*	Validation expérimentale d'une transmission*	Références***
<i>H. aegyptium</i>	96/110	<i>CCHFV</i>	ARN	Oui	0	(Kar <i>et al.</i> 2020)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	Non	2, 4	(Paştiu <i>et al.</i> 2012; Siroký <i>et al.</i> 2010)
		<i>Borrelia turcica</i> <i>Borrelia</i> spp	ADN et ARN	Non	2	(Brinkmann <i>et al.</i> 2019; Kalmár <i>et al.</i> 2015; Takano <i>et al.</i> 2010; Hepner <i>et al.</i> 2020; Keskin <i>et al.</i> 2017; Norte <i>et al.</i> 2022)
		<i>Bartonella bovis</i>	ADN	Non	0	(Akveran <i>et al.</i> 2020)
		<i>Ehrlichia canis</i> <i>Ehrlichia</i> spp	ADN	Oui	0	(Paştiu <i>et al.</i> 2012; Norte <i>et al.</i> 2022; Barradas <i>et al.</i> 2020a; Akveran <i>et al.</i> 2020)
		<i>Anaplasma phagocytophilum</i>	ADN	Oui	0	(Paştiu <i>et al.</i> 2012)
		<i>Rickettsia africae</i>	ADN	Non	0	(Gargili <i>et al.</i> 2012)
		<i>Rickettsia aeschlimannii</i>	ADN	Oui	0	(Bitam <i>et al.</i> 2009; Akveran <i>et al.</i> 2020; Orkun 2019)
		<i>Rickettsia sibirica mongolitimonae</i>	ADN	Non	0	(Orkun 2019; Orkun <i>et al.</i> 2020)
		<i>Rickettsia slovaca</i>	ADN	Non	0	(Orkun 2019)
		Virus Meram	ARN	Non	0	(Ergünay <i>et al.</i> 2020)
Virus Tamdy	ARN	Non	0	(Ergünay <i>et al.</i> 2020)		
	381/546	<i>Babesia caballi</i>	ADN	Non	0	(Yongchang Li <i>et al.</i> 2020)

<u>H. anatolicum</u>	<i>Theileria equi</i>	ADN ; agent pathogène	Oui	2 ; 4	(Moltmann <i>et al.</i> 1983; Yongchang Li <i>et al.</i> 2020; Springer <i>et al.</i> 2020; S. Kumar <i>et al.</i> 2007b; Bhagwan <i>et al.</i> 2015)
	<i>Babesia occultans</i>	ADN	Non	0	(Ghafar, Cabezas-Cruz, <i>et al.</i> 2020b; Zeb <i>et al.</i> 2019; Bekloo <i>et al.</i> 2017)
	<i>Babesia bovis</i>	ADN	Non	0	(Mossaad <i>et al.</i> 2021; Ghafar, Cabezas-Cruz, <i>et al.</i> 2020b)
	<i>Theileria annulata</i>	ADN ; agent pathogène	Oui	2 ; 4	(Afshari <i>et al.</i> 2020; M. Aktas, Dumanli, et Angin 2004; Al-Fahdi <i>et al.</i> 2017; Amiri, Yaghfoori, et Razmi 2021; Dehuri <i>et al.</i> 2022; Kartashov <i>et al.</i> 2020; Mossaad <i>et al.</i> 2021; Omer, Alsuwaid, et Mohammed 2021; Rahmani-Varmale, Tavassoli, et Esmailnejad 2019; Robinson 1982; Sayin <i>et al.</i> 2003; Springer <i>et al.</i> 2020; Zeb <i>et al.</i> 2019)
	<i>Theileria lestoquardi</i>	ADN	Oui	2 ; 4	(Yaghfoori, Mohri, et Razmi 2017; Tajeri, Razmi, et Haghparast 2016; Springer <i>et al.</i> 2020; Taha et Elhussein 2010; Abdigoudarzi 2013; Rahmani-Varmale, Tavassoli, et Esmailnejad 2019; Yaghfoori, Mohri, et Razmi 2017; Al-Fahdi <i>et al.</i> 2017; Taha <i>et al.</i> 2011)
	<i>Theileria ovis</i>	ADN	Oui	2 ; 4	(Yongchang Li <i>et al.</i> 2020; Youquan Li <i>et al.</i> 2010; 2011; Springer <i>et al.</i> 2020; Ghafar, Cabezas-Cruz, <i>et al.</i> 2020b; Bekloo <i>et al.</i> 2017)
	<i>Babesia ovis</i>	ADN	Non	0	(Abdigoudarzi 2013)
	CCHFV	ARN, antigène	Incertain	1	(Williams <i>et al.</i> 2000; Bell-Sakyi <i>et al.</i> 2012; Khan <i>et al.</i> 1997; Petrova <i>et al.</i> 2013; Mourya <i>et al.</i> 2012; Shahid <i>et al.</i> 2021; Kayedi <i>et al.</i> 2015)
	Alphavirus	ARN	Non	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
	Rhabdovirus Zahedan	ARN	Non	0	(Dilcher <i>et al.</i> 2015)
	Virus de l'Encéphalite à tiques	/	Non	5	(Chunikhin <i>et al.</i> 1983)
	Virus Kadam	ARN	Non	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
	Virus Karshi		Non	0 ; 1	(Aristova <i>et al.</i> 1986)
	Virus Karyana	ARN, isolement viral	Oui	0	(Yadav <i>et al.</i> 2019)

		Virus Kundal	ARN, isolement viral	Oui	0	(Yadav <i>et al.</i> 2019)
		Virus Sindbis	ARN	Non	0	(Kostiukov <i>et al.</i> 1981)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	Non	0	(Fard et Khalili 2011; Fard <i>et al.</i> 2016; Ni <i>et al.</i> 2020)
		<i>Bartonella</i> spp.	ADN	Non	0	(Ghafar, Cabezas-Cruz, <i>et al.</i> 2020b)
		<i>Borrelia</i> spp.	ADN	Non	0	(Ghafar, Cabezas-Cruz, <i>et al.</i> 2020b)
		<i>Anaplasma marginale</i> , <i>Anaplasma phagocytophilum</i> , <i>Anaplasma ovis</i> , <i>Anaplasma centrale</i> , <i>Ehrlichia</i> spp., <i>Rickettsia massiliae</i> , <i>Rickettsia</i> spp.,	ADN	Non	0	(Choubdar <i>et al.</i> 2021; Ghafar, Cabezas-Cruz, <i>et al.</i> 2020b; Mossaad <i>et al.</i> 2021)
<i>H. asiaticum</i>	145/192	<i>Theileria annulata</i>	ADN	Non	0	(Arjmand Yamchi et Tavassoli 2016; Meng <i>et al.</i> 2014; G. R. Razmi, Hosseini, et Aslani 2003)
		<i>Babesia occultans</i>	ADN	Non	0	(M. Sun <i>et al.</i> 2019)
		<i>Babesia caballi</i>	ADN	Non	0	(Narankhajid <i>et al.</i> 2018; Song <i>et al.</i> 2018)
		<i>Theileria equi</i>	ADN	Non	0	(Narankhajid <i>et al.</i> 2018)
		CCHFV	ARN, isolement viral	Oui	1	(R. Guo <i>et al.</i> 2017; Kayedi <i>et al.</i> 2015; Moming <i>et al.</i> 2018; S. Sun <i>et al.</i> 2009; Zhang <i>et al.</i> 2018)
		Virus Chim	ARN	Non	0	(D. K. L'vov <i>et al.</i> 2014)
		Virus de la fièvre de la vallée de Syr-Darya	ARN	Non	0	(D. K. L'vov <i>et al.</i> 2014)
		Virus Karshi	ARN	Non	0, 1	(Karimov <i>et al.</i> 1978; Khutoretskaya <i>et al.</i> 1985; Aristova <i>et al.</i> 1986)

		Virus Tamdy	Isolement viral	Oui	0	(D. K. L'vov <i>et al.</i> 1976; 1984; Zhou <i>et al.</i> 2019; Liu <i>et al.</i> 2020)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	Non	2	(Daitei 1977; 1979; Batu <i>et al.</i> 2020; Ni <i>et al.</i> 2020)
		<i>Rickettsia siberica</i>	ADN	Non	0	(P. Parola <i>et al.</i> 2001)
		<i>Borrelia burgdorferi</i> <i>sl</i>	ARN	Non	0	(Wang <i>et al.</i> 2015)
		<i>Rickettsia sibirica</i> <i>mongolitimonae</i>	isolement	Oui	0	(K. F. Yu et Pauls 1993)
<i>H. dromedari</i> <i>i</i>	232/344	<i>Theileria equi</i>	ADN; agent pathogène	Non	1, 2, 4	(E. Zapf et Schein 2004; F. Zapf et Schein 1994; Onyiche <i>et al.</i> 2020; Scoles et Ueti 2015b)
		<i>Theileria camelensis</i>	Agent pathogène	Oui	1, 2, 4	(Hamed <i>et al.</i> 2011; S. Kumar <i>et al.</i> 2020; H Hoogstraal, Wassef, et Buttiker 1981)
		<i>Theileria annulata</i>	ADN	Oui	2 ; 4	(Mazlum 1969; Omer, Alsuwaid, et Mohammed 2021; Gharbi, Darghouth, Elati, AL-Hosary, <i>et al.</i> 2020; Mamman <i>et al.</i> 2021; C. d'Oliveira <i>et al.</i> 1997; Youssef <i>et al.</i> 2015; de Kok, d'Oliveira, et Jongejan 1993; Mustafa Uel-H, Jongejan, et Morzaria 1983)
		<i>Theileria ovis</i>	ADN	Non	0	(Bekloo <i>et al.</i> 2017)
		<i>Babesia caballi</i>	ADN	Non	0	(Onyiche <i>et al.</i> 2020)
		<i>Babesia occultans</i>	ADN	Non	0	(Onyiche <i>et al.</i> 2020)
		CCHFv	ARN, antigènes, isolement viral	Oui	1, 2, 4	(Logan <i>et al.</i> 1990; Shahid <i>et al.</i> 2021; Smirnova <i>et al.</i> 1978)
		Alphavirus	ARN	Non	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
		Virus Chick Ross	ARN	Non	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
		Virus Dera Ghazi Khan	ARN	Non	0	(Begum, Wisseman, et Casals 1970)
		Virus Dhori	ARN	Non	0	(Anderson et Casals 1973)
		Virus Kadam	ARN	Non	0	(Wood <i>et al.</i> 1982; Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)

		Virus de la Peste équine (African horse sickness virus)		Non	2, 4	(F. I. Awad <i>et al.</i> 1981)
		Virus Quarantfil	ARN	Non	0	(Converse et Moussa 1982)
		Virus Sindbis	ARN	Non	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	Non	0	(Onyiche <i>et al.</i> 2020; Reháček et Brezina 1968; Loftis <i>et al.</i> 2006; Abdullah <i>et al.</i> 2018; Selmi <i>et al.</i> 2019; Bellabidi <i>et al.</i> 2020)
		<i>Francisella persica</i>	ADN	Non	0	(Ravi <i>et al.</i> 2019)
		<i>Rickettsia aeschlimannii</i>	ADN	Non	0	(Morita <i>et al.</i> 2004; Loftis <i>et al.</i> 2006; Demoncheaux <i>et al.</i> 2012)
		<i>Rickettsia africae</i>	ADN	Non	0	(Kernif <i>et al.</i> 2012)
		<i>Anaplasma spp.</i> <i>Ehrlichia spp.</i>	ADN	Non	0	(Onyiche <i>et al.</i> 2020)
		<i>Bartonella bovis et</i> <i>Bartonella rochalimae</i>	ADN	Non	0	(Ereqat <i>et al.</i> 2016)
<i>H. excavatum</i>	149/211	<i>Theileria equi</i>	ADN ; agent pathogène	no	2, 4	(Moltmann <i>et al.</i> 1983; Amaia Ros-García <i>et al.</i> 2013; Tirosh-Levy <i>et al.</i> 2020)
		<i>Babesia bigemina</i>	ADN	no	0	(Mossaad <i>et al.</i> 2021)
		<i>Babesia bovis</i>	ADN	no	0	(Al-Hosary <i>et al.</i> 2021)
		<i>Babesia occultans</i>	ADN	no	3	(Orkun 2019; Al-Hosary <i>et al.</i> 2021)
		<i>Theileria annulata</i>	ADN	uncertain	2, 4	(Sayin <i>et al.</i> 2003; Hadani <i>et al.</i> 1963; Al-Hosary <i>et al.</i> 2021; Orkun et Emir 2020; Mossaad <i>et al.</i> 2021; Munir Aktas <i>et al.</i> 2015; Arjmand Yamchi et Tavassoli 2016; G. R. Razmi, Hosseini, et Aslani 2003)
		<i>Theileria capreoli</i>	ADN	no	0	(Orkun et Emir 2020)
		<i>Theileria ovis</i>	ADN	no	0	(Bekloo <i>et al.</i> 2017)
		<i>Borrelia spp</i>	ADN	no	0	(Orkun <i>et al.</i> 2014)

		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	no	0	(Loftis <i>et al.</i> 2006; Ioannou <i>et al.</i> 2011; Abdelkadir <i>et al.</i> 2019; Kilicoglu <i>et al.</i> 2020; Bellabidi <i>et al.</i> 2020)
		<i>Rickettsia africae</i>	ADN	no	0	(Kleinerman <i>et al.</i> 2013)
		<i>Rickettsia aeschlimannii</i>	ADN	no	0	(Kleinerman <i>et al.</i> 2013)
		<i>Anaplasma marginale</i>	ADN	yes	4	(Shkap <i>et al.</i> 2009)
		<i>Anaplasma centrale</i>	ADN	yes	0	(Shkap <i>et al.</i> 2009)
		<i>Ehrlichia ruminantium</i>	ADN	no	0	(Mossaad <i>et al.</i> 2021)
		<i>Rickettsia sibirica mongolotimonae</i>	ADN	no	0	(Psaroulaki <i>et al.</i> 2006)
		CCHFV	ARN, antigènes	uncertain	0	(Williams <i>et al.</i> 2000; Khan <i>et al.</i> 1997; Gunes, Poyraz, et Vatansver 2011)
<i>H. hussaini</i>	4/7	<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	no	0	(Padbidri <i>et al.</i> 1984)
		<i>Rickettsia massiliae</i> , <i>Rickettsia spp.</i>	ADN	no	0	(Ghafar, Cabezas-Cruz, <i>et al.</i> 2020b)
<i>H. impeltatum</i>	62/88	<i>Theileria annulata</i>	ADN	no	2 ; 4	(Mossaad <i>et al.</i> 2021; Mamman <i>et al.</i> 2021; Uel-H, Jongejan, et Morzaria 1983)
		<i>Theileria lestoquardi</i> (<i>Theileria hirci</i>)		uncertain	0	(El-Azazy, El-Metenawy, et Wassef 2001)
		<i>Theileria ovis</i>	ADN	no	0	(Springer <i>et al.</i> 2020)
		<i>Babesia occultans</i>	ADN	no	0	(Onyiche <i>et al.</i> 2020)
		<i>Babesia bigemina</i>	ADN	no	0	(Mossaad <i>et al.</i> 2021)
		<i>Babesia bovis</i>	ADN	no	0	(Mossaad <i>et al.</i> 2021)
		<i>Babesia pecorum</i>	ADN	no	0	(Springer <i>et al.</i> 2020)
		CCHFV	ARN, antigènes, isolement viral	yes	1, 2, 4 <i>cofeeding</i>	(Khan <i>et al.</i> 1997; Logan <i>et al.</i> 1990; Dohm <i>et al.</i> 1996; Gordon, Linthicum, et Moulton 1993; Wilson <i>et al.</i> 1991)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	-	0	(Selmi <i>et al.</i> 2019; Bellabidi <i>et al.</i> 2020)

		Alphavirus	ADN	-	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
		Virus Dhori	ADN	-	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
		Virus Sindbis	ARN	-	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
		<i>Rickettsia africae</i>	ADN	-	0	(Kleinerman <i>et al.</i> 2013)
		<i>Rickettsia aeschlimannii</i>	ADN	-	0	(Loftis <i>et al.</i> 2006; Sadeddine <i>et al.</i> 2020; Philippe Parola <i>et al.</i> 2013)
<i>H. impressum</i>	10/17	CCHFV	CCHF Ag	uncertain	0	(Shahid <i>et al.</i> 2021)
		<i>Theileria annulata</i>	ADN	no	0	(Mamman <i>et al.</i> 2021)
		<i>Anaplasma/Ehrlichia</i> spp.	ADN	no	0	(Onyiche <i>et al.</i> 2020)
		<i>Rickettsia africae</i>	ADN	no	0	(Ehounoud <i>et al.</i> 2016)
<i>H. isaaci</i>	5/5	Virus de la Forêt de Kyasanur	ARN	-	2, 4	(K. R. Singh et Bhatt 1968)
<i>H. lusitanicum</i>	68/83	<i>Theileria equi</i>	Agent pathogène	no	1, 2, 4	(E. Zapf et Schein 2004; F. Zapf et Schein 1994)
		<i>Babesia pecorum</i>	/	yes	0	(Jouglin <i>et al.</i> 2014)
		<i>Theileria annulata</i>	/	yes	4	(Viseras <i>et al.</i> 1999; Gharbi, Darghouth, Elati, AL-Hosary, <i>et al.</i> 2020; Habela <i>et al.</i> 1999)
		CCHFV	ARN, antigène	yes	0	(Moraga-Fernández <i>et al.</i> 2021; Ana Negredo <i>et al.</i> 2019)
		<i>Anaplasma phagocytophilum</i>	ADN	no	0	(Chisu <i>et al.</i> 2020)
		<i>Borrelia burgdorferi</i>	ADN	no	0	(Toledo <i>et al.</i> 2009)
		<i>Borrelia lusitaniae</i>	ADN	no	0	(Milhano <i>et al.</i> 2010)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	no	0	(Santos-Silva et Vatansever 2017; Bolaños-Rivero <i>et al.</i> 2017; Julia González <i>et al.</i> 2020a; 2020b)
	451/620	<i>Theileria equi</i>	ADN	yes	0	(Amaia Ros-García <i>et al.</i> 2013; Tirosh-Levy <i>et al.</i> 2020; Ionita <i>et al.</i> 2013; Iori <i>et al.</i> 2010)

<i>H. marginatum</i>	<i>Theileria annulata</i>	ADN	yes	2	(Sayin <i>et al.</i> 2003; Mossaad <i>et al.</i> 2021; de Kok, d'Oliveira, et Jongejan 1993)
	<i>Theileria sergenti/orientalis/buffeli</i>	ADN	no	0	(Boularias <i>et al.</i> 2021; Chisu <i>et al.</i> 2020; Ionita <i>et al.</i> 2013)
	<i>Theileria ovis</i>	ADN	no	0	(Köseoğlu <i>et al.</i> 2021; Bekloo <i>et al.</i> 2017; Rahmani-Varmale, Tavassoli, et Esmailnejad 2019)
	<i>Theileria lestoquardi</i>	ADN	no	0	(Mohammadi, Esmailnejad, et Jalilzadeh-Amin 2017)
	<i>Babesia ovis</i>	ADN, agent pathogène	no	1	(Abdigoudarzi 2013; G. Razmi et Nouroozi 2010)
	<i>Babesia caballi</i>	ADN	yes	0	(Tirosh-Levy <i>et al.</i> 2020; Köseoğlu <i>et al.</i> 2021; Amaia Ros-García <i>et al.</i> 2013; Luciano Toma <i>et al.</i> 2017)
	<i>Babesia bigemina</i>	ADN	no	0	(Mossaad <i>et al.</i> 2021; Iori <i>et al.</i> 2010)
	<i>Babesia bovis</i>	ADN	no	0	(Mossaad <i>et al.</i> 2021; Iori <i>et al.</i> 2010)
	<i>Babesia occultans</i>	ADN	yes	2, 3	(Orkun 2019; Munir Aktas <i>et al.</i> 2015; Orkun et Emir 2020; Orkun <i>et al.</i> 2014; Munir Aktas 2014; Djursun Karasartova <i>et al.</i> 2018; Ionita <i>et al.</i> 2013; J. S. Gray et De Vos 1981b; Dipeolu et Amoo 1984; Amaia Ros-García <i>et al.</i> 2013)
	<i>Babesia microti</i>	ADN	no	0	(Djursun Karasartova <i>et al.</i> 2018)
	<i>Babesia sp. Tavsan1</i>	ADN	no	0	(Orkun et Emir 2020)
	<i>Hemolivia mauritanica</i>	ADN	no	0	(Orkun et Emir 2020)
	<i>Hepatozoon ursi</i>	ADN	no	0	(Orkun et Emir 2020)
	CCHFV	ARN, antigènes	yes	1, 2, 3, 4	(Akyildiz <i>et al.</i> 2021; Gergova, Kunchev, et Kamarinchev 2012; Gevorgyan <i>et al.</i> 2019; Gunes, Poyraz, et Vatansever 2011; Harry Hoogstraal 1979; Kayedi <i>et al.</i> 2015; V. F. Kondratenko 1976; V. Kondratenko <i>et al.</i> 1970; V. Levi 1972; Meissner <i>et al.</i> 2006; Ana Negrodo <i>et al.</i> 2019; Shahid <i>et al.</i> 2021; Smirnova <i>et al.</i> 1991; Yashina <i>et al.</i> 2003; Yesilbag <i>et al.</i> 2013; 2013; Zgurskaya <i>et al.</i> 1971)
Flavivirus	ARN	no	0	(Pascucci <i>et al.</i> 2019)	

		Phlebovirus	ARN	no	0	(Pereira <i>et al.</i> 2017)
		Virus Bahig	ARN	no	0	(Converse <i>et al.</i> 1974)
		Virus Batken (proche virus Dhori)	ARN	no	0	(Al'khovskii <i>et al.</i> 2014)
		Virus Bhanja	ARN	no	0	(Zdenek Hubálek 2009)
		Virus Dhori	ARN	no	0	(Filipe et Casals 1979; Vakalova <i>et al.</i> 2019)
		Virus de l'Encéphalite à tiques	ARN	no	0	(Yurchenko <i>et al.</i> 2017)
		Virus Jingmen	ARN, Isolement viral	yes	0	(Dinçer <i>et al.</i> 2019)
		Virus Matruh	ARN	no	0	(Moussa <i>et al.</i> 1974)
		Virus Tamdy	ARN	no	0	(D. K. L'vov <i>et al.</i> 1976)
		Virus Wanowrie	ARN	yes	0	(Dandawate, Shah, et D'Lima 1970; K. R. Singh et Bhatt 1968)
		Virus West Nile	ARN	no	2, 3	(D. N. L'vov <i>et al.</i> 2002; Formosinho et Santos- Silva 2006; Kolodziejek <i>et al.</i> 2014; Pascucci <i>et al.</i> 2019)
		<i>Rickettsia aeschlmannii</i>	ADN	yes	3	(Beati <i>et al.</i> 1997; Cicculi, Capai, <i>et al.</i> 2019; Grech-Angelini, Stachurski, <i>et al.</i> 2020; Cicculi, de Lamballerie, <i>et al.</i> 2019; Sentausa <i>et al.</i> 2014; Philippe Parola <i>et al.</i> 2013; Matsumoto <i>et al.</i> 2004; Orkun <i>et al.</i> 2014; Orkun et Emir 2020)
		<i>Rickettsia sibirica mongolitimonae</i>	ADN	no	0	(Orkun et Emir 2020)
		<i>Anaplasma marginale</i>	ADN	no	0	(Teshale <i>et al.</i> 2016; Orkun et Emir 2020)
		<i>Rickettsia africae</i>	ADN	no	0	(Wallménus <i>et al.</i> 2014)
		<i>Anaplasma phagocytophilum</i>	ADN	no	0	(Chisu <i>et al.</i> 2018; Cicculi, Capai, <i>et al.</i> 2019)
		<i>Anaplasma platys</i>	ADN	no	0	(Chisu <i>et al.</i> 2018)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	no	0	(Psaroulaki <i>et al.</i> 2006; Luciano Toma <i>et al.</i> 2014; Chisu <i>et al.</i> 2018; Mancini <i>et al.</i> 2019; Kilicoglu <i>et al.</i> 2020)

		<i>Francisella tularensis</i>	ADN	no	0	(Pilipenko et Derevianchenko 1955)
		<i>Ehrlichia monacensis (minasensis)</i>	ADN	no	0	(Cicculi, Capai, et al. 2019)
		<i>Ehrlichia ruminantium</i>	ADN	no	0	(Mossaad et al. 2021)
		<i>Bartonella spp.</i>	ADN	no	0	(Grech-Angelini et al. 2020; Mancini et al. 2019)
		<i>Borrelia burgdoferi sl</i>	ADN	no	0	(Mancini et al. 2019; Luciano Toma et al. 2014)
		<i>Borrelia spp</i>	ADN	no	0	(Ehounoud et al. 2016; Orkun et al. 2014)
<i>H. rufipes</i>	189/238	<i>Babesia occultans</i>	ADN	no	2, 3, 4	(Dipeolu et Amoo 1984; J. S. Gray et De Vos 1981b)
		<i>Theileria ovis</i>	ADN	no	0	(Bekloo et al. 2017)
		<i>Theileria annulata</i>	ADN	no	2, 4	(Jongejan et al. 1983; Mamman et al. 2021; C. d'Oliveira et al. 1997)
		CCHFV	ARN, antigènes, isolement viral	yes	1, 2, 3, 4	(Shahid et al. 2021; Zeller, Cornet, et Camicas 1994a; Faye et al. 1999; Swanepoel et al. 1983; Zeller et al. 1997; Shepherd, Leman, et Swanepoel 1989; Zeller, Cornet, et Camicas 1994b; Shepherd et al. 1991; Mancuso et al. 2019; Okorie 1991; Msimang et al. 2021)
		Flavivirus	ARN	no	0	(Pascucci et al. 2019)
		Virus Dugbe	ARN	no	2	(Okorie et Fabiyi 1979)
		Virus de la Fièvre Hémorragique Alkhurma	ARN	no	0	(Hoffman et al. 2018)
		Virus St Croix River like	ARN	no	0	(Jin Luo et al. 2017)
		<i>Rickettsia aeschlimannii</i>	ADN	no	0	(Springer et al. 2020)
		<i>Rickettsia conorii</i>	ADN	no	0	(Mathison et al. 2015)
		<i>Anaplasma marginale, centrale, platys</i>	ADN	no	0	(Dahmani et al. 2019)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	no	0	(Kumsa et al. 2015; Diarra et al. 2017; Ni et al. 2020; Luciano Toma et al. 2014)

		<i>Borrelia burgdorferi</i>	ARN et ADN	no	0	(Rollins <i>et al.</i> 2022; Luciano Toma <i>et al.</i> 2014)
<i>H. schulzei</i>	17/27	Virus Dhori	ARN	no	0	(Al-Khalifa, Diab, et Khalil 2007)
<i>H. scupense</i>	34/47 <i>H. detritum</i> : 61/90)	<i>Theileria equi</i>	/	no	4	(Knuth, Behn, et Schulze 1918; Petunin 1948)
		<i>Theileria annulata</i>	/	yes	2, 4	(Samish et Pipano 1978; Gharbi, Darghouth, Elati, AL-Hosary, <i>et al.</i> 2020; Gharbi et Darghouth 2014; Gharbi <i>et al.</i> 2013)
		<i>Babesia ovis</i>	ADN	no	0	(Bekloo <i>et al.</i> 2017)
		<i>Theileria ovis</i>	ADN	no	0	(Bekloo <i>et al.</i> 2017)
		<i>Rickettsia aeschlimannii</i>	ADN	no	0	(Grech-Angelini <i>et al.</i> 2020; B. Kumar, Manjunathachar, et Ghosh 2020b)
		<i>Rickettsia slovaca</i>	ADN	no	0	(Grech-Angelini <i>et al.</i> 2020)
		<i>Anaplasma phagocytophilum</i>	ADN	no	0	(Grech-Angelini <i>et al.</i> 2020)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	no	2, 3	(Kilicoglu <i>et al.</i> 2020; Pandurov et Zaprianov 1975)
		CCHFV	ARN	incertain	0	(Moming <i>et al.</i> 2018)
<i>H. somalicum</i>	2/2	<i>R. conorii</i>	ADN	no	0	(Kumar, Manjunathachar, et Ghosh 2020b)
<i>H. truncatum</i>	142/193	<i>Theileria equi</i>	ADN	no	0	(Onyiche <i>et al.</i> 2020)
		<i>Babesia caballi</i>	agent pathogène	no	3, 4	(Blouin et De Waal 1989; De Waal 1990)
		<i>Theileria annulata</i>	ADN	no	0	(Mamman <i>et al.</i> 2021)
		CCHFV	ARN, Isolement viral	yes	1, 2, 3, 4, 5 Cofeeding	(Logan <i>et al.</i> 1989; 1990; Gordon, Linthicum, et Moulton 1993; Faye <i>et al.</i> 1999; Swanepoel <i>et al.</i> 1983; Shepherd, Leman, et Swanepoel 1989; Shepherd <i>et al.</i> 1991; Wilson <i>et al.</i> 1991; 1990; Gonzalez <i>et al.</i> 1992; 1991; Dickson et Turell 1992)
		Virus Bunyamwera	ARN	no	0	(Lwande <i>et al.</i> 2013)
		Virus Dugbe	ARN	no	0	(Lutomiah <i>et al.</i> 2014)

		Virus de l'Encéphalite équine du Venezuela	/	no	2, 4	(Linthicum et Logan 1994)
		Virus Kupe	ARN	no	0	(Lutomiah <i>et al.</i> 2014)
		Virus Semliki forest	ARN	no	0	(Lwande <i>et al.</i> 2013)
		<i>Coxiella burnetii</i>	ADN	no	0	(Capponi <i>et al.</i> 1970; Diarra <i>et al.</i> 2017; Ehounoud <i>et al.</i> 2016)
		<i>Borrelia</i> spp.	ADN	no	0	(Diarra <i>et al.</i> 2017; Ehounoud <i>et al.</i> 2016)
<i>H. turanicum</i>	24/36	CCHFV	ARN	no	0	(Yesilbag <i>et al.</i> 2013)
		<i>Rickettsia sibirica mongolitimonae</i>	ADN	no	0	(Kleinerman <i>et al.</i> 2013)

Annexe 3 : Bilan des requêtes TRACES-NT

Les requêtes ont été effectuées en février 2021. Les animaux destinés à l'abattage sont exclus. Seuls les animaux vivants sont considérés dans ce tableau. Les pays dans lesquels des populations de *Hyalomma* sp. sont présentes sont surlignés en rouge.

Autres mammifères : Mammifères à l'exclusion des primates, des baleines, dauphins et marsouins, des lamantins et dugongs, des otaries et phoques, lions de mer et morses, des chameaux et autres camélidés, des lapins et lièvres et des animaux des espèces chevaline, asine, mulassière, bovine, porcine, ovine ou caprine

Reptiles : serpents, tortues, alligators, caïmans, iguanes, gavials et lézards

Psittaciformes : perroquets, perruches, aras et cacatoès

Autres oiseaux : oiseaux à l'exclusion des oiseaux de proie, psittaciformes, perroquets, perruches, aras, cacatoès, autruches, émeus et pigeons

Autres animaux : animaux à l'exclusion des mammifères, reptiles, oiseaux, insectes, poissons, crustacés, mollusques et autres invertébrés aquatiques ainsi que des cultures de micro-organismes et des produits similaires

	Porcins		Bovins		Chevaux		Ovins-Caprins		1061100	1061300	1061410	1061900	1062000	1063100	1063200	1063300	1063980	1069000	
	2019	2020	2019	2020	2019	2020	2019	2020	2019	2019	2019	2019	2019	2019	2019	2019	2019	2019	
Allemagne	1735	496	29381	3594	2507	12	358	34	13	9	0	96	36	16	24	0	127	8	
Andorre	0	0	7	9	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Autriche	0	0	2	8	88	0	5	17	1	0	0	96	0	4	15	0	0	0	0
Belgique	96300	91101	11255	41197	806	11	305	362	1	2	8461	2091	8	4	10299	284	11423	0	0
Bulgarie	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0
Croatie	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Danemark	14489	12858	81	83	5	0	0	0	3	0	0	152	3	1	0	0	0	0	0

Espagne	616	120	593 3	335 9	397 6	27 3	307	371	842	18	20378	2420	1	28	58	0	498	0
Estonie	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	0	0	0
Finlande	0	0	0	0	20	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
France	140	346	50	27	33	0	4	0	0	0	63	141	0	0	0	0	9254	0
Grèce	0	0	0	0	18	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	4	0
Hongrie	0	0	30	0	71	0	0	0	6	0	1282	1394	0	0	0	65	70	0
Irlande	0	0	749 6	311 8	449	0	30	44	3	0	0	33	0	0	2	0	0	0
Italie	0	0	392	365	189 5	29	360	136	1	5	0	70	0	1	10	0	2	0
Lettonie	0	0	94	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lituanie	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Luxembourg	0	0	84	49	19	0	0	0	2	0	0	0	35	0	0	0	0	0
Malte	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Norvège	51	52	0	0	31	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pays-Bas	166 8	138 9	234	216	692	92	37	143	29	0	0	44	0	0	50	0	28	0
Pologne	0	0	3	0	59	0	0	0	7	2	0	63	2	0	0	0	4	0
Portugal	0	0	0	0	602	2	0	0	2	0	0	33	0	0	1	0	25	0
République tchèque	23	0	135	65	46	1	0	16	9	1	0	14868	2707	3	14952	0	4008	357
Royaume-Uni	103	52	584	318	138 2	4	117 8	141 0	23	0	0	196	7	1	9	0	25	0
Slovaquie	0	0	0	0	7	0	0	0	1	0	0	9	0	0	0	0	0	0
Slovénie	0	0	0	0	10	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Suède	0	0	0	0	9	6	0	0	1	0	0	2	1	0	0	0	4	0
Suisse	0	4	643 5	635 4	131 5	0	12	882	4	0	0	1424	0	10	12	0	35	0
Total	115 125	106 418	621 96	587 62	140 71	43 0	259 6	341 5	949	37	30184	23140	2800	71	25432	349	2550 7	366

Annexe 4 : Résultats d'infections expérimentales de vertébrés sauvages et domestiques avec le CCHFV permettant d'estimer leur aptitude à amplifier et retransmettre le virus.

Nom	Espèce	Mode d'infection	Virémie	Transmission	Signes cliniques	Anticorps (Ac)
cochon d'inde	<i>Cavia porcellus</i>	piqûre de tique	titre moyen ; 11 - 12 dpa	?	symptômes sévères, mort fréquente par piqûre de tique	21dpa
lièvre	<i>Lepus europaeus</i> , <i>Lepus saxatalis</i>	IV, IM, SC, ID, IC	virémie supérieure par ID et piqûre de tique; 4-5log; 1-10 dpi jusqu'à 15 dpi	infection de tiques par gorgement; nécessite 4-5log	non	7-45dpi
écureuil	<i>Spermophilus pygmaeus</i> , <i>Xerus inauris</i>	IM, SC, IC	virémie (virus dans les organes); 2-8dpi	?	non	8-512dpi
hérisson	<i>Hemiechinus auritus</i> , <i>Erinaceus europaeus</i> ; <i>Ateleris frontalis</i>	IV, IM, SC	virémie chez les autres <i>H. auritus</i> ; 2-6dpi	infection de tiques par gorgement	non	8-31dpi
rongeurs	<i>Mystromys albicaudatus</i> , <i>Aethomys crysophilus</i> , <i>Gerbilliscus leucogaster</i> , <i>Rhabdomus pumilio</i>	SC	1-4log ; 3/7dpi	?	non	?
	<i>Gerbilliscus brantsii</i> , <i>Mastomys coucha</i> , <i>Mastomys natalensis</i> , <i>Desmodillus auricularis</i>	SC	non	non	non	?
Pintade*	<i>Numida meleagris</i>	IV, IM, SC	virémie intermittente, seulement chez quelques individus	?	non	7-21dpi
Autruche*	<i>Struthio camelus</i>	SC	1-4dpi; virus détectable dans certains organes à 5dpi; ARN détectable dans les muscles à 3dpi	directement par contact à l'être humain	non	5-13dpi (séroconversion totale)

Nom	Espèce	Mode d'infection	Virémie	Transmission	Signes cliniques	Anticorps (Ac)
calao à bec rouge*	<i>Tockus sp.</i>	IP	non	infection de tiques par gorgement	non	4 mois
Chouca*	<i>Lamprotornis sp.</i>	IP	non	infection de tiques par gorgement	non	4 mois
veau	<i>Bos taurus</i>	SC, ID, IM, IC, IP, piqûre de tique	virémie détectée entre 2-8dpi; 4-6log	infection de tiques par gorgement	perte d'appétit, lassitude	5-35 dpi
mouton (adulte et agneau)	<i>Ovis aries</i>	SC, ID, IP, IC, piqûre de tique	2-10dpi; 4-6log; virémie absente chez des moutons déjà pré-infectés et ayant des Ac	infection de tiques par gorgement même avec des moutons pré-immunisés: 60% de tiques infectées si fortes virémies	fièvre corrélée à la virémie; dysfonctionnement du foie et des reins; NF anormale	8,21,35dpi; transmission des Ac maternels pendant au moins 50jours
cheval	<i>Equus caballus</i>	IV, IM, SC	virémie trop faible pour être détectable à 2-20dpi	non	fièvre, somnolence, signes inflammatoires	Ac détectables
âne	<i>Equus asinus</i>	SC, IC	virémie faible mais détectable à 2-7dpi	non	non	8-13dpi

* la grande majorité des oiseaux ne développent pas de virémie ni d'anticorps et sont donc considérés comme réfractaires (expériences faites sur les corbeaux, colombes, poulets)

dpa: *day post attachment*, jour suite à l'attachement ; dpi: *day post infection*, jour suite à l'infection

ID : Intradermique ; SC : Sous-cutanée ; IM : Intramusculaire ; IV : Intraveineuse ; IP : Intra-préritonéal ; IC : Intra-cardiaque.

Annexe 5 : les modèles animaux de la FHCC

L'absence de signes cliniques chez les animaux vertébrés est un problème pour l'établissement de modèles animaux. En effet, le virus n'induit pas de maladie sévère chez les animaux habituellement utilisés en expérimentation animale, rongeurs ou primates non humains, ce qui limite la possibilité de réaliser des études de pathogenèse et les essais vaccinaux et thérapeutiques. Les rongeurs adultes immunocompétents, souris, rats, hamsters et cobayes ne sont pas sensibles au virus (Shepherd, Leman, et Swanepoel 1989; Garrison *et al.* 2020).

Jusqu'à 2010, les seuls modèles disponibles étaient les souris et rats nouveau-nés⁸⁹, mais ces modèles ne reproduisaient pas la physiopathologie et les réponses immunes observées chez l'humain. Par la suite, des modèles rongeurs (souris et hamsters) déficients pour certains composants de la réponse immunitaire ont été proposés comme modèle d'infection létale par le virus de la FHCC (Bente *et al.* 2010; Farzani *et al.* 2019) car ils se sont avérés sensibles au virus. Ainsi, on observe :

- des souris déficientes pour le récepteur des interférons de type 1 (IFNAR^{-/-}) (Zivcec *et al.* 2013; Bereczky *et al.* 2010) ;
- des souris déficientes pour le récepteur des interférons de type 1 et 2 (Ifnagr^{-/-}) (Bente *et al.* 2010; Farzani *et al.* 2019) ;
- des souris déficientes pour le transducteur de signal et activateur de la transcription (STAT-1^{-/-}).

Il est à noter que le blocage du récepteur aux interférons de type 1 par un anticorps monoclonal de souris C57Bl/6J⁹⁰ immunocompétentes dans les 24h suivant l'infection par le CCHFV permet l'évolution vers une maladie fatale dans la plupart des cas (Lindquist *et al.* 2018).

Plus récemment, un modèle hamster déficient pour le facteur cellulaire STAT-2 (Stat-2^{-/-}) a été décrit, avec une maladie systémique et létale incluant des pétéchies, une coagulopathie et des altérations biologiques (Ranadheera *et al.* 2020).

Enfin, un modèle de souris humanisées par transfert de précurseurs hématopoïétiques CD34+ (cellules souches humaines) permet l'obtention d'une maladie neurologique mais pas systémique (Spengler *et al.* 2017).

Une autre approche a récemment consisté à adapter, par passages successifs, la souche Hoti du CCHFV à la souris C57Bl/6J (Hawman *et al.* 2021a). L'infection avec cette souche adaptée induit une maladie sévère mais non létale chez les souris mâles adultes. Étonnamment, les souris adultes femelles sont beaucoup moins sensibles au virus adapté. En revanche, les souris de trois semaines subissent une infection fatale, quel que soit le sexe.

Même s'ils reproduisent des maladies sévères et létales et certains des signes cliniques observés chez l'humain, ces modèles rongeurs présentant des déficits immunitaires ou nécessitant des souches adaptées ne sont pas optimaux pour étudier la pathogenèse et l'efficacité de vaccins.

Malheureusement, aucun modèle primate non-humain pertinent n'a été décrit à ce jour. Des études d'infection par le CCHFV de primates non-humains incluant les grivets (*Chlorocebus aethiops*), des babouins (*Papio*) ou des patas (*Erythrocebus patas*) révèlent que ces derniers ne développent pas de signes cliniques (Hoogstraal 1979; Smirnova *et al.* 1978). Récemment, un modèle macaque, le Macaque crabier (*Macaca fascicularis*), développant une infection sévère et souvent létale après une

⁸⁹ Chez qui le système immunitaire n'est pas totalement fonctionnel.

⁹⁰ C57BL/6 est une souche consanguine commune de souris de laboratoire. C'est le "fond génétique" le plus largement utilisé pour les souris génétiquement modifiées à utiliser comme modèles de maladie humaine.

infection par voie intraveineuse a cependant été développé (Haddock *et al.* 2018). Les paramètres virologiques, pathologiques et immunologiques étaient similaires à ceux observés chez l'être humain, mais ce modèle a trois limites importantes : d'une part, seule une souche particulière de CCHFV, la souche Hoti, a causé une affection ; d'autre part la voie par intraveineuse est très différente du mode d'inoculation naturel chez l'humain et enfin, la sévérité de la maladie n'a pas pu récemment être reproduite par une autre équipe dans les mêmes conditions (Cross *et al.* 2020).

L'absence de modèle primate non-humain reste donc un obstacle de taille pour la compréhension de la maladie et le développement de vaccins.

Annexe 6 : Traitements de la FHCC

La ribavirine est l'antiviral recommandé pour traiter les patients infectés. Cette molécule anti-virale non spécifique a été employée pendant plus de vingt ans pour traiter les patients atteints de FHCC. C'est un analogue de la guanosine ciblant la polymérase virale par inhibition compétitrice, inhibant ainsi la réplication du CCHFV. La ribavirine a été testée mais son efficacité est encore à démontrer (voir Encadré 7).

Encadré 7 : études et essais cliniques de la ribavirine

Un essai contrôlé randomisé réalisé en Turquie incluant 136 patients présentant une FHCC, dont 64 dans le groupe « ribavirine orale et soins de support » et 72 dans le groupe « soins de support », n'a pas montré de différence significative entre les deux groupes ni au niveau de la période d'incubation, ni sur les manifestations cliniques, ni sur les résultats de laboratoire, ni sur le temps d'hospitalisation, ni sur les besoins de perfusions plaquettaires, ni sur le temps nécessaire à la normalisation de la numération plaquettaire, ni sur la survie (Koksal *et al.* 2010).

Plusieurs études iraniennes (cas-témoins ou comparaisons historiques), ont mis en évidence une différence significative de l'efficacité de la ribavirine lorsqu'elle était prescrite dans les 72 premières heures de l'évolution des symptômes comparée aux prescriptions au-delà de 72h, suggérant qu'une prise en charge précoce était le facteur principal d'efficacité de la ribavirine (Izadi et Salehi 2009; Metanat *et al.* 2010; Sharifi-Mood *et al.* 2009).

Une récente méta-analyse incluant 33 études sur des infections nosocomiales chez les soignants vient soutenir ces derniers résultats mais sans atteindre la significativité statistique, et montrant que l'administration de la ribavirine dans les 48 premières heures de l'apparition des symptômes semblait efficace sur le taux de mortalité réduit à 0 % versus 42 %, avec un OR à 0.04 [IC95 % 0 – 1,33] (Ö. Ergönül *et al.* 2018).

Si la question de l'efficacité de la ribavirine reste encore une question ouverte, elle semble indiquée dans les premiers jours de l'apparition des symptômes. Il semble nécessaire de réaliser de plus larges études comparatives, même si le placebo est rendu aujourd'hui impossible par respect des règles éthiques (Keshtkar-Jahromi *et al.* 2011; Elaldi *et al.* 2009; Onder Ergonul 2008; Leblebicioglu *et al.* 2012). Les modalités d'administration, la durée, et les posologies sont à préciser dans de plus larges cohortes.

Le favipiravir, un autre antiviral inhibant également la polymérase virale par inhibition compétitrice, a également été testé. Dans une étude chez les macaques et une autre sur le modèle souris, le favipiravir a montré une efficacité contre la FHCC, avec notamment une réduction de la virémie et de l'excrétion virale chez le macaque (Hawman *et al.* 2020; Oestereich *et al.* 2014). Cependant, des essais cliniques seraient nécessaires pour évaluer l'efficacité de cet antiviral chez l'Homme.

D'autres traitements ont également fait l'objet d'essais, comme l'administration **d'interféron-gamma** (IFN- γ) qui a montré une efficacité *in vitro* mais il n'existe pas d'étude chez l'Homme à ce jour ayant démontré son efficacité (Onder Ergonul 2008). Il a également été montré que **l'interféron de type 1** (IFN-1) inhibait la réplication du virus de la FHCC (Andersson *et al.* 2004; 2006), mais sans confirmation d'une quelconque efficacité.

Enfin, des **perfusions d'immunoglobulines**, qui contiennent des anticorps primordiaux pour aider le corps humain à combattre des bactéries et des virus, ont été testés, dans des études principalement réalisées en Russie ou Bulgarie (Keshtkar-Jahromi *et al.* 2011). Cependant, aucune étude à ce jour n'a pu démontrer l'efficacité des immunoglobulines spécifiques en intra-musculaire. Une seule étude non comparative a montré la guérison de sept patients sous immunoglobulines spécifiques en intraveineuse, mais sans groupe contrôle (Vassilenko *et al.* 1990). Ainsi, de plus larges études comparatives sont nécessaires pour répondre à la question de l'efficacité des

immunoglobulines. À noter que de nombreux anticorps monoclonaux dirigés contre la nucléoprotéine Gc neutralisants *in vitro* ont été décrits (Bertolotti-Ciarlet *et al.* 2005). Nonobstant, ces anticorps ne sont étonnamment pas protecteurs dans un modèle murin d'infection par le CCHFV (Golden *et al.* 2019), ainsi leur place reste également à démontrer (Keshtkar-Jahromi *et al.* 2011).

Annexe 7 : Vaccination

❖ *Candidats vaccins contre le CCHFV*

Différentes approches vaccinales ont été développées au cours de ces dernières années.

Ainsi, un vaccin proche du vaccin Bulgare, basé sur une souche produite sur cellules Vero, puis inactivée au formol et reprise en adjuvant hydroxyde d'Alun s'est avéré efficace chez la souris IFNAR-/- contre un challenge par la souche de CCHFV homologue (Canakoglu *et al.* 2015).

Un autre vaccin inerte, sous-unitaire, composé des ectodomains des protéines Gn et Gc de CCHFV émulsionnées dans un adjuvant similaire à l'adjuvant de Freund, a été évalué dans le modèle souris STAT-1-/- (Kortekaas *et al.* 2015). En dépit de la présence d'anticorps neutralisants, ce vaccin n'a pas protégé les animaux d'un challenge par CCHFV.

Les autres candidats vaccins récemment décrits sont quant à eux basés sur une approche ADN ou vecteur vivant atténué. Un vaccin ADN exprimant le segment M de CCHFV, et donc le précurseur des glycoprotéines (GPC) Gc et Gn, a été développé et évalué après trois injections dans le modèle souris IFNAR-/- et chez la souris C57Bl/6 dont le récepteur aux IFN de type 1 a été neutralisé par un anticorps monoclonal (Garrison *et al.* 2017). Les souris vaccinées n'ont été que partiellement protégées, subissant une perte de poids transitoire et succombant à l'infection dans un tiers des cas, en dépit de la présence d'anticorps neutralisant. En doublant la quantité de vaccin administré à chacune des doses, une protection de toutes les souris a été obtenue contre la souche de CCHFV homologue, mais la protection est tombée à 80 % après un challenge par une souche hétérologue (Suschak *et al.* 2021). Des réponses lymphocytaires T et une réponse humorale ont été induites avant le challenge contre la souche homologue, mais les lymphocytes T ne cross-réagissaient pas contre la souche hétérologue. Un autre vaccin ADN a été proposé par une autre équipe. Celui-ci permettait non seulement l'expression de la GPC, mais aussi de la nucléoprotéine (N) de CCHFV (Hinkula *et al.* 2017). Certains animaux ont aussi été immunisés par des pseudoparticules virales ou reçu un rappel de pseudoparticules après deux injections d'ADN. La meilleure protection a été induite par la vaccination basée sur trois injections d'ADN, avec 100 % de survie chez les souris IFNAR-/-. Encore une fois, aucune corrélation n'a été observée entre le titre d'anticorps neutralisant et la protection. Au contraire, il semble que les souris ayant développé une réponse majoritairement Th1 aient résisté le mieux à l'infection. Ce vaccin, modifié pour exprimer les GPC et N de la souche de challenge a ensuite été testé dans le modèle du macaque crabier infecté par voie intraveineuse par la souche Hoti de CCHFV (Hawman *et al.* 2021). Des réponses immunes à médiation cellulaire et humorale ont été induites par le vaccin, et les animaux ont été protégés significativement de la maladie induite par le virus, avec une absence de virémie mais du matériel génétique viral détecté dans les tissus à l'autopsie. La protection a donc été non stérilisante. Différentes approches basées sur l'expression d'antigènes de CCHFV par des vecteurs vivants ont également été proposées. Le vecteur Modified Vaccinia virus Ankare (MVA) a été utilisé pour exprimer la GPC de CCHFV (Buttigieg *et al.* 2014). Deux injections à deux semaines d'intervalle ont induit des réponses humorales et cellulaires, et conféré une protection non stérilisante contre CCHFV. La GPC semble être l'immunogène de choix pour le développement d'un vaccin basé sur ce vecteur, le même vaccin MVA exprimant la protéine N de CCHFV n'ayant pas réussi à protéger les animaux en dépit de l'induction de réponses immunes humorales et cellulaires (Dowall *et al.* 2016). Un vecteur adénovirus exprimant la protéine N de CCHFV a conféré une protection contre une infection létale, mais n'a d'une part pas sauvé toutes les souris ni empêché la survenue de signes cliniques chez les souris survivantes (Zivcec *et al.* 2018). Un autre vecteur basé sur un herpès virus bovin exprimant la protéine N a également été proposé

(Aligholipour Farzani *et al.* 2019). La plateforme⁹¹ basée sur le virus de la stomatite vésiculaire (VSV) et exprimant la GPC de CCHFV a protégé toutes les souris après deux injections (Rodriguez *et al.* 2019). Enfin, une particule réplicon composée du virus FHCC dans lequel le segment M codant la GPC est absent et où la GPC a été amenée en trans, a également conféré une bonne protection chez la souris après une seule immunisation (Scholte *et al.* 2019). De plus, ce vaccin est capable d'induire une protection contre une souche hétérologue de CCHFV (Spengler *et al.* 2019). Ces résultats récents suggèrent donc qu'une approche vaccinale est possible pour le virus CCHFV. Cependant, l'absence de modèle PNH relevant est un frein considérable à son développement.

❖ Candidats vaccins contre les tiques

Malgré de nombreuses recherches sur le sujet, un seul vaccin, dirigé contre une espèce de tique tropicale très importante en santé vétérinaire, *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*, est actuellement commercialisé à Cuba sous le nom de GAVACTM et utilisé dans de nombreux pays d'Amérique centrale et du Sud (Rodríguez *et al.* 1995). Il était autrefois également commercialisé en Australie, où il avait été initialement mis au point, sous le nom de TickGARDTM mais a été abandonné en raison de son coût élevé et d'une spécificité de souche notable rendant son efficacité aléatoire (Fuente *et al.* 2007). Ce vaccin est basé sur un antigène du tube digestif de la tique (Bm86) et génère une réponse immune qui interfère avec la digestion du repas sanguin des tiques et diminue ainsi leur population dans la nature, le nombre d'œufs pondus par les femelles étant directement lié au volume de sang ingéré.

Évaluée contre des *Hyalomma* sp., la vaccination avec Bm86 n'a montré aucun effet sur les infestations de bovins par les tiques adultes *H. scupense* ou *H. excavatum* (Galaï *et al.* 2012). À l'inverse, une étude antérieure avait montré que la vaccination de bovins avec Bm86 permettait une réduction de 30 % du nombre de nymphes *H. anaticum* gorgées, et même de 95 % pour les nymphes de *H. dromedarii* (de Vos *et al.* 2001). Un résultat similaire a été ensuite rapporté (réduction de 89 % du gorgement de nymphes de *H. dromedarii* sur des bovins vaccinés), mais le vaccin se montrait moins efficace chez les chameaux, avec une réduction du nombre de nymphes de seulement 27 % (Rodríguez *et al.* 1995). De plus, ce type de vaccin vise à réduire les populations de tiques en entravant la ponte des femelles se gorgeant sur les animaux vaccinés. Il sera donc essentiellement efficace pour des espèces monotropes comme *R. microplus* qui se gorgent quasi exclusivement sur une espèce animale que l'on peut vacciner et dont le cycle rapide permet plusieurs générations par an. Pour les espèces à large spectre d'hôtes et à une seule génération annuelle, il serait nécessaire que la vaccination élimine la tique dès sa fixation ou empêche la transmission d'agents pathogènes chez les animaux que l'on souhaite protéger (Rego *et al.* 2019). Ceux-ci pourraient même être des animaux sauvages comme le montre un récent essai de vaccination réalisé sur des chevreuils (*Capreolus capreolus*) et qui a permis de réduire l'infestation par différentes espèces de tiques, notamment *H. marginatum* et *H. lusitanicum* (Contreras *et al.* 2020).

Les recherches se sont donc naturellement tournées vers l'identification et l'utilisation d'orthologues⁹² de Bm86 pour palier la variabilité du gène correspondant suivant les espèces de tiques considérées, dont des espèces de *Hyalomma* (Ben Said, Galai, Mhadhbi, *et al.* 2012). La vaccination contre Haa86, homologue de Bm86 chez *H. anaticum*, a ainsi montré un taux de protection de 60 à 82 % selon les études et permis la réduction de la transmission de *T. annulata* chez les bovins (Jeyabal *et al.* 2010;

⁹¹ Par plateforme vaccinale, on entend une stratégie particulière de production et de présentation d'un antigène au système immunitaire.

⁹² Le terme orthologue est utilisé pour décrire un gène commun à différentes espèces, provenant d'un même gène ancestral et ayant conservé une structure et une fonction identiques au cours de l'évolution.

Azhahianambi *et al.* 2009; Jeyabal *et al.* 2012). Une vaccination de bovins contre Hd86, homologue de Bm86 chez *H. scupense*, a montré une réduction de 59 % du nombre de nymphes gorgées mais pas d'impact sur les adultes (Galaï *et al.* 2012; Ben Said *et al.* 2013; Ben Said, Galai, Canales, *et al.* 2012). Plus récemment, ATAQ, une protéine paralogue à Bm86, a été identifiée dans l'intestin et les tubules de Malpighi de l'ensemble des metastrata (genres *Rhipicephalus*, *Amblyomma*, *Hyalomma*, *Dermacentor*, *Haemaphysalis*, *Bothriocroton*) (Nijhof *et al.* 2010). Bien qu'aucun essai de vaccination n'ait été encore réalisé, ATAQ apparaît comme une protéine prometteuse en raison de son homologie avec Bm86 et de sa conservation au sein de plusieurs genres.

La majorité des études s'étant penchées sur la possibilité d'utiliser d'autres molécules dans un vaccin protégeant de l'infestation par les *Hyalomma* spp. se sont intéressées à *H. anatolicum*. Une immunisation avec des extraits de cette tique a montré une diminution du gorgement des tiques dans plusieurs études, avec dans certains cas une diminution de la transmission de *T. annulata* (Sangwan, Banerjee, et Sangwan 1998; Banerjee *et al.* 2003; Banerjee, Momin, et Samantaray 1990; Sran, Grewal, et Kondal 1996; Das *et al.* 2000; Das, Ghosh, et Ray 2005; Ghosh et Khan 1999; Sharma *et al.* 2001). Un homologue de la subolésine, ayant montré une certaine efficacité contre *R. microplus*, a été identifié chez *H. anatolicum* mais il ne semble pas y avoir eu d'essais vaccinaux à ce jour (Shakya *et al.* 2014). Dans une autre étude, la subolésine, la calréticuline (CRT) et la cathepsine de type L (CathL) ont montré des efficacités respectives contre le gorgement de *H. anatolicum* de 65 %, 41 % et 30 % (B. Kumar *et al.* 2017). Chez des bovins, une immunisation avec la ferritine 2 (FER2) et la tropomyosine (TPM) a récemment montré des taux de protection contre les larves et les adultes de *H. anatolicum* compris entre 51 et 66 % (Manjunathachar *et al.* 2019). Enfin, des essais de vaccination de lapins avec des glycoprotéines extraites de *H. dromedarii* ont montré une légère diminution de l'indice de reproduction chez des femelles gorgées et une réduction importante des taux d'éclosion des œufs (El Hakim *et al.* 2011).

Annexe 8 : Transmission des genres *Hepatozoon* et *Hemolivia*

Généralités

Les genres *Hepatozoon* et *Hemolivia* rassemblent des protozoaires parasites des cellules sanguines (globules rouges et leucocytes) appartenant à l'embranchement des *Apicomplexa* et au super-ordre des *Adeleorina* (= hémogrégarines). Les Hémogrégarines se multiplient dans les cellules sanguines de nombreux hôtes vertébrés (poissons, amphibiens, lézards, serpents, tortues, crocodiliens, oiseaux et mammifères), principalement des vertébrés à sang froid, et sont transmis principalement par des arthropodes vecteurs (Al-Quraishy *et al.* 2021). Ils ne sont pas zoonotiques.

Transmission par les *Hyalomma* sp.

Hyalomma aegyptium est le vecteur confirmé de *Hemolivia mauritanica* aux tortues terrestres du genre *Testudo*. L'infection de l'hôte vertébré se produit par ingestion de la tique. L'infection de la tique a lieu au cours d'un repas de sang. *Hemolivia mauritanica* est fréquent chez les tortues terrestres (tortues grecques et tortues bordées notamment) dans l'Est du bassin méditerranéen (Liban, Israël, Algérie, Bulgarie, Roumanie, Grèce, Turquie) et la péninsule arabique (Quatar) (Al-Quraishy *et al.* 2021; Barradas *et al.* 2020; Široký, Kamler, et Modrý 2005). La prévalence de l'infection dans les populations de tortues terrestres est estimée entre 30 et 80 % dans les zones d'endémies (Barradas *et al.* 2020). Les études réalisées sur des tortues d'Hermann en Grèce, en Croatie et en Bulgarie n'ont pas mis en évidence le parasite chez cette espèce (Široký, Kamler, et Modrý 2005).

Hyalomma aegyptium est également le vecteur confirmé de *Hepatozoon kisrae* pour les lézards *Agama (Stellagama) stellio* (stellions⁹³) en Israël et en Palestine (Paperna, Kremer-Mecabell, et Finkelman 2002). L'infection semble limitée à de petits foyers (Paperna, Kremer-Mecabell, et Finkelman 2002). L'infection des lézards peut se produire par ingestion de la tique ou par consommation de viscères de congénères infectés (Paperna, Kremer-Mecabell, et Finkelman 2002). *Hyalomma impeltatum* est le vecteur confirmé de *Hepatozoon hemprichi* pour les lézards *Scincus hemprichii* vivant à l'état naturel au Yémen (Al-Ghamdi *et al.* 2011).

Clinique

Des infections expérimentales de tortues par *Hemolivia mauritanica* ont confirmé l'existence de modifications histologiques mineures sur le foie et le rein chez les animaux présentant les parasitémies les plus élevées (Široký *et al.* 2007).

Pour *Hepatozoon kisrae* les répercussions cliniques de l'infection pour les populations de lézards ne sont pas connues. Le protozoaire est retrouvé dans différents tissus dont le sang, le foie et les poumons (Paperna, Kremer-Mecabell, et Finkelman 2002).

Hepatozoon hemprichi est également retrouvé dans différents tissus, sang, foie, poumons et rate, des animaux infectés sans que les répercussions sur la santé des animaux ne soient clairement élucidées.

En résumé, les études analysées montrent que *Hemolivia mauritanica* a été détectée dans *H. aegyptium*. Toutefois, *H. aegyptium* n'étant pas présente sur le territoire, mais pouvant être potentiellement introduite, **l'exposition à *Hemolivia mauritanica* suite à une ingestion de tique du genre *Hyalomma* représente, selon les experts, un risque très faible pour les reptiles en France. Enfin, l'exposition à *Hepatozoon kisrae* et *Hepatozoon hemprichi*, représente, selon les experts, un risque très faible pour les reptiles en France.**

⁹³ Les stellions sont des lézards actuellement importés pour la vente à des terrariophiles en France

Annexe 9 : Recommandations internationales ou étrangères

1. Recommandation de l'ECDC en termes de prévention et de mesures de contrôle pour la FHCC

“Prevention and control of CCHF infection is achieved by avoiding or minimising exposure to infected ticks by using tick repellents. Wearing protective clothing and early and correct removal of ticks are recommended. Since nosocomial cases of CCHF are quite common and often result in high mortality, strict universal precautions, including barrier nursing, should be taken with hospitalised cases, as with other haemorrhagic fevers. A vaccine derived from inactivated mouse brain is used in Bulgaria, but is not widely available, and efficiency and safety have to be re-evaluated, as well as specific human immunoglobulin used for post-exposure prophylaxis. In endemic areas, a measure of tick control has been achieved by environmental sanitation of underbrush habitats. Acaricides may be useful on domestic animals to control CCHF virus-infected ticks if used 10–14 days prior to slaughter or to export of animals from enzootic regions.”

2. Recommandations de l'OMS

Un document rédigé en 2014, présente les lignes directrices à appliquer en cas de suspicion de fièvre hémorragique (avec un focus sur Ebola) : *“Interim Infection Prevention and Control Guidance for Care of Patients with Suspected or Confirmed Filovirus Haemorrhagic Fever in Health-Care Settings, with Focus on Ebola”* ; <https://apps.who.int/iris/rest/bitstreams/583365/retrieve>

3. Recommandations espagnoles

Traduction des recommandations espagnoles issues de « *Detección de casos de Fiebre hemorrágica de Crimea-Congo en el Bierzo* (León)⁹⁴ (Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias 2022) » :

- Aborder de manière globale et multidisciplinaire, dans un cadre *One Health*, la surveillance et le contrôle du CCHFV, en particulier dans les territoires où le virus a été détecté, y compris la surveillance entomologique des espèces de tiques potentiellement vecteurs/réservoirs, en renforçant la coordination aux niveaux local, régional et national entre les secteurs de la santé humaine, animale et environnementale ;
- Renforcer les campagnes de prévention et de gestion des piqûres de tiques dans les zones où des cas de FHCC se sont produits, ainsi que dans les zones où la circulation du virus est déjà connue, et diffuser des informations sur les mesures visant à prévenir la transmission de la maladie aux groupes à risque, aux professionnels de santé et à la population générale ;
- Informer les professionnels de la santé de cette maladie dans les zones où des cas de FHCC se sont produits, ainsi que dans les zones connues pour être à forte circulation virale, afin qu'un diagnostic précoce et une prise en charge rapide puissent être effectués si l'apparition en cas de survenue de nouveaux cas. Dans ces zones, effectuer la surveillance de la maladie chez l'être humain au moins pendant la période d'activité maximale du vecteur ;

⁹⁴

https://www.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/Crimea_Congo/docs/20220805_Crimea_Congo_El_Bierzo.pdf

- Effectuer des études entomologiques et de séroprévalence chez les animaux et les humains dans les zones où des cas se sont produits ;
- En cas de circulation virale, étudier les souches de CCHFV détectées pour connaître leurs caractéristiques et leur comportement.

4. Autres recommandations identifiées par les experts

D'autres documents ont également été consultés par les experts pour la cohérence des recommandations et des mesures de prévention. Toutefois, les systèmes de santé des pays ci-dessous étant assez éloignés du notre, les documents sont juste listés.

- Pakistan: "Prevention of Crimean-Congo Haemorrhagic (CCHF) Fever (Human and animals) in Pakistan" (2010)

<https://www.nih.org.pk/wp-content/uploads/2018/03/Guidelines-for-Prevention-of-Crimean-Congo-Haemorrhagic-CCHF-Fever-Human-and-Animals-in-Pakistan..pdf>

- Afghanistan : « OPERATIONAL GUIDELINE FOR PREVENTION AND CONTROL OF CRIMEAN CONGO HAEMORRHAGIC FEVER IN AFGHANISTAN” (2013)

https://www.humanitarianresponse.info/sites/www.humanitarianresponse.info/files/documents/files/operational_guideline_for_prevention_and_control_of_cCHF_in_afghanistan.pdf

Notes



anses

AGENCE NATIONALE DE SÉCURITÉ SANITAIRE
de l'alimentation, de l'environnement et du travail

14 rue Pierre et Marie Curie 94701 Maisons-Alfort Cedex
Tél : 01 42 76 40 40
www.anses.fr — @Anses_fr