



Risques sanitaires liés à la consommation de viande de brousse en Afrique tropicale investigation microbiologique de prélèvements en provenance du Bénin, de RDC et RCA

Marine, Montblanc

► To cite this version:

Marine, Montblanc. Risques sanitaires liés à la consommation de viande de brousse en Afrique tropicale investigation microbiologique de prélèvements en provenance du Bénin, de RDC et RCA. Médecine vétérinaire et santé animale. 2022. <dumas-04978300>

HAL Id: dumas-04978300

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-04978300v1>

Submitted on 5 Mar 2025

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

RISQUES SANITAIRES LIES A LA CONSOMMATION DE VIANDE DE BROUSSE EN AFRIQUE TROPICALE : INVESTIGATION MICROBIOLOGIQUE DE PRELEVEMENTS EN PROVENANCE DU BENIN, DE RDC ET RCA

THESE D'EXERCICE

pour obtenir le titre de
DOCTEUR VETERINAIRE

DIPLOME D'ETAT

*présentée et soutenue publiquement
devant l'Université Paul-Sabatier de Toulouse*

par

MONTBLANC Marine, Nadia

Directeur de thèse : M. Stéphane BERTAGNOLI

JURY

PRESIDENT :
M. Christophe PASQUIER

Professeur à l'Université Paul SABATIER de TOULOUSE

ASSESSEURS :
M. Stéphane BERTAGNOLI
Mme Laure DAVID

Professeur à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE
Maître de Conférences à l'Ecole Nationale Vétérinaire de TOULOUSE

**Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation
ECOLE NATIONALE VETERINAIRE DE TOULOUSE**

Liste des directeurs/assesseurs de thèse de doctorat vétérinaire

Directeur : Professeur Pierre SANS

PROFESSEURS CLASSE EXCEPTIONNELLE
--

- M. **BERTAGNOLI Stéphane**, *Pathologie infectieuse*
- M. **BOUSQUET-MELOU Alain**, *Pharmacologie, thérapeutique*
- M. **BRUGERE Hubert**, *Hygiène et industrie des aliments d'origine animale*
- Mme **CHASTANT-MAILLARD Sylvie**, *Pathologie de la reproduction*
- M. **CONCORDET Didier**, *Mathématiques, statistiques, modélisation*
- M. **DELVERDIER Maxence**, *Anatomie pathologique*
- M. **ENJALBERT Francis**, *Alimentation*
- Mme **GAYRARD-TROY Véronique**, *Physiologie de la reproduction, endocrinologie*
- Mme **HAGEN-PICARD Nicole**, *Pathologie de la reproduction*
- M. **MEYER Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- M. **SCHELCHER François**, *Pathologie médicale du bétail et des animaux de basse-cour*
- Mme **TRUMEL Catherine**, *Biologie médicale animale et comparée*

PROFESSEURS 1^{ère} CLASSE

- M. **BAILLY Jean-Denis**, *Hygiène et industrie des aliments*
- Mme **BOURGES-ABELLA Nathalie**, *Histologie, anatomie pathologique*
- Mme **CADIERGUES Marie-Christine**, *Dermatologie vétérinaire*
- M. **DUCOS Alain**, *Zootecnie*
- M. **FOUCRAS Gilles**, *Pathologie des ruminants*
- M. **GUERIN Jean-Luc**, *Aviculture et pathologie aviaire*
- M. **JACQUIET Philippe**, *Parasitologie et maladies parasitaires*
- Mme **LACROUX Caroline**, *Anatomie pathologique, animaux d'élevage*
- Mme **LETRON-RAYMOND Isabelle**, *Anatomie pathologique*
- M. **LEFEBVRE Hervé**, *Physiologie et thérapeutique*
- M. **MAILLARD Renaud**, *Pathologie des ruminants*

PROFESSEURS 2^{ème} CLASSE

- Mme **BOULLIER Séverine**, *Immunologie générale et médicale*
- M. **CORBIERE Fabien**, *Pathologie des ruminants*
- Mme **DIQUELOU Armelle**, *Pathologie médicale des équidés et des carnivores*
- M. **GUERRE Philippe**, *Pharmacie et toxicologie*
- Mme **MEYNADIER Annabelle**, *Alimentation animale*
- M. **MOGICATO Giovanni**, *Anatomie, imagerie médicale*
- Mme **PAUL Mathilde**, *Epidémiologie, gestion de la santé des élevages avicoles*
- M. **RABOISSON Didier**, *Médecine de population et économie de la santé animale*

MAITRES DE CONFERENCES HORS CLASSE

- M. **BERGONIER Dominique**, *Pathologie de la reproduction*
Mme **BIBBAL Delphine**, *Hygiène et industrie des denrées alimentaires d'origine animale*
Mme **CAMUS Christelle**, *Biologie cellulaire et moléculaire*
M. **JAEG Jean-Philippe**, *Pharmacie et toxicologie*
M. **LYAZRHI Faouzi**, *Statistiques biologiques et mathématiques*
M. **MATHON Didier**, *Pathologie chirurgicale*
Mme **PALIERNE Sophie**, *Chirurgie des animaux de compagnie*
Mme **PRIYMENKO Nathalie**, *Alimentation*
M. **VOLMER Romain**, *Microbiologie et infectiologie*

MAITRES DE CONFERENCES CLASSE NORMALE
--

- M. **ASIMUS Erik**, *Pathologie chirurgicale*
Mme **BRET Lydie**, *Physique et chimie biologiques et médicales*
Mme **BOUHSIRA Emilie**, *Parasitologie, maladies parasitaires*
M. **CARTIAUX Benjamin**, *Anatomie, imagerie médicale*
M. **CONCHOU Fabrice**, *Imagerie médicale*
Mme **DANIELS Hélène**, *Immunologie, bactériologie, pathologie infectieuse*
Mme **DAVID Laure**, *Hygiène et industrie des aliments*
M. **DIDIMO IMAZAKI Pedro**, *Hygiène et industrie des aliments*
M. **DOUET Jean-Yves**, *Ophtalmologie vétérinaire et comparée*
Mme **FERRAN Aude**, *Physiologie*
Mme **GRANAT Fanny**, *Biologie médicale animale*
Mme **JOURDAN Géraldine**, *Anesthésie, analgésie*
M. **JOUSSERAND Nicolas**, *Médecine interne des animaux de compagnie*
Mme **LALLEMAND Elodie**, *Chirurgie des équidés*
Mme **LAVOUE Rachel**, *Médecine Interne*
M. **LE LOC'H Guillaume**, *Médecine zoologique et santé de la faune sauvage*
M. **LIENARD Emmanuel**, *Parasitologie et maladies parasitaires*
Mme **MEYNAUD-COLLARD Patricia**, *Pathologie chirurgicale*
Mme **MILA Hanna**, *Elevage des carnivores domestiques*
M. **NOUVEL Laurent**, *Pathologie de la reproduction*
M. **VERGNE Timothée**, *Santé publique vétérinaire, maladies animales réglementées*
Mme **WARET-SZKUTA Agnès**, *Production et pathologie porcine*

INGENIEURS DE RECHERCHE

- M. **AUMANN Marcel**, *Urgences, soins intensifs*
M. **AUVRAY Frédéric**, *Santé digestive, pathogénie et commensalisme des entérobactéries*
M. **CASSARD Hervé**, *Pathologie des ruminants*
M. **CROVILLE Guillaume**, *Virologie et génomique cliniques*
Mme **DEBREUQUE Maud**, *Médecine interne des animaux de compagnie*
Mme **DIDIER Caroline**, *Anesthésie, analgésie*
Mme **DUPOUY GUIRAUTE Véronique**, *Innovations thérapeutiques et résistances*
Mme **GAILLARD Elodie**, *Urgences, soins intensifs*
Mme **GEFFRE Anne**, *Biologie médicale animale et comparée*
Mme **GRISEZ Christelle**, *Parasitologie et maladies parasitaires*
Mme **JEUNESSE Elisabeth**, *Bonnes pratiques de laboratoire*
Mme **PRESSANTI Charline**, *Dermatologie vétérinaire*
M. **RAMON PORTUGAL Félipe**, *Innovations thérapeutiques et résistances*
M. **REYNOLDS Brice**, *Médecine interne des animaux de compagnie*
Mme **ROUCH BUCK Pétra**, *Médecine préventive*

Remerciements

A Monsieur Christophe Pasquier,

Professeur des Universités, Praticien hospitalier CHU Purpan,

Qui me fait l'honneur de présider ce jury de thèse,

Hommages respectueux.

A Monsieur Stéphane Bertagnoli,

Maître de Conférences en Virologie – Maladies infectieuses à l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, DVM, PhD, HDR,

Pour avoir accepté d'encadrer cette thèse, pour sa gentillesse et son accompagnement,

Sincères remerciements.

A Madame Laure David,

Maître de Conférences en Hygiène et Industrie des Aliments à l'Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, DVM, PhD,

Qui me fait l'honneur d'être assesseure de mon jury de thèse,

Remerciements distingués.

A Monsieur Philippe Gaubert,

Chargé de Recherches, Laboratoire Evolution et Diversité Biologique (EDB), PhD, HDR,

Pour m'avoir accueilli dans son équipe, et supervisé pendant près de 2 ans,

Pour m'avoir accordé ce sujet de thèse et pour sa confiance,

Pour sa bienveillance, sa disponibilité et son aide à tous égards,

Profonde gratitude. Merci pour tout.

A l'ensemble de l'équipe PANGO-GO et du laboratoire EDB,

Un grand merci pour leur amitié, et leur gentillesse.

A Sean et Imogen que j'espère revoir dans de prochaines aventures.

Merci à Amaia, Anne-Sophie et Lucie pour leur aide précieuse.

TABLE DES MATIERES

CHAPITRE 1 : ETAT DES LIEUX BIBLIOGRAPHIQUE 17

PARTIE 1 : Contextualisation de la viande de brousse, de l'émergence des maladies infectieuses en Afrique tropicale et de la notion de risque associée à cette denrée alimentaire 18

1. « Bushmeat » : pilier de la sécurité alimentaire en Afrique tropicale aux nombreux enjeux.....	18
Définition.....	18
Consommation en Afrique tropicale	19
De la subsistance au commerce international : rupture fin du 20 ^{ième} – début du 21 ^{ième} siècle .	22
Enjeux liés à la consommation de viande de brousse.....	25
2. Maladies émergentes, faune sauvage et forêts tropicales : One health ?.....	26
Maladies émergentes et maladies zoonotiques : les deux faces d'une même médaille ?	26
Forêts tropicales : « hot-spots » de diversité biologique et de micro-organismes pathogènes, espaces soumis à des pressions anthropiques croissantes	29
Diversité microbienne des régions tropicales.....	29
Modification des écosystèmes et probabilité de contact	31
Concept One Health	34
3. Evaluation du risque associé à la viande de brousse	36
Définition.....	36
Agents biologiques pathogènes d'origine alimentaire.....	36
Bactérien.....	37
Viral.....	39
Parasitaire : Protozoaires et Helminthes.....	40
Bilan de la situation sanitaire en Afrique concernant le risque de maladies d'origine alimentaire	41
Agents biologiques pathogènes identifiés dans la viande de brousse.....	44
Production de la viande de brousse et risques inhérents	44

PARTIE 2 : Revue bibliographie de la littérature. Viande de brousse et santé en Afrique : transmission de maladies infectieuses..... 50

1. Sélection des articles.....	50
2. Résultats	52
3. Discussion	56
Perceptions du risque zoonotique et exposition des populations.....	56
Risques sanitaires liés à la faune sauvage	58
Risques sanitaires liés au gibier.....	60

CHAPITRE 2 : ETUDE EXPERIMENTALE 68

1. Matériels et Méthodes	70
Rappel : technique de metabarcoding et séquençage nouvelle génération Illumina	70
Collection des échantillons et sites d'étude	72
Extraction et quantification de l'ADN	76
Amplification PCR	76
i. Choix des amorces	76
ii. Plans de plaque et protocoles PCR	77
iii. Electrophorèse	77
Pool des échantillons et préparation des librairies	78
Séquençage Illumina	79
Analyses bio-informatiques	80
i. Obitools	81
iii. MetabaR	85
iv. Analyses statistiques	90
Détermination des genres bactériens "pathogènes"	92
2. Résultats	99
Courbes de raréfaction	99
Diversité alpha	100
Diversité beta	104
Composition taxonomique	106
Clustering hiérarchique des échantillons	108
Identification des genres pathogènes	112
Recherche spécifique d'agents pathogènes	124
3. Discussion	129
Uniformiser les protocoles	129
Avantages et limites du metabarcoding dans l'étude des communautés microbiennes	129
Consommer et manipuler de la viande brousse expose l'homme à des dangers bactériens	131
Des ordres de mammifères d'intérêt pour la surveillance épidémiologique	134
Quelles implications ? Des solutions ? One Health	136
Bibliographie	141
Annexes	161

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Exemple d'un athérure africain (*Atherurus africanus*) prélevé par un chasseur Ba'Aka lors d'une chasse traditionnelle au filet en République Centrafricaine (Juillet 2021)

Figure 2 : Composition de la viande de brousse capturée dans le bassin du Congo en % de biomasse prélevée sur plusieurs marchés ruraux (Source : Wilkie et Carpenter, 1999.)

Figure 3 : Interactions des facteurs contribuant à l'émergence d'une zoonose. (Source : McMahon et al. 2018)

Figure 4 : Nombres d'espèces de pathogènes zoonotiques en fonction de différents types d'hôtes non humains. A) toutes les espèces zoonotiques B) espèces zoonotiques émergentes et ré-émergentes seulement (Source : Woolhouse et Gowtage-Sequeria 2005)

Figure 5 : Patrons macro-épidémiologiques des agents microbiens et parasitaires affectant les populations humaines, poids des forêts tropicales dans la diversité des agents pathogènes (Source : Guégan et al. 2019)

Figure 6 : Carte des émergences des maladies infectieuses causés par a) des agents pathogènes zoonotiques provenant de la faune sauvage, b) des agents pathogènes zoonotiques provenant de la faune domestique, c) des agents pathogènes résistants aux médicaments et d) des agents pathogènes à transmission vectorielle. (Source : Jones et al. 2008)

Figure 7 : Cartes représentant l'impact du développement de routes sur la fragmentation des forêts tropicales et le développement de la surface contact entre le réservoir humain et sauvage (Source : Wolfe et al. 2012)

Figure 8 : ONE HEALTH - Viande de brousse, maladies infectieuses et émergentes, forêts tropicales ©Marine Montblanc (Created with BioRender.com)

Figure 9 : Evaluation de la capacité des pays d'Afrique à la sécurité des aliments selon les critères de la RSI (Source : Jafee et al. 2020)

Figure 10 : Représentation des principaux pathogènes responsables de maladies entériques par sous-région d'après les chiffres de 2010 (DALYs pour 100 000 habitants).

Figure 11 : Représentation des principaux pathogènes parasitaires par sous-région d'après les chiffres de 2010 (DALYs pour 100 000 habitants).

Figure 12 : Processus de production de la viande de brousse, risques zoonotiques et voies de contamination des carcasses ©Marine Montblanc

Figure 13 : Algorithme de recherche réalisé pour la revue de littérature

Figure 14 : Nombre de publications par année en fonction du type d'étude

Figure 15 : Nombre de publications sur le thème « santé et viande de brousse » par pays en Afrique

Figure 16 : Total des publications en fonction du type de pathogène étudié

Figure 17 : Total des publications en fonction du type d'étude

Figure 18 : Nombre de publications en fonction de l'ordre taxonomique des mammifères étudiés et du type de pathogène

Figure 19 : Technologie séquençage haut-débit Illumina. (Source : Pascal Combemorel et Erwin van Dijk)

Figure 20 : Illustration des régions conservées, variables et hypervariables du gène de l'ARNr 16S et des différentes paires d'amorces utilisées pour le séquençage métagénomique. (Source : Shahi et al. 2017)

Figure 21 : Détails des échantillons de l'étude (type d'échantillon, ordre taxonomique des mammifères)

Figure 22 : Préparation de bibliothèques pour séquençage Illumina, ajout d'adaptateurs et d'index (Source : illumina)

Figure 23 : Etapes des analyses bio-informatiques des données de metabarcoding (Source : Taberlet et al. 2018)

Figure 24 : Etapes des OBITOOLS et SUMACLUST réalisées au cours de l'étude ©Marine Montblanc (Created with BioRender.com)

Figure 25 : Résultats de la classification taxonomique Silva NGS sur les données de l'étude (Ondov, Bergman, et Phillippy 2011)

Figure 26 : Etapes d'identification des artéfacts moléculaires avec la bibliothèque R metabar (Zinger et al. 2021) ©Marine Montblanc (Created with BioRender.com)

Figure 27 : Nombre de lectures par PCRs (Librairie 1 = 1 à 4, Librairie 2 = 5 à 8 et Librairie 3 = 9 à 12)

Figure 28 : Nombre de PCRs en fonction du nombre de lectures (contrôles inclus), seuil en pointillés de 7000 lectures

Figure 29 : Résumé des artéfacts OTUs

Figure 30 : Résumé des artéfacts PCRs

Figure 31 : Courbes de raréfaction construites à partir de la librairie Vegan en fonction du type d'échantillons (A : Ecouvillon oral, B : Ecouvillon rectal, C : Fèces, D : Tissu)

Figure 32 : Courbes de raréfaction construites à partir des nombres de Hill (librairie metabar) en fonction du pays de prélèvement

Figure 33 : Représentation des indices de Shannon en fonction du type d'échantillon. La dispersion des indices est modélisée par l'aire en couleur, la médiane ainsi que l'écart inter-quartile sont représentés par les box-plots.

Figure 34 : Représentation des indices de Shannon en fonction du pays de provenance des échantillons. La dispersion des indices est modélisée par l'aire en couleur, la médiane ainsi que l'écart inter-quartile sont représentés par les box-plots.

Figure 35 : Diversité alpha, évaluée par l'indice de Shannon, des échantillons du Bénin en fonction de l'ordre taxonomique des mammifères, la médiane ainsi que l'écart inter-quartile sont représentés par les box-plots. (* : différence significative selon test de Wilcoxon, $p < 0,05$)

Figure 36 : Graphique d'ordination NMDS à partir de la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis en fonction du type d'échantillons.

Figure 37 : Graphique d'ordination NMDS à partir de la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis en fonction du pays d'origine des prélèvements.

Figure 38 : Abondance relative des différents phyla en fonction de l'ordre taxonomique des mammifères

Figure 39 : Abondance relative des différents genres bactériens en fonction du type d'échantillon

Figure 40 : Clustering hiérarchique des échantillons oraux (Bénin) basé sur l'abondance relative des différents phylums

Figure 41 : Clustering hiérarchique des échantillons rectaux (Bénin) basé sur l'abondance relative des différents phylums

Figure 42 : Clustering hiérarchique des échantillons tissulaires (RDC, Belgique) basé sur l'abondance relative des différents phylums

Figure 43 : Genres bactériens sélectionnés présents dans les échantillons.

Figure 44 : Abondance relative de chacun des genres bactériens listés **Tableau 11** par espèces de mammifères étudiées pour chaque type d'échantillons.

Figure 45 : Exemple de dangers bactériens identifiés dans notre étude en fonction du type d'échantillon et description de leurs modes de transmission possibles à l'homme. ©Marine Montblanc (Created with BioRender.com)

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1 : Liste des principaux dangers biologiques d'origine alimentaire (non exhaustive) (World Health Organization 2015) (Behraves, Williams, et Tauxe 2012) (Orlandi et al. 2002)

Tableau 2 : Présentation des résultats de recherche pour les différentes combinaisons de mots-clés sur WoS

Tableau 3 : Liste des pathogènes identifiés dans la littérature à partir de prélèvements de viande de brousse par espèce

Tableau 4 : Liste des espèces de viande de brousse échantillonnées dans le cadre de l'étude

Tableau 5 : Composition du mélange PCR

Tableau 6 : Programme PCR ARNr 16S V5-V6

Tableau 7 : Composition du gel d'agarose 1%

Tableau 8 : Concentration des 3 réplicats après pool des PCRs au Qbit-Flex

Tableau 9 : Concentrations des trois librairies NGS 16S mesurées par qPCR

Tableau 10 : Statistiques et résultats du pipeline OBITOOLS sur les données de l'étude.

Tableau 11 : Liste des principaux genres bactériens présentant des espèces pathogènes pour l'homme

Tableau 12 : Moyenne des indices de Shannon pour chacun des niveaux des différentes variables explicatives (pays, type d'échantillons, mode de préservation, ordre taxonomique des mammifères) et p-valeur des tests de Kruskal-Wallis associés

Tableau 13 : Méta-données associées aux échantillons de l'étude et effets confondus (vert)

Tableau 14 : Résultats des tests Permanova et Permdisp

Tableau 15 : Espèces bactériennes pathogènes pour l'homme identifiées dans les échantillons

LISTE DES ABREVIATIONS

AFSI : African Food Safety Index
CBD : Convention on Biological Diversity
CDC : Center for Disease Control and prevention
CITES : Convention on International Trade of Endangered Species (Convention sur le commerce international des espèces de faune et de flore sauvages menacées d'extinction)
CMV : CytoMegalovirus
EDB : Laboratoire Evolution et Diversité Biologique
EPEC : *Escherichia coli* EntéroPathogènes
ETEC : *Escherichia coli* Entérotoxinogène
FAO : Food and Agriculture Organization (Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture)
HTLV : Human T-lymphotropic virus (Virus T-lymphotrope Humain)
LCMV : Lymphocytic ChoriMeningitis Virus
LCV : LymphoCryptovirus
MIE : Maladie Infectieuse Emergente
NiV : Virus Nipah
OMS : Organisation Mondiale de la Santé (WHO : World Health Organization)
(M)OTU : (Molecular) Operational Taxonomic Unit (Unité Taxonomique Opérationnelle (Moléculaire))
PACE : Programme panAfricain de Contrôle des Epizooties
RBINS : Royal Belgian Institute of Natural Sciences
RCA : République Centrafricaine
RDC : République Démocratique du Congo
RSI : Règlement Sanitaire International
SFV : Simian Foamy Virus (Virus spumeux simien)
SIV : Simian Immunodeficiency Virus (Virus de l'Immunodéficience Simienne)
SRAS : Syndrome Respiratoire Aigu Sévère (virus)
STEC : *Escherichia coli* producteurs de Shigatoxines
STLV : Simian-T-lymphotropic virus (Virus lymphotropes Simien-T)
UFC : Unité Formant Colonie
UNDESA : United Nations Department of Economic and Social Affairs (Département des affaires économiques et sociales des Nations Unies)
VHE : Virus de l'Hépatite E
VIH : Virus de l'Immunodéficience Humaine
VTEC : *Escherichia coli* producteurs de Vérotoxines
WCS : Wildlife Conservation Society
WFP : World Food Program
WoS : Web of Science
WWF : World Wide Fund for Nature

Introduction

L'émergence d'agents pathogènes zoonotiques par contact avec des réservoirs animaux est un phénomène bien documenté et une préoccupation croissante de santé publique. Ebola, Variole du singe, SRAS, fièvre charbonneuse sont autant d'exemples de maladies qui tirent leur origine d'un hôte sauvage. La récente pandémie liée au SARS-CoV-2, dont les chiroptères constituent le réservoir naturel (Lytras et al. 2022) (Temmam et al. 2022), est une illustration plus qu'équivoque des conséquences à la fois humaine, économique et financière que peuvent avoir l'émergence de nouvelles maladies infectieuses à l'échelle mondiale. Aujourd'hui, plus de 60 % des maladies infectieuses émergentes sont d'origine zoonotique, et plus de 70% de ces zoonoses sont issues du réservoir sauvage (Jones et al. 2008). La manipulation et la consommation d'aliments contaminés, en particulier de sous-produits animaux, constituent notamment des voies importantes pour la transmission d'agents pathogènes à l'homme (Loh et al. 2015). Les marchés alimentaires traditionnels¹, rassemblant le plus souvent une forte diversité d'espèces animales sur les étals, dans des conditions d'hygiène très limitées, présentent un risque particulièrement élevé (Nawtaisong et al. 2022) de transmission d'agents zoonotiques ou de maladies d'origine alimentaire aux travailleurs et aux consommateurs. Les maladies d'origine alimentaire sont responsables de près de 137 000 décès en Afrique chaque année (OMS, 2019), la forte prévalence de ces maladies à l'échelle mondiale a par ailleurs motivé l'intégration des produits alimentaires au Règlement Sanitaire International. Ainsi, la prévention des maladies d'origine alimentaire et des zoonoses est une priorité de santé publique.

La viande de brousse, en tant que **denrée alimentaire animale** issue de la **faune sauvage** africaine, constitue donc une interface privilégiée d'exposition de l'homme à des pathogènes. L'objectif de cette thèse vétérinaire consiste alors à identifier les potentiels dangers bactériens auxquels l'homme peut être confronté lors de la manipulation et de la consommation de viande de brousse, et de déterminer la contribution de cette denrée carnée au développement de maladies zoonotiques et alimentaires chez l'Homme.

Dans un premier chapitre, il sera détaillé l'imbrication complexe de la viande de brousse au sein de problématiques à la fois culturelles, économiques, médicales, et environnementales. Les connaissances disponibles sur les risques avérés de la viande de brousse pour la santé humaine seront ensuite détaillées au sein d'une revue systématique de la littérature.

Le second chapitre sera consacré à l'évaluation de la diversité des pathogènes bactériens présents dans les espèces de viande de brousse d'Afrique tropicale (Bénin, République Démocratique du Congo et République Centrafricaine) par analyse métabarcoding du gène ARNr 16S dans différents types d'échantillons.

Dans un contexte global d'émergence rapide de nouvelles maladies infectieuses, d'anthropisation des écosystèmes et de crise de la biodiversité, cette thèse veut souligner les liens étroits qui existent entre la santé humaine, animale et environnementale.

¹ Inclut les « marchés humides », marchés informels et marchés agricoles qui vendent des aliments d'origine animale et non animale, et où des animaux vivants sont parfois hébergés et abattus sur place.

CHAPITRE 1 : ETAT DES LIEUX BIBLIOGRAPHIQUE

PARTIE 1 : Contextualisation de la viande de brousse, de l'émergence des maladies infectieuses en Afrique tropicale et de la notion de risque associée à cette denrée alimentaire

1. « Bushmeat » : pilier de la sécurité alimentaire en Afrique tropicale aux nombreux enjeux

Définition

La première occurrence du terme « bushmeat » de sa traduction littérale française « viande de brousse » est mentionnée dans le journal de bord du Capitaine W. Allen en 1843 (Dawson 2017) lors du récit de son expédition sur le cours du Niger, dans lequel il décrivait « the natives, [who] set fire to the grass in the dry season for the purpose of catching wild animals, which they call 'bush-meat' » [les natifs, [qui] mettent le feu à l'herbe pendant la saison sèche afin d'attraper des animaux sauvages, qu'ils appellent "viande de brousse"] (Allen et Thomson 1848). Depuis le “Bushmeat Working Group” de la CITES (Convention on International Trade in Endangered Species) s’est accordé sur la définition suivante “viande destinée à la consommation humaine issue d’animaux sauvages” (CITES 2000). Cette définition intègre tout animal terrestre non domestiqué, mammifère (**Figure 1**), oiseau, reptile et amphibien, prélevés à des fins de consommation (CBD 2008) ; les insectes, crustacés, mollusques et poissons sont exclus et ne seront pas abordés dans ce document.

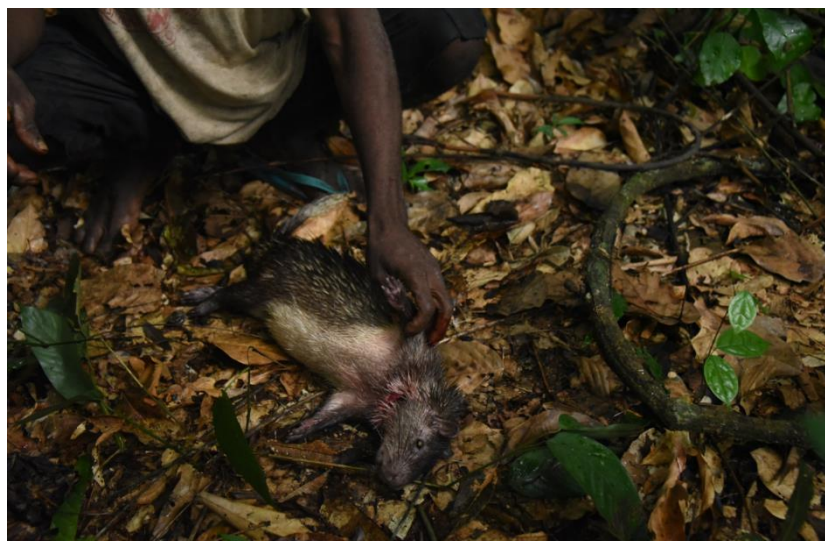


Figure 1 : Exemple d'un athérure africain (Atherurus africanus) prélevé par un chasseur Ba'Aka lors d'une chasse traditionnelle au filet en République Centrafricaine (Juillet 2021)

Si ce terme est aujourd’hui mentionné pour qualifier le « gibier » des marchés asiatiques et d’Amérique latine, il désigne originellement certaines pratiques de chasse du continent africain, restriction à laquelle on se limitera dans la suite de cet exposé. Une distinction sera également établie entre la « Bushmeat » et la « Game meat » même si la traduction française en fait peu

état : « viande de brousse » vs « viande de gibier ». En effet, le qualificatif de « Game meat » est réservé à la viande récoltée légalement sur des mammifères terrestres et oiseaux non domestiqués, par le biais d'activités formalisées telles que l'élevage, ou la chasse safari (Mainka et Trivedi 2002).

Consommation en Afrique tropicale

Chaque année la consommation de viande de brousse dans les pays d'Afrique de l'Ouest et d'Afrique Centrale est estimée à environ 5 millions de tonnes (A. Kamins et al. 2014). La demande est 4 fois plus élevée que dans le bassin Amazonien pour comparaison (N. D. Wolfe et al. 2005). Cette viande constitue une source essentielle de protéines et de revenus pour les populations des régions tropicales. Le bassin du Congo, qui s'étend sur six pays (Cameroun, République centrafricaine, République Démocratique du Congo, République du Congo, Guinée équatoriale et Gabon) et représente le deuxième massif forestier tropical du monde, concentre la majorité de la consommation de viande de brousse en Afrique.

Différents facteurs peuvent expliquer la dépendance des populations à cette ressource alimentaire, la difficulté de l'élevage quasi inexistant dans ces régions tropicales constitue certainement une des limites majeures. En effet la production de bétail en forêt humide africaine est fortement impactée par des pertes animales majorées : le développement de maladies infectieuses (telles que la trypanosomiase) (Muhanguzi et al. 2014), la malnutrition, la prédation ou encore la forte variabilité saisonnière avec la survenue d'événements climatiques extrêmes en sont principalement responsables. L'absence de connaissance et de formation en zootechnie des populations, la pauvreté, et l'absence d'accès aux soins vétérinaires sont d'autant plus de freins à son développement. Ainsi, les zones humides concentrent la plus faible proportion de bétail d'Afrique tropicale (Jahnke 1982). L'incapacité des pays du bassin du Congo à produire suffisamment de protéines pour nourrir leur population, ainsi que le coût élevé de la viande domestique, implique de facto une dépendance obligée aux gibiers forestiers. En effet, Fa et al. (2003) estiment par exemple que les protéines non issues de la viande de brousse (cultures telles que le manioc, viande domestique, fruits de mer, poisson) provenant de l'agriculture nationale et des importations représentent seulement 6 % de l'approvisionnement total en République Démocratique du Congo. Ainsi en milieu rural, la consommation de viande de brousse peut représenter jusqu'à 80-90% des apports protéiques animaux des populations d'Afrique Centrale et de l'Ouest (Cawthorn et Hoffman 2015). Le développement de l'agriculture comme levier de croissance socio-économique n'est cependant pas privilégié par ces pays (Tollens 2010) puisque c'est moins de 5% du budget national qui est alloué au secteur de l'agriculture (**Annexe 1**), budget qui ne parvient pas à assurer une sécurité alimentaire à leurs populations. En effet, en 2021 c'est 21.8 millions de personnes (soit 35% de la population étudiée) en situation de crise ou d'urgence alimentaire en RDC et 2.4 millions en RCA (soit 55% de la population étudiée) d'après le Global Report on Food Crisis (2021) publié par le World Food Program (WFP).

Cette précarité alimentaire est par ailleurs exacerbée par l'instabilité politique et la multiplication de conflits armés dans ces régions qui obligent les populations à quitter leur

foyer, leurs terres et leur emploi, paralysant l'agriculture et le commerce de ces pays. Parmi les 6 pays du bassin du Congo, 3 sont listés en 2022 parmi les 20 pays enregistrant le plus de flux migratoires internes à cause de conflits sur leur territoire : République Centrafricaine, République Démocratique du Congo, Cameroun (*World Migration Report 2022*) (**Annexe 2**). L'accès aux ressources vitales telles que l'eau et l'électricité est compromis, le bétail devient source de convoitises (Cox 2012), les accès routiers sont endommagés, les aides humanitaires sujettes à des attaques armées... Pour ne citer qu'un exemple, en RDC le bilan humain de la seconde guerre du Congo (1998 – 2002) est estimé à plus de 5 millions de décès principalement associés à la famine générée par le conflit. Aujourd'hui encore, les tensions intercommunautaires et la présence de milices armées telles que ADF (Allied Democratic Forces) ou M23 dans les régions du Nord-Kivu, du Sud-Kivu, de l'Ituri, continuent d'augmenter le déplacement des populations et de perturber l'établissement de récoltes agricoles. Ainsi, parallèlement aux conflits, la RDC a vu son économie s'effondrer et sa production alimentaire chuter considérablement (Fa et al 2003), Draulans et Krunkelsven (2002) ont estimé que la guerre, notamment la présence de soldats et de réfugiés a fortement contribué à augmenter le nombre de personnes dépendant de la viande de brousse comme source de protéines en RDC.

Par ailleurs, nombreuses communautés indigènes en Afrique tropicale telles que les populations Ba'Aka ou Mbuti, peuples « chasseur - cueilleur » dépendent directement des ressources naturelles de la forêt pour leur subsistance, seule garantie de leur indépendance. Bien que ces peuples soient aujourd'hui engagés dans d'autres activités que celles de chasses et de cueillettes, peu d'entre elles sont exercées librement et sans la contrainte de forces sociales ou de marchés discriminatoires. Les changements socio-économiques rapides des dernières décennies ont entraîné une sédentarisation progressive des peuples « Pygmées », entraînant leur avilissement par d'autres ethnicités. Passés de l'état de chasseurs-cueilleurs à celui de « prolétaires ruraux » (Beauclerk 1994), les peuples « Pygmées » se voient déposséder de leur identité culturelle, et sont particulièrement exposés aux dérives tels que l'alcoolisme (Gallois, van Andel, et Pranskaityté 2021), la drogue etc... Cet exemple souligne l'importance de la viande de brousse dans l'organisation des sociétés en Afrique tropicale, dont l'aspect socio-ethnologique ne peut être écarté.

Au regard des paragraphes précédents, il est clairement établi que la viande de brousse constitue un apport alimentaire crucial pour les communautés d'Afrique de l'Ouest et d'Afrique Centrale. En moyenne il a été estimé que 282 grammes de viande de brousse sont consommés quotidiennement par individu dans le bassin du Congo (Friant, Paige, et Goldberg 2015a) avec des variations nationales : la consommation au Gabon est par exemple évaluée six fois supérieure à la moyenne de la RDC : 180 contre 30g/jour/personne (Fa, Currie, et Meeuwig 2003). L'un des principaux avantages de la viande de brousse réside en son rendement économique, en effet l'investissement financier préalable (armes, pièges, ...) est largement inférieur à celui de l'élevage, il « suffit » ainsi de la prélever directement dans la forêt. De plus elle est facilement commercialisée et conservée (séchée) à faible coût (Robert Nasi et al. 2008), et peut ainsi générer une rémunération. Outre la source de revenu et les valeurs nutritionnelles que représente la viande de brousse, sa consommation est aussi recherchée par tradition, pour son goût et ses propriétés organoleptiques, ou encore pour son image de viande « saine » (Chausson et al. 2019). Si la consommation urbaine de la viande de brousse varie sur le

continent, celle-ci se voit corrélée à la richesse des ménages dans l'étude de Brashares et al. (2011). En effet, alors que la consommation est plus élevée pour les ménages les plus pauvres en milieu rural, en milieu urbain la viande de brousse peut être considérée comme un produit de « luxe » lié à sa rareté et à un prix élevé, sa consommation devient donc témoin de prestige social (Vliet et Mbazza 2011). Globalement la viande de brousse reste tout de même un produit de consommation populaire avec un coût relativement inférieur à celui de la viande d'animaux domestique (Fargeot 2004). La viande fraîche est privilégiée par les foyers urbains aisés tandis que la viande boucanée est plutôt consommée par les familles urbaines de classe moyenne (Fargeot 2013).

Les sources de viande de brousse englobent un large éventail de taxons, les mammifères terrestres et plus particulièrement les ongulés (**Figure 2**), les primates et les rongeurs sont majoritairement représentés (Cawthorn et Hoffman 2015). Une étude menée dans 7 pays d'Afrique Centrale et de l'Ouest sur 36 sites différents a permis de mettre en évidence que les ongulés, les primates et les rongeurs représentaient respectivement 73 %, 12% et 12 % de la biomasse totale récoltée (Fa, Ryan, et Bell 2005). Parmi les espèces couramment rapportées sur les marchés de viande de brousse, il peut être cité : les céphalophes (*Philantomba sp./Cephalophus spp.*), les cercopithèques (*Cercopithecus spp.*), l'athérure africain (*Atherurus africanus*), le potamochère roux (*Potamochoerus porcus*), ou encore le rat de Gambie (*Cricetomys spp.*) (Batumike et al. 2021) (Wright et Priston 2010). L'étude de Covey et McGraw (2014) au Liberia a permis d'estimer le prélèvement d'environ 9 500 primates annuellement à l'échelle locale d'un seul marché, soulignant la prévalence de cet ordre de mammifère dans la consommation de viande de brousse en Afrique tropicale. Il se développe aussi, en parallèle d'une élite financière aisée en milieu urbain, l'établissement de marchés de niche pour certaines espèces telles que les rongeurs sur le marché de Libreville (Gabon) (Fargeot 2004). La consommation de viande de brousse est fortement conditionnée par des déterminants anthropologiques notamment concernant les primates, chauves-souris et carnivores. Par exemple au Cameroun il existe un interdit totémique concernant la consommation de chauve-souris dans certaines communautés (Akem et Pemunta 2020a), de la même manière au Ghana leur consommation est prohibée aux femmes enceintes car il est de croyance commune que les chauves-souris vomissent leurs excréments, en Guinée équatoriale certains primates sont tabous en raison de leur ressemblance avec les humains et les galagos (*Galago spp*) sont évités car considérés comme maléfiques (Maté et Colell 2014). La consommation de reptiles, oiseaux, amphibiens reste quant à elle globalement marginale, cependant Petrozzi et al. (2016) soulignent que la faible proportion de reptiles observée sur les marchés peut être biaisée par l'existence de marchés « spécialisés » en herpétofaune (Ohimain 2014) jusque-là peu échantillonnés dans les publications scientifiques.

Location	Ungulates ^a	Primates	Rodents	Other
Ituri forest, DRC ¹	60–95%	5–40%	1%	1%
Makokou, Gabon ²	58%	19%	14%	9%
Diba, Congo ³	70%	17%	9%	4%
Ekou, Cameroon ⁴	85%	4%	6%	5%
Brazzaville, Congo ¹³	76%	8%	6%	10%
Ouessou, Congo ⁵	57%	34%	5%	4%
Ndoki and Ngatongo, Congo ⁶	81–87%	11–16%	2–3%	
Dzanga-Sangha, CAR ⁷	77–86%	0%	11–12%	2–12%
Libreville, Port Gentil, Oyem, and Makokou, Gabon ⁸	34–61%	20–45%	5–27%	3–12%
Bioko and Rio Muni, Equatorial Guinea ⁹	36–43%	23–25%	31–37%	2–4%
Dja, Cameroon ¹²	88%	3%	5%	4%
Ekou, Cameroon ¹⁰	87%	1%	6%	6%
Oleme, Congo ¹¹	62%		38%	

Figure 2 : Composition de la viande de brousse capturée dans le bassin du Congo en % de biomasse prélevée sur plusieurs marchés ruraux (Source : Wilkie et Carpenter, 1999.)

La filière viande de brousse s'inscrit dans le cadre d'une économie « informelle » (De Merode et al. 2006) d'après la définition de Cling et al. (2012), c'est-à-dire qu'elle est réalisée sans faire l'objet de réglementations publiques. Si en théorie, le commerce de viande de brousse est régi par un code législatif national réglementant les espèces chassées, les quantités, les zones ouvertes à la chasse, les saisons de chasse, les équipements de chasse et les techniques utilisées, en pratique les acteurs de la filière ne semblent se conformer qu'à l'obligation de ne pas faire ouvertement commerce des espèces protégées (Mbun et Nguemwo 2021). La détention d'un permis de chasse, ainsi que la redevance de taxes au gouvernement ne sont généralement pas appliquées par la population, notamment lorsque les espèces sont chassées à des fins de subsistance. Ainsi, le commerce de viande de brousse est une partie cachée et largement sous-évaluée des économies nationales (Rowcliffe et al. 2005), qui comporte de nombreux aspects illégaux. Le commerce interne de la viande de brousse s'apparente alors un blanchiment d'espèces sauvages braconnées et commercialisées illégalement. Les pratiques illégales sont par exemple définies dans le code législatif du Gabon telles que la chasse nocturne, la chasse d'espèces animales protégées, la chasse dans des réserves naturelles intégrales ou encore la chasse effectuée hors saison (Ministère des Eaux et Forêts, Gabon, 1996). Or, la faune sauvage obtenue illégalement est le plus souvent transportée et commercialisée comme de la viande de brousse légale, au Congo elle devient par exemple légale une fois en possession de revendeurs autorisés (Mbun et Nguemwo 2021).

De la subsistance au commerce international : rupture fin du 20^{ième} – début du 21^{ième} siècle

Si cette consommation relevait jusqu'au siècle dernier d'une chasse de subsistance, on observe une rupture significative depuis plusieurs décennies vers l'instauration d'un commerce organisé à l'échelle nationale et internationale motivé par des arguments financiers. Il est difficile d'évaluer la valeur économique que représente chaque année le marché de la viande de brousse, des estimations au niveau national comprises entre 42 et 205 millions de dollars annuels ont été

proposées pour différents pays d'Afrique Centrale (Davies 2002). Au Cameroun, la filière viande de brousse contribuerait à hauteur de 0,17% du PIB (hors pétrole), soit autant que le secteur minier, avec un chiffre d'affaires annuel estimé à 97 millions d'euros (Lescuyer et Nasi 2016). Le commerce s'articule autour de différents acteurs : chasseur, vendeur (direct, marché, restaurant), et consommateur (rural, urbain, étranger). Récemment, des progrès importants ont été réalisés en ce qui concerne la dimension sociale de la viande de brousse, notamment la contribution économique de la viande de brousse aux moyens de subsistance des populations rurales (Nielsen et al. 2017) (Schulte-Herbrüggen et al. 2013). En 1998, Noss (1998) rapportait que le salaire moyen mensuel des chasseurs à Bayanga en République Centrafricaine était compris entre 40-58\$ ce qui était supérieur au salaire minimum officiel du pays de 38\$ par mois. Au Cameroun, deux études estiment le salaire annuel de chasseurs réguliers supérieur à 500\$ (Lescuyer et Nasi 2016). Ainsi la chasse représente un secteur d'activité rémunéré privilégié en Afrique tropicale d'autant plus que les alternatives pour générer des revenus sont moindres. Par ailleurs, outre le salaire généré par les chasseurs, la revente de viande de brousse alimente une chaîne de profit entre les différents acteurs. Dethier et al. (1999) présente l'exemple suivant : la revente de 3 singes permet une transaction de 6,3\$ dollar d'un commerçant au chasseur, puis de 10,2\$ d'un restaurateur au commerçant, et enfin de 20,6\$ d'un consommateur au restaurateur. Ces différents exemples témoignent de la lucrativité du commerce de viande de brousse, motivant son expansion et l'intérêt croissant de négociants et revendeurs étrangers.

Différents facteurs plus généraux peuvent expliquer l'accroissement très rapide du commerce de viande de brousse en Afrique au cours des dernières décennies (Kümpel 2005) :

- a) la croissance démographique incontrôlée en Afrique nécessitant par conséquent l'augmentation massive de la production alimentaire,
- b) le développement de sociétés d'exploitation forestière et la création de nouvelles routes dans les forêts, permettant aux chasseurs d'avoir facilement accès à une faune abondante et aux négociants l'accès à des moyens de transport bon marché, diminuant ainsi les coûts de production et augmentant l'offre sur les marchés urbains,
- c) la croissance de la population urbaine alimentant la demande de viande de brousse, et le développement d'une élite financière prête à payer un prix fort pour des produits de « luxe »
- d) l'absence d'alternatives nutritionnelles
- e) le faible pouvoir d'achat des ménages, favorisant l'achat direct de viandes de brousse aux chasseurs plus économiques que les viandes domestiques
- f) le développement des armes et des technologies de chasse permettant d'augmenter le rendement des chasseurs

Au cours du siècle dernier, il a aussi été enregistré des flux migratoires importants des populations originaires d'Afrique de l'Ouest et d'Afrique Centrale à travers le monde, établissant des communautés dans de nombreuses grandes villes et agglomérations (Organisation Internationale pour les Migrations, 2020). Selon l'UNDESA en 2020, 19% des 12,5 millions de migrants originaires d'Afrique de l'Ouest et du Centre émigrent vers l'Europe et 8% en Amérique du Nord. L'installation de ces communautés a ainsi entraîné la

mondialisation du commerce de viande de brousse, désormais massivement importée dans de nombreux pays notamment en Europe où il est estimé par exemple que 5 tonnes de viande de brousse transitent chaque semaine à l'aéroport Paris-Charles de Gaulle dans des bagages (Chaber et al. 2010). Alors que le commerce de faune sauvage local est réglementé par la législation nationale, le commerce international est quant à lui réglementé par la CITES, ainsi les échanges internationaux de viande de brousse relèvent pour une large part de transactions illégales. En France par exemple, 1/3 des importations illégales correspondent à des espèces protégées par la CITES telles que des primates, des pangolins (Dawson 2017)... Ces importations illégales constituent un problème majeur de biosécurité puisqu'elles outrepassent tout contrôle vétérinaire, dont le but est de s'assurer de la qualité sanitaire des produits permettant ainsi, de prévenir le risque d'introduction et de propagation de pathogènes sur le territoire.

Enjeux écologiques – Il a directement été établi que la chasse et le commerce de viande de brousse sont responsables en Afrique de l’extinction locale de nombreuses espèces et de la diminution des populations de nombreuses autres (Oates et al. 2000) (R. Nasi, Taber, et Van Vliet 2011). Le terme de « Bushmeat crisis » est aujourd’hui utilisé pour décrire cette exploitation non durable du gibier forestier dont la demande ne cesse d’augmenter alors que les ressources diminuent. La disparition de certaines espèces qualifiées d’espèces « ingénieuses » ou encore « clés de voute », du fait de leur rôle primordial dans la structure de leur habitat, questionne sur le devenir de ces écosystèmes d’Afrique tropicale.

Sécurité alimentaire – « Empty forests, empty stomach ? » (R. Nasi, Taber, et Van Vliet 2011). Alors que comme précédemment démontré de nombreuses communautés dépendent intrinsèquement de la viande de brousse comme revenu et sécurité alimentaire, les forêts se vident de leurs ressources. La situation actuelle fait redouter l’augmentation rapide de personnes en situation de crise alimentaire dans les prochaines années en Afrique tropicale, notamment au sein des communautés rurales forestières.

Santé et maladies zoonotiques – Compte tenu du rôle avéré de la faune sauvage en tant que réservoir d’agents pathogènes zoonotiques, la viande de brousse constitue un risque important pour la santé publique en Afrique tropicale. Ce point fait ainsi l’objet de cette thèse, si le potentiel zoonotique associé à la chasse de viande de brousse a clairement été établi (virus Ebola, *Bacillus anthracis*, Monkeypox virus...) peu de données sont cependant disponibles concernant la prévalence de ces pathogènes dans la viande, le risque associé d’émergence de maladies infectieuses ainsi que les dynamiques de transfert de ces infections. La multiplication des interactions humaines entre les animaux vivants, domestiques et sauvages, destinés à la vente ainsi que les produits alimentaires sur les marchés de brousse représentent un risque majeur d’émergence de nouveaux pathogènes, en témoigne l’identification d’un nouveau SARS-CoV-2 sur le marché de Wuhan en Chine (pandémie à COVID-19). La mondialisation et le commerce international de cette denrée carnée rendent son contrôle et l’application de mesures de biosécurité d’autant plus délicats.

2. Maladies émergentes, faune sauvage et forêts tropicales : One health ?

Maladies émergentes et maladies zoonotiques : les deux faces d'une même médaille ?

Les Maladies Infectieuses Emergentes (MIE) sont définies comme des maladies infectieuses nouvellement identifiées dans une population ou anciennement connues mais dont l'incidence ou l'étendue géographique augmente rapidement (McArthur 2019). Ces émergences peuvent être le résultat de l'acquisition pour un pathogène de nouvelles caractéristiques telles qu'une nouvelle expression clinique ou épidémiologique, la résistance aux antibiotiques...

À l'échelle mondiale, le nombre d'épidémies de maladies infectieuses humaine a considérablement augmenté depuis 1980 (K. F. Smith et al. 2014), avec plus de 13 % des pathogènes identifiés chez l'homme qualifiés d'émergents (Woolhouse et Gowtage-Sequeria 2005). Les maladies zoonotiques seraient responsables d'environ 60% des maladies infectieuses émergentes dont plus de 70% d'entre elles proviendraient de la faune sauvage par comparaison au réservoir domestique (Jones et al. 2008). Cela signifie en termes de probabilité que le risque d'émergence d'un pathogène zoonotique est supérieur à celui d'un pathogène non zoonotique (Taylor 2001). Ainsi, discuter de l'émergence des maladies infectieuses revient à s'enquérir de l'émergence des maladies zoonotiques.

Déterminer les facteurs qui conduisent à l'augmentation des contacts entre la faune sauvage et l'homme est ainsi indispensable pour développer une approche prédictive de l'émergence de nouvelles maladies. Plusieurs facteurs sont avancés pour expliquer le développement de ces pathogènes (**Annexe 3**) mais il est établi que les modifications anthropiques occasionnent la plus forte pression d'émergence (McMahon, Morand, et Gray 2018) (Woolhouse et Gowtage-Sequeria 2005). La croissance démographique constante depuis les années 1950, triplant la population mondiale en l'espace de 70 ans, a entraîné l'expansion géographique des activités humaines et des pressions associées. La conséquence directe de cette anthropisation des écosystèmes a été la diminution de l'aire de répartition de nombreuses espèces animales dont l'espace vital se réduit et rapproche la faune sauvage de l'homme et du bétail domestique. Ceci a favorisé l'augmentation des interactions entre ces différents réservoirs et donc contribué à l'établissement de nouveaux cycles de transmission des pathogènes (**Figure 3**).

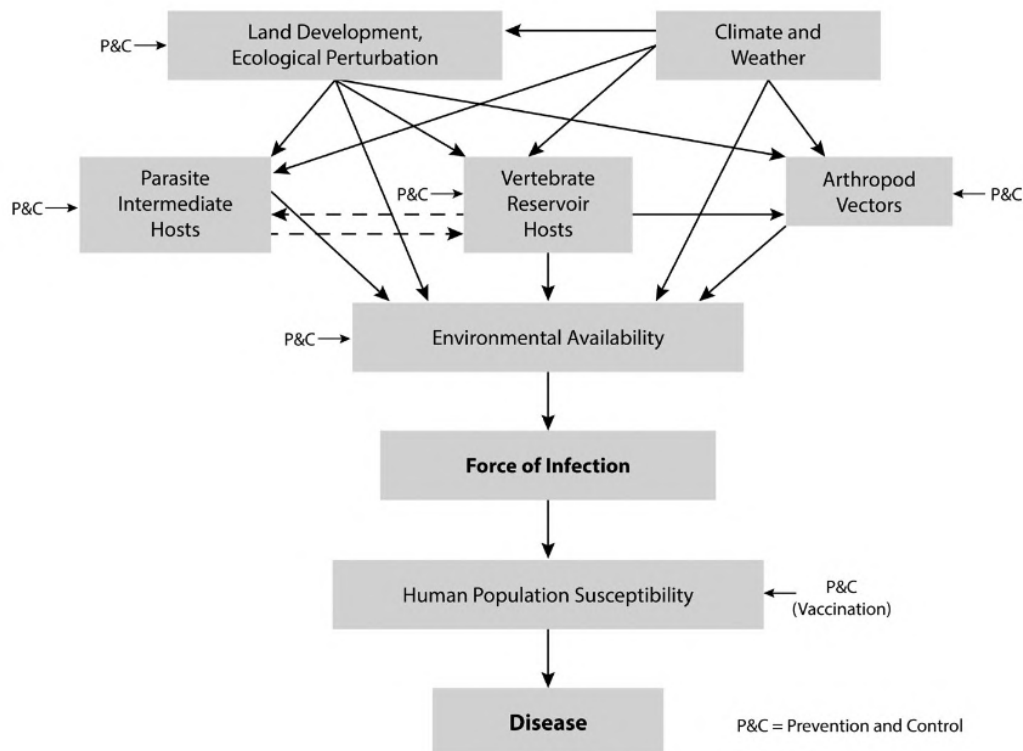


Figure 3 : Interactions des facteurs contribuant à l'émergence d'une zoonose. Les flèches indiquent les effets d'un facteur sur un autre, par exemple l'aménagement du territoire et/ou les perturbations écologiques peuvent influencer la disponibilité des agents zoonotiques dans l'environnement, directement ou par l'intermédiaire d'autres organismes (hôtes intermédiaires, les hôtes réservoirs et les vecteurs), contribuant ainsi à la probabilité d'une infection (force d'infection) et donc à l'apparition de la maladie, en fonction de la sensibilité de la population humaine. Les lignes discontinues indiquent que dans un nombre limité de cas, l'agent zoonotique est affecté par une relation prédateur-proie entre le réservoir et l'hôte intermédiaire. (Source : McMahon et al. 2018)

Dans leur étude Woolhouse et Gowtage-Sequeria (2005) ont classifié l'ensemble des pathogènes zoonotiques en fonction des hôtes suivants : Ongulés, Carnivores, Rongeurs, Non-mammifères, Primates, Autres Mammifères, Chauves-souris. Ainsi il a été constaté que les Ongulés supportent le plus grand nombre d'espèces pathogènes zoonotiques ; parmi les espèces émergentes les tendances sont similaires avec plus de 50 agents biologiques rapportés chez les ongulés (**Figure 4**). Cependant le nombre d'espèces pathogènes hébergées par les différents ordres de mammifères varie selon le type d'agent infectieux impliqué (virus, bactérie, champignon, protozoaire ou helminthe). Ainsi les ongulés présentent la plus forte proportion de bactéries zoonotiques émergentes, tandis que les rongeurs arborent le plus grand nombre d'espèces virales suivi des ongulés, des non-mammifères et des primates. Ce résultat est intéressant à souligner puisqu'il sera exposé en partie 2 de ce premier chapitre que les ongulés et les rongeurs sont largement sous-représentés dans la littérature scientifique traitant des risques zoonotiques issus de la viande de brousse. Les primates, au contraire, bénéficient d'un éclairage scientifique important alors qu'ils concentrent près de 2 fois moins d'espèces zoonotiques émergentes que chacun des deux ordres précédents.

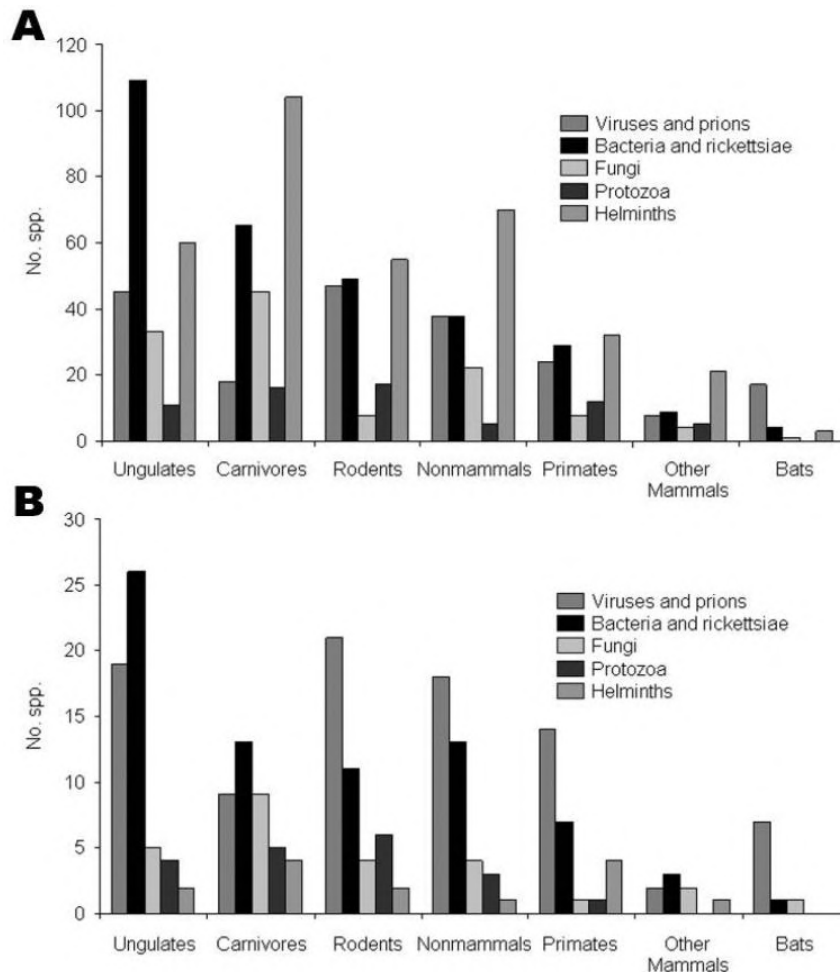


Figure 4 : Nombres d'espèces de pathogènes zoonotiques en fonction de différents types d'hôtes non humains. A) toutes les espèces zoonotiques B) espèces zoonotiques émergentes et ré-émergentes seulement (Source : Woolhouse et Gowtage-Sequeria 2005)

Contrairement aux résultats précédents de Taylor et al. (2001) qui présentaient les virus comme étant la principale menace de santé publique, Jones et al. (2008) ont avancé que la majorité des agents pathogènes impliqués dans les événements de MIE sont d'origine **bactérienne** ou rickettsienne (54,3 %). Ainsi l'effort d'échantillonnage et de prospection scientifique devrait s'intéresser au moins à part égal au pool pathogène bactérien et viral, équité qui n'est pas d'actualité dans les études menées sur la viande de brousse (cf. Partie 2).

Concernant le risque de transmission de ces pathogènes zoonotiques émergents, Taylor et al. (2001) puis Loh et al. (2015) ont constaté qu'ils étaient plus susceptibles d'être acquis via des vecteurs (piqûres par des arthropodes par exemple) ou par transmission orale indirecte (via la nourriture ou un réservoir environnemental). Les infections virales sont le plus fréquemment associées à une transmission vectorielle, aérienne ou par contact direct tandis que pour les pathogènes bactériens la contamination par **voie alimentaire** semble privilégiée (Loh et al. 2015). La majorité des infections à rickettsies et à protozoaires s'effectue par le biais de vecteurs, tandis que voie orale est le plus souvent impliquée pour les maladies dues aux helminthes. Ainsi, la contamination humaine par des agents zoonotiques, notamment bactériens, via l'ingestion d'aliments représente une voie importante de transmission, et

souligne l'importance d'assurer leur sécurité sanitaire afin de prévenir l'émergence de nouveaux agents pathogènes zoonotiques.

Forêts tropicales : « hot-spots » de diversité biologique et de micro-organismes pathogènes, espaces soumis à des pressions anthropiques croissantes

La réussite de l'émergence d'un agent pathogène microbien est dépendante de la fréquence à laquelle les individus, d'une espèce précédemment indemne, sont exposés et infectés par cet agent potentiellement émergent. L'acquisition d'un nouveau pathogène au sein d'une population est ainsi corrélée à trois variables : 1) la diversité microbienne régionale, 2) la réceptivité du nouvel hôte, 3) la proximité de contact (N. Wolfe et al. 2012).

De par la diversité biologique microbienne qui les caractérise, les forêts tropicales humides sont le bassin d'émergence de nombreux agents pathogènes.

Diversité microbienne des régions tropicales

Les forêts tropicales sont des « points chauds » de diversité biologique, concentrant une très forte densité d'espèces. Cette diversité augmente selon un gradient latitudinal des pôles vers l'équateur et résulterait principalement d'une spéciation plus importante sous l'effet de variations spatio-temporelles des précipitations (Saupe et al. 2019).

Guégan et al. (2019) présentent 5 patrons macro-épidémiologiques corrélant la distribution des maladies infectieuses à la diversité microbienne des forêts tropicales **(Figure 5)** :

- Proportion de taxa pathogènes beaucoup plus importante dans les zones tropicales et intertropicales selon un gradient latitudinal corrélée à un climat plus favorable, et une diversité d'espèces hôtes réservoirs et de vecteurs d'agents pathogènes plus importante **(Figure 5b)**
- Endémisme de certains agents microbiens et parasitaires qui sont uniquement présents dans les régions équatoriales **(Figure 5c)**, les espèces d'agents microbiens des régions tempérées sont des sous-ensembles de celles que l'on rencontre dans les zones intertropicales
- Règle de Rapoport : les espèces microbiennes et parasitaires des zones équatoriales présentent en moyenne des aires de distribution moins étendues ce qui fragmente leur distribution spatiale **(Figure 5d)**
- Existence d'une relation statistique entre la diversité d'espèces de mammifères et d'oiseaux, et la richesse spécifique en agents microbiens et parasitaires humains **(Figure 5e)**
- Existence d'une relation entre la richesse spécifique en agents pathogènes humains et la prévalence de cas d'infections, une plus grande richesse en agents pathogènes dans les régions tropicales conduisant à une plus forte proportion de cas morbides et mortels **(Figure 5f)**

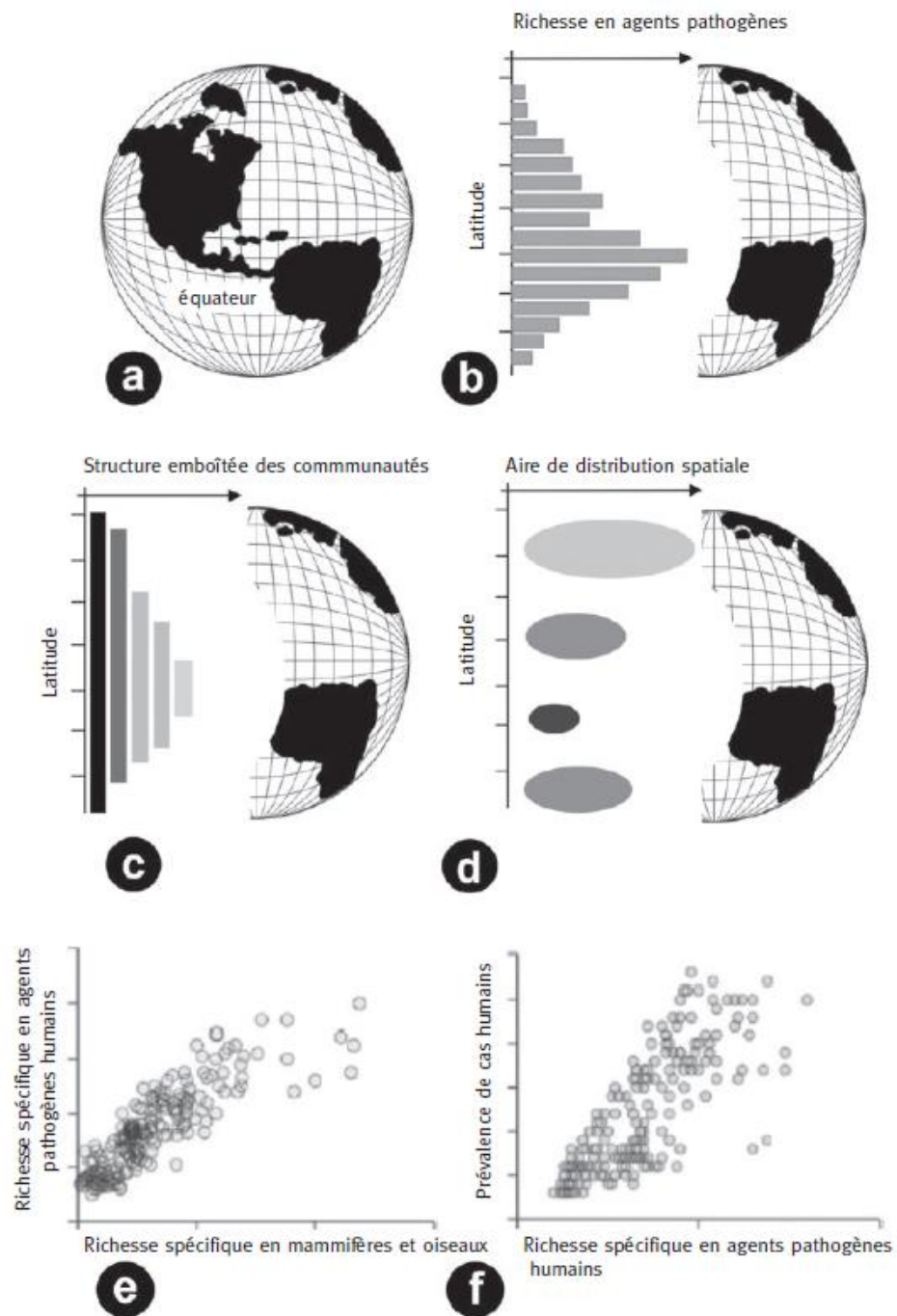


Figure 5 : Patrons macro-épidémiologiques des agents microbiens et parasitaires affectant les populations humaines, poids des forêts tropicales dans la diversité des agents pathogènes. (Source : Guégan et al. 2019)

Jones et al. (2008) ont proposé une distribution spatiale du risque d'émergence des maladies infectieuses (**Figure 6**), leur modèle suggère une concentration importante des foyers de maladies zoonotiques et vectorielles au sein des pays en développement de faible latitude. Ces cartes permettent de visualiser le « hot-spot » que représentent les forêts tropicales africaines dans l'émergence des maladies infectieuses (**Figure 6a – 6d**). Les auteurs ont souligné le biais spatial important qui existe dans cette représentation du risque, puisque les efforts de surveillance et de recherche sont beaucoup plus importants dans les pays riches et développés d'Europe, Amérique du Nord, Australie et certains pays d'Asie. Ils recommandent alors une réaffectation « intelligente » des ressources scientifiques au sein des véritables territoires à risque tels que l'Afrique tropicale, l'Amérique latine et l'Asie, territoires qui sont les plus susceptibles de voir survenir le prochain pathogène émergent.

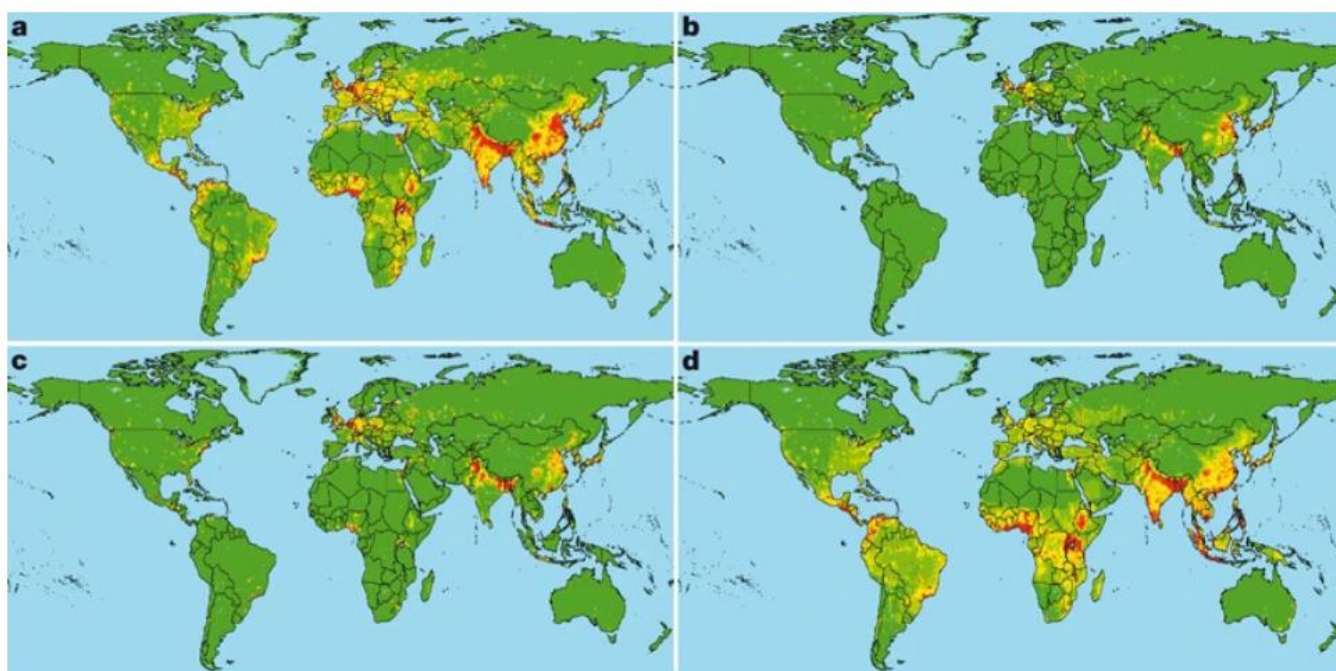


Figure 6 : Carte des émergences des maladies infectieuses causés par a) des agents pathogènes zoonotiques provenant de la faune sauvage, b) des agents pathogènes zoonotiques provenant de la faune domestique, c) des agents pathogènes résistants aux médicaments et d) des agents pathogènes à transmission vectorielle. Le risque relatif est calculé à partir de coefficients de régression, représentés sur une échelle linéaire allant du vert (valeurs faibles) au rouge (valeurs élevées) (Source : Jones et al. 2008)

Modification des écosystèmes et probabilité de contact

Maintenant que la diversité des agents pathogènes potentiels des forêts tropicales est établie, il convient de s'intéresser à leur probabilité de contact avec l'homme dans le contexte actuel d'anthropisation des écosystèmes.

Le développement de sociétés d'exploitation forestière dans les forêts tropicales africaines est la principale menace pesant sur ces écosystèmes. La déforestation est responsable d'une diminution de la biomasse et de la biodiversité, et en ce sens il pourrait alors être supposé qu'elle participe à une diminution de la diversité microbienne, et donc à une réduction du risque d'émergence. Or, l'extraction forestière réalisée dans la ceinture africaine équatoriale est dite « sélective », c'est-à-dire que seules les espèces de bois particulièrement rentables sont

prélevées du fait des coûts élevés d'extraction et de transport. Ceci implique la construction de routes pour accéder aux arbres recherchés augmentant la fragmentation de l'habitat, et le transport de travailleurs dans des régions forestières relativement vierges. De nombreuses études ont démontré que cette fragmentation des territoires et cette perte de biodiversité étaient associées à une augmentation de l'abondance d'agents pathogènes au sein des espèces hôtes (Gillespie, Chapman, et Greiner 2005) (Pongsiri et al. 2009) (Allan 2000; Wilkinson et al. 2018). Différents mécanismes entrent en jeu : disparition des prédateurs et multiplication des proies et de certains vecteurs en l'absence de compétition, augmentation de la charge d'infestation sur un nombre limité d'hôtes disponibles, augmentation des contacts interspécifiques, perte de diversité génétique et sensibilité aux maladies (Belasen et al. 2019), diminution des ressources alimentaires et stress favorable à l'acquisition de pathogènes... De plus, Gibb et al. (2020) ont mis en évidence que les écosystèmes anthropisés avaient plus de probabilité d'abriter des espèces de mammifères vecteurs d'agents pathogènes zoonotiques que d'espèces non-hôtes, c'est-à-dire n'étant pas réservoir de pathogènes pour l'homme. Ainsi, paradoxalement, la perte de biodiversité associée à la déforestation est responsable de l'augmentation de la diversité d'agents pathogènes zoonotiques alors qu'inversement, la maintenance d'une biodiversité importante permet, grâce à un effet de dilution, la réduction de la prévalence d'agents pathogènes et donc une diminution du risque infectieux chez l'homme (Pongsiri et al. 2009). Ainsi, les changements d'utilisation des terres, dont la déforestation et la modification des habitats naturels, sont considérés comme responsables de près de la moitié des zoonoses émergentes (Loh et al. 2015).

Le développement de routes a par ailleurs entraîné une modification de l'organisation des sociétés humaines et des pratiques de chasse en Afrique tropicale. Si historiquement, les activités de chasse rayonnaient de manière circulaire à partir de villages isolés, avec un gradient décroissant du centre vers la périphérie, les routes fournissent aujourd'hui des interfaces privilégiées pour la chasse et la pose de piège, et il se développe un modèle linéaire le long de ces routes (N. Wolfe et al. 2012). La surface de contact entre les populations humaines et la diversité des vertébrés de ces régions forestières est donc aujourd'hui largement augmentée à la suite de l'exploitation de ces écosystèmes (**Figure 7**). L'expansion des « activités à risque » (N. Wolfe et al. 2012) telles que la chasse et le commerce de viande de brousse, l'éco-tourisme en région tropicale, les manipulations vétérinaires (nécropsies, procédures médicales), ... , multiplient les interactions entre le réservoir sauvage et l'homme et sont d'autant plus susceptibles de favoriser l'émergence de nouveaux agents pathogènes zoonotiques. Le 24 juillet 2020, suite à la pandémie de COVID-19, un groupe interdisciplinaire de scientifiques a publié un essai dans la revue *Science* (Dobson et al. 2020), invitant les politiques et les gouvernements à prévenir le risque d'émergence de futures pandémies par le biais de deux leviers principaux : réduire la déforestation et limiter le commerce d'espèces sauvages.

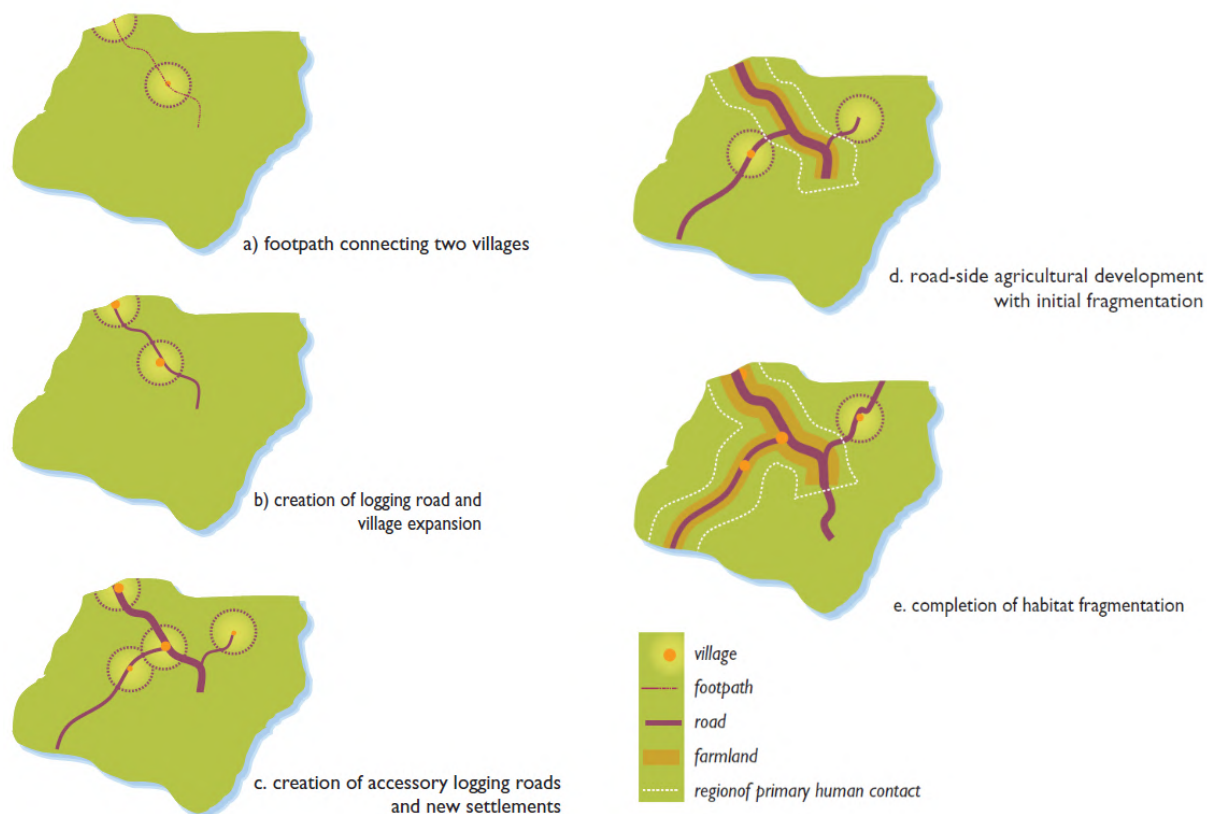


Figure 7 : Cartes représentant l'impact du développement de routes sur la fragmentation des forêts tropicales et le développement de la surface contact entre le réservoir humain et sauvage (Source : Wolfe et al. 2012)

Afin de prédire le risque d'émergence de maladies infectieuses, Wilkinson et al. (2018) ont modélisé l'exposition humaine à des agents infectieux zoonotiques en fonction du niveau de fragmentation de l'habitat et l'ont appliqué aux forêts tropicales africaines. Les résultats de leur étude spatiale ont permis de prédire que plus de 70% des maladies infectieuses émergentes seraient localisées au sein de 4 pays : République Démocratique du Congo (47%), Cameroun (8%), Gabon (8%) et Mozambique (8%). Les auteurs soulignent que la frontière nord de la RDC avec la République centrafricaine et le Soudan est une zone particulièrement à risque. L'identification de ces territoires à risque est déterminant afin d'orienter et de focaliser la surveillance scientifique sur ces sites pour prévenir l'émergence de futures maladies.

Etant donné le risque d'émergence de maladies infectieuses dans les régions tropicales, associé au risque majoré d'émergence d'agents pathogènes zoonotiques issus de la faune sauvage, il est pertinent d'investiguer les risques microbiologiques résultant de la production et consommation de viandes d'animaux sauvages dans ces régions.

Le concept One Health, « Une seule santé », est né d'une initiative entre plusieurs disciplines au début des années 2000 et résulte de la prise de conscience des liens étroits qui existent entre la santé humaine, celle des animaux et celui des écosystèmes. Il se définit comme une « approche collaborative, multisectorielle et transdisciplinaire, le travail étant réalisé sur le plan local, régional, national et mondial, pour obtenir des résultats optimaux en matière de santé et de bien-être, tout en reconnaissant les interconnexions entre les personnes, les animaux, les plantes et leur environnement commun » (One Health Commission 2019). L'émergence de nouvelles maladies infectieuses en est un parfait exemple : l'émergence de ces agents pathogènes constitue un problème majeur de santé publique humaine, or comme précédemment démontré ils sont principalement issus du réservoir animal sauvage et dépendent largement des activités d'exploitations forestières, soulignant l'interdépendance de ces trois variables (santé humaine, environnementale et animale). La **Figure 8** illustre ce concept appliqué à la problématique de la viande de brousse.

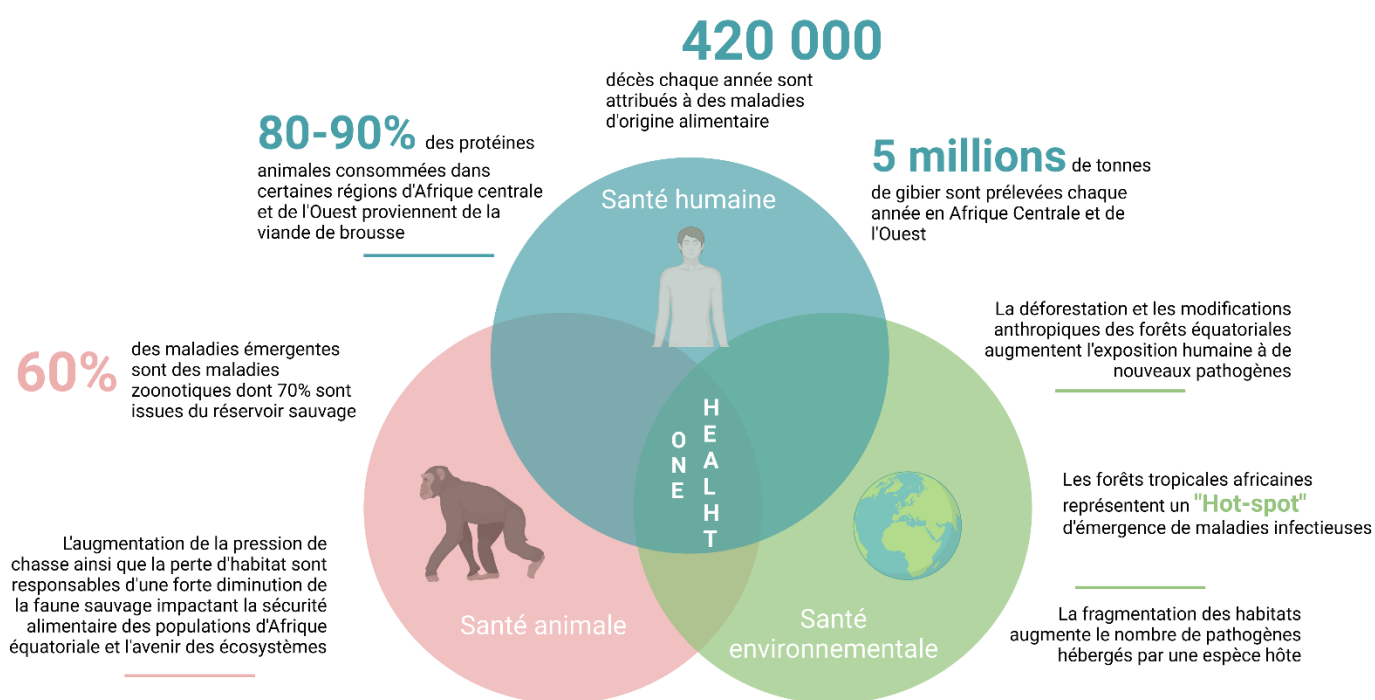


Figure 8 : ONE HEALTH - Viande de brousse, maladies infectieuses et émergentes, forêts tropicales
©Marine Montblanc (Created with BioRender.com)

La sécurité des aliments est au cœur de la politique One Health. En effet, les aliments d'origine carnée sont le vecteur de nombreux agents pathogènes zoonotiques, et nécessitent une collaboration intersectionnelle entre les domaines de santé animale, de contrôle alimentaire et de santé humaine. Une surveillance des maladies infectieuses aux points critiques de la chaîne alimentaire (production animale, abattage, produit final) est déterminante afin d'anticiper et de comprendre la transmission des infections d'origine alimentaire et des maladies infectieuses en général. Pour cela, il est nécessaire d'harmoniser la collecte des données entre les différents secteurs de la production alimentaire (médecine vétérinaire, producteur alimentaire, distribution et médecine humaine) afin de pouvoir les comparer et mener une approche intégrative. Dans les pays en développement, la sécurité sanitaire des aliments peine à s'intégrer à des politiques

de santé publique et ne bénéficie que d'investissements minimes. Si en théorie le Programme panAfricain de Contrôle des Epizooties (PACE) a le mérite d'exister et a permis la mise en place d'un réseau d'épidémiosurveillance en Afrique, en pratique les résultats de ce programme restent encore à évaluer (Ouagal et al. 2008). En effet, ces réseaux se retrouvent handicapés par des faiblesses en termes d'infrastructures notamment de laboratoires, de formation, de ressources humaines, de ressources financières, et de communication. Par ailleurs, la surveillance des maladies animales dans ces pays est dite passive, et n'est donc pas suffisante pour prévenir leur propagation.

L'économie de viande de brousse relevant d'un marché informel échappe à la plupart des contrôles officiels et constitue un risque majeur pour la santé humaine. En effet, cette économie parallèle n'est pas intégrée aux réseaux de surveillance vétérinaires et ne bénéficie donc d'aucune procédure de contrôle microbiologique, l'absence de déclaration des carcasses de brousse potentiellement douteuses peut être par exemple responsable de l'émergence d'épidémies graves telle que la fièvre Ebola. En République Démocratique du Congo, aucun organisme de l'Etat n'est délégué à la surveillance du réservoir sauvage, et celle-ci est assurée par l'appui d'organisations non gouvernementales telle que la Wildlife Conservation Society (WCS). L'absence de coordination formelle entre le secteur humain et animal dans la surveillance des zoonoses handicape fortement leur prise en charge malgré l'existence de plans de riposte pour certaines maladies zoonotiques (fièvre Ebola, Rage et variole du singe) intégrant ponctuellement des acteurs à la fois de santé humaine et vétérinaire (OMS, 2019). La recherche sur l'industrie de la viande de brousse s'est largement concentrée sur la question de la conservation de la faune pendant de nombreuses années et n'a que récemment mis l'accent sur les risques sanitaires potentiels liés à la manipulation des produits animaux. Une gestion intégrée du risque associé à la viande de brousse mériterait ainsi de prendre en compte : l'identification de pathogènes dans le réservoir sauvage, l'évaluation de leur potentiel zoonotique, les relations épidémiologiques entre les réservoirs, l'exposition des populations au cours des différentes étapes de production, la contamination microbiologique des carcasses et des viandes, l'identification des symptômes causés par l'agent pathogène, la prévalence de cas humains, et la communication aux populations de moyens de prévention et de gestion du risque.

3. Evaluation du risque associé à la viande de brousse

Définition

Le risque correspond à la probabilité qu'un événement dommageable ait lieu. Dans le cadre de la sécurité sanitaire des aliments celui peut être défini tel que « fonction de la probabilité d'un effet néfaste sur la santé et de la gravité de cet effet, résultant d'un (ou plusieurs) danger(s) dans un aliment » (FAO, WHO 2021). Différents agents de nature biologique, chimique ou physique, présents dans les aliments peuvent avoir des effets néfastes sur la santé humaine et donc représenter des dangers d'origine alimentaire (Codex Alimentarius). L'analyse des risques a donc pour but d'estimer « les risques pesant sur la santé et la sécurité des personnes, afin de définir et de mettre en œuvre des mesures appropriées visant à les maîtriser et à communiquer avec les parties prenantes au sujet des risques et des mesures appliquées » (FAO and WHO 2021).

Trois étapes interviennent dans l'analyse du risque (FAO and WHO 2021) :

- **Evaluation** des risques, correspondant au processus scientifique permettant :
 - i) l'identification des dangers ; ii) la caractérisation des dangers ; iii) l'évaluation de l'exposition et iv) la caractérisation des risques
- **Gestion** des risques, consistant à mettre en place des mesures effectives de prévention et de contrôle afin de réduire les dangers d'origine alimentaire sur la base de l'évaluation des risques et d'autres facteurs pertinents pour la protection de la santé des consommateurs
- **Communication** des risques, consistant en l'échange interactif tout au long du processus d'analyse des informations et opinions entre les différents partis : sphère scientifique, industrie, et consommateur ; il sera notamment souligné l'importance de l'explication des résultats de l'évaluation des risques et des fondements des décisions prises en matière de gestion des risques

L'objet de cette thèse consiste ainsi à évaluer le risque microbiologique de la viande de brousse à travers l'identification de dangers biologiques potentiels.

Agents biologiques pathogènes d'origine alimentaire

Comme précédemment cité, la plupart des agents pathogènes pour l'homme ont une origine zoonotique, les produits alimentaires d'origine animale (viande, lait, œufs, poissons, etc...) sont considérés comme principaux vecteurs des infections d'origine alimentaire. De nouveaux agents pathogènes d'origine alimentaire continuent d'émerger depuis plusieurs décennies (Tauxe 2002) (J. L. Smith et Fratamico 2018), soit par la découverte et l'identification de nouvelles espèces soit par la documentation d'une transmission alimentaire d'agents pathogènes déjà connus. La plupart de ces agents ne sont identifiés que lors de l'émergence d'une épidémie, lorsque leur présence et leur pathogénicité peuvent être corrélées aux symptômes et à leur association avec l'aliment (Behraves, Williams, et Tauxe 2012). L'étude menée dans le cadre de cette thèse a ainsi un rôle prospectif, puisqu'elle cherche à identifier des facteurs de risque afin d'éventuellement prévenir l'émergence de futures maladies infectieuses. Etant donné la

rareté des publications concernant la contamination de la viande de brousse par des agents pathogènes, il est ainsi intéressant de dresser dans un premier temps un tableau des principaux dangers biologiques (bactérie, virus, protozoaire et parasites) associées à la consommation de viande domestique.

Bactérien

Les infections bactériennes sont les premières causes de maladies d'origine alimentaires dans le monde, il est estimé qu'elles sont responsables de plus de 2/3 des cas d'intoxications alimentaires notamment dans les pays en voie de développement (Abebe, Gugsa, et Ahmed 2020). Sur les 600 millions de cas causées par 31 dangers d'origine alimentaires en 2010, les agents bactériens en représentaient plus de la moitié (350 millions), en particulier *Campylobacter*, *Escherichia coli* (ETEC) et *Salmonella* spp. (World Health Organization 2015). Ils sont essentiellement responsables de troubles digestifs, de maladies entériques et diarrhéiques.

Parmi les bactéries on distingue en microbiologie alimentaire celles dites pathogènes (et/ou leurs toxines), de celles dites « témoins de contamination ». Les bactéries pathogènes correspondent à celles qui à proprement parlé peuvent être responsables d'infections et toxi-infections alimentaires si présentes dans l'aliment. Tandis que les « témoins de contaminations » reflètent une contamination d'origine humaine ou fécale tels le groupe des coliformes fécaux (*Escherichia coli*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, entérocoques), ou *S. aureus* (contamination cutanéomuqueux) (Sutra, Federighi, et Jouve 1998). Les germes pathogènes (comme les *Salmonella*, les *Campylobacter*, les *Listeria*) ne doivent ainsi pas atteindre les produits alimentaires dans la chaîne de production, tandis que le nombre d'entérobactéries et de colibactéries donne des informations sur le respect de l'hygiène durant la phase de transformation des produits alimentaires.

Différents paramètres influencent la croissance et le développement microbien, notamment le type d'aliment, le pH, l'activité hydrique, le potentiel d'oxydo-réduction et la température. Ces différents paramètres seront intéressants à évaluer comme facteurs de risque de développement bactérien lors de la production de viande de brousse.

Il est possible de classifier les agents pathogènes bactériens en fonction de la gravité des conséquences liées à leur consommation (Sutra, Federighi, et Jouve 1998):

- Risque grave : *Clostridium botulinum*, *Shigella*, *Vibrio cholerae*, *Salmonella thyphi* et *parathyphi* A et B, *Brucella (abortus, suis, melitensis)*, *Mycobacterium bovis*
- Risque modéré avec possibilité de large diffusion : *Salmonella* ubiquitaires, *Escherichia coli* vérotoxino-gènes, *Streptococcus pyogenes*, *Listeria monocytogenes*
- Risque modéré avec diffusion limitée : *Staphylococcus aureus*, *Clostridium perfringens*, *Bacillus cereus*, *Coxiella burnetti*, *Yersinia enterocolitica*, *Campylobacter jejuni*

Les principales bactéries pathogènes d'origine alimentaires sont listées dans le **Tableau 1**. Omer et al. (2018) ont identifié dans leur revue de la littérature (1980 -2015) que les deux principaux organismes bactériens responsables d'épidémies alimentaires issues de viandes rouges sont les *E. coli* à vérotoxine (VTEC) et les salmonelles. Parmi les 1966 cas rapportés d'intoxication à *E. coli* dans la viande au cours de la période d'étude, tous sauf 4 furent causés par le sérovar O157:H7. Concernant *Salmonella enterica* subsp. *enterica*, huit sérovares furent identifiés comme responsables d'épidémies, dont le plus fréquent *Salmonella* Typhimurium.

D'autres bactéries telles que *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium botulinum* et *Listeria monocytogenes* ont aussi été rapportées. Certains agents pathogènes bactériens d'origine alimentaire sont adaptés à des réservoirs spécifiques, tel que *Campylobacter*. En effet, *Campylobacter* spp. est particulièrement retrouvé chez les oiseaux notamment les volailles dont il appartient à la flore intestinale commensale, les cas d'infections alimentaires concernent donc essentiellement la consommation de viande de volailles mal cuites. Il convient donc d'évaluer les risques en fonction du type de réservoir, ce qui est d'autant plus délicat pour la viande de brousse au regard de la diversité taxonomique des espèces consommées.

Bactérie	Helminthe		
	Nématode	Cestode	Trematode
<i>Aeromonas hydrophila</i>			
<i>Bacillus cereus</i>	<i>Anisakis</i>	<i>Echinococcus granulosus</i>	<i>Clonorchis sinensis</i>
<i>Brucella</i> spp.	<i>Ascaris</i> spp.		Douve intestinale
<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Trichinella</i> spp.	<i>Echinococcus multilocaris</i>	<i>Opisthorchis</i> spp.
<i>Clostridium botulinum</i>	<i>Toxocara</i>	<i>Taenia</i> spp.	<i>Paragonimus</i>
<i>Clostridium perfringens</i>			
<i>Coxiella burnetti</i>			
<i>E. coli</i> à shigatoxines (STEC)			
<i>E.coli</i> entéropathogène (EPEC)			
<i>E.coli</i> entérotoxigène (ETEC)			
<i>Enterobacter sakazakii</i>			
<i>Listeria monocytogenes</i>			
<i>Mycobacterium bovis</i>			
<i>S. enterica</i> non typhoïde			
<i>Salmonella Paratyphi A</i>			
<i>Salmonella Typhi</i>			
<i>Shigella</i> spp			
<i>Staphylococcus aureus</i>			
<i>Vibrio cholerae</i>			
<i>Vibrio vulnificus</i>			
<i>Yersinia enterocolitica</i>			
<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>			
Virus	Protozoaire		
Adénovirus	<i>Cryptosporidium</i> spp.		
Astrovirus	<i>Cyclospora</i> spp.		
Entérovirus	<i>Entamoeba histolytica</i>		
Norovirus	<i>Giardia</i> spp.		
Rotavirus	<i>Sarcocystis</i> spp.		
Sapovirus	<i>Toxoplasma gondii</i>		
Virus Hépatite A			
Virus Hépatite E			

Tableau 1 : Liste des principaux dangers biologiques d'origine alimentaire (non exhaustive) (World Health Organization 2015) (Behravesh, Williams, et Tauxe 2012) (Orlandi et al. 2002)

Des monographies spécifiques seront décrites dans la partie discussion du Chapitre II en fonction des différentes espèces d'intérêt.

Viral

Les virus sont des parasites intracellulaires obligatoires et ne peuvent en aucun cas se multiplier dans l'environnement ou sur les aliments en l'absence d'ingestion par un nouvel hôte sensible. Ainsi, ce sont surtout les pratiques de préparation de la viande (contamination fécale et environnementale, utilisation d'eau contaminée, ...) plus que celles de conservation qui vont présenter des facteurs de risque de contamination. Les virus présentant une faible dose infectieuse et une résistance élevée dans l'environnement extérieur sont les plus susceptibles de constituer des agents pathogènes. Il n'existe pas à l'heure actuelle de textes réglementaires concernant les denrées alimentaires fixant de critères microbiologiques pour les virus. Leur identification dans les produits alimentaires est d'autant plus délicate qu'elle nécessite le recours à des techniques d'identification spécifiques moléculaires contrairement à la mise en culture bactérienne. Par ailleurs leur détection n'est pas systématiquement synonyme de risque pour le consommateur puisque le génome viral persiste plus longtemps que les particules virales infectieuses.

Les virus présentant un risque de transmission à l'homme par ingestion d'un aliment ou d'eau contaminés sont des virus entériques, c'est-à-dire des virus capables d'infecter des cellules du tube digestif. Techniquement, tout virus identifié chez l'homme dans le tractus gastro-intestinal représente un risque de contamination alimentaire.

Cependant la faune sauvage peut aussi être porteuse de nombreux virus zoonotiques, non identifiés comme transmissibles par la consommation de produits carnés mais dont les pratiques de chasse peuvent favoriser la transmission (contact avec des fluides, inoculation au niveau d'une plaie, ...).

La plupart des maladies virales d'origine alimentaire rapportées sont des gastro-entérites ou des hépatites, causées respectivement par les norovirus et le virus de l'hépatite A humains. D'autres agents viraux tels que les entérovirus, sapovirus, rotavirus, astrovirus, adénovirus et le virus de l'hépatite E (VHE) sont aussi responsables de maladies transmises par les aliments et/ou par l'eau (Esona et al. 2022). À l'échelle mondiale, les norovirus (NoV) sont les principaux agents de gastro-entérite aiguë : environ 200 millions de cas sont observés chez les enfants de moins de 5 ans, responsables d'environ 50 000 décès chaque année, principalement dans les pays en développement. Par conséquent, les virus d'origine alimentaire sont reconnus parmi les principales priorités en matière de sécurité alimentaire, notamment du fait du manque de connaissances actuel en comparaison des dangers biologiques bactériens (Rowe et Bolger 2016).

Plusieurs voies de contamination de l'aliment sont possibles : soit par contamination endogène de la viande par un virus zoonotique hébergé par l'hôte animal (exemple du virus de l'hépatite E (VHE) circulant chez les suidés), soit par contamination humaine au cours de la manipulation de l'aliment par une personne infectée, ou bien par utilisation d'eau contaminée dans les processus de production. Par exemple pour le VHE, si la transmission est majoritairement liée à la consommation de viande de porc insuffisamment cuite dans les pays européens, dans les pays endémiques à faible niveau d'hygiène, la contamination d'eau potable par des matières fécales humaines infectées est une source commune d'infection. Ainsi dans le cadre de l'analyse des risques liés à la consommation de la viande de brousse il convient d'étudier à la fois le

risque zoonotique inhérent à l'espèce animale consommée, ainsi que celui lié à la contamination d'origine humaine lors des processus de préparation de la viande.

Parasitaire : Protozoaires et Helminthes

De la même manière que pour les virus, les parasites sont inféodés à un hôte vivant et ne peuvent pas se multiplier en l'absence d'ingestion par un hôte sensible. La plupart des infections parasitaires d'origine alimentaire sont des zoonoses, qui peuvent être transmises par l'ingestion d'eau et d'aliments contaminés. Il existe environ 107 espèces parasitaires connues transmissibles par voie alimentaire, la liste exhaustive de ces espèces et du type d'aliment impliqué est fournie dans la publication de Orlandi et al. (2002). L'homme s'infecte par la consommation de viande peu ou non cuite infectée par les stades kystiques des parasites, ceci concerne majoritairement les viandes lardées (*Taenia* spp), trichinées (*Trichinella* spp) ou sarcosporidiennes (*Sarcocystis* spp). La viande de reptiles, et d'amphibiens peut aussi être infectée par divers stades infectieux de parasites, notamment *Spirometra* spp., *Trichinella* spp., *Gnathostoma* spp., et pentastomides (Magnino et al. 2009).

Certains de ces dangers parasitaires induisent des lésions macroscopiques, détectables par examen visuel, sur la carcasse des animaux (**Annexe 4**) (Fosse 2004). Ainsi l'examen des viandes peut permettre de détecter la présence de vésicules lardées dans le cas de cysticercose, de kystes hydatiques lors d'échinococcose, ou encore de lésions kystiques et myosite éosinophilique lors de sarcosporidiose par exemple. Cet examen n'est pas sensible pour de nombreux autres agents tels que *Trichinella*, *Toxoplasma* et la cuisson à cœur de la viande est certainement la méthode de prévention la plus efficace pour diminuer le risque d'infection.

Sensibiliser et former les populations à l'inspection sanitaire des viandes de brousse serait ainsi un levier d'action intéressant à développer pour la gestion du risque sanitaire. La diffusion de photographies représentatives des lésions par exemple pourrait servir de support aux populations pour l'identification de certains dangers biologiques afin d'écarter les carcasses impropres à la consommation.

Au regard des informations précédentes, il est aisé de comprendre pourquoi le mode de cuisson et de conservation des viandes est un paramètre important à prendre en compte dans l'évaluation du risque sanitaire des viandes.

Bilan de la situation sanitaire en Afrique concernant le risque de maladies d'origine alimentaire

L'Afrique recense le taux de maladies d'origine alimentaire par habitant le plus élevé au monde, les dangers d'origine alimentaire seraient ainsi responsables en Afrique de 137 000 décès et de 91 millions d'infections chaque année, touchant principalement les enfants de moins de 5 ans, selon les données de l'Organisation Mondiale de la Santé dans un article du 7 juin 2019. La présence de dangers biologiques dans les aliments réduit également la biodisponibilité des nutriments, ce qui accroît le risque de malnutrition pour les populations déjà victimes d'insécurité alimentaire.

La sécurité des aliments a non seulement des enjeux de santé publique dans les pays africains mais aussi économiques, puisque The World Bank Group a chiffré les « pertes de productivité » consécutives aux maladies d'origine alimentaire à près de 16,7 milliards de dollars en Afrique subsaharienne (Jaffee et al., 2019).

Le fardeau estimé des maladies d'origine alimentaire reste à ce jour inférieur à celui de trois grandes maladies en Afrique : VIH, tuberculose et paludisme (**Annexe 5**) (Jaffee et al. 2020). C'est l'une des raisons pour laquelle la sécurité sanitaire des aliments ne parvient pas à faire l'objet de plan de maîtrise des risques, puisque le budget de la santé publique ainsi que l'attention des politiques se concentrent sur la lutte de ces trois maladies.

Le fardeau relatif aux maladies alimentaires liées à la faune sauvage en Afrique est difficile à estimer, d'une part parce que peu d'études existent à ce sujet, et d'autre part du fait de la complexité d'attribuer le développement d'une maladie à une source ou un agent pathogène spécifique. D'autant plus que la viande de brousse est issue de plusieurs espèces animales sauvages différentes et ne peut donc pas être analysée en tant qu'aliment générique (Schenck et al. 2006).

Le Règlement Sanitaire International (RSI) adopté par 196 pays fournit un cadre juridique définissant les droits et les obligations des pays concernant la gestion d'événements de santé publique susceptibles de traverser les frontières. Dans le cadre de ce dernier, il a été évalué la capacité des pays dans 19 domaines techniques de santé publique regroupés en 4 thèmes « Prévention », « Détection », « Réponse », « Points d'entrée et autres dangers » (Talisuna et al. 2019). La **Figure 9** présente ainsi l'évaluation des différents pays d'Afrique concernant la sécurité des aliments, prenant en compte la surveillance des maladies d'origine alimentaire ainsi que la rapidité de réponse face à l'émergence d'un foyer. Bien que cet indicateur ne donne qu'une image incomplète de la gestion de la sécurité des aliments dans ces pays, il permet de souligner que sur les 47 pays africains évalués, ¼ ont reçu la note de 1 correspondant à l'« absence de capacité » et une grande majorité la note de 2 soit une « capacité limitée ». Dans le bassin du Congo, sur les 5 pays évalués, trois sont classés au rang 1 et deux classés au rang 2, reflétant l'incapacité à la fois politique, économique et médicale de ces pays à gérer les maladies d'origine alimentaire, corrélée à de nombreux facteurs tels que l'absence d'accès à de l'eau potable et à un système d'assainissement, l'absence d'inspection sanitaire alimentaire et de contrôle vétérinaire, ... Le développement du African Food Safety Index (AFSI) prenant en compte l'ensemble des facteurs précédant en plus de ceux liés à la sécurité des aliments permettra une meilleure estimation de la capacité de ces pays et des enjeux à développer pour inverser la courbe des maladies alimentaires en Afrique.

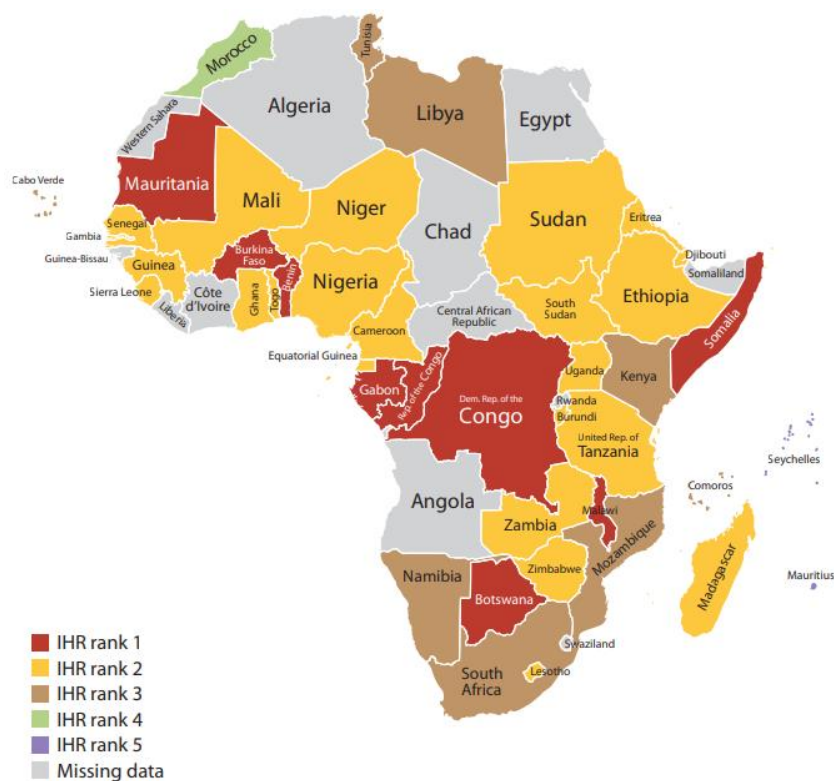


Figure 9 : Evaluation de la capacité des pays d'Afrique à la sécurité des aliments selon les critères de la RSI (Source : Jafee et al. 2020) (Rang 1 = absence de capacité, Rang 2 = capacité limitée, Rang 3 = capacité développée, Rang 4 = capacité démontrée, Rang 5 = capacité durable, IHR : International Health Regulations, détails Annexe 7)

Si la région africaine concentre le taux de morbidité le plus élevé lié à la consommation d'aliments contaminés, c'est en grande partie liée aux infections à *Salmonella* non typhiques chez les enfants de moins de 5 ans (**Figure 10**). La forte prévalence d'*E.coli* entérotoxigènes, entéropathogènes et d'infection à *Shigella* est révélateur de l'insuffisance des pratiques d'hygiène puisqu'elles sont associées à une contamination fécale et oro-fécale des aliments. Concernant les pathogènes parasitaires, *Taenia solium* est largement majoritaire (**Figure 11**) en Afrique, notamment Afrique de l'Ouest, et représente la principale cause d'épilepsie acquise chez l'homme. Les suidés sont les hôtes réservoirs de ce parasite, l'homme s'infecte via la consommation de viande de porc peu cuite. Cependant, il a été rapporté la détection de *Taenia solium* chez des phacochères en Afrique et des sangliers en Europe suggérant que le réservoir sauvage (Van Wyk et Boomker 2011) pourrait être impliqué dans la transmission du pathogène via la consommation de viande de brousse.

Au regard de la prévalence des maladies d'origine alimentaire en Afrique et de l'importance de la consommation de viande de brousse dans les régions tropicales, il semble primordial d'évaluer les enjeux de santé publique que représente cette denrée.

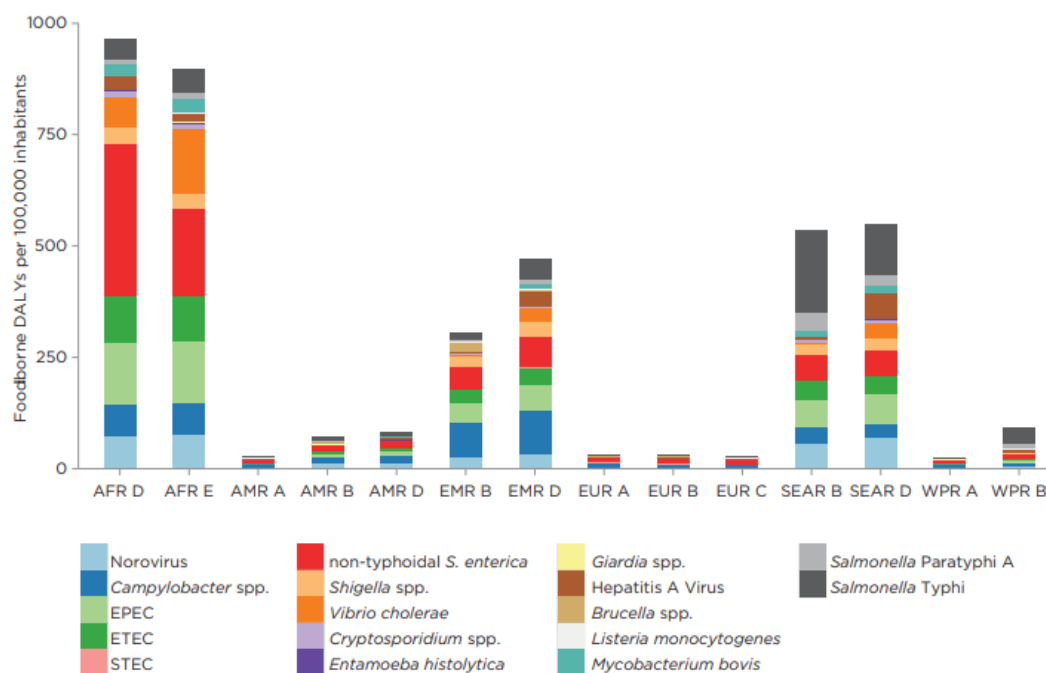


Figure 10 : Représentation des principaux pathogènes responsables de maladies entériques par sous-région d'après les chiffres de 2010 (DALYs pour 100 000 habitants). La carte détaillée des sous-régions est fournie en **Annexe 8** (AFR : Afrique, AMR : Amérique , EMR : Est-Méditerranéen, EUR : Europe, SEAR : Asie du Sud-Est, WPR : Pacific Ouest) (Source : World Health Organization 2015)

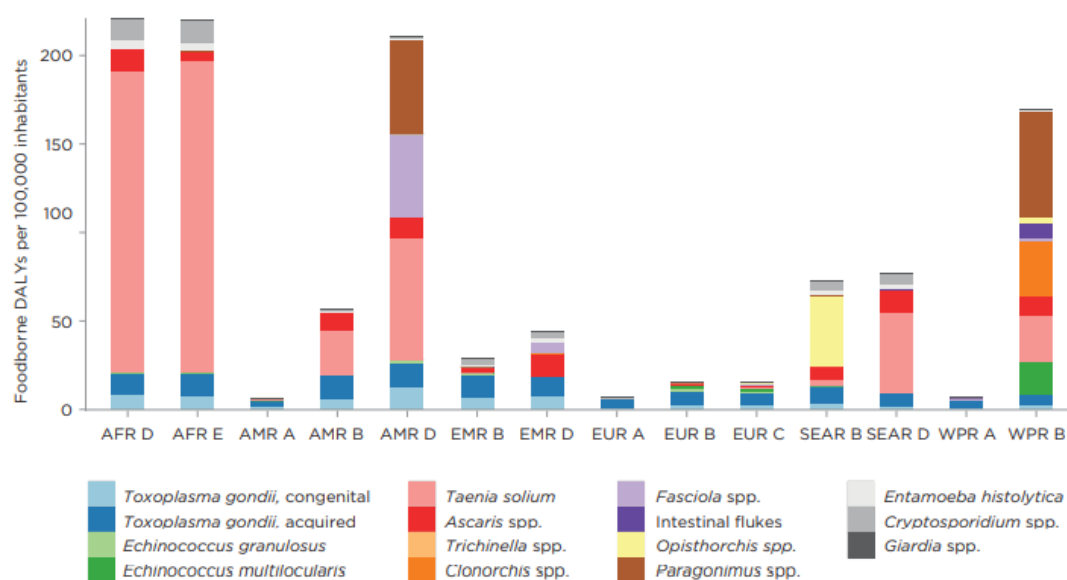


Figure 11 : Représentation des principaux pathogènes parasitaires par sous-région d'après les chiffres de 2010 (DALYs pour 100 000 habitants). La carte détaillée des sous-régions est fournie en **Annexe 8** (AFR : Afrique, AMR : Amérique , EMR : Est-Méditerranéen, EUR : Europe, SEAR : Asie du Sud-Est, WPR : Pacific Ouest) (Source : World Health Organization 2015)

La **Partie 2** de ce premier Chapitre s'attèlera précisément à établir un état des lieux de la littérature scientifique traitant du risque de consommation de viande de brousse pour la santé humaine. Les dangers biologiques potentiels déjà identifiés dans la viande de brousse y seront ainsi présentés.

Production de la viande de brousse et risques inhérents

L'évaluation des risques associées à la viande de brousse cherche à répondre à la question suivante : « Quel est le risque pour la santé humaine de consommer et de manipuler de la viande de brousse, et plus particulièrement quel est le risque que l'homme s'infecte avec un pathogène zoonotique ou d'origine alimentaire ? »

Une évaluation qualitative des risques liés au gibier sauvage a été réalisée en 2003 (Coburn et al., 2005) en Europe. Cette évaluation a permis de conclure que l'inspection vétérinaire post-mortem ne suffit pas à réduire de manière significative le risque d'infection dans la majorité des cas. Ainsi, il ne suffit donc pas de considérer uniquement le produit final dans cette évaluation mais de prendre en compte toutes les étapes précédant son élaboration. La question consiste ainsi à s'interroger sur comment la viande se contamine-t-elle ? Si certains dangers biologiques tels que parasites sont déjà présents dans les tissus musculaires, d'autres notamment bactériens sont influencés par différents paramètres au cours de la préparation de la viande. En effet de nombreuses communautés bactériennes sont naturellement déjà présentes dans les intestins ou sur la peau des animaux, et elles peuvent être transférées à l'ensemble de la carcasse en l'absence du respect de bonnes pratiques d'hygiène. Ainsi, différents facteurs influent sur le risque lié à chaque danger et doivent être examinés. La salubrité de la viande de gibier est étroitement liée au processus de chasse, à l'hygiène/la température lors des manipulations et au transport des carcasses. Sensibiliser les populations à ces normes d'hygiène et de sécurité est indispensable afin d'atténuer les risques potentiels pour les consommateurs.

Par ailleurs, investiguer uniquement les pathogènes transmissibles par ingestion dans le cadre de l'évaluation des risques liés à la viande de brousse serait considérablement réducteur. En effet, la faune sauvage est aussi porteuse de nombreux pathogènes zoonotiques, non identifiés comme transmissibles par la consommation mais dont le transfert à l'homme peut s'effectuer par contact avec les animaux vivants et/ou par la manipulation des carcasses lors des opérations de transformation. Si les agents zoonotiques identifiés dans la viande de gibier en Europe sont globalement les mêmes agents pathogènes d'origine alimentaire que ceux présents dans le bétail européen (Gomes-Neves et al. 2021), la particularité de la viande de brousse en Afrique provient à la fois de :

- La diversité taxonomique des espèces retrouvées sur les marchés, incluant notamment des primates phylogénétiquement proches de l'homme favorisant le passage interspécifique de pathogènes (Pedersen et Davies 2009)
- La localisation en Afrique tropicale, propice à l'émergence de nouvelles maladies infectieuses et « hot-spot » de diversité microbienne

La **Figure 12** résume les principales étapes clés intervenant dans la production de viande de brousse et les risques sanitaires inhérents à ces pratiques. La gestion des risques biologiques issus de la viande de brousse doit ainsi intégrer l'ensemble de ces étapes à son analyse. Chacune des étapes est développée dans les paragraphes suivants décrivant à la fois les facteurs prédisposant à la contamination des carcasses (Radakovic et Fletcher 2011) ainsi que les risques de transmission de pathogènes zoonotiques à l'homme au cours de leur préparation (Hilderink et de Winter 2021).

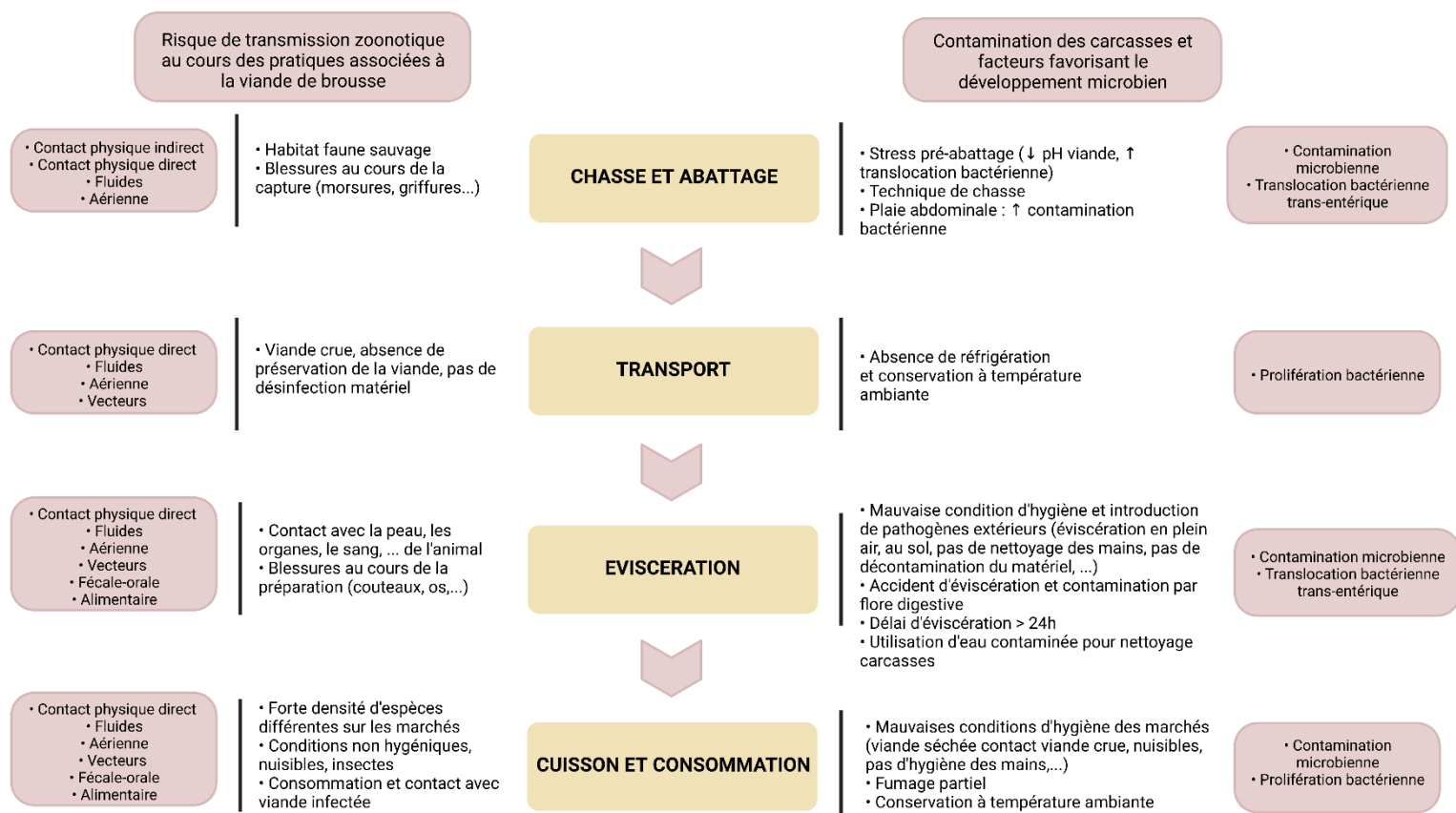


Figure 12 : Processus de production de la viande de brousse, risques zoonotiques et voies de contamination des carcasses ©Marine Montblanc

Chasse

Les différentes techniques de chasse peuvent avoir plusieurs conséquences concernant le risque biologique bactérien. En effet, la chasse au fusil ou au collet induit l'apparition de plaies, ces plaies peuvent favoriser l'introduction de bactéries au sein des tissus. Par ailleurs, la localisation du tir est déterminante, en effet une plaie abdominale a pour conséquence directe la dissémination de bactéries du tube digestif au sein de la cavité abdominale. En effet, Deutz et al. (2006) ont démontré que le dénombrement de colonies bactériennes aérobies (TAC : Total Aerobic Count) était de 4,6 et 5,6 log cfu/cm² pour des blessures thoraciques par balle, contre 5,0 et 6,5 log cfu/cm² pour des lésions abdominales sur des carcasses échantillonnées 12-24 heures après la mise à mort. Les mêmes résultats ont été obtenus par Avagnina et al. (2012)

soulignant une contamination plus importante des carcasses lors de tir abdominal. Les techniques de chasse en Afrique tropicale ne sont pas uniformes, si la revue bibliographique de Fa et al. (2005) décrit la chasse au collet comme majoritaire, les tribus de Banyangi et Mbo au Cameroun utilisent par exemple préférentiellement les armes à feu (Willcox et Nambu 2007), et les Ba'Aka de la région de Dzanga-Sangha en République Centrafricaine chassent traditionnellement au filet. Cette variable doit ainsi être intégrée dans l'identification des risques.

Le stress induit par la chasse, par exemple lors des battues au cours des chasses au filet, a aussi une conséquence indirecte sur la préservation de la viande. En effet, un stress pré-abattage est responsable de la production en grande quantité d'ATP et de glycogène par l'animal, épuisant ainsi ses réserves d'énergie cellulaires qui ne sont ainsi plus disponibles pour le processus de maturation de la viande. Le pH de la viande se maintient alors à un niveau élevé favorisant le développement de micro-organismes, le pH optimal de croissance bactérienne se situe proche de la neutralité (Mescle, Zucca, et Bourgeois 1996) tandis que les aliments acides ($\text{pH} < 4,5$) sont considérés comme microbiologiquement stables. Un effort physique important précédant l'abattage, pour fuir lors d'une battue par exemple, peut aussi avoir un impact sur le microbiote intestinal. En effet, un effort physique intense prolongé provoque une réaction de stress métabolique, caractérisée par une augmentation de la libération de glucocorticoïdes et de catécholamines. Ces dernières induisent une réduction de l'apport sanguin à l'épithélium intestinal, pouvant provoquer une hypoxie, une acidose, une déplétion en ATP, la formation de radicaux libres et un stress oxydatif qui, collectivement, endommagent la barrière intestinale, entraînant une augmentation de sa perméabilité (Karl et al. 2018). Une contamination endogène consécutive des carcasses par des bactéries potentiellement zoonotiques ainsi que la libération d'endotoxines dans la circulation systémique peuvent ainsi survenir (**Annexe 6**), et constituer un risque majoré d'infection humaine lors de l'ingestion de ces produits carnés (Seidler et al. 2001). Il n'est cependant pas exclu que la faune sauvage puisse aussi présenter des adaptations physiologiques dans leurs mécanismes de réponse au stress limitant l'extrapolation des arguments précédents.

Lors de la chasse d'animaux sauvages, l'homme peut s'exposer à des zoonoses selon plusieurs voies de transmission. Il existe un risque de contamination directe par contact physique rapproché avec l'animal, notamment lors de blessures, morsure ou griffure, qui peuvent être responsables de l'inoculation de différents pathogènes (Lambert et al. 2018) (Filippone et al. 2015). Des contaminations indirectes peuvent aussi survenir par contact environnemental avec certains fluides corporels (salive, sang, urine, excrément) déposés sur le sol, dans l'eau ou sur du matériel contaminé (couteau, filet, collet, ...).

Transport et stockage

Le transport et le stockage des carcasses en l'absence de réfrigération est un facteur majeur de prolifération bactérienne. En effet, la majorité des germes bactériens transmissibles par l'alimentation sont mésophiles (grande majorité des bactéries pathogènes), ou psychrotrophes (*Listeria*, *Clostridium botulinum*, *Yersinia*...) c'est-à-dire ayant des températures de croissance optimale respectivement de 30-45°C et de 25-30°C. La réfrigération permet alors d'inhiber cette croissance bactérienne en réduisant leur activité enzymatique, et la congélation de bloquer leur croissance par diminution de l'activité hydrique. Ainsi, l'absence d'électricité et par conséquent de réfrigérateurs en Afrique centrale contribue largement à la multiplication de micro-

organismes dans les denrées alimentaires. En République Centrafricaine c'est par exemple seulement 14% de la population qui a accès à l'électricité dont la majeure partie habite la capitale, parmi la population rurale le chiffre tombe à 0,4% de la population (Sustainable Energy for All, 2016).

Le transport de la faune sauvage, des marchés ruraux au commerce international, entraîne l'amplification de la propagation d'agents pathogènes zoonotiques. Certains agents particulièrement résistants dans l'environnement extérieur tel que *Bacillus anthracis* peuvent ainsi être importés par le commerce de viande crue ou insuffisamment cuite. Via les carcasses animales, de nombreux vecteurs peuvent aussi être transportés tels que des tiques, des puces, des moustiques entraînant l'expansion de leur aire de distribution, qui peuvent secondairement être responsables de la transmission de nombreux pathogènes zoonotiques.

Eviscération et préparation des carcasses

Une majeure partie de la contamination tissulaire post-mortem des carcasses résulte de mauvaises pratiques d'hygiène lors de l'éviscération qui constitue une étape clé de la gestion des risques microbiologiques associés à la viande de brousse. En effet, l'ouverture de la cavité abdominale et thoracique est propice à l'introduction de pathogènes issus de l'environnement extérieur, de la flore digestive de l'animal, ou de la flore cutanée du manipulateur. La rupture de l'intégrité de l'appareil digestif lors du retrait du contenu abdominal de la carcasse peut être responsable d'un risque de contamination important par des bactéries d'origine digestives (*E.coli*, *Salmonella*...). L'utilisation d'eau contaminée pour le nettoyage et le rinçage des carcasses constitue aussi une voie d'introduction de pathogènes dans la viande.

Le port de gants, le nettoyage des surfaces de travail, la décontamination du matériel,... sont autant de moyens de prévention rarement appliqués en Afrique centrale (K. E. Saylor et al. 2021). Dans la plupart des cas, l'éviscération des carcasses est réalisée directement en forêt sur le lieu d'abattage pour les gros gibiers afin de faciliter leur transport, à proximité du campement, ou au domicile familial. L'éviscération a lieu majoritairement à l'air libre, l'animal étant le plus souvent placé à même le sol sur des végétaux tels que feuilles de palmier d'après les observations de Makosso-Vheiyé (2012) au Congo.

Une éviscération tardive des carcasses serait associée à un risque accru de translocation et de prolifération bactérienne du tube digestif. Ce paramètre est ainsi déterminant dans l'analyse des risques de la viande de brousse au regard des pratiques de chasse. En effet si certaines carcasses peuvent être préparées directement sur le terrain, il est commun d'observer des carcasses entières sur les étals des marchés parfois pendant plusieurs jours où le gibier non-éviscéré est ensuite préparé au sein des ménages. S'il est considéré que le tissu musculaire profond d'animaux domestiques sains, éviscérés dans les 24 heures suivant leur abattage, est stérile (Gill, 2007), son extrapolation à la viande de brousse, chassée dans des conditions non contrôlées avec des conditions d'hygiène quasi-inexistantes, est questionnable. A travers leur étude Bachand et al. (2012) ont cependant démontré une relative stérilité des tissus musculaires profonds prélevés sur de la viande de brousse gabonaise au regard de trois pathogènes : *Campylobacter*, *Shigella*, *Salmonella*. De la même manière, le délai d'éviscération de viande de gnou en Afrique du Sud (Heerden et Vorster 2016) n'a pas permis d'observer de différences significatives de contamination bactérienne en fonction des 5 premières heures suivant la mort de l'animal. Ainsi s'il existe toujours un vide scientifique sur la microbiologie des tissus de viande de brousse éviscérés plusieurs jours après l'abattage, le risque de translocation

bactérienne trans-entérique vers les tissus extra-intestinaux semble plutôt être associé : au statut sanitaire de l'animal (dommages de la barrière intestinale ante-mortem : ulcères digestifs par exemple), au stress précédant l'abattage, aux lésions digestives au cours de l'abattage (tir abdominal), plutôt qu'au délai abattage-éviscération en lui-même.

Le dépeçage et l'éviscération des carcasses est une étape particulièrement à risque de transmission zoonotique par contact avec du sang et autres fluides corporels. Différents pathogènes zoonotiques graves tels que le virus Ebola (Leroy et al. 2004), plusieurs rétrovirus simiens (N. D. Wolfe et al. 2004), ou encore les épidémies de variole du singe (Durski et al. 2018) ont été associés à la manipulation de carcasses d'animaux sauvages, notamment primates. Au cours de la préparation de la viande, de nombreuses personnes travaillant sur les marchés de brousse ont rapporté la survenue de blessures accidentelles avec des couteaux, fragments d'os, ou machettes (K. E. Saylors et al. 2021) (Subramanian 2013). Ces blessures constituent des voies d'entrées pour les pathogènes, d'autant plus qu'elles ne sont le plus souvent ni désinfectées ou soignées. Saylors et al. (2021) ont ainsi décrit au Cameroun que : dans la plupart des cas de blessures mineures le boucher n'arrêtait pas son travail ; dans les cas les plus graves du sel, du jus de citron, voire de l'alcool pouvaient être appliqués pour arrêter le saignement mais le bandage de la plaie n'était pas systématique. Ainsi, ces blessures en l'absence de port de gants sont des facteurs de risque importants de développement d'infections par voie cutanée, telle que la tuberculose, en Afrique subsaharienne (Etter et al. 2006).

Commerce, cuisson et consommation

La viande de brousse est le plus souvent vendue sur les marchés sous forme de carcasses entières non éviscérées, de viande fumée, ou d'animaux vivants (Mbun et Nguemwo 2021). Le gibier est un produit de faible conservation : un à deux jours seulement dans des conditions tropicales (Fargeot 2004), et nécessite ainsi une étape de transformation pour améliorer sa préservation. En Afrique sub-saharienne, le « boucanage », fumage de la viande pendant de longues heures, est le principal procédé traditionnel de transformation et de conservation de la viande de brousse (Wiafe 2014). La technique de fumage permet : la diminution de l'activité hydrique des tissus, une action antioxydante et antimicrobienne grâce à certains composés chimiques présent dans la fumée (phénols, acides organiques...), la destruction des enzymes et micro-organismes par la chaleur. Ces effets combinés sont efficaces contre les bacilles Gram -, micrococci Gram + et staphylocoques, à noter que les bactéries végétatives sont plus sensibles à la fumée que les spores bactériennes et moisissures (Fellows 2016). La résistance des spores de *Bacillus anthracis* au procédé de fumage n'est pas documentée. L'évaluation de l'état de la conservation de la viande au moment de son achat est donc pertinente à intégrer dans l'analyse des risques sanitaires puisque ces derniers ne seront pas équivalents en fonction d'un produit frais ou boucané. Si le fumage permet une sécurité sanitaire relative des aliments, il n'empêche cependant pas la contamination ultérieure par des bactéries de l'environnement. En effet, les vendeurs dépècent souvent la viande sur les mêmes comptoirs où sont entreposées les viandes fumées et séchées (K. E. Saylors et al. 2021), ce qui implique que la viande fumée peut secondairement être contaminée par du sang frais et donc toujours constituer un risque pour le consommateur. Une seconde cuisson avant consommation est recommandée. L'absence d'hygiène des mains des vendeurs est aussi susceptible d'être responsable de la transmission de pathogènes par voie oro-fécale.

Par ailleurs, le manque d'hygiène peut également entraîner la présence sur les marchés d'animaux domestiques et de nuisibles à la recherche de déchets. La viande peut ainsi être contaminée par des selles ou urines de rongeurs par exemple, et réciproquement ces nuisibles peuvent être infectés par des pathogènes issus de la faune sauvage, notamment via la consommation d'abats crus, et servir de vecteurs à ces pathogènes. Le rassemblement de nombreuses espèces d'ordres taxonomiques variés à de fortes densités sur les étals des marchés est propice à la transmission interspécifique de pathogènes, à leur amplification et éventuellement à leur propagation à l'homme.

La méthode de conservation de la viande peut par ailleurs être indicatrice de la distance de prélèvement du gibier. En effet, une forte abondance d'animaux vivants sur les marchés est plutôt associée à une forte densité de faune, tandis que la prévalence de viandes boucanées est plutôt révélatrice d'une densité de faune faible. Une faible densité animale suppose une aire d'approvisionnement de chasse plus étendue et donc des trajets de transport plus importants, d'où l'intérêt de la viande boucanée pour la conservation des produits. Or comme précédemment évoqué, le transport sur de longues distances peut favoriser le déplacement de pathogènes, de vecteurs et favoriser l'exposition humaine à des dangers biologiques au cours de la manipulation de la viande. Ainsi, le transport préalable à la vente de viande boucanée peut représenter un facteur de risque à la transmission de pathogènes.

L'homme peut s'infecter par de nombreux pathogènes lors de la consommation de viande de brousse insuffisamment cuite que ce soient des dangers inhérents à la faune sauvage ou à la préparation de la viande, aussi bien viraux, bactériens que parasitaires.

L'évaluation du risque sanitaire associé à la viande de brousse doit ainsi prendre en compte à la fois :

- **Les risques sanitaires intrinsèques à la faune sauvage en tant que réservoir potentiel de pathogènes zoonotiques,**
 - **Les risques sanitaires intrinsèques à la viande de gibier résultant de la chaîne de production spécifique de cette denrée alimentaire**
-

PARTIE 2 : Revue bibliographie de la littérature. Viande de brousse et santé en Afrique : transmission de maladies infectieuses.

L'objectif de cette revue systématique de la littérature est d'appréhender l'état de la connaissance scientifique sur le sujet de la santé associé à la viande de brousse en Afrique, plus particulièrement sur les risques de transmission de maladies zoonotiques. A partir de cette revue, il sera établi la liste des agents pathogènes déjà identifiés dans des prélèvements issus de la viande de brousse et pouvant ainsi représenter un risque sanitaire pour l'homme lors de sa consommation ou manipulation.

1. Sélection des articles

La réalisation de cette étude systématique s'est effectuée selon les recommandations internationales de la CEE (Collaboration for Environmental Evidence, 2018). La recherche n'a pas été limitée par la date de publication mais elle l'a été par la langue puisque seuls des mots clés anglophones ont été utilisés. Une veille bibliographique a été réalisée du 15 mars 2022 au 15 juin 2022. Le moteur de recherche scientifique Web of Science (WoS) (www.webofscience.com) a été utilisé comme référence. Les expressions booléennes suivantes ont été implémentées : « AFRICA » AND « BUSHMEAT » AND « RISK » / « HEALTH » / « PATHOGEN » / « ZOONOTIC » / « EMERGING » / « DISEASE ». Les résultats de recherche de chacune des combinaisons sont présentés dans le **Tableau 2**, ces derniers ont été fusionnés puis les duplicats supprimés (N = 182).

Combinaisons de recherche (WoS)	Résultats
Africa + Bushmeat + Health	103
Africa + Bushmeat + Risk	117
Africa + Bushmeat + Pathogen	31
Africa + Bushmeat + Zoonotic	58
Africa + Bushmeat + Emerging	55
Africa + Bushmeat + Disease	92
TOTAL (sans duplicats)	182

Tableau 2 : Présentation des résultats de recherche pour les différentes combinaisons de mots-clés sur WoS

Les titres et les résumés de cette base de données ont été examinés manuellement et 85 documents ont été écartés (N = 97) parce qu'ils ne correspondaient aux critères d'inclusion suivants :

- article scientifique, thèse, livre / chapitre de livre
- langue de publication de l'article : anglais,
- thématique : santé et viande de brousse en Afrique (vertébrés terrestres)

Parmi les 85 documents retirés, ces derniers s'intéressaient soit :

- à de la viande d'animaux domestiques, ou ne relevant pas de vertébrés terrestres
- à un pays n'appartenant pas au continent africain (exclusions faites des articles traitant de saisies aux aéroports)
- à une thématique différente de celle de la santé notamment biologie de la conservation : biodiversité (déclin des espèces et impact de la chasse, services écosystémiques, commerce illégal, perte d'habitat, distribution des espèces et démographie, anthropisation des écosystèmes...), génétique (traçage du commerce illégal, identification des espèces), sciences humaines (sécurité alimentaire, pratiques culturelles, « viabilité » de la viande de brousse en tant que ressource, loi et commerce illégal, éducation et sensibilisation), économie (poids du commerce illégal, balance du prix dans la demande)...

Une recherche bibliographique dans GoogleScholar (scholar.google.com) à partir des mêmes mots clés que précédemment a permis l'ajout de 58 articles supplémentaires, sur la base d'un filtrage manuel des titres (N = 155). Parmi cette base de données de référence il a été attribué une thématique de santé à chacun des articles : « Transmission de pathogènes » « Nutrition » « Thérapeutique » « Toxicologie », seul les articles traitant de la première catégorie ont été conservés (N = 127). La lecture des textes en leur intégralité a ensuite permis l'attribution d'un type d'étude : « Etude expérimentale » « Revue de littérature » « Modèle » « Etude humaine et sociale » et d'un domaine de pathogène : « Bactérie » « Virus » « Helminthe » « Protozoaire » « Non défini » « Mixte ». Les informations suivantes ont ensuite été extraites : date de publication, pays d'étude, espèces des pathogènes étudiés, ordre taxonomique des vertébrés étudiés.

La littérature définie comme « Etude expérimentale » (N = 53) a ensuite été filtrée selon les critères suivants :

- ✓ Type d'échantillon = viande de brousse
- ✓ Collection des échantillons = marchés / chasseurs / saisies aéroport

Ces filtres permettent d'exclure les échantillons prélevés sur de la faune sauvage vivante (captive ou temporairement restreinte pour l'étude), ainsi que l'ensemble des articles recherchant des pathogènes zoonotiques sur prélèvements humains. De la même manière les articles traitant d'individus sauvages capturés puis euthanasiés pour être échantillonnés ont été écartés du fait des différences importantes de préparation des carcasses par rapport aux marchés.

26 publications recherchant explicitement des pathogènes à partir de prélèvements issus de carcasses qualifiées de « bushmeat » ont ainsi été sélectionnées et une méta-analyse de ces données a ensuite été conduite (**Figure 13**).

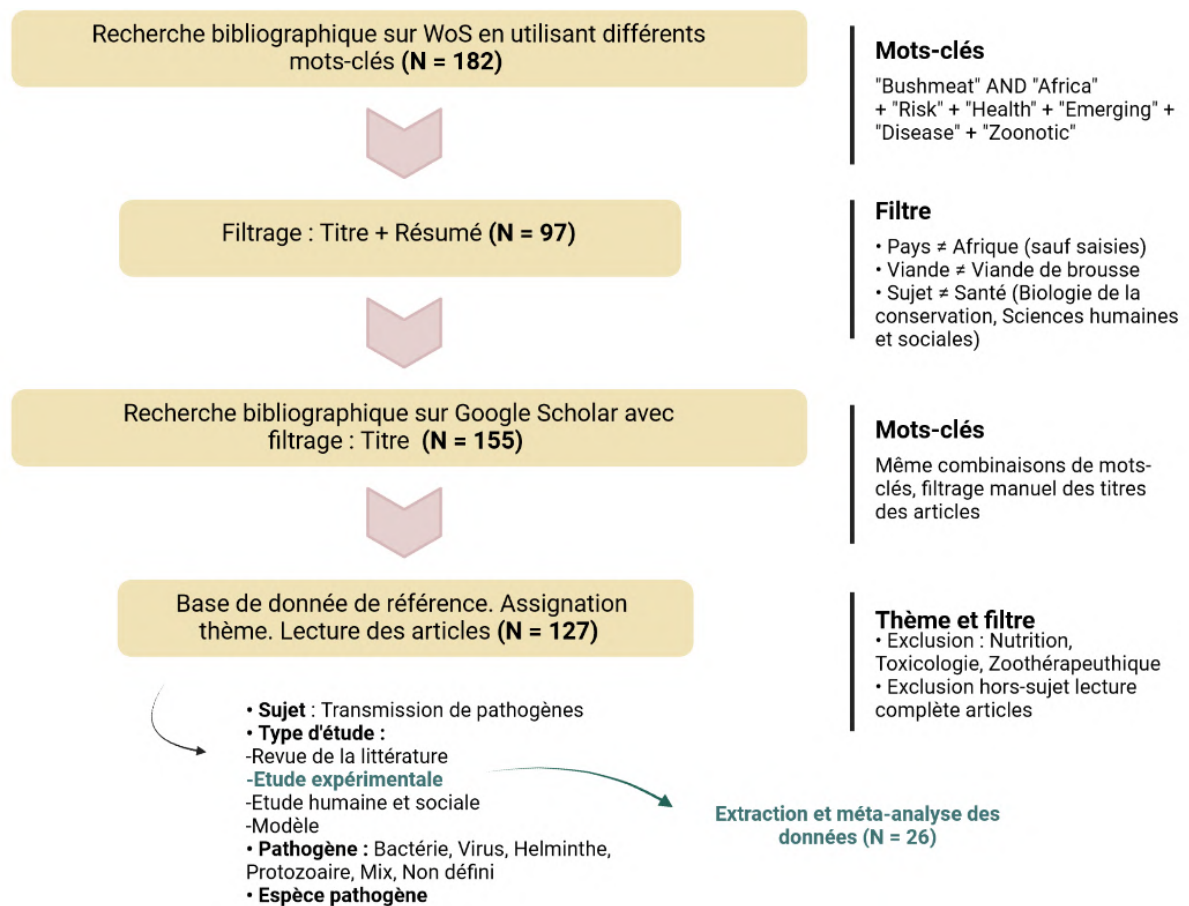


Figure 13 : Algorithme de recherche réalisé pour la revue de littérature

2. Résultats

Des différentes recherches, il résulte 127 articles traitant des maladies zoonotiques associées à la viande de brousse (Figure 13), la liste est fournie en **Annexe 9**. Le nombre de publications a augmenté progressivement depuis le début des années 2000 (Figure 14), avec un record de 18 publications en 2017. L'émergence de plusieurs épidémies d'origine zoonotique telles que le SARS-CoV-1 (2002-2004), MERS (2012-2013), Ebola (2013-2016), et dernièrement SARS-CoV-2 en 2019 a motivé un intérêt croissant de la communauté scientifique sur ce sujet. En effet, pendant de nombreuses années, la recherche scientifique sur la viande de brousse en Afrique s'est largement concentrée sur le thème de la biologie de la conservation représentant aujourd'hui près de $\frac{3}{4}$ des publications (N = 400) (Groom, 2022 unpublished data). Les publications scientifiques sont inégalement réparties sur le territoire africain, l'Afrique Centrale et l'Afrique de l'Ouest regroupent la majorité des publications en corrélation avec l'importance de la consommation de viande de brousse dans ces régions (Figure 15). Cependant dans le bassin du Congo il peut être noté qu'aucune étude n'a été réalisée en République Centrafricaine, de même au Bénin et au Togo en Afrique de l'Ouest. Le Cameroun totalise le plus grand nombre de publications (N = 19), suivi du Ghana (N = 10). Au Ghana la présence de grandes colonies de roussettes des palmiers (*Eidolon helvum*), suspectées d'être un des réservoirs du virus Ebola, est à l'origine de nombreuses publications scientifiques.

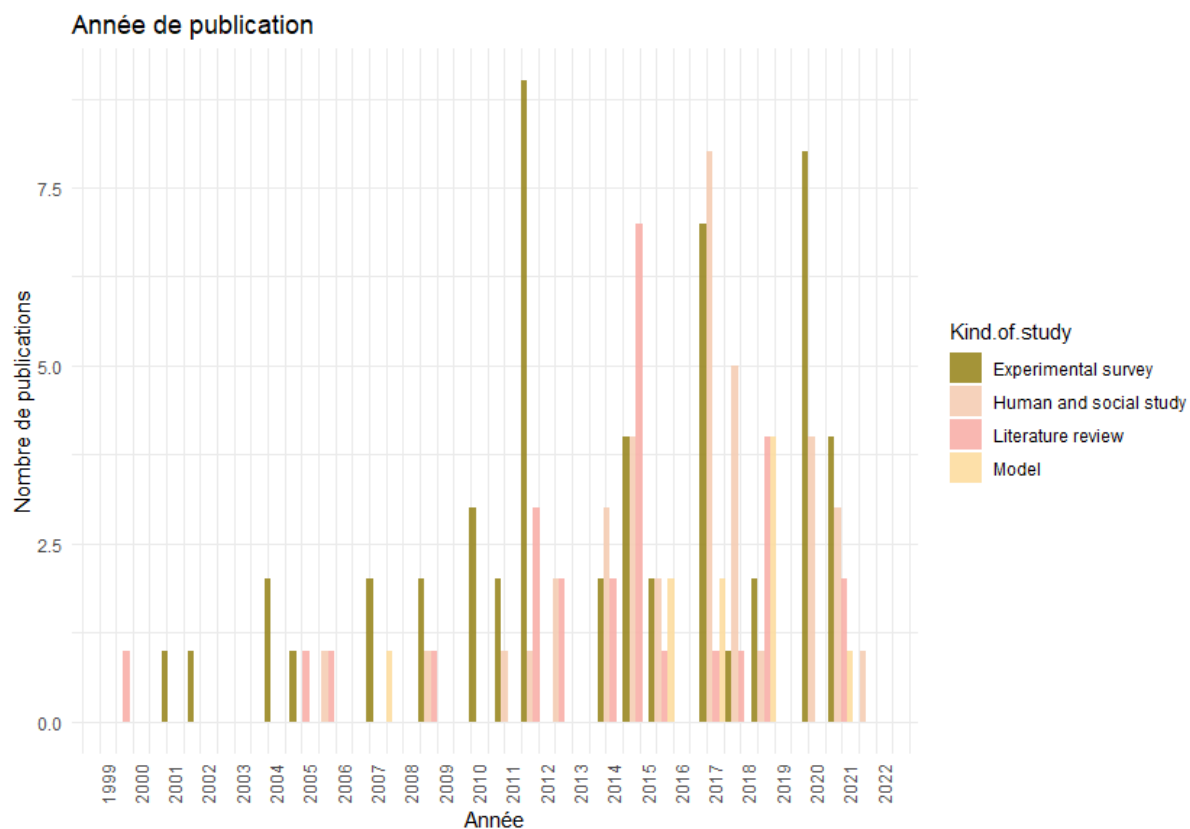


Figure 14 : Nombre de publications par année en fonction du type d'étude

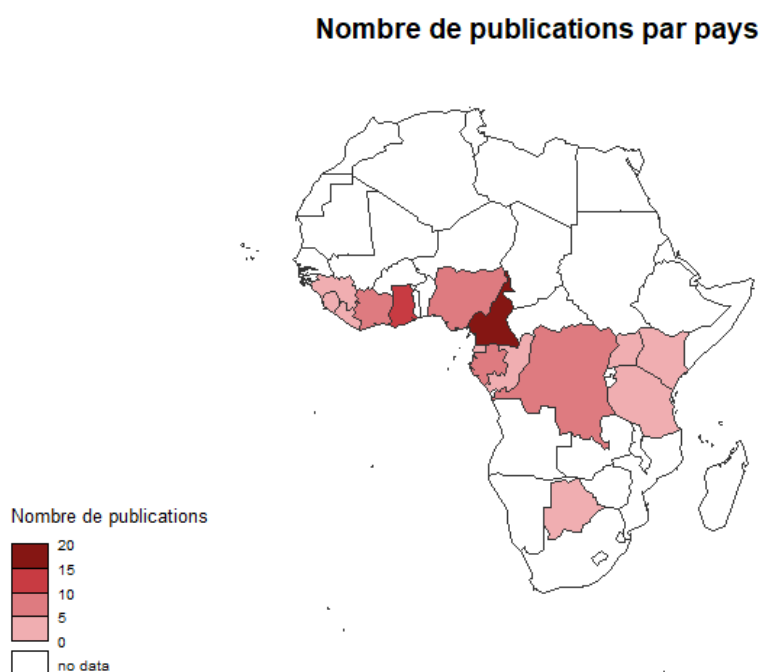


Figure 15 : Nombre de publications sur le thème « santé et viande de brousse » par pays en Afrique

Parmi les 127 publications (**Annexe 9**), les virus sont les pathogènes les plus largement étudiés (61%, N = 78) représentés très majoritairement par : le virus Ebola (46%, N = 36) et les rétrovirus simiens (33%, N = 26) (**Figure 16**). L'étude des bactéries et des helminthes/protozoaires est largement minoritaire, parmi les articles de revue seulement deux ont pour sujet respectivement la transmission de bactéries et d'helminthes pathogènes contre 11 pour le virus Ebola et 6 pour les rétrovirus. Les publications qualifiées de sciences humaines et sociales (29%, N = 37) font état soit de l'exposition des populations à des risques zoonotiques (contact avec la faune sauvage, chasse, blessure, ...), de la perception de ces risques au sein des communautés, ou de l'impact des zoonoses sur les pratiques de chasse. Elles reposent sur la réalisation d'entretiens avec la population, de questionnaires, de groupes de discussion, ou d'observations directes.

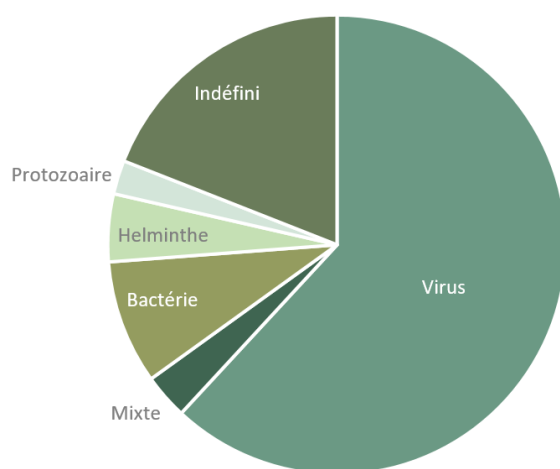


Figure 16 : Total des publications en fonction du type de pathogène étudié

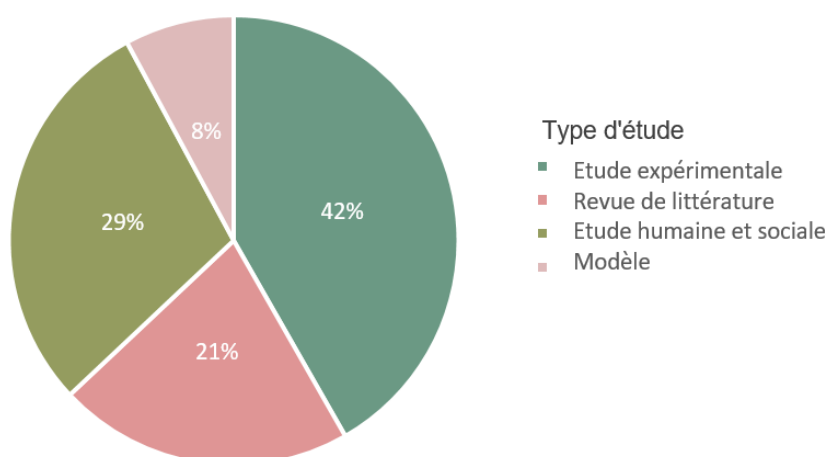


Figure 17 : Total des publications en fonction du type d'étude

Si la littérature définie comme « Etude expérimentale » représente 42% des résultats de recherche (**Figure 17**), seules 26 publications recherchent des pathogènes à partir de prélèvements issus de viande de brousse (**Annexe 10 ; Annexe 11**). Les 26 études ont été menées dans 11 pays différents, dont 3 en dehors du continent Africain à la suite de saisies aux aéroports (2 en France, 1 aux Etats-Unis), avec une forte prévalence de la République Démocratique du Congo (6/26), du Cameroun (5/26) et du Gabon (5/26). Les mammifères représentent la grande majorité des espèces étudiées (92% ; 24/26) suivi des reptiles (19% ; 5/26) puis des oiseaux (8% ; 2/26). Les primates sont cités dans 18 des 26 études (69%), et sont les seules espèces échantillonnées dans 14 d'entre elles. Parmi les espèces les plus étudiées il peut être nommé : le Cercopithèque hocheur (*Cercopithecus nictitans*), le Moustac (*Cercopithecus cephus*), ou le singe De Brazza (*Cercopithecus neglectus*). Il existe une forte corrélation entre le type de pathogène recherché et les espèces investiguées (**Figure 18**) puisque près de la totalité des études traitant des primates s'intéressent à des pathogènes viraux (88% ; 13/18) ; tandis qu'inversement l'ordre des squamates est principalement étudié pour sa charge parasitaire (Helminthe $\frac{3}{4}$, Protozoaire $\frac{1}{4}$) et les artiodactyles pour leur charge bactérienne (4/6). La méthode d'identification des dangers biologiques est aussi dépendante du type de pathogène recherché, pour la recherche bactérienne l'approche par metabarcoding prédomine (3/5) ainsi que la mise en culture (2/5). L'identification morphologique est privilégiée pour les helminthes tandis que la recherche virale est le plus souvent conduite par une combinaison : recherche immunologique +/- PCR +/- séquençage. L'amplification PCR permet de confirmer les résultats immunologiques et le séquençage d'identifier une nouvelle séquence d'intérêt notamment pour retracer la phylogénie des espèces. La recherche de pathogènes est conduite sur des matrices tissulaires ou des échantillons sanguins, seulement une étude rapporte l'utilisation d'écouvillons oral et rectal.

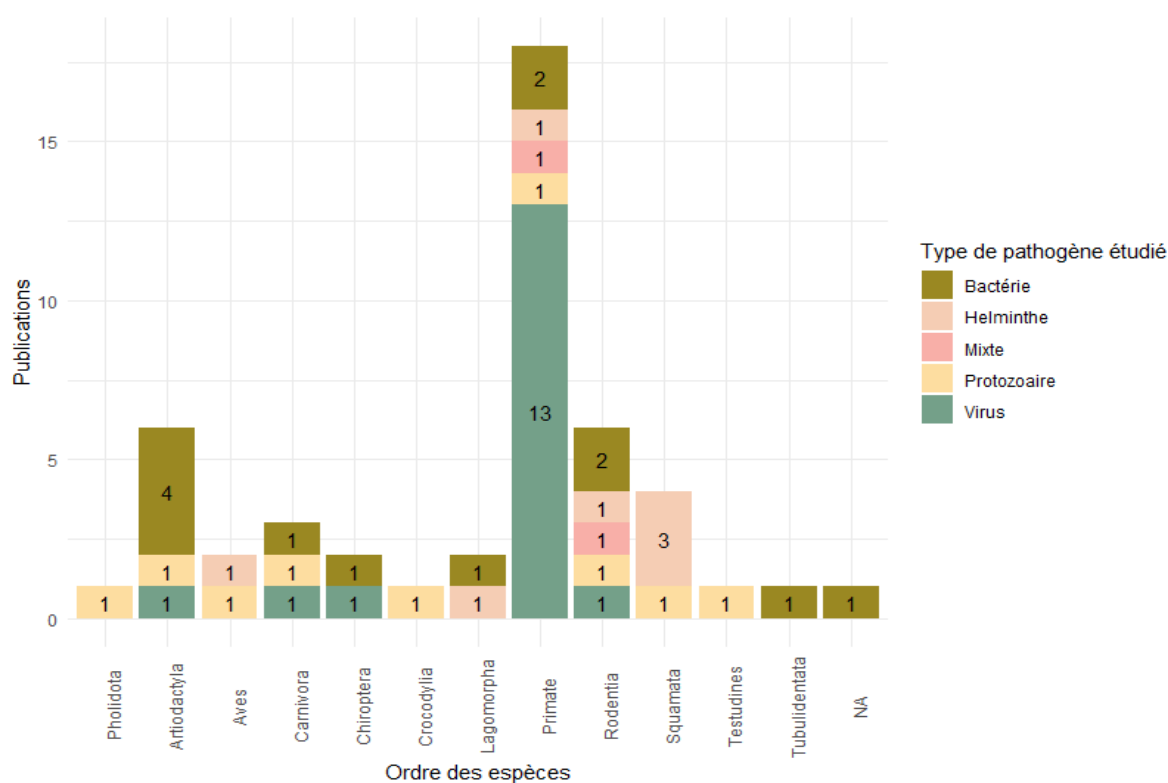


Figure 18 : Nombre de publications en fonction de l'ordre taxonomique des mammifères étudiés et du type de pathogène

Concernant le risque zoonotique associé à chacune des espèces étudiées, le **Tableau 3** liste l'ensemble des pathogènes identifiés pour les différentes espèces de viande de brousse. Les espèces virales isolées incluent les : rétrovirus simiens (SIV Simian Immunodeficiency Virus, STLV Simian-T-lymphotropic virus, SFV Simian foamy virus), henipavirus (NiV Virus Nipah), herpesvirus (CMV Cytomegaloviruses, LCV lymphocryptoviruses), adenovirus, arenavirus (LCMV Lymphocytic choriomeningitis virus). L'approche par metabarcoding, virale ou bactérienne, a considérablement multiplié le nombre d'espèces isolées avec notamment l'identification d'agents zoonotiques pathogènes tels que : *Bacillus anthracis*, *Coxiella sp.*, *Brucella sp.*, *Cronobacter spp.* Les genres helminthiques *Strongyloides*, *Ascaris*, *Ancylostoma*, *Trichuris*, *Armillifer* ont principalement été rapportés, ainsi que les genres protozoaires *Eimeria*, *Entamoeba*.

3. Discussion

Perceptions du risque zoonotique et exposition des populations

Globalement la perception du risque zoonotique associé à la chasse, au commerce et à la consommation de viande de brousse est faible au sein des communautés rurales d'Afrique d'après la littérature sélectionnée (Tweneboah Lawson et al. 2017) (Gbogbo et Kyei 2017). Au Nigeria par exemple 76.5% des chasseurs questionnés ignoraient l'existence de maladies zoonotiques (Ozioko et al. 2018), de la même manière en Ouganda pour 63% des personnes interrogées (Namusisi et al. 2021). Si ces chiffres sont variables au sein des différentes communautés, et qu'une meilleure connaissance du risque est acquise dans certaines populations, cela n'entraîne pas pour autant l'application de mesures préventives (Friant, Paige, et Goldberg 2015) (Alhaji, Yatswako, et Oddoh 2018) (LeBreton et al. 2006). Au Cameroun, plus de la moitié des personnes interrogées ont soutenu consommer de la viande de chauve-souris alors même qu'ils étaient déjà informés de la possibilité de développement de maladies zoonotiques (Maurice et al. 2017).

La plupart des enquêtes socio-anthropologiques réalisées quant à la compréhension du risque zoonotique en Afrique ont succédé aux épidémies au virus Ebola, et soulignent le manque de communication de la part des instances gouvernementales, médicales et vétérinaires auprès des communautés rurales. En effet, le virus Ebola est largement incompris (Forgie, Masumbuko Claude, et Hawkes 2022), voire inconnu pour certaines populations forestières, cette épidémie est parfois même perçue comme une « conspiration » (Ayegbusi et al. 2016) ou une « illusion » (Akem et Pemunta 2020) par les populations. Parmi les exemples de mésinformation des populations, il est par exemple de croyance populaire en Ouganda que la viande domestique est plus susceptible d'être à l'origine de maladies zoonotiques que la viande de brousse (B. M. Dell, Souza, et Willcox 2020). Ces éléments soulignent l'importance que revêtent les campagnes de prévention au sein des populations rurales, qui sont le plus souvent les seules sources d'informations pour ces communautés n'ayant accès ni aux journaux, à la télévision, ou à la radio.

Afin d'évaluer le risque zoonotique lié à la viande de brousse il est nécessaire au préalable de savoir répondre à la question suivante : qui est exposé et comment ? En effet le niveau

d'exposition, et donc le risque de transmission de maladies issues du gibier, diffère pour chacun des intervenants de la chaîne de production de la viande de brousse. Comme précédemment évoqué, les chasseurs sont par exemple plus fréquemment à risque de morsures, griffures, inhalation de spores, tandis que le consommateur s'expose principalement par voie alimentaire, le risque étant conditionné par la cuisson de la viande et l'espèce consommée. Plusieurs auteurs ont mis en évidence un pattern au sein de la production de la viande de brousse : les hommes étant le plus souvent associés à la chasse, et les femmes à l'éviscération et la préparation des carcasses (Mossoun et al. 2015), même si ce constat reste variable en fonction des régions étudiées. Les femmes seraient ainsi majoritairement exposées à des fluides potentiellement vecteurs de pathogènes. L'étude de Bonwitt et al. (2017) a mis en évidence le rôle des enfants dans la filière viande de brousse, souvent non intégrés à l'évaluation des risques alors qu'ils occupent une place active au sein des activités de chasse. Au Cameroun par exemple il est observé qu'environ 20% des enfants participent aux captures de chauves-souris (Baudel et al. 2019), le processus d'apprentissage de la chasse débute tôt durant l'enfance (environ 6 ans) ainsi la plupart des jeunes s'entraînent à la saisie de micromammifères notamment rongeurs qui constituent « la viande des enfants » (Douno et al. 2021).

Le niveau d'exposition des populations dépend aussi intrinsèquement des espèces chassées et consommées qui ne présentent pas la même prévalence de pathogènes zoonotiques (détaillé dans la partie suivante). La perception du risque est variable en fonction des espèces. En Ouganda par exemple les primates sont perçus comme le groupe de mammifère le plus susceptible de transmettre des maladies zoonotiques (B. M. Dell, Souza, et Willcox 2020), de la même manière au Nigeria où les singes principalement (55%) puis les pythons (12%), suivi du potamochère roux (10%) sont associés à la transmission de pathogènes (Friant, Paige, et Goldberg 2015). Au contraire, la perception du danger lié à la consommation de viande de chauve-souris est plutôt faible (A. O. Kamins et al. 2015) (Gbogbo et Kyei 2017), environ 80% des personnes interrogées au Sud du Cameroun réfutaient la possibilité de transmission de maladie par ce biais (Baudel et al. 2019). La consommation de viande de chauve-souris et la perception du risque de zoonoses associées restent cependant hétérogènes en Afrique subsaharienne. En effet leur consommation est souvent occasionnelle, la viande est vendue à bas prix sur les marchés et est plutôt impopulaire (Mickleburgh, Waylen, et Racey 2009), elle peut cependant être recherchée pour des occasions particulières (exemple du festival annuel de chauve-souris à Idanre au Nigeria) (Vora et al. 2014). Dans tous les cas, malgré la perception d'un risque potentiel, la connaissance des maladies factuellement transmissibles par la faune sauvage, leurs modes de transmission et leurs symptômes associés demeurent plutôt obscures pour les communautés questionnées (Subramanian 2012) (Dell, Souza, et Willcox 2020). Par ailleurs, l'évitement de certaines espèces du fait d'interdits totémiques ou de la perception d'un danger sanitaire est parfois contourné par les revendeurs qui « déguisent » les espèces vendues sur les marchés notamment les primates (B. M. Dell, Souza, et Willcox 2020). Ces pratiques malveillantes ne sont pas si rares et exposent les consommateurs à des risques zoonotiques importants, puisque le niveau de précautions appliqué à la préparation et cuisson de la viande ne sera pas le même selon que l'espèce est un primate ou un rongeur.

Certaines pratiques rapportées dans la littérature représentent un risque majeur de transmission de pathogènes zoonotiques. La consommation de cadavres d'animaux découverts en forêt sans information sur le statut sanitaire préalable de l'animal et la cause du décès peut être à l'origine de maladies graves telles que la fièvre charbonneuse, la variole du singe, la fièvre Ebola, etc. Découvrir un animal mort en forêt est perçu par les populations rurales comme un « cadeau »

plutôt que comme le vecteur de potentiel agents pathogènes zoonotiques (Monroe et al. 2015). Cette activité de « charognard », commune en Afrique Centrale (Friant, Paige, et Goldberg 2015) et sous-estimée dans la viande de brousse, concerne un large panel de vertébrés avec plus de 30 espèces rapportées (Monroe et al. 2015). D'autres us, tels que tuer des chauves-souris avec la bouche (Akem et Pemunta 2020), ou consommer des fruits préalablement mâchés par des animaux (Baudel et al. 2019) exposent les individus à des fluides potentiellement contaminés par des agents zoonotiques. Enfin, si la cuisson complète de la viande est considérée comme suffisante pour inactiver un grand nombre d'agents pathogènes, il a été constaté sur le terrain la consommation de viande de brousse peu cuite, ainsi que de moelle osseuse, susceptibles de présenter un risque de transmission de pathogènes (Bonwitt et al. 2017).

L'ensemble de ces informations permet de souligner : i) la méconnaissance des populations aux risques auxquels ils sont exposés à travers la chasse et la consommation de viande de brousse, ii) l'absence de précautions particulières vis-à-vis de ces risques zoonotiques, iii) un niveau d'exposition variable aux risques en fonction des activités de chasse pratiquées, des coutumes, des espèces consommées et de la préparation de la viande.

Risques sanitaires liés à la faune sauvage

Parmi les espèces de viande de brousse consommées, les chauves-souris, les rongeurs et les primates sont systématiquement cités comme sources importantes de pathogènes zoonotiques. La proximité phylogénétique entre l'homme et les primates non-humains est propice à la transmission interspécifique de pathogènes : l'émergence du VIH chez l'homme secondaire à l'adaptation d'un rétrovirus simien est certainement l'exemple le plus évocateur (Peeters, Chaix, et Delaporte 2008). Par rapport aux primates, les rongeurs et les chauves-souris inquiètent de par le nombre et la diversité de pathogènes qu'ils abritent.

Les chauves-souris sont l'ordre de mammifères présentant le plus de virus zoonotiques (Epstein 2019). Elles sont les hôtes naturels de nombreux virus humains émergents tels que le SARS-CoV-1, le MERS-CoV, les virus Ebola et Marburg, le virus Nipah. Récemment il a été suggéré l'origine probable du virus SARS-CoV-2, responsable de la pandémie de COVID-19, dans des colonies de chauves-souris d'Asie du Sud-Est (Lytras et al. 2022) (Temmam et al. 2022).

Parmi les rongeurs, 217 espèces sont réservoirs de 66 espèces d'agents pathogènes zoonotiques (B. A. Han et al. 2015). Il peut notamment être cité le Monkeypox virus, le virus de la fièvre Lassa, les bactéries *Leptospira*, *Salmonella*, *Yersinia*, *Brucella*, *Francisella tularensis* ainsi que les genres parasites *Toxoplasma*, *Schistosoma* (Gratz 1997).

Les primates arborent de nombreux pathogènes transmissibles à l'homme, viraux (Ebola, VIH-SIV, STLV, Simian Foamy Virus, Virus de la fièvre jaune, ...), bactériens (*Bacillus anthracis*, *Mycobacterium*, *Shigella*, *Salmonella*, *Campylobacter*, *Leptospira*, multitude d'agents respiratoires tels que *Pasteurella multocida*, *Klebsiella pneumoniae*) ou parasites (*Strongyloides* spp, *Oesophagotomum apiostomum*, *Trichuris trichuria*, *Ancylostoma duodenale*, *Plamodium*, *Giardia*, *Entoameba*, *Trypanosoma*) (Burgos-Rodriguez 2011).

L'ensemble de ces informations contrastent avec le fait que concrètement, en pratique, très peu d'études (N = 26) ont été menées sur des échantillons de viande de brousse pour évaluer la prévalence de ces pathogènes zoonotiques. Par exemple s'il est largement suspecté que la manipulation de carcasses de chauves-souris et de primates peut être associée à l'émergence des épidémies à Ebola virus (Leroy et al. 2004) (Leroy et al. 2009), une seule étude en Afrique a recherché la présence de ce virus dans des échantillons de viande de primates (Lucas et al. 2020) et aucune dans ceux de chauves-souris. Cela souligne le manque de coordination scientifique sur ce sujet, puisque l'identification de pathogènes zoonotiques dans une espèce animale ne conduit pas forcément à l'évaluation du risque d'exposition et de contamination humaine.

Le développement d'études sérologiques parallèles, menées à la fois sur des animaux réservoirs et les populations humaines en contact a permis de mettre en évidence l'échange à bas bruit de virus laissant craindre l'adaptation de ces derniers et l'émergence de nouvelles maladies. C'est le cas notamment des virus simiens STL V (Mossoun et al. 2017) et des henipavirus (Pernet et al. 2014), de la même manière en Asie il a été démontré l'existence d'anticorps anti-SARS-CoV dans les populations vivant à proximité de colonies de chauves-souris suggérant le transfert silencieux de pathogènes entre le réservoir animal et humain préalable à l'émergence d'une épidémie (N. Wang et al. 2018).

Outre les pathogènes viraux, il a été identifié dans des taxons divers la présence de *Bacillus anthracis*, *Coxiella sp.*, et *Brucella sp.* agents bactériens zoonotiques responsables respectivement de la fièvre charbonneuse, la fièvre Q et la brucellose. Ces trois maladies peuvent induire des symptômes graves chez l'homme (fièvre, asthénie, douleurs musculaires, douleurs abdominales et thoraciques, maux de tête, nausée, vomissements), la fièvre charbonneuse peut être fatale en l'absence de traitement, soulignant l'intérêt crucial de la surveillance sanitaire de la viande de brousse.

La diversité des pathogènes parasitaires identifiés est à corréler à la facilité de détection de ces agents qui ne nécessitent pas une identification moléculaire ou une mise en culture, l'identification étant le plus souvent morphologique par reconnaissance des adultes, ou des œufs (méthode par flottation, sédimentation).

Si les rétrovirus simiens prédominent dans la littérature (Tableau 3), il existe cependant un large biais d'échantillonnage car très peu de pathogènes ont été recherchés et très peu d'études menées sur la viande de brousse. Parmi ces études il existe une sur-représentation de l'ordre des primates et des virus dont ils sont porteurs. Or certaines études considèrent que la majorité des maladies émergentes sont bactériennes, et l'ordre des artiodactyles principalement à risque puisqu'ils présentent la plus forte proportion d'agents bactériens zoonotiques émergents. Le nombre de pathogènes détectés étant positivement corrélé à l'effort d'échantillonnage il est probable que seule une faible fraction des pathogènes zoonotiques émergents vectorisés par la faune sauvage africaine soit à ce jour identifiée. La recherche scientifique devrait ainsi intégrer le réservoir bactérien à la liste des priorités ainsi qu'une surveillance accrue des espèces animales non-primates.

Si l'étude de Bachand et al. (2012) n'a pas permis de mettre en évidence la présence des genres *Salmonella*, *Shigella* et *Campylobacter* dans des échantillons tissulaires de viande de brousse au Gabon, le développement d'approches par metabarcoding a permis de révéler une grande diversité taxonomique bactérienne dans ce type d'échantillons (Katani et al. 2019), diversité qui n'a pu être listée de manière exhaustive dans le **Tableau 3**. Parmi les taxons bactériens identifiés, grand nombre d'entre eux peuvent être associés à la flore commensale intestinale et fécale tel que *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, and *Proteobacteria*. L'identification des genres *Enterobacter*, *Enterococcus*, *Clostridium*, peut par exemple être révélateur de mauvaises pratiques d'hygiène (stress pré-abattage, tir abdominal, délai d'éviscération, accident d'éviscération, absence de réfrigération, stockage dans des conditions non hygiéniques...) responsable d'une contamination des viandes. L'isolement de *Listeria monocytogenes*, bactérie ubiquitaire, présente dans l'environnement ainsi que dans les selles de nombreux animaux, témoigne aussi d'une contamination microbiologique des viandes au cours de la chaîne de production. De la même manière, les parasites identifiés tels que *Ascaris*, *Capillaria* ont un cycle de transmission oro-fécal. L'homme par la manipulation de viande de brousse peut ainsi s'infecter via l'ingestion d'œufs larvés excrétés dans les matières fécales de l'animal. La transmission de tels pathogènes est ainsi plutôt corrélée aux pratiques de préparation de la viande et d'hygiène plus qu'au réservoir sauvage en lui-même.

Il existe cependant très peu de données sur la sécurité microbiologique et le niveau de contamination de la viande de brousse en Afrique par des bactéries pathogènes : quelle est par exemple la prévalence de la contamination de ces denrées carnées par *Salmonella enterica*, *E. coli* entéropathogène et entérotoxigène (ETEC), *Shigella* spp ou encore *Campylobacter* spp, principaux agents de maladie entérique d'origine alimentaire en Afrique ? Alors même que l'ensemble de la production de la viande de gibier présente des caractéristiques potentiellement négatives pour la santé publique (statut sanitaire inconnu de l'animal lors de l'abattage, éviscération non contrôlée le plus souvent à l'air libre, absence de méthode de conservation pour le transport de la viande, absence d'inspection formelle de la qualité microbiologique de la viande, absence de normes d'hygiène, ...), peu d'étude ont recherché la présence de ces dangers biologiques dans ces produits.

Au regard de ces données, il peut être conclu qu'il existe des lacunes scientifiques majeures concernant la diversité des pathogènes transmissibles par la viande de brousse.

Bilan de la revue :

- Hétérogénéité spatiale du nombre de publications sur le thème de la santé et de la viande de brousse en Afrique.
- Intérêt croissant pour cette problématique jusque-là peu étudiée dans la littérature scientifique au profit de la biologie de la conservation.
- Perception par les populations des risques zoonotiques associés à la viande de brousse faible, soulignant l'importance d'une meilleure communication des risques.
- Effort d'échantillonnage très faible et largement concentré sur les espèces de primates non-humain.
- Lacunes scientifiques concernant la diversité des pathogènes transmissibles par la viande de brousse : que ce soit concernant les dangers biologiques inhérents à la faune sauvage ou associés aux processus de préparation des viandes.
- Intérêt du metabarcoding dans l'appréciation des dangers microbiologiques bactériens.

BILAN CHAPITRE I :

Ce premier chapitre a permis de mettre en évidence l'importance de la consommation de viande de brousse au sein des sociétés d'Afrique tropicale. Cette denrée carnée, issue de la faune sauvage soulève des enjeux de santé publique au regard de l'émergence des maladies zoonotiques. Les forêts tropicales d'Afrique sub-saharienne, du fait de la diversité biologique qu'elles abritent et des modifications anthropiques rapides qu'elles subissent, constituent des territoires particulièrement à risque d'émergence de nouveaux pathogènes. Les contacts étroits qu'entretiennent les populations avec le réservoir sauvage dans le cadre de ce commerce informel augmentent le risque de franchissement de la barrière d'espèce pour un pathogène. La préparation et la consommation du gibier, en tant que sous-produit animal, exposent les populations à des dangers biologiques importants résultant à la fois de la manipulation d'animaux sauvages réservoirs de pathogènes zoonotiques, ainsi que de la consommation de produits microbiologiquement instables responsables de maladies d'origine alimentaire. Malgré le fait que 70% des maladies émergentes zoonotiques soient issues de la faune sauvage, que la viande de brousse constitue une part très importante du régime alimentaire des populations d'Afrique centrale et que les maladies d'origine alimentaire soient responsables de près de 137 000 décès en Afrique chaque année, il existe aujourd'hui très peu d'études ayant investigué les risques sanitaires associés à cette denrée. L'étude de la viande de la brousse et des problématiques de santé associées ne peut s'effectuer sans l'intégration de données à la fois humaines, animales et environnementales selon le principe *One Health*.

Tableau 3 : Liste des pathogènes identifiés dans la littérature à partir de prélèvements de viande de brousse par espèce (CMV : CytoMegalovirus, HTLV : Human T-lymphotropic virus, LCMV : Lymphocytic Choriomeningitis Virus, LCV : LymphoCryptovirus, NiV : Virus Nipah, SFV : Simian Foamy, SIV : Simian Immunodeficiency Virus, STLV : Simian-T-lymphotropic virus)

PATHOGÈNE							Références
Ordre	Espèce	Nom français	Virus	Bactérie	Helminthe	Protozoaire	
Artiodactyla	<i>Cephalophus callipygus</i>	Céphalophe de Peter				Haemosporidian parasites	Boundenga et al., 2016
Artiodactyla	<i>Cephalophus dorsalis</i>	Céphalophe à bande dorsale				Haemosporidian parasites	Boundenga et al., 2016
Artiodactyla	<i>Cephalophus monticola</i>	Céphalophe bleu				Haemosporidian parasites	Boundenga et al., 2016
Artiodactyla	<i>Cephalophus monticola</i>	Céphalophe bleu				Haemosporidian parasites	Boundenga et al., 2016
Artiodactyla	<i>Cephalophus nigrifrons</i>	Céphalophe à front noir				Haemosporidian parasites	Boundenga et al., 2016
Artiodactyla	Duiker			<i>Listeria grayi</i> , <i>Staphylococcus sp.</i> , <i>Staphylococcus aureus</i>			Chaber et al., 2016
Artiodactyla	<i>Philantomba maxwellii</i>	Céphalophe de Maxwell			<i>Strongyloides papillosus</i> , <i>Ascaris lumbricoides</i> , <i>Metastrongylus elongatus</i>		Okoye et al., 2015
Artiodactyla	<i>Potamochoerus porcus</i>	Potamochère roux		<i>Listeria monocytogenes</i> , <i>Staphylococcus aureus</i>			Chaber et al., 2016
Artiodactyla	<i>Sylvicapra grimmia</i>	Céphalophe de Grimm			<i>Strongyloides papillosus</i> , <i>Ascaris lumbricoides</i> , <i>Trichostrongylus retortaeformis</i> , <i>Metastrongylus elongatus</i> , <i>Oesophagostomum columbianum</i>		Okoye et al., 2015
Artiodactyla	<i>Syncerus caffer</i>	Buffle d'Afrique		<i>Bacillus anthracis</i> , <i>Brucella sp.</i> , <i>Coxiella sp.</i>			Katani et al., 2021
Artiodactyla	<i>Damaliscus lunatus</i>	Topi		<i>Brucella sp.</i>			Katani et al., 2021
Artiodactyla	<i>Aepyceros melampus</i>	Impala		<i>Bacillus anthracis</i> , <i>Brucella sp.</i> , <i>Coxiella sp.</i>			Katani et al., 2021
Artiodactyla	<i>Connocchaetes taurinus</i>	Gnou bleu		<i>Bacillus anthracis</i> , <i>Brucella sp.</i> , <i>Coxiella sp.</i>			Katani et al., 2021
Artiodactyla	<i>Equus burchellii quagga</i>	Zèbre de Burchell		<i>Bacillus anthracis</i> , <i>Coxiella sp.</i>			Katani et al., 2021
Artiodactyla	<i>Madoqua spp.</i>	Dik-Dik		<i>Bacillus anthracis</i> , <i>Brucella sp.</i> , <i>Coxiella sp.</i>			Katani et al., 2021
Chiroptera	<i>Eidolon helvum</i>	Roussette des palmiers africaine	NiV				Pernet et al., 2014

Crocodylia	Crocodile	<i>Listeria grayi</i> , <i>L. welshimeri</i> , <i>Staphylococcus sp.</i> , <i>Citrobacter freundii</i>			Chaber et al., 2016
Galliformes	<i>Agelastes niger</i>	Pintade noire		<i>Haemoproteus</i> -like	Boundenga et al., 2016
Galliformes	<i>Francolinus bicalcaratus</i>	Francolin à double éperon		<i>Strongyloides papillosus</i> , <i>Capillaria bursata</i> , <i>Ascaridia galli</i>	Okoye et al., 2015
Galliformes	<i>Numida meleagris</i>	Pintade de Numidie		<i>Capillaria bursata</i> , <i>Ascaridia galli</i> , <i>Ascars lumbricoides</i>	Okoye et al., 2015
Hystricidae	Porcupine	<i>Listeria ivanovii</i> , <i>L.grayi</i> , <i>Streptococcus</i>			Chaber et al., 2016
Lagomorpha	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	Lapin de Garenne		<i>Enterobius vermicularis</i> , <i>Ancylostoma sp</i> , <i>Trichostrongylus retortaeformis</i> , <i>Taenia saginata</i> , <i>Dicrocoelium hospes</i>	Okoye et al., 2015
Lagomorpha	<i>Lepus microtis</i>	Lièvre de savane africaine		<i>Coxiella sp.</i> , <i>Bacillus anthracis</i> , <i>Brucella sp.</i>	Katani et al., 2021
Pholidota	Pangolin	<i>Listeria monocytogenes</i> , <i>L.ivanovii</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Streptococcus sp</i> , <i>Klebsiella oxytoca</i> , <i>Enterobacter sp.</i>			Chaber et al., 2016
Pholidota	<i>Phataginus tricuspis</i>	Pangolin à ventre blanc		Haemosporidian parasites	Boundenga et al., 2016
Primates	<i>Allenopithecus nigroviridis</i>	Cercopithèque de Allen	SIV, STLV-1		Steve et al., 2017
Primates	<i>Cercocebus agilis</i>	Mangabey agile	STLV-1		Steve et al., 2017
Primates	<i>Cercocebus atys</i>	Mangabey fuligineux	STLV-1, LCV, SFV		Mossoun et al., 2017 / Smith et al., 2012
Primates	<i>Cercocebus torquatus</i>	Mangabey à collier blanc	SIVrcm, STLV-1, STLV-3		Aghokeng et al., 2010 / Liégeois et al. 2012
Primates	<i>Cercopithecus ascanius</i>	Cercopithèque ascagne	SIV, STLV-1		Steve et al., 2017 / Mossoun et al., 2017
Primates	<i>Cercopithecus cephus</i>	Moustac	SIVmus, novel adenovirus, STLV-1	<i>Strongyloides fulleborni</i> , <i>Ancylostoma sp.</i> , <i>Trichuris sp.</i> , <i>Ascaris sp.</i> , <i>Bertiella sp.</i>	<i>Entamoeba coli</i> 2019 / Schmidt et al. 2017 / Liegeois et al., 2012 / Peeters et

							al. 2002 / Pourrut et al. 2011
Primates	<i>Cercopithecus erythrotis erythrotis</i>	Moustac à oreilles rouges	SIV				Worobey et al. 2010
Primates	<i>Cercopithecus mitis</i>	Singe bleu	STLV-1				Steve et al., 2017
Primates	<i>Cercopithecus mona</i>	Singe Mona	SIV		<i>Strongyloides fulleborni, Ancylostoma sp., Trichuris sp., Capillaria sp.</i>	<i>Entamoeba coli</i>	Peeters et al., 2002 / Pourrut et al., 2010
Primates	<i>Cercopithecus neglectus</i>	Singe de brazza	SIVdeb, STLV, STLV-1		<i>Strongyloides fulleborni, Ancylostoma sp., Trichuris sp., Capillaria sp., Ascaris sp.</i>	<i>Entamoeba coli</i>	Aghokeng et al., 2009 / Steve et al., 2017 / Mossoun et al., 2017 / Peeters et al., 2002 / Pourrut et al., 2010
Primates	<i>Cercopithecus nictitans</i>	Cercopithèque hocheur	SIVgsn, STLV-1, CMV		<i>Strongyloides fulleborni, Ancylostoma sp., Trichuris sp., Capillaria sp., Ascaris sp., Enterobius sp.</i>	<i>Hepaticystis sp, Plasmodium spp, Entamoeba coli, Endolimax nana</i>	Aghokeng et al., 2009 / Liegeois et al., 2012 / Peeters et al., 2002 / Pourrut et al., 2010 / Smith et al., 2012
Primates	<i>Cercopithecus pogonias</i>	Cercopithèque couronné	STLV-1		<i>Strongyloides fulleborni, Ancylostoma sp., Trichuris sp., Capillaria sp., Ascaris sp.</i>	<i>Entamoeba coli</i>	Liegeois et al., 2012 / Pourrut et al., 2010
Primates	<i>Cercopithecus preussi insularis</i>	Cercopithèque de Preuss	SIV				Worobey et al., 2010
Primates	<i>Cercopithecus wolffi</i>	Cercopithèque de Wolf	SIV, STLV				Steve et al., 2017
Primates	Cercopithecidae	Cercopithèque (Singe de l'Ancien Monde)	Siphoviridae, Myoviridae	<i>Bacillus sp., Lactobacillus sp., Enterococcus sp., Cronobacter sp., Enterobacteria sp., Planktothrix sp., Cellulophaga sp.</i>	<i>Spirometra erinaceieuropaei, Haemonchus placei, Wuchereria bancrofti, Schistosoma rodhaini</i>	<i>Leishmania, Plasmodium spp</i>	Temmam et al. 2017
Primates	<i>Chlorocebus sabaues</i>	Vervet vert	LCV, SFV				Smith et al., 2012
Primates	<i>Chlorocebus tantalus</i>	Singe Tantale	SIVagm				Aghokeng et al., 2009
Primates	<i>Colobus angolensis</i>	Colobe noir-et-blanc d'Angola	SIV, STLV				Steve et al., 2017
Primates	<i>Colobus guereza</i>	Colobe Guéréza	SIVcol		<i>Strongyloides fulleborni, Ancylostoma sp., Trichuris sp.</i>		Aghokeng et al., 2009 / Peeters et al., 2002 / Pourrut et al., 2010

Primates	<i>Colobus satanas</i>	Guéréza noir	SIV			Worobey et al., 2010
Primates	<i>Lophocebus albigena</i>	Mangabey aux joues grises			<i>Ancylostoma sp., Enterobius sp., Ascaris sp.</i>	Pourrut et al., 2010
Primates	<i>Lophocebus aterrimus</i>	Mangabey noir	SIV, STLV			Steve et al., 2017
Primates	<i>Mandrillus leucophaeus poensis</i>	Drill de Bioko	SIV			Worobey et al., 2010
Primates	<i>Mandrillus sphinx</i>	Mandrill	SIVmnd-2, STLV-1			Aghokeng et al., 2009 / Liegeois et al., 2012 / Peeters et al., 2002
Primates	<i>Miopithecus ogouensis</i>	Talapoin du Nord	SIVtal		<i>Strongyloides fulleborni, Ancylostoma sp., Ascaris sp.</i>	<i>Entamoeba coli</i> Aghokeng et al., 2009 / Peeters et al., 2002 / Pourrut et al., 2010
Primates	<i>Pan troglodytes</i>	Chimpanzé commun			<i>Strongyloides fulleborni, Ancylostoma sp.</i>	<i>Entamoeba coli</i> Pourrut et al., 2010
Primates	<i>Pan troglodytes ellioti</i>	Chimpanzé du Nigéria-Cameroun	SFV			Smith et al., 2012
Primates	<i>Pan troglodytes verus</i>	Chimpanzé de l'Ouest	STLV-1			Mossoun et al., 2017
Primates	<i>Papio papio</i>	Babouin de Guinée	LCV, CMV, SFV			Smith et al., 2012
Primates	<i>Piliocolobus badius badius</i>	Colobe bai	SIV, STLV-1			Liegeois et al., 2009 / Mossoun et al., 2017
Primates	<i>Piliocolobus tholloni</i>	Colobe bai à mains noires	SIV, STLV, STLV-1			Steve et al., 2017 / Mossoun et al., 2017
Primates	Primate			<i>Staphylococcus sp.</i>		Chaber et al., 2016
Primates	<i>Procolobus verus</i>	Colobe vert	SIV			Liegeois et al., 2009
Rodentia	<i>Atherurus africanus</i>	Athérure africain	LCMV	<i>Salmonella</i>		Bachand et al., 2012
Rodentia	<i>Thryonomys swinderianus</i>	Grand aulacode		<i>Listeria ivanovii, Coxiella sp.</i>	<i>Trichuris trichiura, Ascaris lumbricoides, Globocephalus diducta, Oesophastomum columbianum, Moniliformis moniliformis</i>	Chaber et al., 2016 / Okoye et al., 2015 / Katani et al., 2021
Rodentia	<i>Xerus erythropus</i>	Écureuil fouisseur			<i>Trichuris trichiura, Ascaris lumbricoides, Trichostrongylus retortaeformis, Hymenolepis nana, Moniliformis moniliformis</i>	Okoye et al., 2015

Squamata	<i>Bitis gabonica</i>	Vipère du Gabon	<i>Armillifer grandis</i>		Tappe et al., 2016
Squamata	<i>Bitis nasicornis</i>	Vipère rhinocéros	<i>Armillifer grandis</i>		Tappe et al., 2016
Squamata	<i>Bitis sp.</i>		<i>Armillifer grandis, A. armillatus</i>		Hardi et al. 2017
Squamata	<i>Python sebae</i>	Python de Seba	<i>Raillietiella sp.</i>		Tappe et al., 2016
Squamata	<i>Python sp.</i>		<i>Armillifer grandis, A. armillatus</i>		Hardi et al., 2017
Squamata	<i>Varanus exanthematicus</i>	Varan des savanes	<i>Strongyloides papillosus, Trichuris trichiura, Ascaris lumbricoides</i>	<i>Entamoeba histolytica</i>	Okoye et al., 2015
Testudines	<i>Kinixys erosa</i>	Cinixys rongée		Haemocystidium-like	Boundenga et al., 2016

CHAPITRE 2 : ETUDE EXPERIMENTALE

L'objet de cette thèse consiste à évaluer le risque microbiologique de la viande de brousse à travers l'identification de dangers biologiques bactériens potentiels.

Objectifs et enjeux :

Etant donné le risque d'émergence de maladies infectieuses dans les régions tropicales, associé au risque majoré d'émergence de pathogènes zoonotiques issus de la faune sauvage, investiguer les risques microbiologiques résultant de la production et consommation de viandes d'animaux sauvages dans ces régions ne peut faire plus de sens. Par ailleurs, au regard de la prévalence des maladies d'origine alimentaire en Afrique et de l'importance de la consommation de viande de brousse dans ces régions tropicales, il semble primordial d'évaluer les enjeux de santé publique que représente cette denrée.

Pour ce faire, les communautés bactériennes de différents échantillons de viande de brousse en provenance du Bénin, de la République Démocratique du Congo et de la République Centrafricaine ont été analysés par une approche metabarcoding 16S.

L'objectif de cette étude est double, elle veut à la fois permettre l'identification de bactéries connues comme étant pathogènes mais a aussi un rôle prédictif. En effet, l'approche métagénomique permet la détection simultanée de tous les micro-organismes d'un échantillon, sans connaissance a priori de leur identité, et a donc le potentiel de détecter des agents pathogènes rares et nouveaux.

Ces informations permettraient donc d'avoir une meilleure compréhension des risques auxquels s'exposent les populations lors de la manipulation et de la consommation de viande de brousse en Afrique tropicale, et de proposer des solutions afin d'assurer la sécurité sanitaire de cette denrée alimentaire. Obtenir une meilleure connaissance de la diversité microbienne des populations d'animaux sauvages et des facteurs contribuant à leur transmission, notamment par voie alimentaire, est déterminant afin de prédire et prévenir l'émergence de futures épidémies.

Cette étude a été menée dans le cadre du projet AFRICoV (ANRS Flash Sud), au laboratoire Evolution et Diversité Biologique (EDB) de l'université Paul-Sabatier sous la supervision du Dr. Philippe Gaubert.

1. Matériels et Méthodes

Rappel : technique de metabarcoding et séquençage nouvelle génération Illumina

Le metabarcoding est une technique d'identification moléculaire combinant l'utilisation d'un barcode et du séquençage haut-débit (ou Séquençage Nouvelle Génération NGS).

Le barcode est un marqueur génétique, il correspond à un fragment d'ADN, choisi pour être à la fois suffisamment conservé afin d'être amplifié dans tous les taxons et suffisamment variable pour permettre de discriminer ces différents taxons. Le metabarcoding est donc une méthode d'identification moléculaire des organismes présents dans un échantillon environnemental ou tissulaire, souvent complexe, reposant sur le séquençage d'un même *barcode*. Le metabarcoding peut être utilisé pour établir le profil des communautés microbiennes d'un échantillon sans avoir besoin de les isoler.

Ainsi, le metabarcoding nécessite les différentes étapes suivantes (Tagu, Jaubert-Possamai, et Méreau 2018) :

1. Extraction de l'ADN contenu dans un échantillon complexe,
2. Amplification du *barcode* choisi par PCR,
3. Séquençage haut débit de ces amplicons : les séquences obtenues sont ensuite traitées informatiquement (tri, nettoyage, etc...) et groupées en unités taxonomiques OTU (Operational Taxonomic Unit). Chaque OTU est ensuite assignée à un taxon grâce à une recherche de similarité par *blast* sur des bases de référence d'ADN.

Les NGS regroupent l'ensemble des technologies de séquençage haut débit permettant de séquencer plusieurs milliers de séquences différentes à la fois. La technologie Illumina est actuellement la plus utilisée dans les études d'écologie microbienne. Le descriptif de la méthode est résumé dans la **Figure 19**.

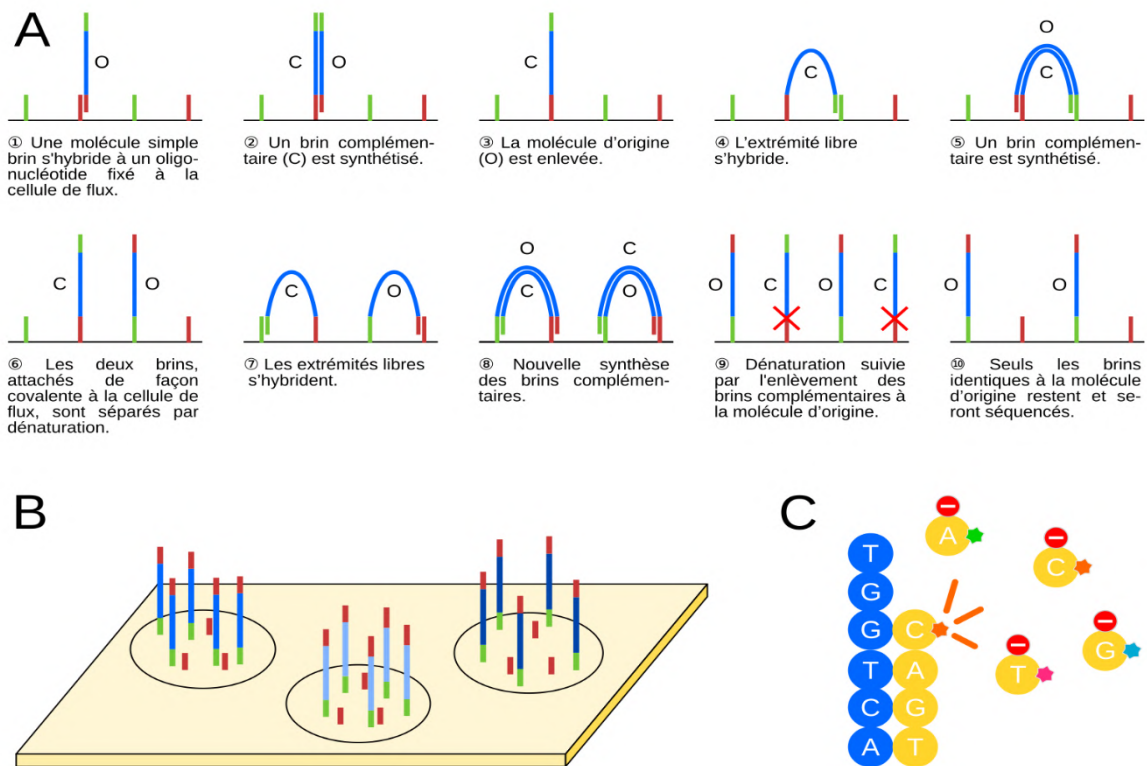


Figure 19 : Technologie séquençage haut-débit Illumina. (A) Représentation schématique du processus d'amplification en pont (bridge amplification) des clusters sur la cellule de flux (flow cell, trait noir). Les adaptateurs et les oligonucléotides complémentaires présents sur la cellule de flux sont indiqués en rouge et vert. O : brin de la séquence originelle, C : brin complémentaire. (B) Différentes molécules d'ADN sont amplifiées puis séquencées en même temps sur une même cellule de flux. (C) Réaction de séquençage. Une polymérase synthétise un brin complémentaire (jaune) au brin situé sur la cellule de flux (bleu) en incorporant des nucléotides qui portent des groupes fluorescents (bleu, rose, orange, ou vert) et un groupe « stop » qui bloque la polymérisation. S'ensuit une étape d'imagerie afin d'identifier le nucléotide incorporé. (Source : Pascal Combemorel et Erwin van Dijk)

Le gène codant pour la sous-unité 16S de l'ARN ribosomal (ARNr) est le principal marqueur génétique utilisé pour l'identification bactérienne. Le choix de ce gène est essentiellement motivé par sa structure consistant en une succession de régions très conservées au sein de toutes les bactéries, et de régions variables propres à un groupe de bactéries (**Figure 20**). Les régions variables permettent d'identifier et d'établir les relations phylogénétiques entre les organismes bactériens tandis que les régions conservées permettent de définir des amorces universelles pour l'amplification et le séquençage des gènes. Les banques de données du gène 16S sont aujourd'hui très développées, ce qui en fait un marqueur de choix pour l'assignation taxonomique. La longueur du gène de l'ARNr 16S est d'environ 1500 pb, cependant l'identification microbienne au niveau du genre, et parfois de l'espèce, peut être optimisée par la technologie NGS sur moins de la moitié de la séquence codante, environ 500 pb, comprenant plusieurs régions hypervariables (exemple : amplification et séquençage de la région V5-V6).

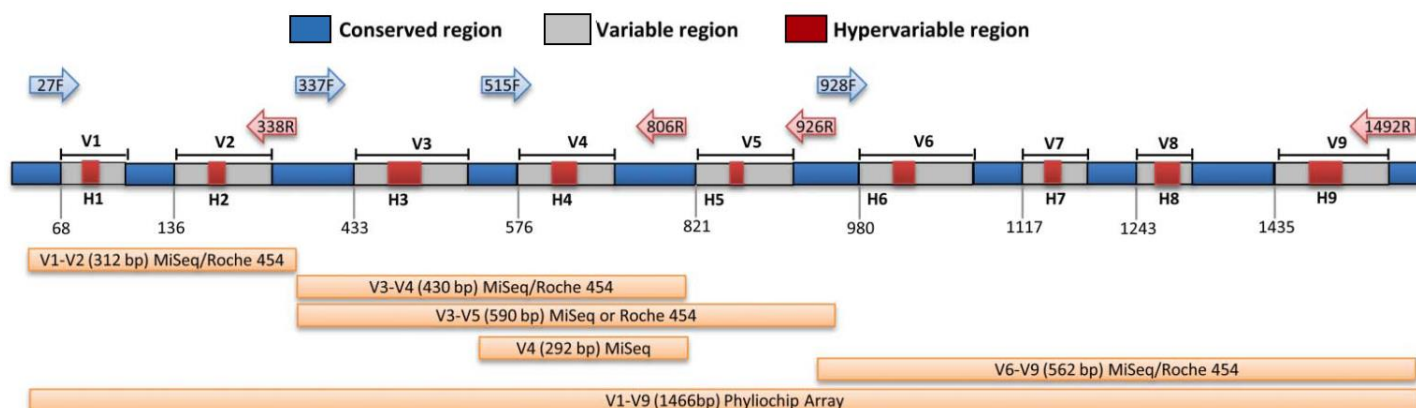


Figure 20 : Illustration des régions conservées, variables et hypervariables du gène de l'ARNr 16S et des différentes paires d'amorces utilisées pour le séquençage métagénomique. Les régions conservées sont représentées en bleu, les régions variables en gris et les régions hypervariables en rouge. Les 9 régions hypervariables ne sont pas distribuées uniformément, car certaines sont plus longues (H3 et H9) que d'autres. Les amorces sont conçues de telles sorte à obtenir un produit PCR couvrant une (V4) ou plusieurs régions hypervariables (par exemple, V1-2 ou V3-5). (Source : Shahi et al. 2017)

Collection des échantillons et sites d'étude

Les échantillons de l'étude (**Annexe 12**) sont issus de la collection établie par des équipes françaises (EDB) et belges (Royal Belgian Institute of Natural Sciences, RBINS) d'échantillons de viande de brousse en provenance des marchés de la République Démocratique du Congo (96 échantillons), de la Belgique (16 échantillons, Gombeer et al. 2021), de la République Centrafricaine (24 échantillons) et du Bénin (202 échantillons). Au total, 338 échantillons ont été investigués, représentant 10 ordres de mammifères différents (majoritairement : 32.8% Rodentia, 19.5% Artiodactyla, 11.8% Carnivora, 9.7% Primates) et 47 espèces animales (**Tableau 4**).

Ordre de mammifères	Liste des espèces échantillonnées		Nombre d'échantillons
	Nom scientifique	Nom commun	
Afrosoricida	<i>Potamogale velox</i>	Potamogale	2
Artiodactyla	<i>Bos taurus/indicus</i>	Bœuf domestique/Zébu	2
	<i>Cephalophus dorsalis</i>	Céphalophe à bande dorsale	27
	<i>Cephalophus silvicultor</i>	Céphalophe à dos jaune	2
	<i>Okapia johnstoni</i>	Okapi	1
	<i>Philantomba monticola</i>	Céphalophe bleu	3
	<i>Philantomba walteri</i>	Céphalophe de Walter	18
	<i>Potamochoerus porcus/larvatus</i>	Potamochère roux/ du Cap	4
	<i>Tragelaphus scriptus</i>	Guib harnaché	6
	<i>Tragelaphus spekii</i>	Sitatunga	1
Carnivora	<i>Civettictis civetta</i> - <i>Nandinia binotata</i>	Civette palmiste africaine	6
	<i>Crossarchus obscurus</i>	Mangouste brune	4
	<i>Genetta sp.</i>	Genette	20
	<i>Herpestes Ichneumon</i>	Mangouste ichneumon	10
Hyracoidea	<i>Dendrohyrax dorsalis/arboreus</i>	Daman des arbres	1
	<i>Dendrohyrax interfluvialis</i>	Daman des arbres du Bénin	20
Lagomorpha	<i>Lepus victoriae</i>	Lièvre des savanes	22
	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	Lapin commun	2
Lipotyphla	<i>Atelerix albiventris</i>	Hérisson à ventre blanc	4
Macroscelidea	<i>Petrodromus tetradactylus</i>	Pérodrome à quatre orteils	9
	<i>Rhynchocyon cirnei</i>	Macroscélide tacheté	2
Pholidota	<i>Phataginus tricuspidis</i>	Pangolin à écailles tricuspidées	9
	<i>Phataginus tetradactyla</i>	Pangolin à longue queue	19
	<i>Smutsia gigantea</i>	Pangolin géant	1
Primates	<i>Cercocebus chrysogaster/agilis</i>	Mangabey à ventre doré/agile	1
	<i>Cercopithecus ascanius</i>	Cercopithèque ascagne	2
	<i>Cercopithecus hamlyni</i>	Cercopithecus hamlyni	1
	<i>Cercopithecus lhoesti</i>	Cercopithèque de l'Hœst	1
	<i>Cercopithecus mitis/nictitans</i>	Singe bleu /Cercopithèque hocheur	5
	<i>Cercopithecus neglectus</i>	Cercopithèque de Brazza	2
	<i>Colobus angolensis</i>	Colobe noir-et-blanc d'Angola	1
	<i>Galagoides thomasi</i>	Galago de Thomas	1
	<i>Pan troglodytes</i>	Chimpanzé commun	15
	<i>Papio anubis</i>	Babouin olive	2
	<i>Perodicticinae</i>	Perodicticinae	1
Rodentia	<i>Arvicanthis niloticus</i>	Rat du Nil	20
	<i>Atherurus africanus</i>	Atherure africain	3
	<i>Cricetomys emini</i>	Cricétome de forêt	3
	<i>Cricetomys gambianus</i>	Rat de Gambie	20
	<i>Funisciurus sp. / pyrropus</i>	Funisciure à pattes rousses	5
	<i>Heliosciurus gambianus</i>	Héliosciure de Gambie	4
	<i>Heliosciurus rufobrachium</i>	Héliosciure à pattes rousses	1
	<i>Lemniscomys striatus/zebra</i>	Souris rayée	3
	<i>Malacomys longipes</i>	Rat des marais à grandes oreilles	1
	<i>Rattus rattus</i>	Rat noir	2
	<i>Thryonomys sp/ swinderianus</i>	Grand aulacode	26
	<i>Xerus erythropus</i>	Écureuil fouisseur	20
	TOTAL		338

Tableau 4 : Liste des espèces de viande de brousse échantillonnées dans le cadre de l'étude

Bénin

Au Bénin, 101 animaux ont été échantillonnés sur le marché de viande de brousse de Tègon, à proximité de la Forêt Classée de la Lama, dans le sud du pays. L'étude a été menée sous l'approbation de la Direction Générale des Eaux Forêts et Chasse et l'autorisation éthique du Comité d'Ethique de l'Université d'Abomey-Calavi. Des écouvillons oraux et rectaux sur des carcasses fraîches entières ont été collectés à l'aide d'un kit de prélèvement et de préservation de l'ADN (Swab Collection and DNA Preservation System, Norgen, Canada). Le temps écoulé entre la mort de l'animal et le prélèvement a été rapporté (mort < 1h, mort < 8h, mort > 8h, mort > 12h). L'identification des espèces a été conduite sur la base de critères morphologiques (Kingdon 2019). Les échantillons ont été conservés plusieurs semaines à température ambiante avant d'être placés à 4°C sur la plateforme EDB. Comme démontré Chapitre I – Partie 2, aucune étude concernant les risques de transmission de pathogènes par la viande de brousse n'a été conduite au Bénin, les informations collectées dans le cadre de ce projet constituent donc les premières données microbiologiques pour cette région.

République Démocratique du Congo

En République Démocratique du Congo, 96 échantillons tissulaires divers ont été collectés sur 12 sites différents (près de la rivière Congo, Matonge, Boende, Likati, Kisangi, Lubunga, Buta, Sukisa, Matonge, Basukwambula, Epulu, Yangambi, Bomane). Les espèces ont été identifiées par amplification et séquençage des gènes 12S, 16S, COI et Cytb. Les échantillons ont été conservés dans de l'éthanol ou du RNALater.

Belgique

Entre Novembre et Mai 2018, 16 échantillons de viande de brousse ont été achetées dans 5 épiceries africaines du quartier de « Matonge » à Bruxelles. Des morceaux de tissu ont été prélevés entre 0,5 et 1 cm de profondeur. D'après les vendeurs, chacune des viandes échantillonnées étaient en provenance de la République Démocratique du Congo. Afin d'identifier les espèces, le gène COI a été amplifié et séquencé, puis une recherche BLASTN sur la base de données GenBank a été effectuée (Gombeer et al. 2021). Les échantillons ont été préservés par congélation.

République Centrafricaine

En République Centrafricaine, des échantillons de fèces et des tiques de 3 espèces de pangolins ont été collectés par Tamar Cassidy et moi-même dans le cadre du Sangha Pangolin Project dans la Réserve Spéciale de Dzanga-Sangha. Les tiques collectées ont été identifiées en tant que *Amblyomma compressum* sur la base de critères morphologiques (Walker et al. 2003) (Uilenberg, Estrada-Peña, et Thal 2012), l'identification a été confirmée génétiquement par amplification et séquençage du gène COI au laboratoire EDB. Plusieurs arguments peuvent justifier l'intégration de ces échantillons à cette thèse en dépit du fait que ce ne soit pas à proprement parlé des échantillons issus de viande de brousse : 1) l'importance du pangolin dans le trafic illégal de faune sauvage en Afrique, pour sa consommation et pour l'exportation de ses

écailles, qui en font le mammifère le plus braconné au monde (Challender et al. 2020), 2) la possibilité de contamination des viandes par des fèces lors de leur préparation et la possibilité de transmission vectorielle de pathogènes par des tiques lors de la manipulation des individus et des carcasses, 3) la pandémie à COVID-19 qui a récemment mis en évidence le rôle potentiel de ce mammifère dans la transmission de pathogènes (G.-Z. Han 2020), 4) le manque de connaissances scientifiques concernant les maladies et pathogènes zoonotiques auxquels sont sujets ces mammifères (Heighton et Gaubert 2021). Les échantillons ont été conservés dans de l'éthanol ou du RNALater, et préservés plusieurs mois à température ambiante avant d'être placés à 4°C sur la plateforme EDB.

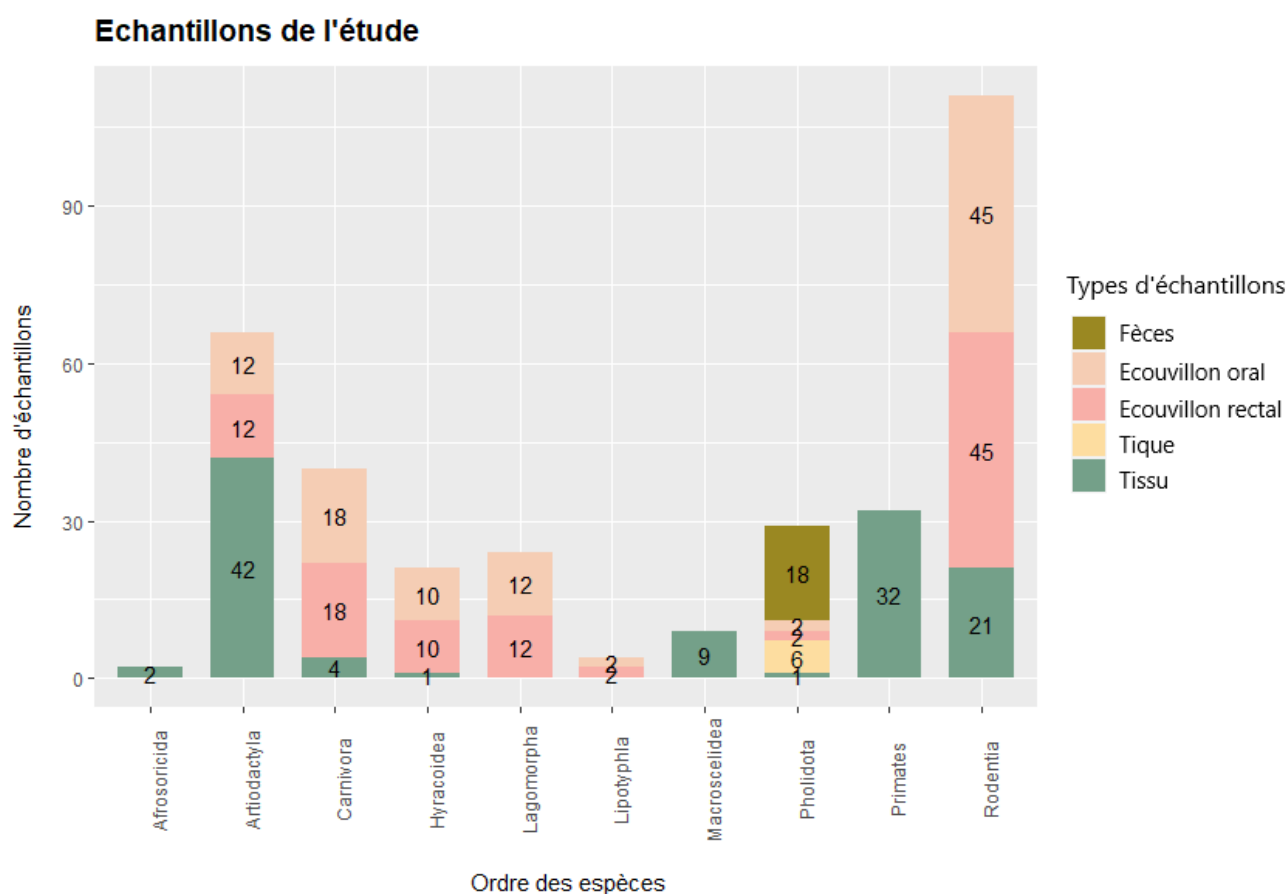


Figure 21 : Détails des échantillons de l'étude (type d'échantillon, ordre taxonomique des mammifères)

L'utilisation de différentes matrices d'échantillons (écouvillons/fèces vs tissus vs tiques) (**Figure 21**) permet à la fois d'évaluer : i) la diversité microbienne des populations d'animaux sauvages (écouvillons/fèces) ainsi que le risque d'émergence et de transmission de pathogènes zoonotiques, ii) la contamination effective de la viande de brousse (tissus) résultant des procédés de production, et les risques sanitaires associés pour le consommateur, iii) le risque de transmission de maladies vectorielles (tiques) lors de la manipulation et du commerce d'animaux sauvages.

Extraction et quantification de l'ADN

Au RBINS, l'ADN a été extrait des échantillons collectés à Bruxelles et en RDC à l'aide des kits QIAamp® DNA Micro kit et DNeasy Blood & Tissue (kits d'extraction sur colonne de spin ou sur plaque, QIAGEN), respectivement, en suivant les instructions du fabricant. Le volume d'élution était de 70 µL et la concentration d'ADN a été mesurée avec le fluoromètre Qubit™ (ng/µL).

A EDB, les échantillons du Bénin et de la RCA ont été manipulés dans une pièce isolée sous une hotte à flux laminaire. Les écouvillons du Bénin ont été extraits à l'aide du kit Microbiome DNA Isolation Kit (NORGEN, Canada), conformément aux recommandations du fabricant (**Annexe 13**). Les échantillons fécaux de la RCA ont été extraits avec le kit NucleoSpin DNA Stool Mini (Macherey Nagel, France) (**Annexe 14**), tandis que les tiques ont été disséquées (retrait de la cuticule) puis l'ADN a été isolé à l'aide du kit NucleoSpin Tissue Mini (Macherey Nagel, France) (**Annexe 15**). Les kits utilisés reposent sur 2 étapes successives, tout d'abord la destruction des tissus et la lyse des cellules par méthode enzymatique, puis la purification sur colonne de silice afin d'isoler les molécules d'ADN chargées négativement. Le volume d'élution était respectivement de 50µL, 100µL et 100µL, la concentration d'ADN a été mesurée avec le fluoromètre Qubit™ (ng/µL) (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, US).

Les écouvillons rectaux présentaient une concentration en ADN significativement supérieure aux autres types d'échantillons (test de Student ; $p < 0,05$).

Amplification PCR

i. Choix des amorces

Afin d'accéder aux communautés bactériennes présentes dans les échantillons, la région V5-V6 du gène 16S a été amplifiée en utilisant la paire d'amorces Bact01(BACTB-F et BACTB-R) (Fliegerova et al. 2014), avec une taille moyenne d'amplicon attendue d'environ 258 paires de bases. L'amplification de courts fragments permet leur séquençage par la technologie MiSeq d'Illumina (Illumina Inc., U.S.A., <http://www.illumina.com/systems/miseq.ilmn>).

Amorces	Sens (Forward)	Anti-sens (Reverse)
Bact01 (V5-V6)	GGATTAGATACCCTGGTAGT	CACGACACGAGCTGACG

Plusieurs études supportent l'utilisation de ce couple d'amorce pour l'identification de communautés bactériennes au sein d'échantillons complexes (Duploux, Minard, et Saastamoinen 2020) (Jaimes et al. 2019).

Les deux amorces sens et anti-sens ont été indexées avec une combinaison de 32 étiquettes « tags », de sorte que les échantillons puissent être mélangés dans une même étape de séquençage tout en conservant la possibilité de réassigner les séquences aux différents

échantillons. Ces étiquettes correspondent à des oligonucléotides (ici, constitués de 8 nucléotides), uniques à chaque échantillon, ajoutés en amont des amorces d'amplification.

ii. Plans de plaque et protocoles PCR

Trois réplicats ont été réalisés par PCR afin d'évaluer la reproductibilité de l'amplification, et d'augmenter la probabilité de détection de bactéries rares ou nouvelles. Le séquençage de ces trois réplicats a impliqué la réalisation de trois librairies différentes pour le séquençage (cf. *Préparation des librairies*). Chacune des plaques PCR (4 plaques x 96 puits = 1 plaque 384 puits) présente une combinaison de contrôles PCR positifs et négatifs, ainsi que des puits vides afin d'évaluer le phénomène de *tag-jumps* (**Annexe 16** ; **Annexe 17**).

Chaque échantillon a été dilué par 10 avant de procéder à l'amplification PCR, indépendamment des concentrations initiales, afin de réduire l'effet d'inhibiteurs potentiels de PCR présents dans les échantillons. En effet, les tests PCR préliminaires ont démontré que les échantillons dilués entraînaient une meilleure amplification, que les échantillons soient initialement fortement ou faiblement concentrés (**Annexe 18**).

Le volume total de PCR était de 20µL par échantillon composé de : 2µL d'échantillon, 2µL d'amorces à 5µM (Eurogentec, Angers, France), et de 16µL de Mix (**Tableau 5**). Le contrôle positif 16S utilisé consistait en un contrôle bactérien à 0,5ng.

Réactif	Volume par échantillon
AmpliTaq Gold 360 Master Mix (Applied Biosystems, États-Unis)	10µL
BSA (Bovine Serum Albumin) 20 mg/mL (Roche Diagnostics GmbH, Allemagne)	0,16µL
DNA-free water	5,84µL

Tableau 5 : Composition du mélange PCR

Le programme PCR est détaillé dans le **Tableau 6**.

Température	Temps	Nombre de cycles
95°C – Activation	10 min	1X
95°C – Dénaturation	1 min	35X
50°C – Hybridation	1 min	
72°C – Extension	1 min 35 s	
72°C – Refroidissement	10 min	1X

Tableau 6 : Programme PCR ARNr 16S V5-V6

iii. Electrophorèse

Les résultats d'amplification PCR ont été contrôlés par électrophorèse sur gel d'agarose 1% (**Tableau 7**). Le gel était placé dans une cuve à électrophorèse avec une tension de 90 Volts pendant 20 min, les résultats ont été révélés par exposition aux rayonnements ultraviolets.

Réactif	Quantité (gel 70 mL)
Tampon de migration TAE 0,5X	70 mL
Poudre d'agarose	0,7 g
SIGHT DNA (agent intercalant)	14 µL

Tableau 7 : Composition du gel d'agarose 1%

Pool des échantillons et préparation des librairies

Toutes les PCRs, y compris les contrôles, ont été « poolées », c'est-à-dire que toutes les PCRs ont été mélangées, par réplicat (soit 355 puits), selon les quantités suivantes : 4µL d'échantillons (x339) + 4µL témoins négatifs (x8) + 1µL témoins positifs (x8). La concentration résultante en ADN de chacun des réplicats a été mesurée avec le fluoromètre Qubit Flex (ng/µL) (Tableau 8).

Réplicats PCR 16S	Concentration (ng/µL)
Rep 1	76,8
Rep 2	91,8
Rep 3	82,2

Tableau 8 : Concentration des 3 réplicats après pool des PCRs au Qbit-Flex

Trois librairies ont ensuite été préparées avec le kit Illumina TruSeq Nano (illumina, Etats-Unis) pour le séquençage Illumina selon les recommandations du fabricant. La préparation d'une librairie consiste en l'ajout d'adaptateurs et d'index sur les brins d'ADN permettant à la fois leur fixation sur la surface de la Flow Cell Illumina, la fixation des primers de séquençage, et le multiplexage des 3 réplicats en une même étape de séquençage (Figure 22).

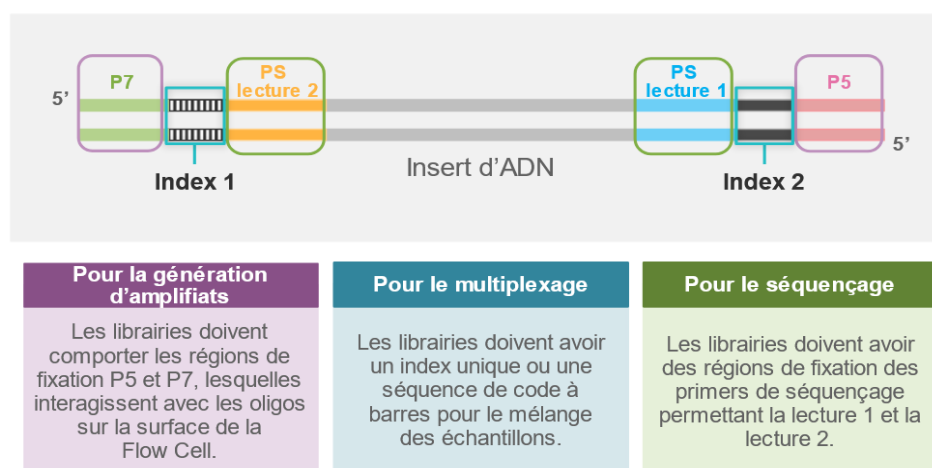


Figure 22 : Préparation de librairies pour séquençage Illumina, ajout d'adaptateurs et d'index (Source : illumina)

Le contrôle de la qualité des librairies NGS (taille des amplicons) a ensuite été validé par lecture sur la TapeStation 4200 (Agilent, France) (Annexe 19).

Séquençage Illumina

Les concentrations des librairies ont été quantifiées par qPCR (**Tableau 9**), le pool de librairies a ensuite été envoyé à Fasteris (Suisse) pour un séquençage amplicon haut débit *paired-ends* sur une plateforme Illumina MiSeq à 2 x 250 paires de bases.

Librairies NGS 16S	Concentration (ng/μL)
Lib1	4,03
Lib2	3,25
Lib3	2,98

Tableau 9 : Concentrations des trois librairies NGS 16S mesurées par qPCR

Au total, il a été obtenu **32,7 millions** de *reads* lors du séquençage.

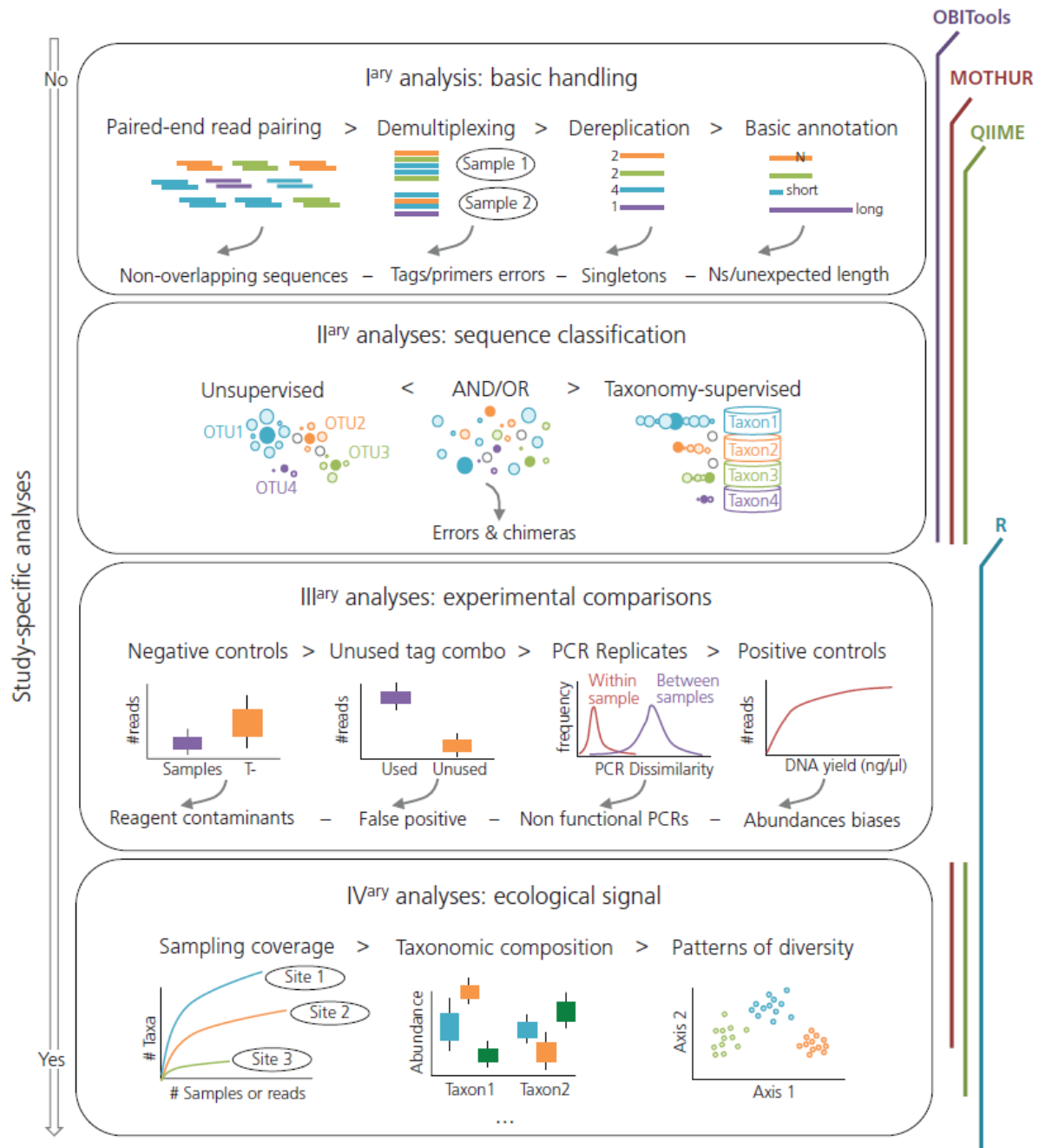


Figure 23 : Etapes des analyses bio-informatiques des données de metabarcoding (Source : Taberlet et al. 2018)

Le principal défi des méthodes de séquençage nouvelle génération réside dans le traitement des grandes quantités de données de séquences qui en résultent. Si l'amélioration de la couverture de séquençage des échantillons a permis de mieux décrire la diversité biologique intra et interspécifique, elle a aussi augmenté le nombre d'artefacts moléculaires qui étaient auparavant invisibles. Ainsi, avant l'interprétation écologiques des résultats il est nécessaire de filtrer ces artefacts et de réduire la taille des données à travers plusieurs étapes successives **Figure 23**.

i. Obitools

Les séquences ont d'abord été traitées à l'aide du pipeline OBITOOLS (v.1.2.11) (<http://metabarcoding.org/obitools> ; Boyer et al. 2016), regroupant un ensemble de programmes spécifiquement conçus pour analyser des données NGS dans un contexte de metabarcoding. Ce package a permis la réalisation des étapes successives suivantes (**Figure 24**) : assemblage, démultiplexage, déréplication, nettoyage des données. Le clustering en unités taxonomiques opérationnelles (OTUs) a ensuite été réalisé grâce au programme SUMACLUST (v.1.0.35) (Mercier et al. 2013).

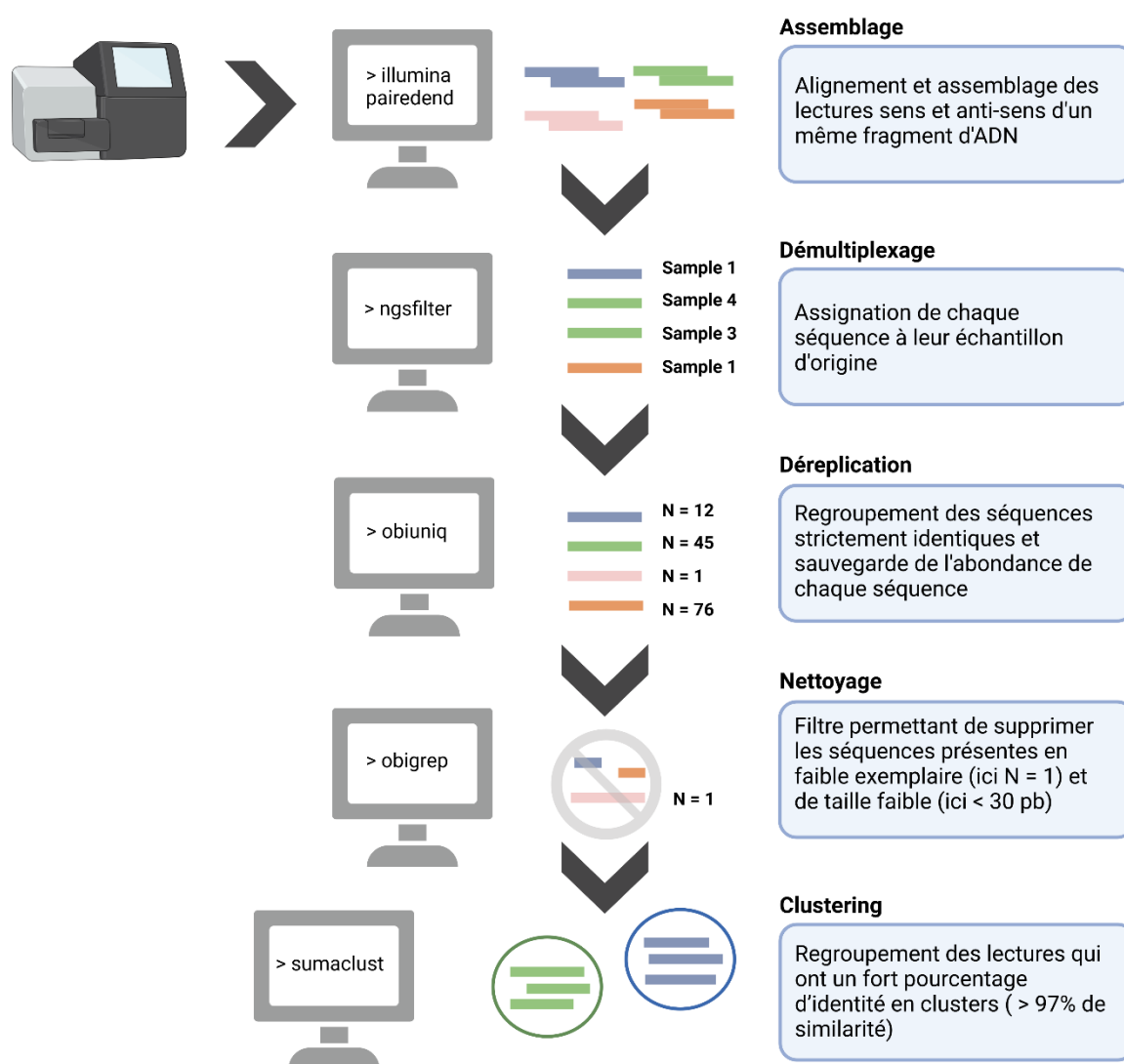


Figure 24 : Etapes des OBITOOLS et SUMACLUST réalisées au cours de l'étude
©Marine Montblanc (Created with BioRender.com)

Les commandes des OBITOOLS ont été réalisées sur le cluster de la plateforme bio-informatique Genotoul (Toulouse, France) via l'utilisation d'un pipeline *snakemake* modifié (Benoiston 2022) pour fusionner plusieurs librairies.

La fonction *illuminapairedend* a tout d'abord été utilisée pour assembler les lectures complémentaires d'un même fragment d'ADN (sens et antisens). Lors de cette étape les séquences sens et antisens sont alignées afin d'identifier la région chevauchante. Ceci permet de reconstituer la séquence complète du *barcode* tout en augmentant la fiabilité des séquences puisque la fin de séquence d'un sens est améliorée par la séquence de l'autre sens. Les séquences de faible qualité d'alignement (<40%) ont été écartées. Les séquences appariées ont ensuite été démultiplexées, c'est-à-dire assignées à leurs échantillons respectifs en utilisant la commande *ngsfilter*. Ce programme repose sur l'extraction des informations contenues dans les tags des amorces permettant d'identifier l'échantillon d'origine. Les séquences non assignées lors de cette étape sont alors supprimées.

A ce stade des analyses, les trois librairies 16S ont été fusionnées. Les séquences strictement identiques ont ensuite été regroupées avec la fonction *obiuniq*, l'information d'abondance étant conservée dans la description des séquences au format FASTA. Puis, les séquences présentes en un seul exemplaire ou dont la longueur était inférieure à 30 bp ont été supprimées à l'aide de la commande *obigrep*. En effet, les séquences en faible abondance sont majoritairement des chimères ou des lectures avec des erreurs de séquençage, de même pour les séquences de taille largement inférieure à celle des amplicons. Enfin, des groupes de séquences similaires, ou *clusters*, ont été construits à l'aide du programme *sumaclust* avec un seuil minimal d'identité de 97%. Ainsi dans les étapes ultérieures, seule une lecture du cluster, ici la plus abondante, sera assignée taxonomiquement et le reste des lectures de ce même cluster servira au calcul d'abondance du taxon. Cela permet de réduire le nombre de séquences à traiter, et de simplifier les analyses ultérieures qui seront donc conduites sur les OTUs et non pas les séquences individuelles. Ce seuil de 97 % d'identité est le plus couramment utilisé et fixé comme permettant de différencier deux espèces bactériennes (Stackebrandt et Goebel 1994) (Schloss et Handelsman 2005).

	Lib-10		Lib-11		Lib-12	
	#Lectures	%SeqConservées	#Lectures	%SeqConservées	#Lectures	%SeqConservées
Seq sens	12537197	-	13515206	-	6681419	-
Seq anti-sens	12537197	-	13515206	-	6681419	-
Assemblage	12537197	100%	13515206	100%	6681419	100%
Alignement	12497308	99,7%	13469248	99,7%	6667372	99,8%
Démultiplexage	10414438	83,3%	11003952	81,7%	5556814	83,3%

Après fusion des 3 librairies :

	#Seq uniques	%Conservées	#Seq	%Conservées	#OTUs
Fichiers fusionnés	-	-	26975204	-	-
Déréplication	10214386	-	26975204	-	-
Filtre	1004662	9,3%	17765346	65,9%	-
Clustering	-	-	17765346	-	85625

Tableau 10 : Statistiques et résultats du pipeline OBITOOLS sur les données de l'étude. Le pourcentage d'alignement correspond à la proportion de séquences assemblées présentant une qualité d'alignement > 60%. Le pourcentage de démultiplexage correspond à la proportion de séquences alignées ayant été assignées à leurs échantillons respectifs. Le pourcentage de séquences conservées après filtre correspond à la proportion de séquences supérieures à 30pb et présentes en plus d'un exemplaire. (Seq : séquences ; Lib-10 : Librairie n°10, Lib-11 : Librairie n°11, Lib-12 : Librairie n°12)

Au sein de nos données, 0.3% des séquences ont été supprimées du fait d'une qualité d'alignement inférieure à 40%. Parmi les séquences alignées, 16.7% n'ont pas pu être assignées à leurs échantillons d'origine. Après déréplication des séquences, 10 214 386 séquences uniques ont été identifiées mais seulement 9.3% d'entre elles étaient associées à des séquences non artéfactuelles (i.e > 30pb et présentes en plus d'un exemplaire).

Le nombre final de lectures obtenues après utilisation des OBITOOLS était de **17,8 millions**, correspondant à **85 625** unités taxonomiques opérationnelles moléculaires (MOTU) (**Tableau 10**).

ii. Silva NGS

L'assignation taxonomique des OTUs se fait par similarité des séquences par rapport à une base de données de référence. Elle a été réalisée dans le cadre de cette étude grâce au service d'analyse Silva NGS (<https://ngs.arb-silva.de/silvangs/> ; Quast et al. 2013), conçu pour l'analyse de données issues du séquençage haut-débit des gènes de l'ARN ribosomique (ADNr). La classification a été effectuée par alignement de séquences BLASTn (2.11.0+ ; <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> ; Camacho et al. 2009) paramétré par défaut et utilisant les données SILVA SSU Ref (version 138.1) comme base de référence. Les OTUs sans aucune classification ou classifiées avec une identité de séquence inférieure à 93% ont été identifiées comme « No Relative ».

Au total **79 449** OTUs (soit 92,8% des OTUs) (**Figure 25**) ont été assignées à une séquence de référence.

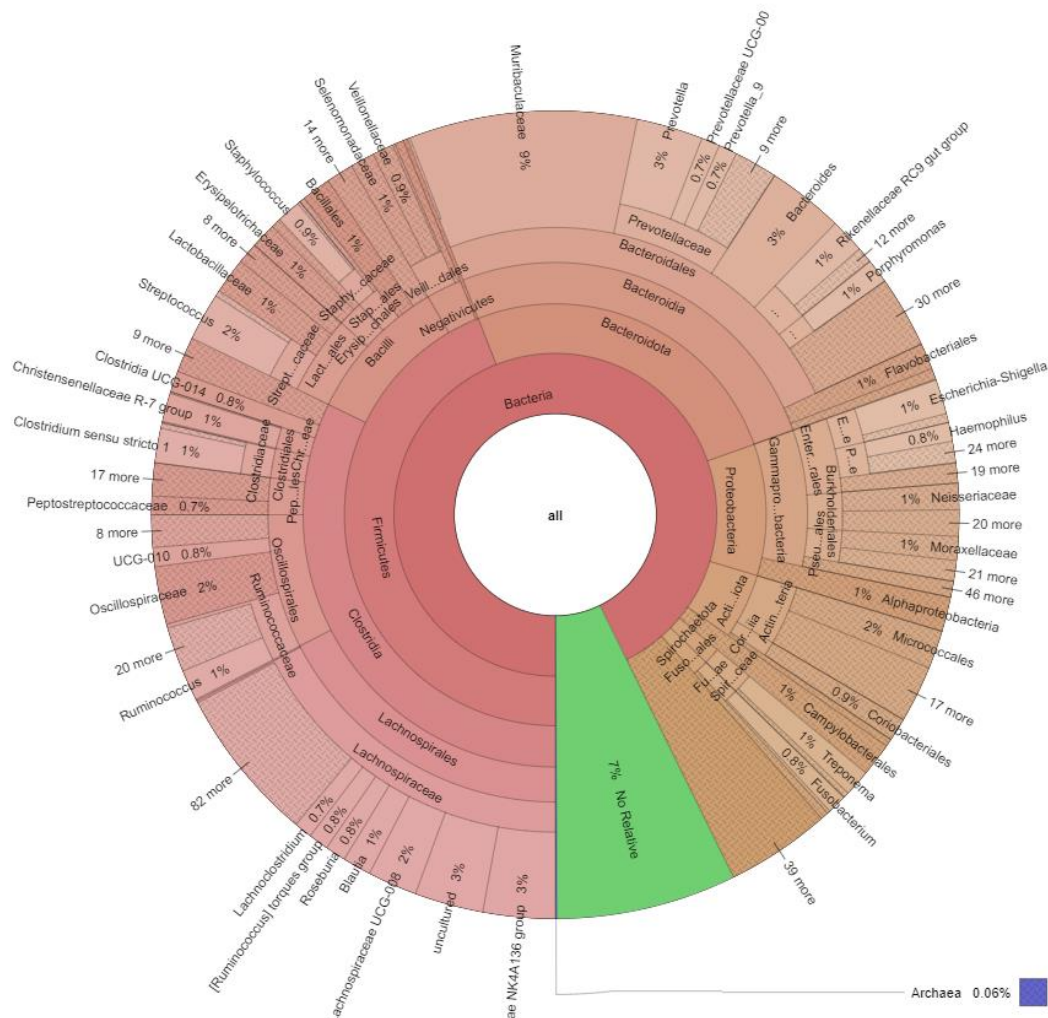


Figure 25 : Résultats de la classification taxonomique Silva NGS sur les données de l'étude (Ondov, Bergman, et Phillippy 2011)

iii. MetabaR

Le post-traitement des données a été effectué à l'aide de **metabaR** (Zinger et al. 2021), bibliothèque logicielle de R permettant de nettoyer des données de metabarcoding. MetabaR aide à l'identification des artéfacts moléculaires au sein des données, en tirant profit des contrôles expérimentaux et en repérant les PCRs potentiellement dysfonctionnelles (**Figure 26**).

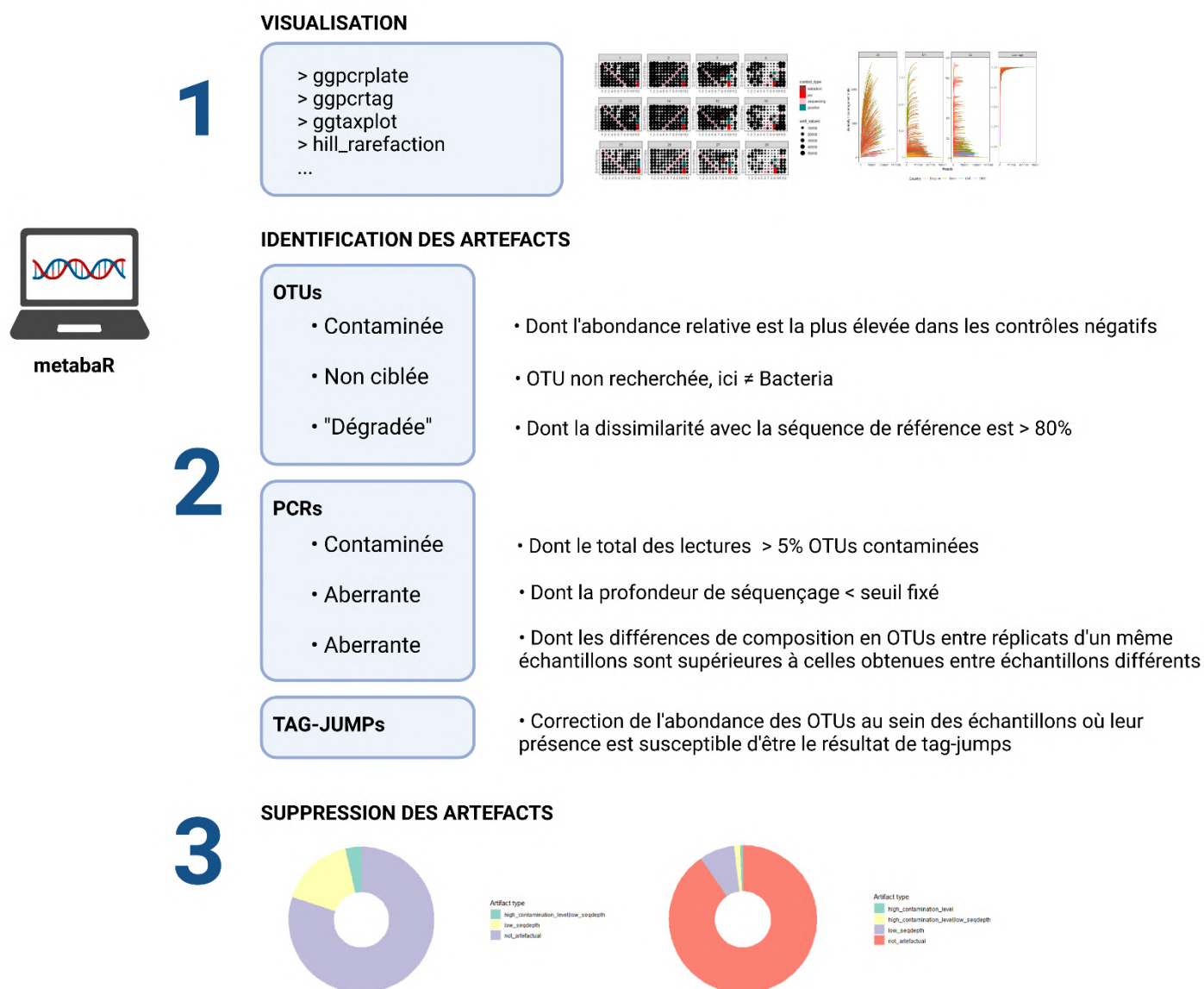


Figure 26 : Etapes d'identification des artéfacts moléculaires avec la bibliothèque R metabaR (Zinger et al. 2021) ©Marine Montblanc (Created with BioRender.com)

Dans un premier temps, la bibliothèque présente des fonctions de visualisations des données, permettant par exemple d'afficher le nombre de *reads* par PCRs (**Figure 27**).



Figure 27 : Nombre de lectures par PCRs (Librairie 1 = 1 à 4, Librairie 2 = 5 à 8 et Librairie 3 = 9 à 12)

Cet affichage a souligné, dans nos données, la présence :

- de contaminants au sein des témoins PCR négatifs et d'extraction,
- d'un phénomène de *tag-jumps* au niveau des contrôles de séquençage (fausses combinaisons d'index et de tag),
- d'échantillons avec un faible nombre de *reads* (plaque PCR n°4 avec faible nombre de lectures répétables entre les 3 librairies, certainement lié à la qualité des échantillons)

Le phénomène de *tag-jump* correspond à la contamination des données par des séquences présentant une fausse combinaison de *tags*. Les mécanismes exacts à l'origine de ces artefacts ne sont pas connus mais l'étape d'amplification PCR des pools d'amplicons « taggés » serait particulièrement à risque et conduirait à formation de chimères au niveau des sites d'amorces (Esling et al. 2015). La combinaison de *tags*, unique pour chacun des puits, permet de retracer l'échantillon d'origine de la séquence, les *tag-jumps* créant des séquences avec de fausses combinaisons de *tags*, déjà utilisées, peuvent ainsi entraîner une affectation incorrecte des séquences aux échantillons (Schnell et al. 2015). Dans la **Figure 27**, les puits correspondant

aux contrôles de séquençage (rose) ne devraient ainsi contenir aucune séquence puisqu'ils ont été laissés vides, les séquences attribuées à ces puits résultent donc d'un *mistagging*.

MetabaR a alors permis de signaler les séquences artéfactuelles au sein de nos données pour ensuite les supprimer.

La fonction *contaslayer* a tout d'abord permis de détecter les OTUs dont l'abondance relative dans l'ensemble des données était la plus élevée dans les contrôles négatifs, ces OTUs ont alors été identifiées en tant que contaminants. Les PCRs présentant plus de 5% de lectures associées à ces OTUs ont consécutivement été marquées comme contaminées. Puis, les OTUs non ciblées c'est-à-dire dans le cadre de cette étude n'appartenant pas au domaine Bacteria, et les OTUs « dégradées » i.e présentant une trop grande dissimilarité ($< 80\%$) avec leur séquence de référence, ont été signalées. Ensuite, les PCRs dites aberrantes furent recherchées selon deux critères : le premier correspondant à la profondeur de séquençage, à partir de l'histogramme **Figure 28** une profondeur de 7000 lectures a été fixée comme discriminante, le second correspondant à la similarité entre les répliquats PCR. La fonction *pcrslayer* permet de détecter les répliquats aberrants au sein des PCRs grâce à l'hypothèse sous-jacente suivante : « les différences de composition en OTUs entre les répliquats de PCRs provenant d'un même échantillon doivent être inférieures à celles observées entre les PCRs obtenues à partir d'échantillons différents ». Les trois librairies de l'étude présentaient une bonne répliquabilité (cf. **Annexe 20** ; absence de superposition des courbes). Enfin, l'abondance des OTUs au sein des échantillons où leur présence était susceptible d'être le résultat de *tag-jumps* a été corrigée grâce à la fonction *tagjumplayer*.

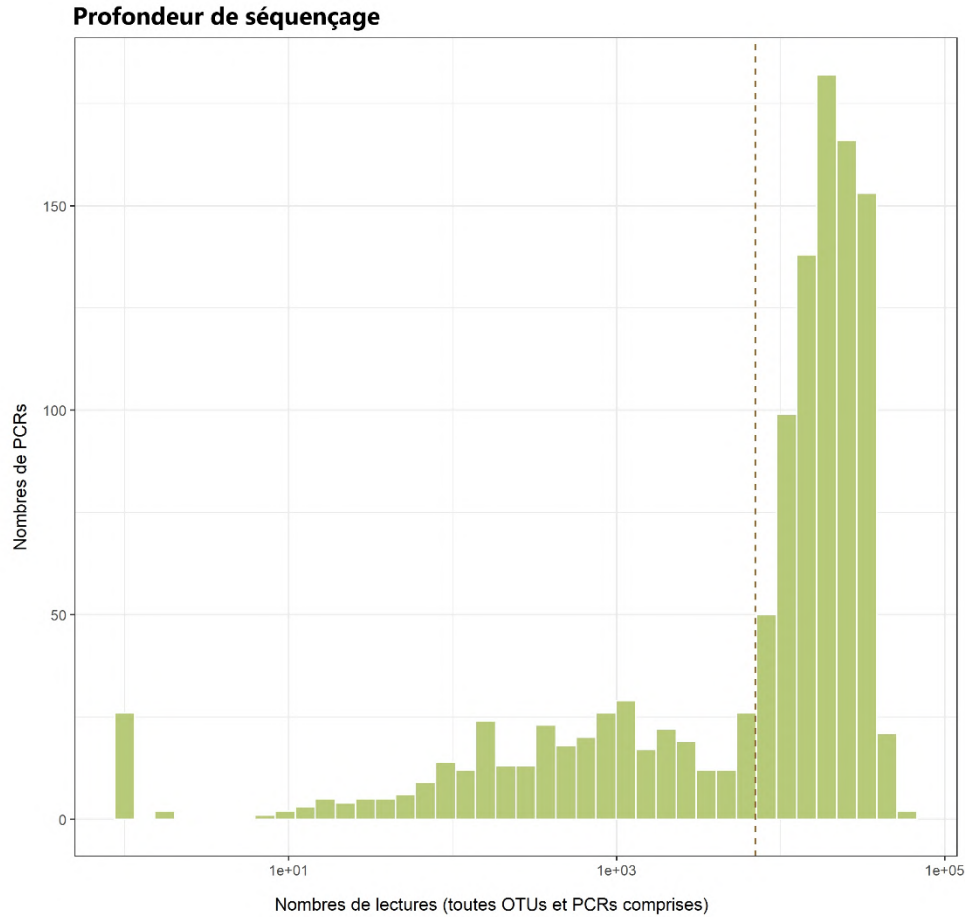


Figure 28 : Nombre de PCRs en fonction du nombre de lectures (contrôles inclus), seuil en pointillés de 7000 lectures

Finally, after cleaning the data, **84 594 OTUs** and **16,8 M** of *reads* were preserved as well as **282 PCRs**, which corresponds to a loss of 533 OTUs, 1 M of reads and **56 PCRs** (here, 56 samples) essentially linked to a sequencing depth that was too low (20% of PCR artifacts) (**Figure 29** and **Figure 30**). The list of samples eliminated during this process is available in **Annexe 21**, a large majority of them (84%) were from the Democratic Republic of the Congo and corresponded to tissue samples preserved in ethanol or RNALater. It can therefore be assumed that the non-optimal preservation conditions of these samples contributed to their less good amplification (PCR Plate n°4 ; **Figure 27** and **Annexe 22**) and to a low total number of reads after sequencing.

Artefacts des OTUs

Contaminant	Parasite	Dégradé
0,083%	0,18%	0,14%

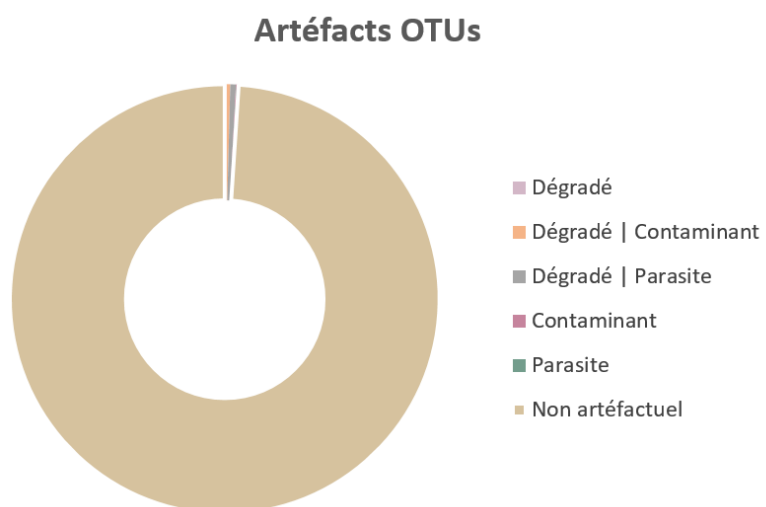


Figure 29 : Résumé des artéfacts OTUs

Artefacts des PCRs

Contaminée	Faible prof séquençage	Faible répliquabilité
3,6%	19,9%	0%

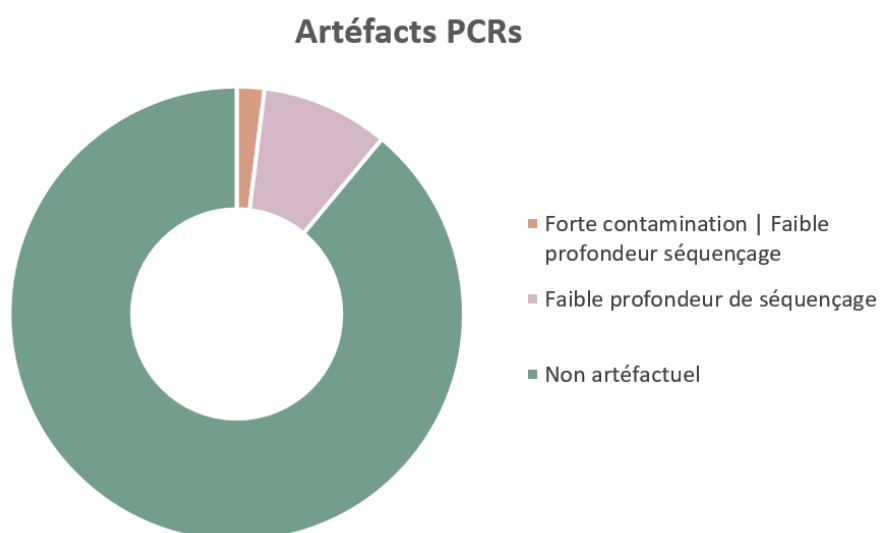


Figure 30 : Résumé des artéfacts PCRs

iv. Analyses statistiques

Afin de vérifier si l'effort de séquençage était suffisant pour couvrir la diversité en OTUs de chaque PCR, des **courbes de raréfaction** ont été construites grâce à metabar. Dans metabar, ces courbes de raréfaction sont construites à partir de trois indices de diversité qui font partie des nombres de Hill (Zinger et al. 2021).

D'après Chao et al. (2014), nombre de Hill d'ordre q :

$$D^q = \left(\sum_{i=1}^S p_i^q \right)^{1/(1-q)}$$

Avec D^q la diversité d'ordre q , S le nombre total d'espèces, et p_i la fréquence des espèces.

Pour $q = 0$, D^0 est la richesse (nombre d'espèces présentes), mesure classique qui donne le plus d'importance aux espèces rares : toutes les espèces ont la même importance, quel que soit leur effectif en termes d'individus.

Pour $q = 1$, D^1 est l'approche exponentielle de l'indice de Shannon $H' = \sum_{i=1}^S p_i \log p_i$, elle donne la même importance à tous les individus.

Pour $q = 2$, D^2 est l'inverse de l'indice de Simpson $\lambda = \sum_{i=1}^S p_i^2$, c'est l'indice qui donne le moins d'importance aux espèces rares. Encore appelé « le nombre d'espèces très abondantes », il comptabilise les interactions possibles entre paires d'individus. De ce fait, comme les espèces rares interviennent dans peu de paires, elles influent peu sur l'indice. En conséquence, le biais d'estimation, qui correspond à la portion d'espèces non détectées, est faible (Marcon 2015).

Ainsi, lorsque q augmente, moins d'importance est accordé aux espèces rares.

Les courbes de raréfaction, utilisées en écologie, permettent de décrire comment la richesse (nombre d'espèces identifiées) augmente en fonction de l'effort d'échantillonnage. L'application de ces courbes en métagénomique permet de décrire comment la diversité des OTUs identifiées au sein des échantillons augmente en fonction de la profondeur de séquençage, elles n'évaluent donc pas la diversité dans le site d'échantillonnage. L'utilisation de différents indices de diversité (D^1 , D^2) est particulièrement utile pour les données de metabarcoding car ils permettent de donner moins de poids aux OTUs rares, qui correspondent souvent à des artefacts moléculaires (Taberlet et al. 2018). Ces courbes permettent une première approche de la diversité alpha au sein des échantillons.

La **diversité alpha**, correspond à une diversité locale, dans le cadre de nos données elle correspond à la diversité en OTUs d'un échantillon. Plusieurs indices de diversité (Shannon, Simpson, Inverse de Simpson) existent pour tenter de la quantifier. La diversité alpha de nos échantillons a été évaluée en utilisant les bibliothèques de R "Vegan" et "Phyloseq", l'indice de Shannon a été calculé selon un bootstrap moyen de 1000 itérations. L'indice de Shannon prend en compte lors de son calcul la richesse et l'abondance relative des espèces, il varie donc en fonction du nombre d'espèce et de la proportion relative de ces différentes espèces. Plus l'indice augmente, plus la diversité de l'échantillon est importante.

$$\text{Indice de Shannon : } H = - \sum_{i=1}^S p_i \log b p_i$$

Avec p_i représente l'abondance proportionnelle de l'espèce compris entre 0 et 1, S la richesse spécifique (nombre total d'espèces), b la base du logarithme.

Des tests de Kruskal-Wallis ont été effectuées afin de tester les différences dans les indices de Shannon selon : les pays de prélèvement, le type d'échantillon, le mode de préservation, l'ordre de mammifère et l'état de la viande de brousse (durée entre la mort de l'animal et le prélèvement) pour le Bénin. L'utilisation d'un test non paramétrique permet de s'affranchir de l'hypothèse de normalité de distribution des valeurs. Le test de Wilcoxon a ensuite permis de calculer des comparaisons par paires entre chacun des niveaux des variables catégorielles. Les différences de diversité alpha ont été visualisées à travers la représentation en diagrammes “violons” des indices de Shannon en utilisant le package “ggplot2” (Wickham 2016) (v.3.3.6) de R.

La **dispersion beta** traduit quant à elle une diversité inter-échantillons, elle correspond à la variabilité de composition taxonomique entre les échantillons. Pour évaluer le degré de dissimilarité des échantillons, l'indice de Bray-Curtis a été calculé. Cet indice mesure donc le rapport entre la somme des différences (en valeur absolue) entre les abondances pour chaque espèce (ici, OTUs) et le nombre total d'individus de toutes les espèces. Elle prend une valeur minimum de 0 lorsque l'abondance observée est la même pour chaque espèce et une valeur maximum de 1 lorsque les sites n'ont aucune espèce en commun.

$$\text{Indice de Bray Curtis : } d_{BrayCurtis} = \frac{\sum_{i=1}^N |p_{iA} - p_{iB}|}{\sum_{i=1}^N p_{iA} + p_{iB}}$$

Avec p_{iA} et p_{iB} les abondances relatives de l'OTU i dans l'échantillon A et B respectivement.

Le calcul de cet indice pour chaque paire d'échantillons permet de générer une matrice de distance qui peut ensuite être interprétée pour d'identifier les échantillons partageant les mêmes profils de diversité. La beta diversité a été représentée graphiquement par positionnement multidimensionnel non-métrique (NMDS) grâce à la fonction *ordinate* de la bibliothèque “Phyloseq” (v.1.38.0) (McMurdie et Holmes 2013) de R. Des tests PERMANOVA (Anderson 2017) ont été utilisés afin de vérifier les différences statistiques de diversité bêta entre plusieurs paramètres : pays, type d'échantillon, type de préservation, ordre de mammifères. La significativité d'une PERMANOVA ne peut cependant s'interpréter que si les variances des groupes testés sont égales, en effet en l'absence de cette condition il est impossible de conclure si la significativité du test est liée à un effet dispersion ou à une réelle différence des moyennes. La fonction *betadisper* a été utilisée pour évaluer cette condition.

La fonction *hclust* de “Vegan” (Oksanen et al. 2022) (v.2.6.2) a permis de réaliser un **clustering hiérarchique** des échantillons à partir de la matrice de distance de Bray-Curtis afin de visualiser la proximité taxonomique des échantillons.

L'analyse taxonomique des communautés bactériennes des échantillons a été réalisée grâce aux différentes fonctions de la bibliothèque “Phyloseq” de R.

Détermination des genres bactériens “pathogènes”

A partir des pathogènes identifiés dans la viande de brousse (Chapitre I, Partie 2) et des pathogènes identifiés comme responsables de maladies d'origine alimentaires (Chapitre I, Partie 1), il a été établi une liste des genres bactériens potentiellement pathogènes pour l'homme à rechercher dans nos échantillons (**Tableau 11**). Cette liste a été complétée par plusieurs autres bases de données : liste des maladies infectieuses émergentes (Jones et al. 2008), liste des pathogènes responsables de maladies humaines (Taylor, Latham, et Woolhouse 2001), liste des agents pathogènes établie par les Centers for Disease Control (<https://www.selectagents.gov/selectagentsandtoxinslist.html>), afin de rechercher de manière la plus exhaustive possible de potentiels dangers biologiques dans les échantillons. Toutefois, l'identification d'un genre bactérien listé comme « pathogène » dans nos échantillons ne permet pas d'obtenir une estimation réelle du risque puisque l'identification taxonomique proposé par la base Silva NGS ne permet pas d'accéder à l'espèce bactérienne. Or si le genre *Bacillus* contient par exemple plusieurs espèces zoonotiques telles que *Bacillus anthracis* ou *Bacillus cereus*, d'autres espèces de ce genre bactérien ne présentent pas de risque pour la santé humaine comme *Bacillus coagulans* qui est au contraire utilisé dans la production industrielle d'acide lactique. Par ailleurs, la présence d'un pathogène n'est pas synonyme de risque puisque celui-ci dépend aussi de l'exposition au danger, qui n'est pas analysée dans cette étude.

Une recherche manuelle des différentes espèces bactériennes pathogènes listées **Tableau 11** a été conduite sur les résultats d'assignation taxonomique Silva NGS parmi les OTUs présentant plus de 99% de similarité avec leur séquence de référence. Ce seuil de 99% est communément établi comme seuil de similarité minimal pour l'identification au niveau de l'espèce bactérienne lors du séquençage du gène ARNr 16S (Drancourt et al. 2000).

Tableau 11 : Liste des principaux genres bactériens présentant des espèces pathogènes pour l'homme

Genre bactérien	Exemples d'espèces pathogènes	Maladies chez l'homme	Réservoir	Transmission	Références
Actinobacillus	<i>Actinobacillus equuli</i>	Actinobacillose (rare), septicémie (rare)	Réservoir animal (flore commensale digestive et cavité orale)	▪ Contact direct (muqueuses) ▪ Fluides (salive : morsure)	(Ashhurst-Smith et al. 1998)
Actinomyces	<i>Actinomyces bovis</i>	Actinomycose (pyogranulome, bronchopneumonie)	Réservoir animal (flore commensale digestive ; ruminants)	▪ Contact direct (muqueuses)	(Underwood et al. 2015)
Acinetobacter	<i>Acinetobacter junii</i> , <i>Acinetobacter lwoffii</i>	Infection tractus respiratoire, pneumonie, infection urinaire, méningite (faible virulence)	Environnement (sol, eau, saprophytes), Réservoir humain (flore commensale cutanée, digestive, muqueuse)	▪ Nosocomiale ▪ Alimentaire (rare données, multiplication sur des carcasses séchées)	(Bergogne-Bérézin 2014a)
Aeromonas	<i>Aeromonas caviae</i> <i>Aeromonas hydrophila</i>	Gastro-entérite, infection plaies (+/- sepsis)	Environnement (ubiquitaire eau), Réservoir animal (rare)	▪ Alimentaire (eau, poisson, volaille, viande crue)	(Rodriguez-Morales et Castañeda-Hernández 2014)
Anaplasma	<i>Anaplasma phagocytophilum</i>	Anaplasmose granulocytaire	Réservoir animal (nombreuses espèces)	▪ Vecteur (tique)	(Hing et al. 2019)
Arcobacter	<i>Arcobacter butzleri</i> , <i>Arcobacter skirrowii</i> , <i>Arcobacter cryaerophilus</i>	Gastro-entérite, maladie diarrhéique	Environnement (eau), Réservoir animal (flore commensale digestive)	▪ Alimentaire (eau, viande volaille, viande rouge) ▪ Contact direct (voie oro-fécale : animaux domestiques, interhumaine)	(Atabay, Corry, et Ceylan 2014)
Bacillus	<i>Bacillus anthracis</i>	Fièvre charbonneuse	Environnement (sol contaminé par des spores), Réservoir animal (herbivores surtout)	▪ Alimentaire (viande crue, peu cuite) ▪ Contact direct (cutané, muqueuses) ▪ Aérienne	(Baillie et Huwar 2014)
	<i>Bacillus cereus</i> group <i>Bacillus subtilis</i> <i>Bacillus pumilus</i>	Gastro-entérite, toxine diarrhéique / émétique	Environnement (ubiquitaire, sol)	▪ Alimentaire (plats préparés) (Nosocomiale, Injections)	(Granum, Stenfors Arnesen, et From 2014)
Bacteroides	<i>Bacteroides fragilis</i>	Abcès, bactériémie	Réservoir animal et humain (flore commensale gastro-intestinale, respiratoires, buccale)	▪ Contact direct (blessure, morsure)	(Elsaghir et Reddivari 2022)
Bartonella	<i>Bartonella henselae</i> , <i>Bartonella alsatica</i>	Maladie des griffes du chat, anémie, endocardite	Réservoir animal (espèces diverses)	▪ Vecteur (arthropodes)	(Okaro et al. 2017)

Bordetella	<i>Bordetella pertussis</i>	Coqueluche	Réservoir humain	▪ Aérienne	(Bridel et al. 2022)
	<i>Bordetella parapertussis</i> <i>Bordetella bronchiseptica</i>	Trachéobronchite, bronchopneumonie, méningite	Réservoir animal (commensale du tractus respiratoire)	▪ Aérienne ▪ Opportuniste	
Borrelia	<i>Borrelia burgdorferi</i>	Maladie de Lyme	Réservoir naturel animal (petit mammifère et oiseau)	▪ Vecteur (tique)	(Tatum et Pearson-Shaver 2022)
Brucella	<i>Brucella melitensis</i> , <i>Brucella abortus</i> , <i>Brucella suis</i>	Différentes présentations cliniques : aigu (fièvre, bactériémie), forme prolongée (malaises, myalgies, arthralgies), focal	Réservoir animal (petits ruminants, bovins, rongeurs ,...)	▪ Contact direct animal ▪ Alimentaire (produits laitiers non pasteurisés, viande crue) ▪ Aérienne	(Pappas 2014)
Burkholderia	<i>Burkholderia mallei</i>	Morve (infection pulmonaire, fièvre, léthargie, céphalée, arthrite)	Réservoir animal (équidés)	▪ Contact direct (muqueuse) ▪ Aérienne	(Singha et al. 2020)
Campylobacter	<i>Campylobacter coli</i> <i>Campylobacter jejuni</i>	Campylobactériose (gastro-entérite, douleur abdominale, diarrhée)	Réservoir animal (tube digestif volaille ++ , ruminants, PC, rongeurs), Environnement (eau)	▪ Alimentaire	(Kvalsvig et al. 2014)
Chlamydia	<i>Chlamydophila psittaci</i> <i>Chlamydophila abortus</i>	Infections respiratoires Avortement, sepsis	Réservoir animal spécifique	▪ Aérienne ▪ Contact direct	(Rohde et al. 2010)
Citrobacter	<i>Citrobacter freundii</i> , <i>Citrobacter amalonaticus</i> , <i>Citrobacter diversus</i>	Méningite néonatale, abcès cérébraux, sepsis, infection respiratoire, gastroentérite, infection urinaire Rare (néonatal, immunodéprimé)	Réservoir animal et humain (flore intestinale commensale), Environnement (sol, eau)	▪ Opportuniste ▪ Nosocomiale ▪ Contact direct (transmission interhumaine, voie oro-fécale) ▪ Alimentaire	(Kus 2014)
Clostridium	<i>Clostridium botulinum</i>	Botulisme (paralysie flasque)	Environnement (sol, eau), Réservoir animal (tube digestif animal, portage asymptomatique)	▪ Alimentaire (toxine botulinique, infantile : ingestion de spores) ▪ Contact direct (blessure) ▪ Aérienne (rare, toxines dans les aérosols)	(Fosse 2004) (Peck 2014)
	<i>Clostridium perfringens</i>	Entérite nécrosante, gastro-entérite (douleur abdominale, hyperthermie, vomissements), maladie diarrhéique	Environnement (tellurique, ubiquiste), Réservoir humain et animal (flore digestive)	▪ Alimentaire (produits carnés : bœuf et volaille, plats cuisinés)	(Robertson et al. 2014)
Corynebacterium	<i>Corynebacterium diphtheria</i> , <i>Corynebacterium ulcerans</i> , <i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>	Diphthérie (pseudomembranes blanchâtres amygdales, hyperthermie)	Environnement (sol, longue survie), Réservoir humain et animal (peau et muqueuses, nombreux hôtes)	▪ Alimentaire (toxine diphtérique, lait non pasteurisé) ▪ Inhalation ▪ Contact direct (animal / interhumain)	(Zasada 2014)

Coxiella	<i>Coxiella burnetii</i>	Fièvre Q (fièvre, céphalée, myalgie, arthralgie diarrhée, vomissements, pneumonie)	Environnement (eau), Réservoir arthropode (tiques), Réservoir animal (domestique et sauvage)	▪ Aérienne ▪ Alimentaire ▪ Contact direct-indirect (fèces, urine, lait, animal excréteur) ▪ Vecteur	(Cutler 2014)
Dermatophilus	<i>Dermatophilus congolensis</i>	Dermatophilose (dermatite exsudative)	Réservoir animal (peau, lésion)	▪ Contact direct (abrasion peau, zoospores) ▪ Vecteur (insectes)	(Hamid 2016)
Ehrlichia	<i>Ehrlichia chaffeensis</i> <i>Ehrlichia ewingii</i> <i>Ehrlichia muris</i>	Erlichiose monocyttaire humaine (fièvre, anorexie, céphalée, myalgie, vomissement)	Réservoir animal (cervidés hôtes réservoirs, divers mammifères)	▪ Vecteur (tique)	(Ad et al. 2014)
Enterobacter	<i>Enterobacter sakazakii</i> <i>Enterobacter cloacae</i> <i>Enterobacter aerogenes</i>	Entérocolite nécrosante, méningite, sepsis (enfant)	Environnement (sol), ubiquitaire	▪ Alimentaire (lait, fromage, viande) ▪ Nosocomiale	(Abdesselam et Pagotto 2014) (Cooney et al. 2014)
Enterococcus	<i>Enterococcus faecalis</i> <i>Enterococcus faecium</i>	Infections des voies urinaires, endocardite, infections cutanées, bactériémie	Réservoir humain et animal (tractus gastro-intestinal, mammifères, oiseaux, reptiles, insectes)	▪ Alimentaire (viande de volaille, contamination fécale) ▪ Nosocomiale	(Abat et al. 2016)
Escherichia	<i>Escherichia coli</i>	Gastro-entérite, maladie diarrhéique, infection urinaire	Réservoir humain et animal (commensal tube digestif, ++ ruminants)	▪ Alimentaire (viande, lait, eau contaminée) ▪ Contact direct (oro-fécale : transmission interhumaine / contact animal, environnement contaminé)	(Caprioli, Morabito, et Scavia 2014)
Erysipelothrix	<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>	Rouget (cellulite localisée aigüe), endocardite et septicémie (rare), méningite	Environnement (sol, eau), Réservoir animal (suidés ++, poissons, crustacés, insectes, oiseaux)	▪ Contact direct (plaie, contact animal ou sous-produit)	(Volard et al. 2016)
Francisella	<i>Francisella tularensis</i>	Tularémie (7 formes clinico-pathologiques)	Réservoir animal (rongeur, lagomorphe)	▪ Vecteur (tiques et insectes) ▪ Contact direct (plaie, animal infecté) ▪ Alimentaire ▪ Aérienne	(Gyuranecz 2014)
Fusobacterium	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	Abcès, infections ORL, syndrome Lemierre, pleuro-pneumopathies	Réservoir humain et animal (flore commensale tube digestif, oropharynx, voies génitales, bovin - ovin)	▪ Contact direct (animaux infectés : plaie, morsures)	(Brazier 2006)
Haemophilus	<i>Haemophilus influenzae</i>	Méningite, pneumonies, otites, épiglottite	Réservoir humain (voies respiratoires)	▪ Aérienne ▪ Contact direct (sécrétions)	(Johnston et Apicella 2009)

Helicobacter	<i>Helicobacter pylori</i> <i>Helicobacter heilmannii</i>	Ulcères gastro-duodénaux, gastrite chronique, adénocarcinome	Réservoir humain (flore commensale digestive)	▪ Alimentaire (contamination fécale) ▪ Contact direct (fluides : salive, oro-fécale)	(Bergogne-Bérézin 2014b)
Klebsiella	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Entérocolite nécrosante, pneumonie, méningite, infections tractus urinaire	Environnement (sol, plantes, eau), Réservoir humain et animal (commensal muqueuses)	▪ Nosocomiale ▪ Alimentaire ▪ Contact direct (eau contaminée)	(Cooney et al. 2014)
Legionella	<i>Legionella pneumophila</i>	Légionellose (infection pulmonaire aigüe)	Environnement (flore aquatique)	▪ Aérienne (inhalation eau contaminée)	(Cianciotto 2001)
Leptospira	<i>Leptospira interrogans</i>	Leptospirose (syndrome grippal à atteinte multiviscérale avec syndrome hémorragique)	Réservoir animal (rongeurs, ruminants, ...), Environnement (eau contaminée)	▪ Contact direct-indirect (animaux infectés, eau contaminée) ▪ Fluides (urines) ▪ Alimentaire ▪ Aérienne	(Koizumi et al. 2009)
Listeria	<i>Listeria monocytogenes</i>	Listériose (infection systémique ou gastroentérite fébrile)	Environnement (sol, eau, saprophyte), Réservoir humain et animal (fèces)	▪ Alimentaire (lait, viande, poisson, végétaux)	(Fosse 2004)
Mannheimia	<i>Mannheimia haemolytica</i>	Septicémie, pneumonie, endocardite (rare ; enfant, immunodéprimé)	Réservoir animal (ruminant surtout ; flore nasopharynx)	▪ Alimentaire (lait) ▪ Aérienne ▪ Contact direct (morsure)	(Punpanich et Srijuntongsiri 2012)
Moraxella	<i>Moraxella catarrhalis</i> , <i>M. bovis</i> , <i>M. canis</i> , <i>M. caprae</i> .	Otite moyenne, septicémie, sinusite, infections des voies respiratoires, méningite	Réservoir humain et animal (voies respiratoires, oropharynx)	▪ Nosocomiale, opportuniste ▪ Aérienne	(Karalus et Campagnari 2000)
Mycobacterium	<i>Mycobacterium bovis</i> [<i>Mycobacterium tuberculosis</i> complexe]	Tuberculose (pyogranulome)	Réservoir animal (bovins, cervidés)	▪ Aérienne ▪ Alimentaire (lait, viande) ▪ Contact direct	(Todd 2014a) (Bratschi et al. 2015)
	<i>Mycobacterium leprae</i>	Lèpre (lésions cutanées et nerveuses)	Réservoir humain	▪ Contact direct (sécrétions nasales)	(Delogu, Sali, et Fadda 2013)
	<i>Mycobacterium avium</i> spp <i>paratuberculosis</i>	Maladie de Crohn, gastro-entérite	Réservoir animal (bovins, ovins, caprins), Environnement	▪ Alimentaire (viande, lait, eau) ▪ Aérienne	
Mycoplasma	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	Pneumonie, pharyngite, trachéobronchite	Réservoir humain	▪ Aérienne ▪ Contact direct (interhumaine, contact étroit personne infectée)	(Saraya 2017)
Neisseria	<i>Neisseria meningitidis</i>	Méningite, septicémie	Réservoir humain	▪ Aérienne (sécrétions respiratoires)	(Rouphael et Stephens 2012)
Nocardia	<i>Nocardia asteroides</i> complexe	Pyogranulomes, abcès pulmonaires, lésions cavitaires / cutané : ulcères, cellulite, pyodermite [immunodéprimé]	Saprophyte	▪ Aérienne opportuniste ▪ Contact (plaie, blessure) ▪ Nosocomiale	(Kandi 2015)

Pasteurella	<i>Pasteurella multocida</i>	Abcès, cellulite focale (plaie), infections respiratoires, endocardite, méningite, septicémie	Réservoir animal (oiseaux, nombreuses espèces de vertébrés, commensal des flores oropharyngées et gastro-intestinales)	▪ Contact direct (morsure, griffure) ▪ Aérienne ▪ Alimentaire (viande, peu décrit) ▪ Vecteur (blattes via aliments)	(Magyar et al. 2014)
Proteus	<i>Proteus mirabilis</i>	Gastro-entérite, infections urinaires (urolithiase, cystite, pyélonéphrite), infections de plaie	Réservoir humain et animal (tractus gastro-intestinal, peau, muqueuse orale), Environnement (sol, eau, plantes)	▪ Opportuniste ▪ Alimentaire (viande crue, fruits de mer, légumes, conserves)	(Y. Wang et al. 2014)
Pseudomonas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Maladie de Crohn (colite chronique), gastroentérite, entérocolite nécrosante, bronchopneumonie, abcès, septicémie	Environnement (eau, sol), Saprophyte	▪ Nosocomiale ▪ Contact direct (plaie, brûlure) ▪ Alimentaire (eau contaminée)	(Hossain 2014a)
Rickettsia	<i>Rickettsia africae</i>	Fièvre, céphalée, myalgie, arthralgie, éruption cutanée	Réservoir animal (bovins, ovins, caprins)	▪ Vecteur (tique)	(Silva-Ramos et al. 2021)
Salmonella	<i>Salmonella enterica enteritidis/typhimurium</i>	Gastro-entérite, maladie diarrhéique, fièvre élevée, vomissements, douleurs abdominales	Réservoir animal (tube digestif des animaux homéothermes)	▪ Alimentaire (œufs et ovo-produits, viande, eau contaminée, légumes souillés fèces) ▪ Contact direct (animal infecté, interhumaine)	(Ethelberget. 2014)
Shigella	<i>Shigella dysenteriae</i>	Shigellose (maladie diarrhéique contagieuse, douleur abdominale, vomissements, fièvre)	Réservoir humain	▪ Contact direct (voie oro-fécale : transmission interhumaine) ▪ Alimentaire (eau contaminée, mains contaminées, fruits de mer) ▪ Vecteur (mouches sur aliments)	(Zaghloul 2014)
Staphylococcus	<i>Staphylococcus aureus</i> <i>Staphylococcus intermedius</i>	Intoxication alimentaire (vomissements, douleur abdominale, diarrhée), infection locale (cellulite, abcès, adénopathie, lymphangite), septicémie	Réservoir humain et animal (flore cutanée, nasopharynx, voies respiratoires supérieures, voies génito-urinaires), Environnement (air, poussière, eau)	▪ Alimentaire (plats prêts à consommer avec entérotoxines) ▪ Contact direct (transmission interhumaine par contact lésion purulente ; morsure animale)	(Todd 2014b)
Streptococcus	<i>Streptococcus pyogenes</i> <i>Streptococcus suis</i> <i>Streptococcus pneumoniae</i>	Inflammation systémique avec syndromes suppuratifs, pharyngite, pyodermite, glomérulonéphrite aiguë, fasciite nécrosante, endocardite	Réservoir humain (<i>S. pyogenes</i>) et animal	▪ Aérienne ▪ Contact direct (interhumaine, contact cutané avec lésions, oro-fécale) ▪ Alimentaire (produits laitiers)	(Hossain 2014b)
Treponema	<i>Treponema pallidum</i>	Syphilis (chancre, éruption maculopapulaire, fièvre, maladie aortique, méningite syphilitique, parésie, ataxie)	Réservoir humain	▪ Contact direct (contact avec des lésions actives) ▪ Transmission sexuelle et verticale	(WHO, 2016)

Vibrio	<i>Vibrio cholerae</i> <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	Choléra (maladie diarrhéique, vomissements, hypotension, insuffisance rénale, crise convulsives)	Réservoir humain (et animal vivant en environnement aquatique)	▪ Alimentaire (eau contaminée)	(Ramamurthy et Nair 2014)
	<i>Yersinia pestis</i>	Peste bubonique	Réservoir animal (rongeurs, éventuellement lagomorphes et carnivores)	▪ Contact direct (morsure par un rongeur/ animal infecté) ▪ Vecteur (puces d'un animal infecté)	(Parkhill et al. 2001)
Yersinia	<i>Yersinia enterocolitica</i> <i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	Gastro-entérite, maladie diarrhéique, douleur abdominale, fièvre, bactériémie, appendicite granulomateuse, arthrite réactionnelle	Réservoir animal (notamment suidés et rongeurs, isolé dans le tube digestif de nombreuses espèces animales)	▪ Alimentaire (viande crue, porc, lait, eau contaminée) ▪ Contact direct (animaux infectés et leur fèces, transmission interhumaine)	(Todd 2014c)

2. Résultats

Courbes de raréfaction

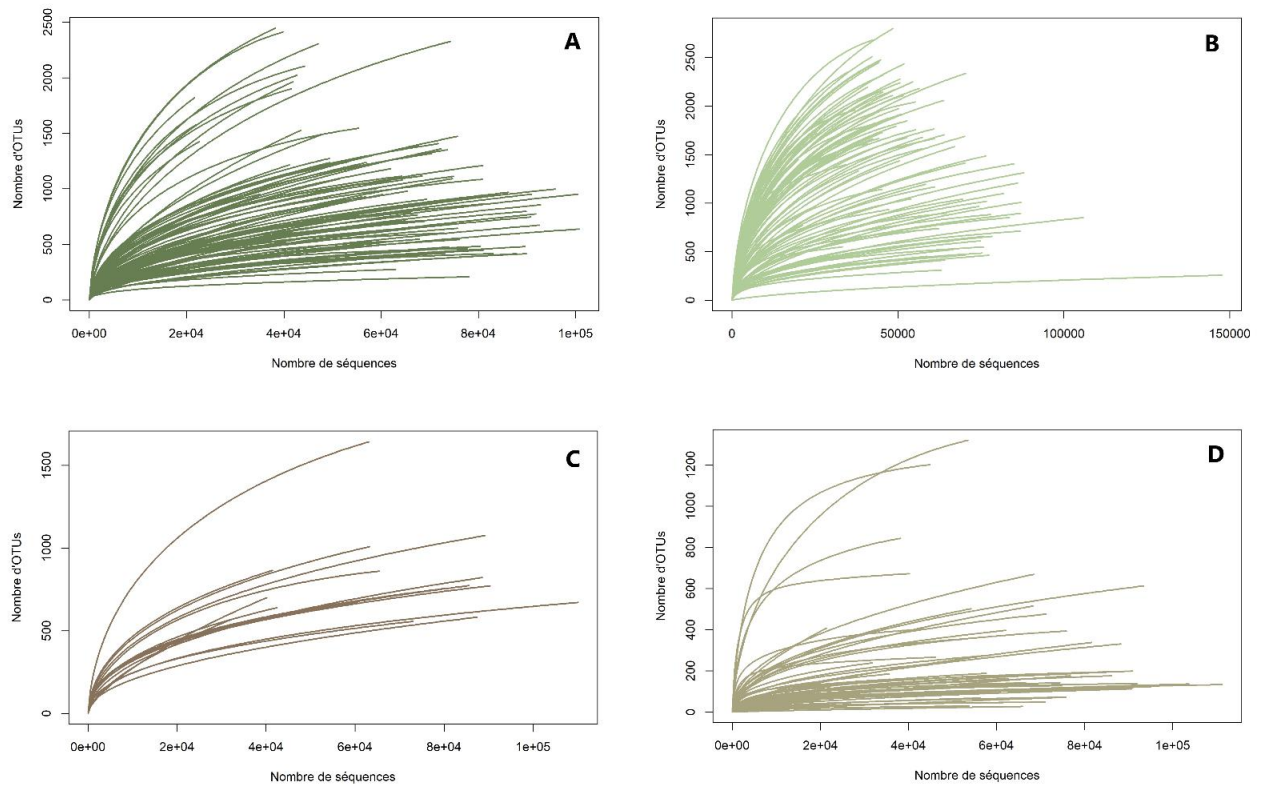


Figure 31 : Courbes de raréfaction construites à partir de la librairie Vegan en fonction du type d'échantillons (A : Ecovillon oral, B : Ecovillon rectal, C : Fèces, D : Tissu)

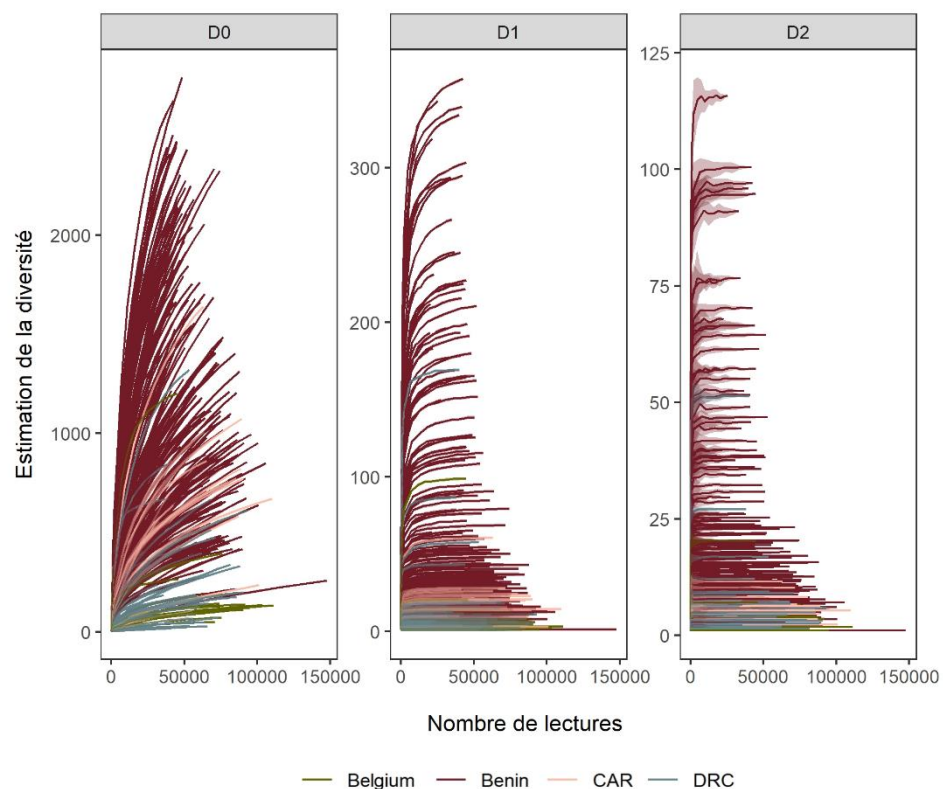


Figure 32 : Courbes de raréfaction construites à partir des nombres de Hill (librairie metabar) en fonction du pays de prélèvement (D0 : richesse spécifique, D1 : exponentielle de l'indice de Shannon, D2 : inverse de l'indice de Simpson)

La richesse estimée des échantillons correspond-elle à la richesse réelle ?

Si les courbes de raréfaction des quatre types d'échantillons (**Figure 31**) commencent à se stabiliser avec l'augmentation de la profondeur de séquençage, elles n'atteignent pas pour autant une asymptote, si ce n'est pour quelques prélèvements tissulaires. Ces résultats pourraient laisser supposer un effort de séquençage insuffisant pour couvrir la diversité taxonomique présente dans les échantillons. Cependant, grâce aux courbes construites à partir des nombres de Hill (**Figure 32**), il est observé que lorsque moins de poids est accordé aux OTUs rares (indices D1 puis D2), le point d'inflexion est atteint pour chacun des échantillons ce qui indique que la profondeur de séquençage utilisée dans cette étude est vraisemblablement exhaustive. Ceci permet d'être convaincu que la richesse estimée approxime la richesse réelle d'espèces bactériennes présentes dans nos échantillons.

Ces courbes autorisent une première approximation de la diversité alpha, et soulignent une diversité (richesse spécifique) supérieure des échantillons en provenance du Bénin par rapport à la Belgique, RDC ou RCA (**Figure 32**). Ces résultats seront nuancés dans les paragraphes suivants.

Diversité alpha

Le nombre de *reads* total obtenues à partir de l'ensemble des données de l'étude reflète un rendement de séquençage élevé. En effet, malgré le fait que 49 % des lectures aient été filtrées après traitement bio-informatique (OBITOOLS + metabar), le nombre moyen de lectures par échantillon était de **59 594** [6118 – 147 662] ce qui se situe dans l'intervalle attendu au regard des études similaires (par exemple 83,088 lectures/échantillon $\pm$ 33,177 ; Maillet et al. 2021). Le nombre d'OTUs était quant à lui largement supérieur à ce qui est généralement rapporté ([228 - 543] ; Koringa et al. 2019) avec une moyenne de **574** [11 – 1763] OTUs identifiés par échantillon.

La grande variabilité du nombre de lectures et d'OTUs observée parmi les échantillons reflète l'hétérogénéité des types d'échantillons et de leur mode de préservation (**Figure 33**), elle-même due à la nécessité pour les deux équipes de recherche (France, Belgique) d'adapter leurs stratégies d'échantillonnage à des impératifs temporels. L'analyse de la diversité alpha des échantillons permet de rendre compte de ces variations.

En effet, la variation de l'indice de Shannon selon le type d'échantillon est clairement représentée **Figure 33** (**Tableau 12** : test de Kruskal-Wallis ; $p < 0,0001$). Les écouvillons rectaux, suivis des écouvillons oraux et des échantillons fécaux, présentent les scores de diversité les plus élevés. Comparativement, les échantillons tissulaires et les tiques constituent des matériaux moins optimaux. Le test bilatéral de Wilcoxon n'a pas permis d'identifier de différences significatives ($p > 0,05$) entre les écouvillons oraux et les fèces, et entre les échantillons tissulaires et les tiques (**Annexe 23**). La variation du nombre d'OTUs selon le mode de préservation semble aussi indiquer un effet positif significatif du milieu de conservation Norgen (**Tableau 12** : test de Kruskal-Wallis ; $p < 0,0001$; test de Wilcoxon : $p < 0,01$) par rapport aux autres conservateurs (**Annexe 24**). Cependant il est à souligner l'effet confondu de plusieurs variables, en effet les autres modes de conservation (éthanol, congélation, RNeasy) ont principalement été appliqués aux échantillons tissulaires combinant

une diversité alpha plus faible. La confusion de plusieurs variables (**Tableau 13**) ne permet donc pas d'évaluer celle responsable d'une diversité en OTUs plus ou moins importante au sein des échantillons, le schéma de l'étude n'étant pas optimisé pour cette comparaison. De la même manière, la variation observée entre les pays d'origine des échantillons (test de Kruskal-Wallis ; $p < 0,0001$), le Bénin présentant le plus grand nombre d'OTUs (**Figure 34**, test de Wilcoxon ; $p < 0,05$), peut s'expliquer à la fois par le type de prélèvement effectué (écouvillon), le mode de préservation (Norgen) ainsi que le nombre d'échantillons représentés (197 des 282 échantillons totaux). Similairement, la faible diversité en OTUs de l'ordre des primates (**Annexe 23**), uniquement représentés par des échantillons tissulaires, peut ainsi être en réalité la conséquence du type de prélèvement plutôt que d'une faible diversité bactérienne.

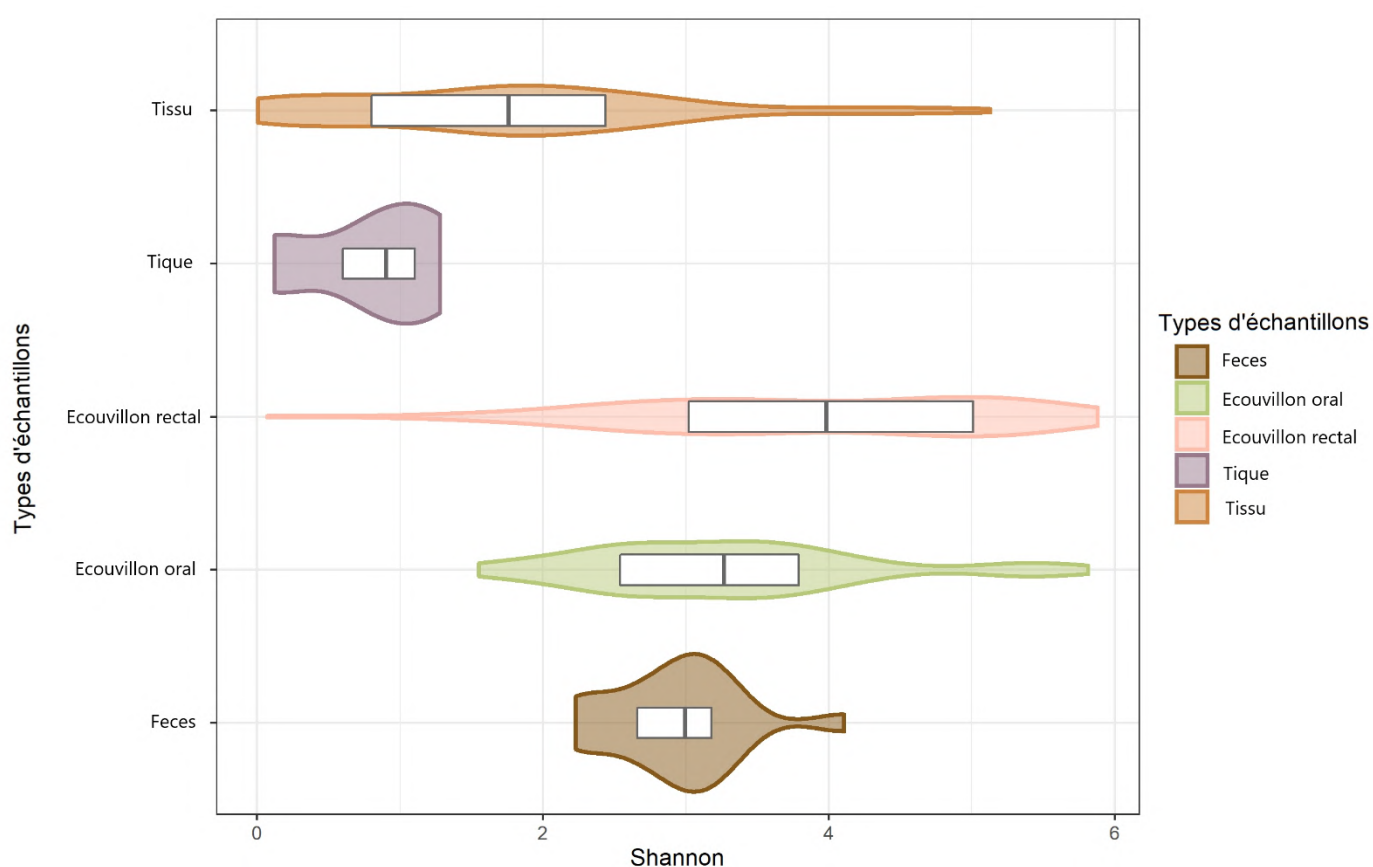


Figure 33 : Représentation des indices de Shannon en fonction du type d'échantillon. La dispersion des indices est modélisée par l'aire en couleur, la médiane ainsi que l'écart inter-quartile sont représentés par les box-plots.

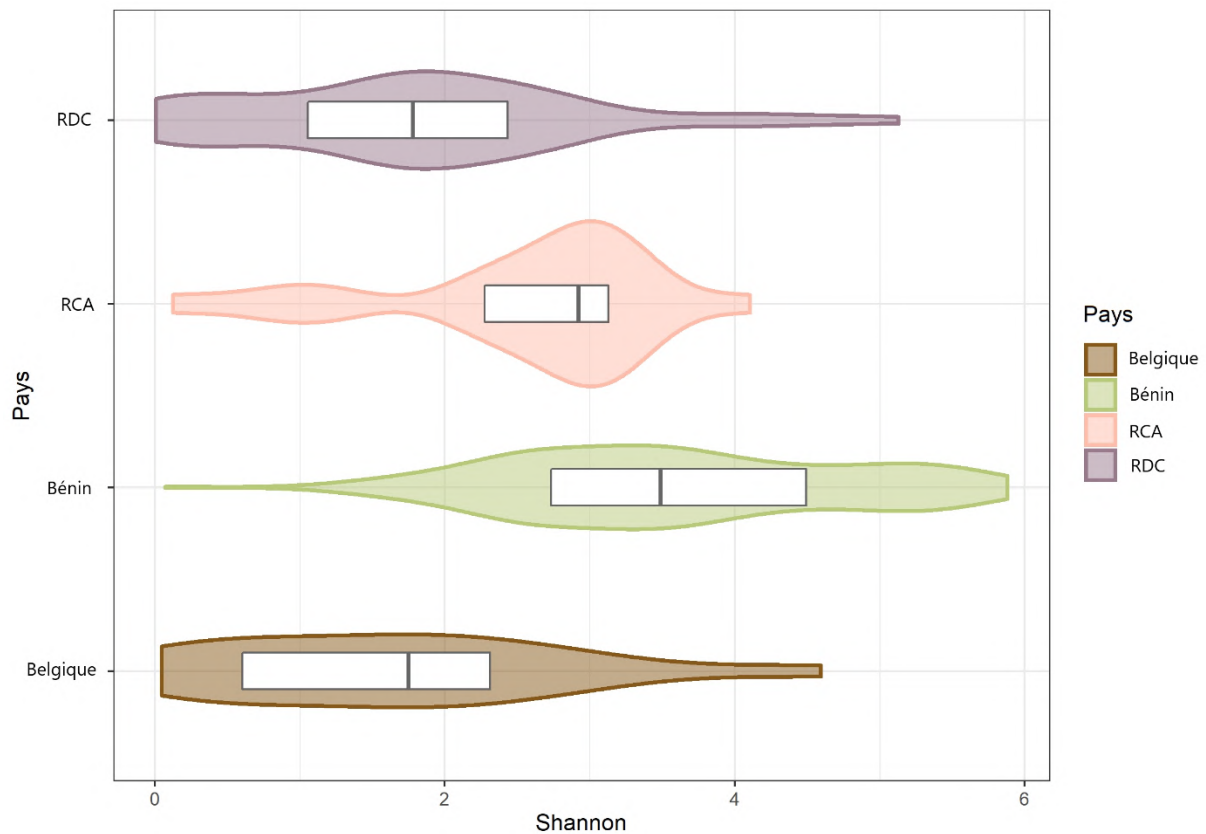


Figure 34 : Représentation des indices de Shannon en fonction du pays de provenance des échantillons. La dispersion des indices est modélisée par l'aire en couleur, la médiane ainsi que l'écart inter-quartile sont représentés par les box-plots.

Tableau 12 : Moyenne des indices de Shannon pour chacun des niveaux des différentes variables explicatives (pays, type d'échantillons, mode de préservation, ordre taxonomique des mammifères) et p-valeur des tests de Kruskal-Wallis associés

Diversité alpha	Test statistique	p-valeur	Bénin	Belgique	DRC	RCA
Indice de Shannon	Kruskal-Wallis	P < 0.0001	3,6 ± 1,17	1,66 ± 1,24	1,78 ± 1,16	2,54 ± 0,976

Diversité alpha	Test statistique	p-valeur	Ecouvillon oral	Ecouvillon rectal	Tissu	Fèces	Tique
Indice de Shannon	Kruskal-Wallis	P < 0.0001	3,28 ± 0,984	3,90 ± 1,25	1,75 ± 1,17	2,94 ± 0,463	0,801 ± 0,5

Diversité alpha	Test statistique	p-valeur	Norgen	Ethanol	RNA Later	Congelé
Indice de Shannon	Kruskal-Wallis	P < 0.0001	3,6 ± 1,17	2,01 ± 1,15	2 ± 1,37	1,66 ± 1,24

	Afrosoricida	Artiodactyla	Carnivora	Hyracoidea	Lagomorpha	Lipotyphla	Macroscelidea	Pholidota	Primates	Rodentia
Indice de Shannon p < 0.0001	1,52	3,1 ± 1,75	3,06 ± 0,9	3,36 ± 0,697	3,52 ± 1,35	2,46 ± 0,587	0,615	2,58 ± 0,959	1,60 ± 1,18	3,49 ± 1,32

Tableau 13 : Méta-données associées aux échantillons de l'étude et effets confondus (vert)

Pays	Bénin	DRC		RCA		Belgique
Type de prélèvement	Ecouvillon oral - rectal	Tissu		Fèces		Tissu
Mode de préservation	Norgen	RNA Later	Ethanol	RNA Later	Ethanol	Congelé
Ordres de Mammifères (nombre d'échantillons)	Artiodactyla (23), Carnivora (36), Hyracoidea (18), Lagomorpha (24), Lipotyphla (3), Pholidota (4), Rodentia (89)	Afrosoricida (1), Artiodactyla (23), Carnivora (2), Macroselidea (1), <u>Primates</u> (18), Rodentia (4)		Pholidota (21)		Artiodactyla (9), Rodentia (3), <u>Primates</u> (3)

Afin d'effectivement comparer la diversité microbienne au sein de chacun des ordres de mammifères et d'éliminer les différents biais précédemment cités, une comparaison des indices de Shannon au sein des échantillons du Bénin a été conduite (mêmes types d'échantillons, mêmes modes de préservation) (**Figure 35**). L'indice de diversité des artiodactyles était significativement supérieur à celui des carnivores, rongeurs et des hyracoïdes (test de Wilcoxon ; $p < 0,05$), la faible taille des échantillons des pholidotes et des lipotyphles peut expliquer la non-significativité de leur comparaison aux artiodactyles. Parmi les ordres représentés par un nombre suffisant d'échantillons, les lagomorphes présentent un indice de diversité le plus proche de celui des artiodactyles. Les hyracoïdes, peu mentionnés dans la littérature, présentent quant à eux une diversité bactérienne similaire à celle des carnivores et des rongeurs dont la charge microbienne est quant à elle bien étudiée et largement établie (B. A. Han et al. 2021) (Bastiaan G Meerburg et Kijlstra 2007).

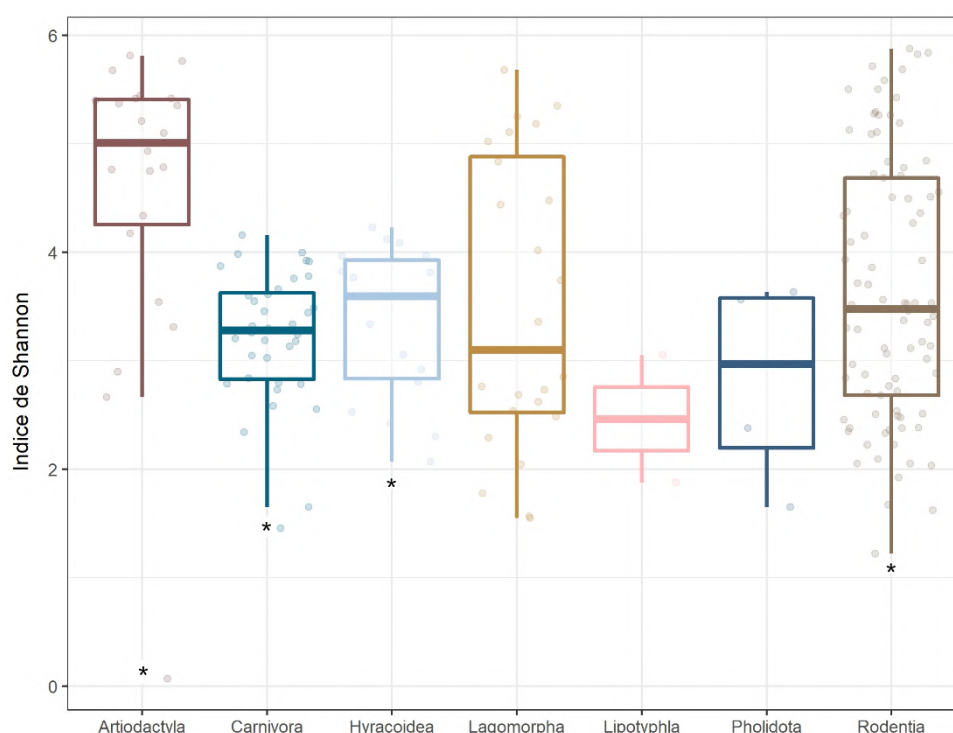


Figure 35 : Diversité alpha, évaluée par l'indice de Shannon, des échantillons du Bénin en fonction de l'ordre taxonomique des mammifères, la médiane ainsi que l'écart inter-quartile sont représentés par les box-plots. (* : différence significative selon test de Wilcoxon, $p < 0,05$)

Afin d'évaluer l'influence du temps depuis l'abattage sur la diversité microbienne, il a été comparé les indices de Shannon des échantillons béninois (seuls échantillons disposant de cette information) en fonction des groupes : mort < 1h, mort [1-8h], mort [8-12h], mort > 12h. Aucune différence significative n'a été objectivée entre les groupes (test de Kruskal-Wallis ; $p = 0,35$) (**Annexe 23**).

Diversité beta

Tableau 14 : Résultats des tests Permanova et Permdisp

Diversité beta	Test statistique	Pays	Type échantillon	Mode de préservation	Ordre de mammifère
Matrice de Bray-Curtis	PERMANOVA	$P < 0,001$	$P < 0,001$	$P < 0,001$	$P < 0,001$
Matrice de Bray-Curtis	PERMDISP	$P < 0,001$	$P < 0,001$	$P < 0,001$	$P < 0,001$
Conclusion		Variances non homogènes $\Leftrightarrow$ différence de <u>distribution</u> et/ou moyenne			

La diversité beta, évaluée par un test Permanova à partir de la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis, était significativement différente pour chacune des variables suivantes ($p < 0,001$) : pays d'origine des échantillons, type d'échantillon, mode de préservation et ordre taxonomique des mammifères étudiés (**Tableau 14**). Cependant l'analyse des variances des différents groupes a permis de souligner leur hétérogénéité (Permdisp ; $p < 0,001$), de ce fait il est impossible de savoir si c'est la dispersion seule ou si ce sont à la fois la dispersion et les différences de centroïde qui affectent les résultats du test Permanova. Cet effet dispersion s'explique en grande partie par la forte inégalité de taille des différents groupes (par exemple Bénin = 195 échantillons, contre 15 pour la Belgique ; de la même manière le groupe Afrosoricida n'est représenté que par un seul échantillon contre 96 pour les rongeurs).

Les graphiques d'ordination NMDS des valeurs de dissimilarité de Bray-Curtis ont révélé des patterns de regroupement identifiables en fonction des types de prélèvement, et du pays d'origine de prélèvement des échantillons (relevant certainement de l'effet confondu du type de prélèvement et de leur mode de conservation). Une plus grande proximité des échantillons sur le graphique s'interprète en une plus grande similarité de composition microbienne. Ainsi la **Figure 36** permet d'illustrer le clustering franc des compositions microbiennes en fonction du type d'échantillon, avec notamment la superposition des échantillons fécaux sur la répartition des écouvillons rectaux soulignant, de façon logique, une proximité de flore. Si les échantillons tissulaires recoupent pour partie les autres types d'échantillons notamment fécaux (possible contamination fécale de la viande), ils présentent aussi une diversité distincte qui peut être révélatrice d'une prolifération microbienne post-mortem spécifique et de contaminations croisées au cours de la préservation de la viande.

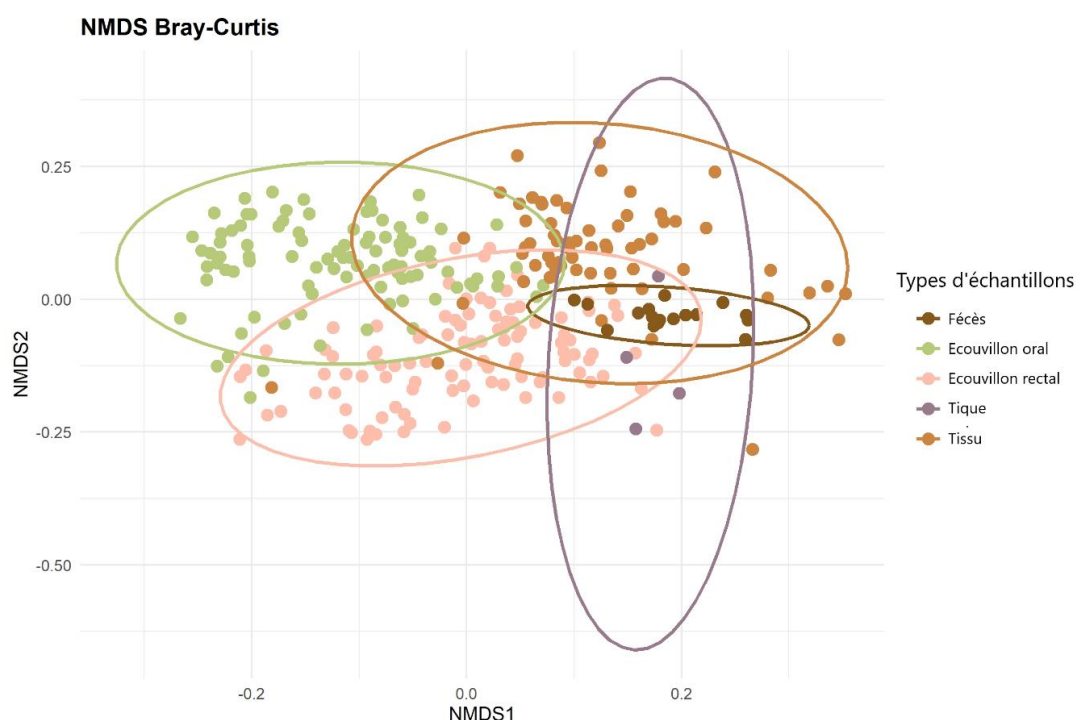


Figure 36 : Graphique d'ordination NMDS à partir de la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis en fonction du type d'échantillons. Les ellipses suivent une loi normale.

Les résultats de la **Figure 37** tendent à isoler le Bénin des autres pays de provenance des échantillons, cependant la dispersion des échantillons est clairement identifiable au sein de ce groupe, avec une partie des échantillons se superposant à ceux des autres pays. Les graphiques d'ordination ne permettent pas d'identifier clairement des proximités intergroupes pour les variables : mode de préservation, ordre de mammifère, et durée depuis abattage (**Annexe 25**).

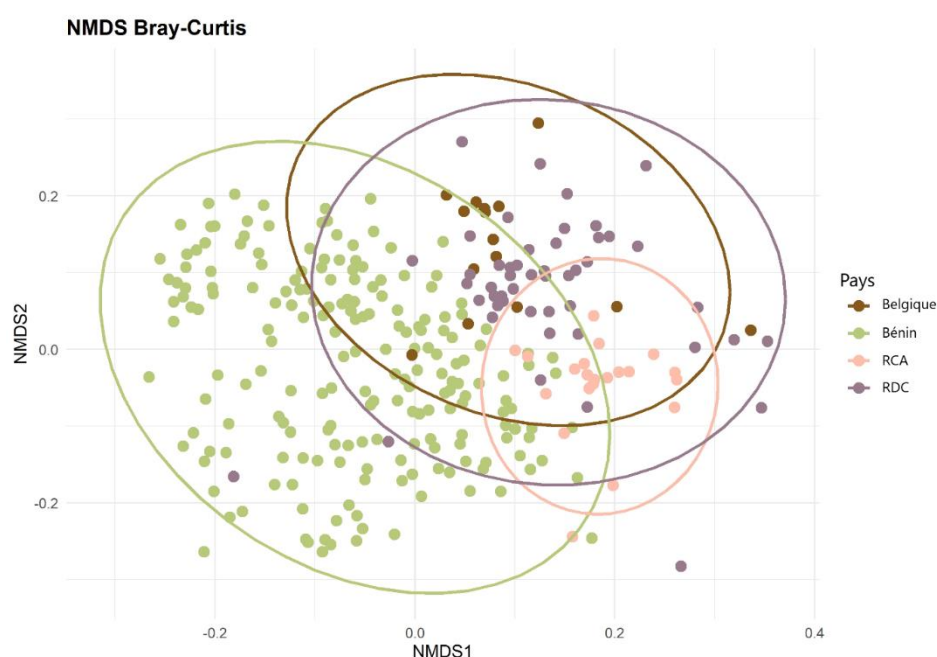


Figure 37 : Graphique d'ordination NMDS à partir de la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis en fonction du pays d'origine des prélèvements. Les ellipses suivent une loi normale.

Composition taxonomique

Un total de 46 phyla bactériens ont été identifiés au sein des échantillons dont 6 avec une abondance relative supérieure à 1% dans l'ensemble des données : Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidota, Actinobacteriota, Fusobacteriota, Campylobacterota (**Annexe 26**), les Firmicutes et les Bacteroidota représentant environ 74% du nombre total des OTUs. Si les six taxa précédemment cités sont majoritairement représentés, leur prévalence varie au sein des différents ordres de mammifères (**Figure 38**). Il peut notamment être souligné la forte abondance du phylum Fusobacteriota au sein des carnivores, ainsi que celle de Cyanobacteria parmi les artiodactyles et les primates. Les artiodactyles présentent la plus grande diversité de phylums représentés.

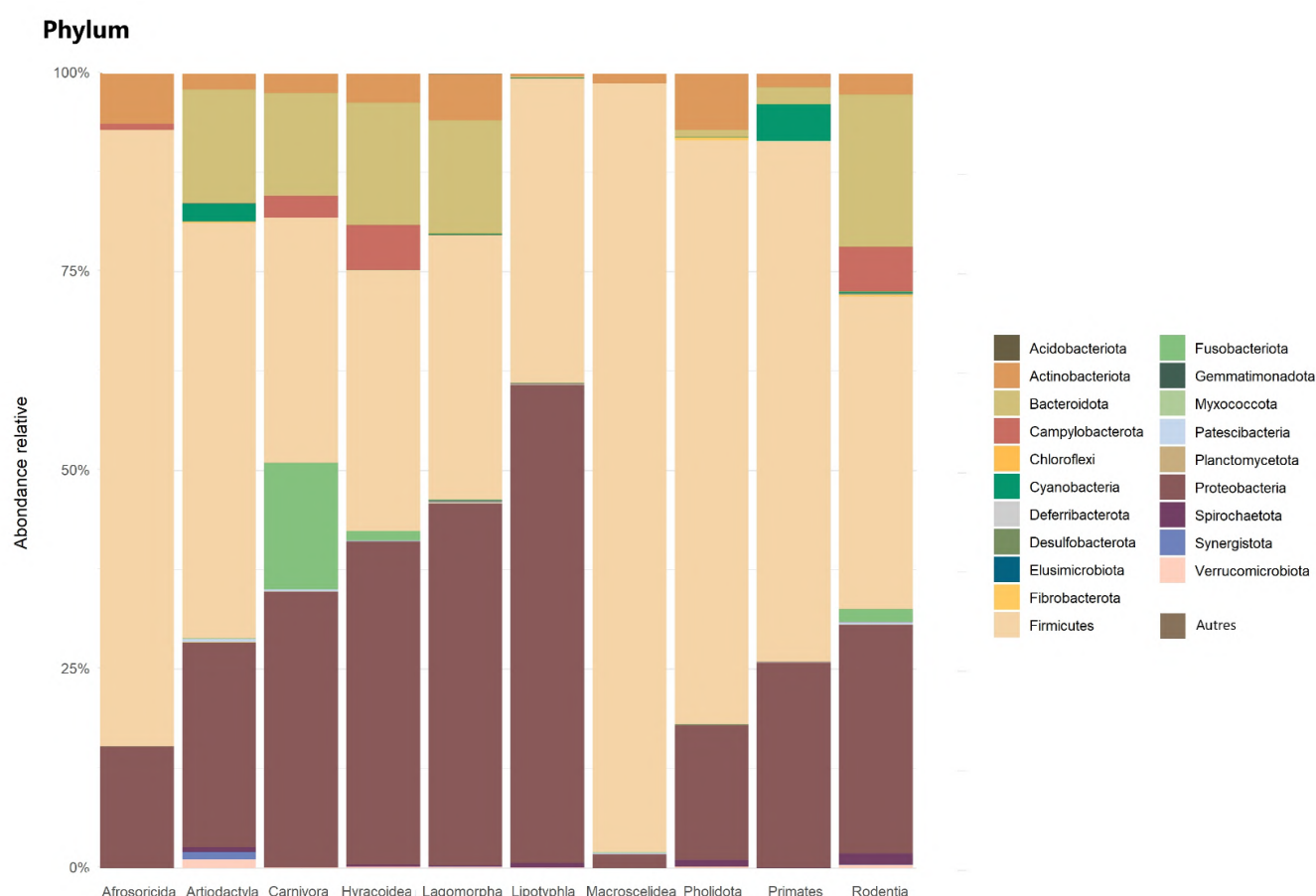


Figure 38 : Abondance relative des différents phyla en fonction de l'ordre taxonomique des mammifères (seuls les 20 phyla les plus abondants au sein de l'ensemble des données ont été nommés individuellement, les taxa de faible abondance ont été regroupés dans la catégorie "Autres")

Un total de 117 classes bactériennes a été identifié au sein des échantillons, 61% des OTUs étant représentées par Clostridia et Bacteroidia tandis qu'en terme d'abondance Gammaproteobacteria, Clostridia et Bacilli constituent près de 73% du total des lectures. Parmi les 273 ordres bactériens décrits dans nos données, Enterobacterales est le plus abondant (19,5%), suivi de Bacteroidales (12,1%) et Lactobacillales (10,8%) ; les Bacteroidales et les Lactospirales constituent la plus grande diversité d'OTUs couvrant près de 44% des OTUs identifiés. Un total de 468 familles bactériennes a été relevé, les Pasteurellaceae,

Lachnospiraceae, Enterobacteriaceae contribuant à environ 25% de l'abondance totale des lectures.

1541 genres bactériens ont été isolés dans le cadre de cette étude, parmi eux 26 présentaient une abondance totale de plus de 1% au sein du jeu de données (**Annexe 27**) avec notamment : *Enterococcus*, *Haemophilus*, *Clostridium*, *Escherichia-Shigella*, *Paeniclostridium*, *Streptococcus*, *Actinobacillus*, *Bacteroides* présents à plus de 3%. Six genres bactériens contribuent à hauteur de 20% des OTUs identifiés : *Bacteroides*, *Lachnospiraceae* NK4A136 group, *Prevotella*, *Streptococcus*, *Lachnospiraceae* UCG-008 et *Escherichia-Shigella*.

Inhérent aux différentes flores bactériennes, il existe de fortes variations de compositions taxonomiques en fonction du type d'échantillon étudié (**Figure 39** ; **Annexe 28**).

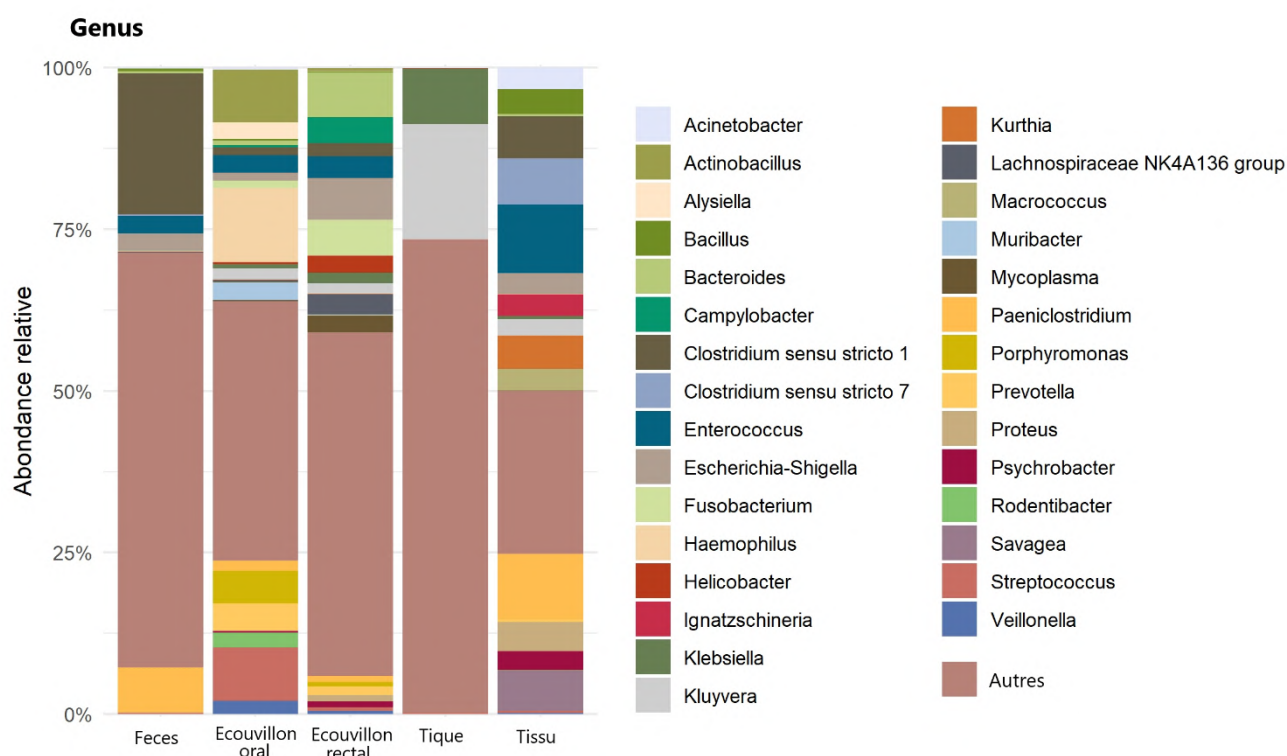


Figure 39 : Abondance relative des différents genres bactériens en fonction du type d'échantillon (seuls les 30 genres les plus abondants au sein de l'ensemble des échantillons ont été nommés individuellement, les taxa de plus faible abondance ont été regroupés dans la catégorie "Autres")

Les échantillons rectaux présentent une forte abondance de bactéries appartenant au microbiote intestinal tels que : *Escherichia-Shigella* (6,7%), *Campylobacter* (4,4%), *Enterococcus* (3,7%), *Helicobacter* (2,7%), ou *Clostridium* (2%), de même pour les fèces dont l'abondance totale en *Clostridium* atteint les 22% suivi d'*Enterococcus* (2,6%) et d'*Escherichia-Shigella* (2,4%). Les écouvillons oraux sont quant à eux majoritairement représentés par *Haemophilus* (12,8%), *Actinobacillus* (8,6%), et *Streptococcus* (8,4%). Il existe une plus faible diversité taxonomique au sein des échantillons tissulaires, avec 741 genres représentés contre 1044 pour les écouvillons rectaux par exemple (en accord avec la comparaison des indices de diversité de Shannon), *Paeniclostridium* (13,4%), *Enterococcus* (10,7%) et *Clostridium* (13,7%) étant les plus abondants.

5 genres bactériens constituent 98,1% des lectures issues d'*Amblyomma compressum* (tique) (**Annexe 28**) : *Kocuria* (38%), *Rickettsia* (20,6%), *Kluyvera* (18%), *Francisella* (12,9%) et *Klebsiella* (8,6%).

Clustering hiérarchique des échantillons

Écouvillons oraux

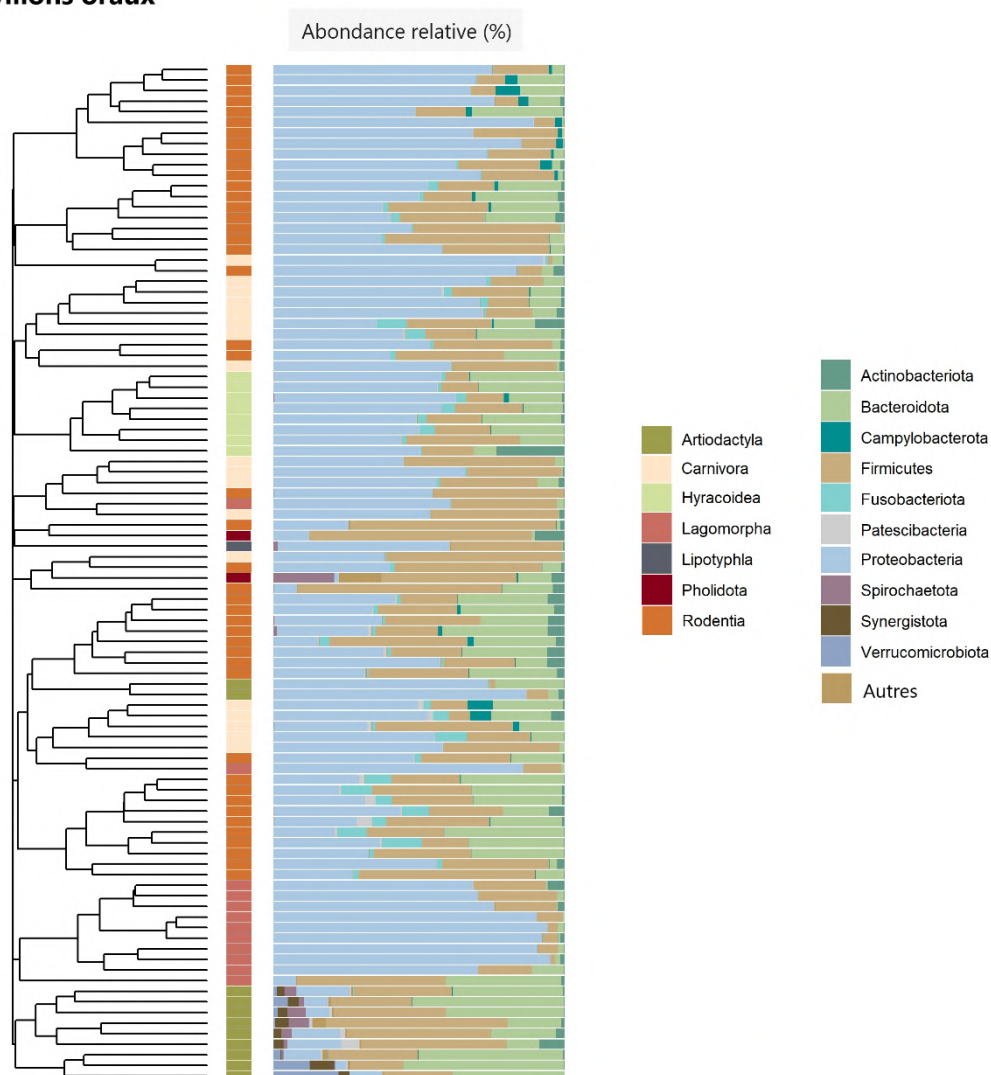


Figure 40 : Clustering hiérarchique des échantillons oraux (Bénin) basé sur l'abondance relative des différents phylums (seuls les 10 phylums les plus abondants au sein des écouvillons oraux ont été représentés, l'ordre taxonomique du mammifère dont est issu l'échantillon est renseigné)

Le clustering hiérarchique des échantillons permet d'identifier des proximités de flores bactériennes (ici, au rang du phylum) entre individus. Ainsi, la **Figure 40** permet de mettre en évidence l'influence directe de l'ordre taxonomique des mammifères sur la composition microbienne de la cavité buccale des individus échantillonnés. En effet, il peut être noté que les artiodactyles présentent une abondance moindre de Proteobacteria, contre une forte proportion

de Bacteroidota, et de Firmicutes, ainsi qu'une diversité variable en Synergistota, Spirochaetota et Verrucomicrobiota. A l'inverse, les lagomorphes présentent une flore orale largement dominée par les Proteobacteria et une prévalence minime de Bacteroidota. En termes de famille, cela se traduit par la prédominance des Pasteurellaceae et des Neisseriaceae chez les lagomorphes contre Prevotellaceae chez les artiodactyles (**Annexe 29**). Les carnivores et rongeurs ont un schéma intermédiaire, divisé entre Proteobacteria, Bacteroidota, et Firmicutes. Les hyracoïdes forment un clade distinct, proche des carnivores et des rongeurs, avec une composition bactérienne plutôt homogène entre les individus échantillonnés (un échantillon avec une proportion plus importante d'Actinobacteriota). Les pholidotes représentés par seulement deux échantillons diffèrent significativement, en effet ils témoignent d'une forte prévalence en Firmicutes, dont la famille des Lactobacillaceae est largement représentée (**Annexe 29**), l'un des échantillons est en plus constitué de Spirochaetota et d'« Autres » phylums. Cette composition buccale spécifique peut s'expliquer par un régime alimentaire spécialisé (termitophage, myrmécophage). En effet, le microbiote intestinal des pangolins présente aussi une forte proportion de Lactobacillaceae (F. Zhang et al. 2021), dont le genre bactérien *Lactobacillus* semble intervenir dans la digestion de la chitine (Delsuc et al. 2014) constituant l'exosquelette des proies des pangolins.

Écouvillons fécaux

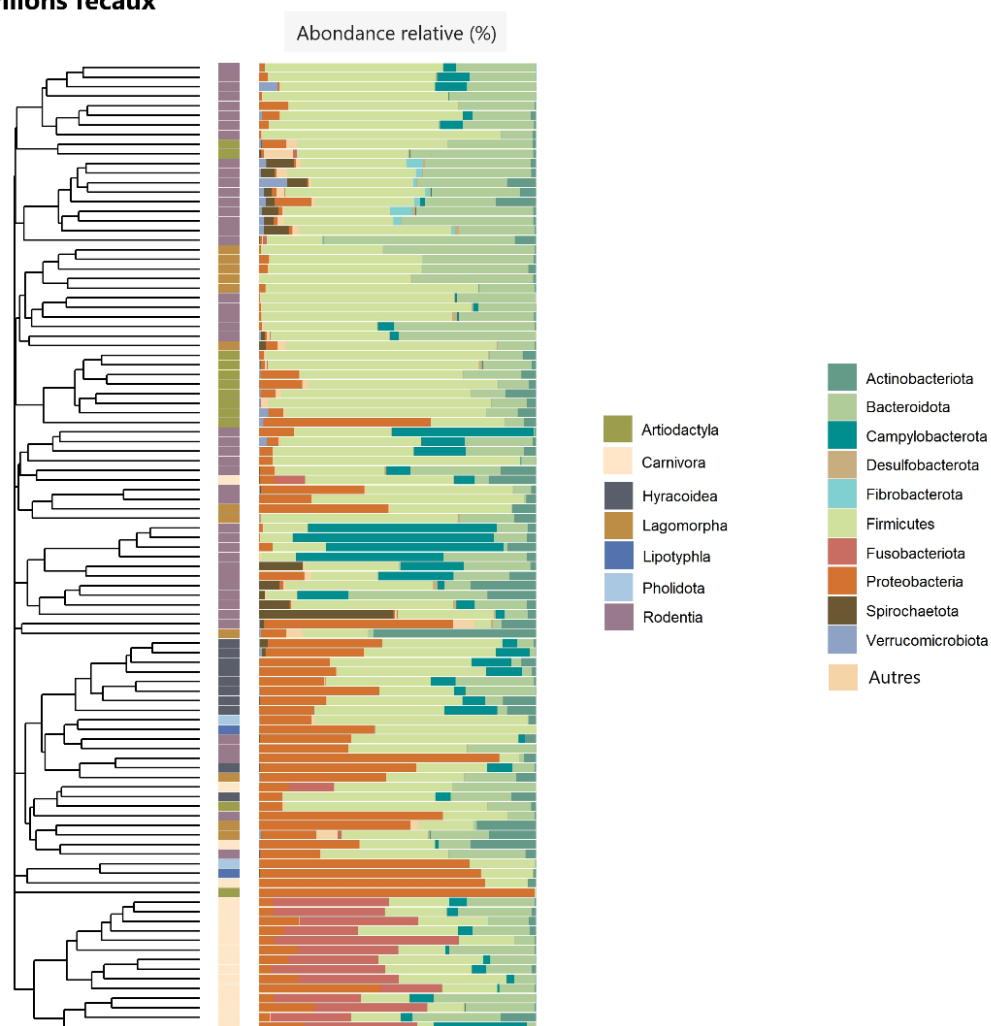


Figure 41 : Clustering hiérarchique des échantillons rectaux (Bénin) basé sur l'abondance relative des différents phylums (seuls les 10 phylums les plus abondants au sein des écouvillons rectaux ont été représentés)

Concernant les communautés bactériennes de la flore rectale, le clustering hiérarchique **Figure 41** fait une nouvelle fois apparaître un regroupement fonction de l'ordre de mammifères auquel appartiennent les échantillons. Le microbiome fécal des lagomorphes, rongeurs et artiodactyles est dominé par les phyla Firmicutes et Bacteroidetes, typiques de nombreux vertébrés (Ley et al. 2008). Tandis que les carnivores se distinguent nettement par la forte prévalence du phylum Fusobacteriota (genre *Fusobacterium*), en accord avec ce qui est décrit dans la littérature pour plusieurs espèces telles que le loup (H. Zhang et Chen 2010), le lynx ibérique (Alcaide et al. 2012), la civette africaine (Langkjaer et Storm 2018). Ces différences de composition du microbiome fécal peuvent être la traduction des différences physiologiques existantes entre les carnivores qui disposent d'un caecum peu développé, et les rongeurs, et lagomorphes chez lesquels il est très développé et permet d'assurer une digestion microbienne (fermenteurs post-gastriques) grâce à de nombreuses communautés bactériennes. Les ruminants, appartenant aux artiodactyles, dépendent aussi fortement de leur microbiote bactérien, essentiellement ruminal, pour la digestion des matières végétales grâce à la production d'enzymes cellulolytiques (fermenteurs pré-gastriques). A la fois le régime alimentaire (herbivore, omnivore, carnivore), ainsi que l'histoire évolutive des différentes espèces semblent ainsi d'expliquer la diversité du microbiome intestinal et fécal observée au sein des mammifères (Rojas et al. 2021) (Youngblut et al. 2019).

Les lagomorphes présentent une plus grande hétérogénéité de composition entre individus, et sont hiérarchiquement le plus proche des rongeurs. L'ordre des rongeurs se distingue par plusieurs schémas se superposant aux différentes espèces étudiées (*Xerus erythropus*, *Cricetomys gambianus*, *Arvicanthis niloticus*, *Heliosciurus gambianus*, *Thyonomys swinderianus*). En effet, le phylum Spirochaetota semble être spécifique de *Cricetomys gambianus* et *Thyonomys swinderianus* tandis que Campylobacterota est fortement abondant dans les échantillons de *Xerus erythropus* et *Cricetomys gambianus*. Le phylum Campylobacterota inclut notamment les genres *Campylobacter*, *Helicobacter* et *Arcobacter* (Waite, Chuvochina, et Hugenholtz 2019) dont l'implication pathogène chez l'homme a été démontré (**Tableau 11**). La flore rectale des hyracoïdes se caractérise par une forte proportion de Proteobacteria, aussi notée chez les pangolins, le hérisson à ventre blanc et quelques échantillons de rongeurs. Chez l'homme, l'abondance des Firmicutes et des Proteobacteria a été positivement associée à un régime riche en protéines animales, tandis que les Bacteroidota (identifié chez les rongeurs et lagomorphes en majorité) ont été trouvés positivement associés à un régime riche en fibres (De Filippo et al., 2010). Les Proteobacteria constituent le plus large et diversifié phylum du domaine Bacteria, avec plus de 1600 espèces bactériennes (Kersters et al. 2006), incluant notamment les genres *Escherichia*, *Salmonella*, *Vibrio*, *Yersinia*.

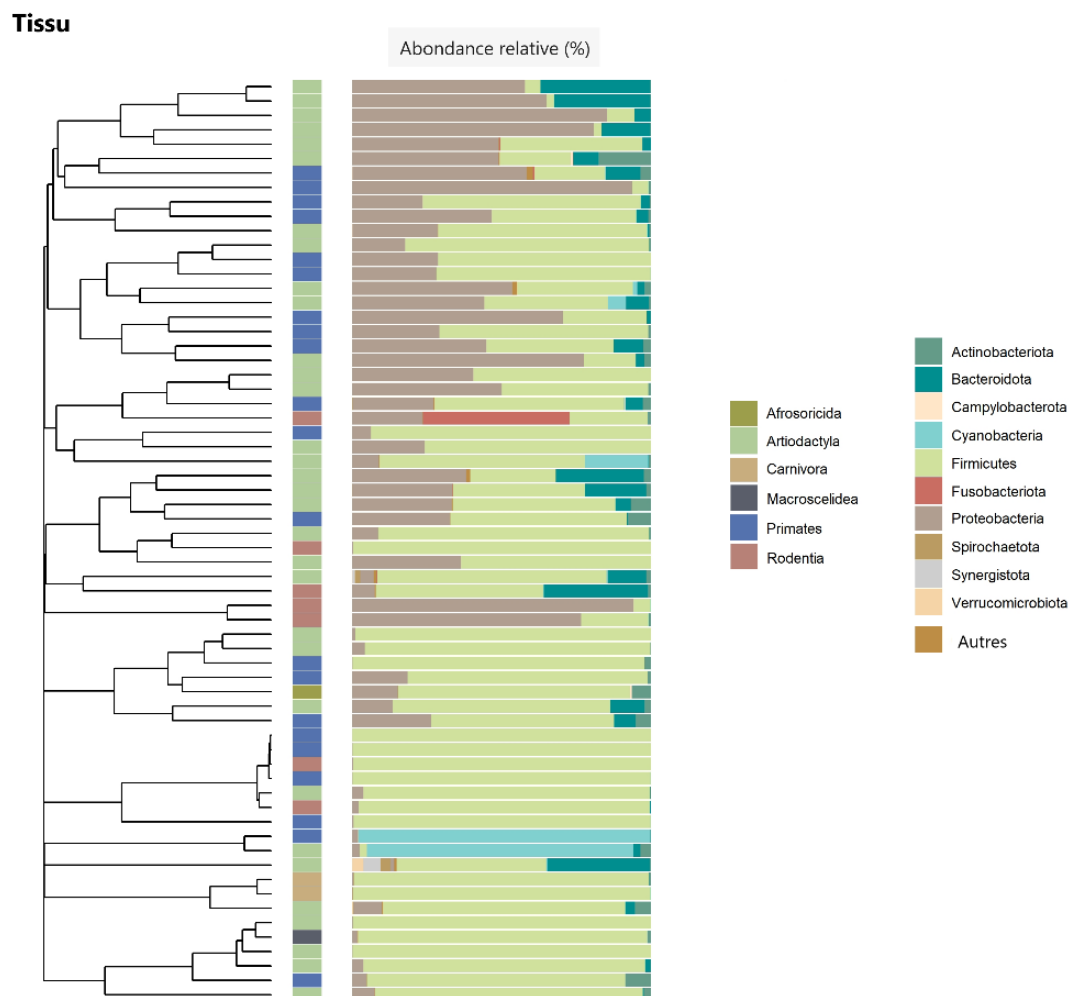


Figure 42 : Clustering hiérarchique des échantillons tissulaires (RDC, Belgique) basé sur l'abondance relative des différents phylums (seuls les 10 phylums les plus abondants au sein des échantillons tissulaires ont été représentés)

Au niveau tissulaire (**Figure 42**), les communautés bactériennes sont assez hétérogènes et ne permettent pas de regrouper les échantillons provenant des mêmes ordres de mammifères. Une proportion variable de Proteobacteria, Firmicutes et Bacteroidota peut être observée au sein des échantillons. Étant donné que les échantillons ont été collectés dans des conditions très différentes (marchés belges vs sites de la RDC, différents manipulateurs, différents types d'échantillons, ...), il est difficile d'estimer si ces communautés bactériennes reflètent réellement la flore endogène des hôtes ou la contamination environnementale ultérieure des tissus. La variabilité des tissus prélevés (organes, tissu musculaire), ainsi que les conditions de traitement et de préservation de la viande (transport, boucherie, stockage, transformation) peuvent profondément affecter le profil du microbiote de la viande. La forte abondance de Cyanobacteria, procaryotes photosynthétiques ubiquitaires, dans deux échantillons peut par exemple résulter de leur rinçage avec de l'eau riche en cyanobactéries ou de leur stockage à même le sol.

Identification des genres pathogènes

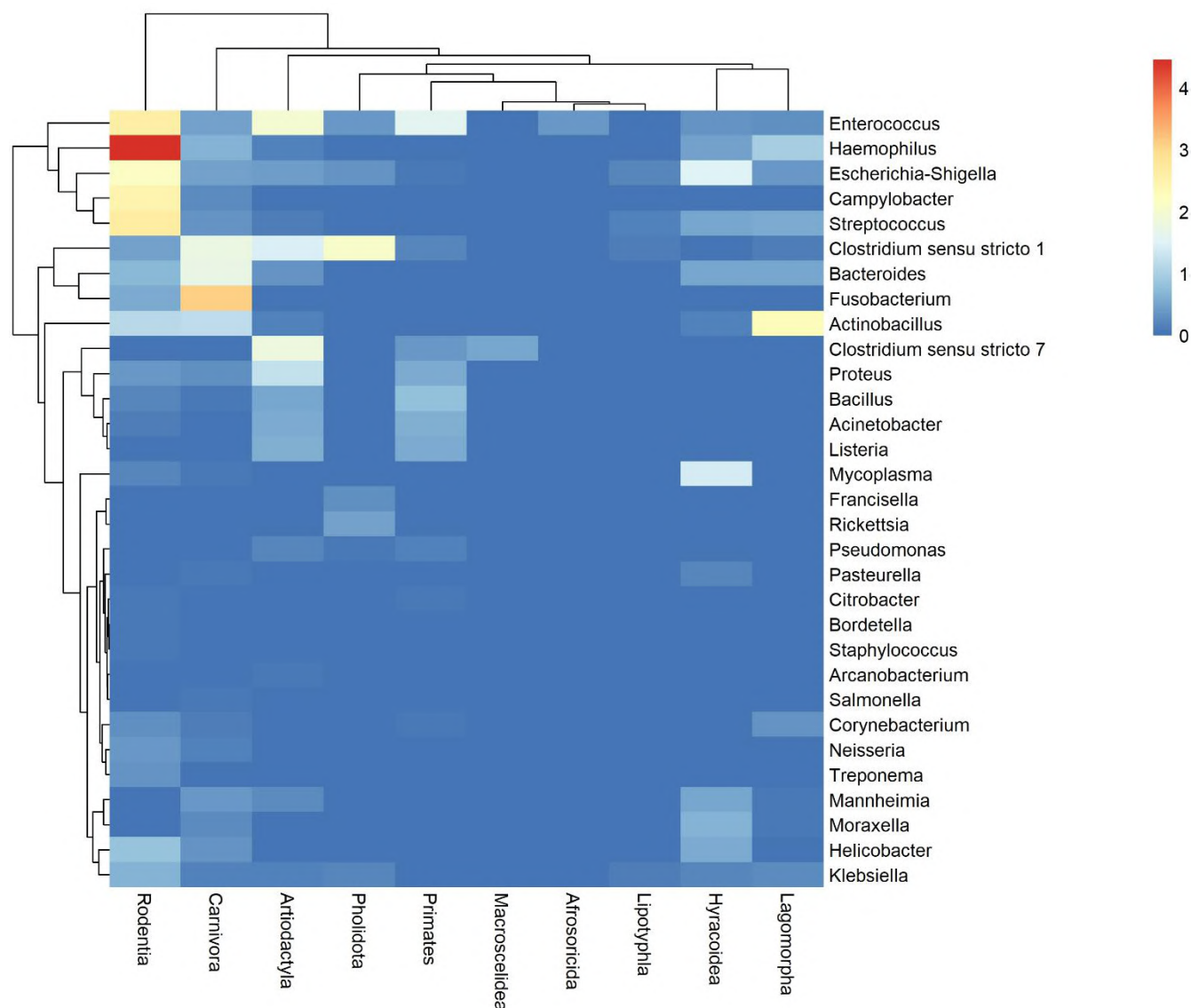
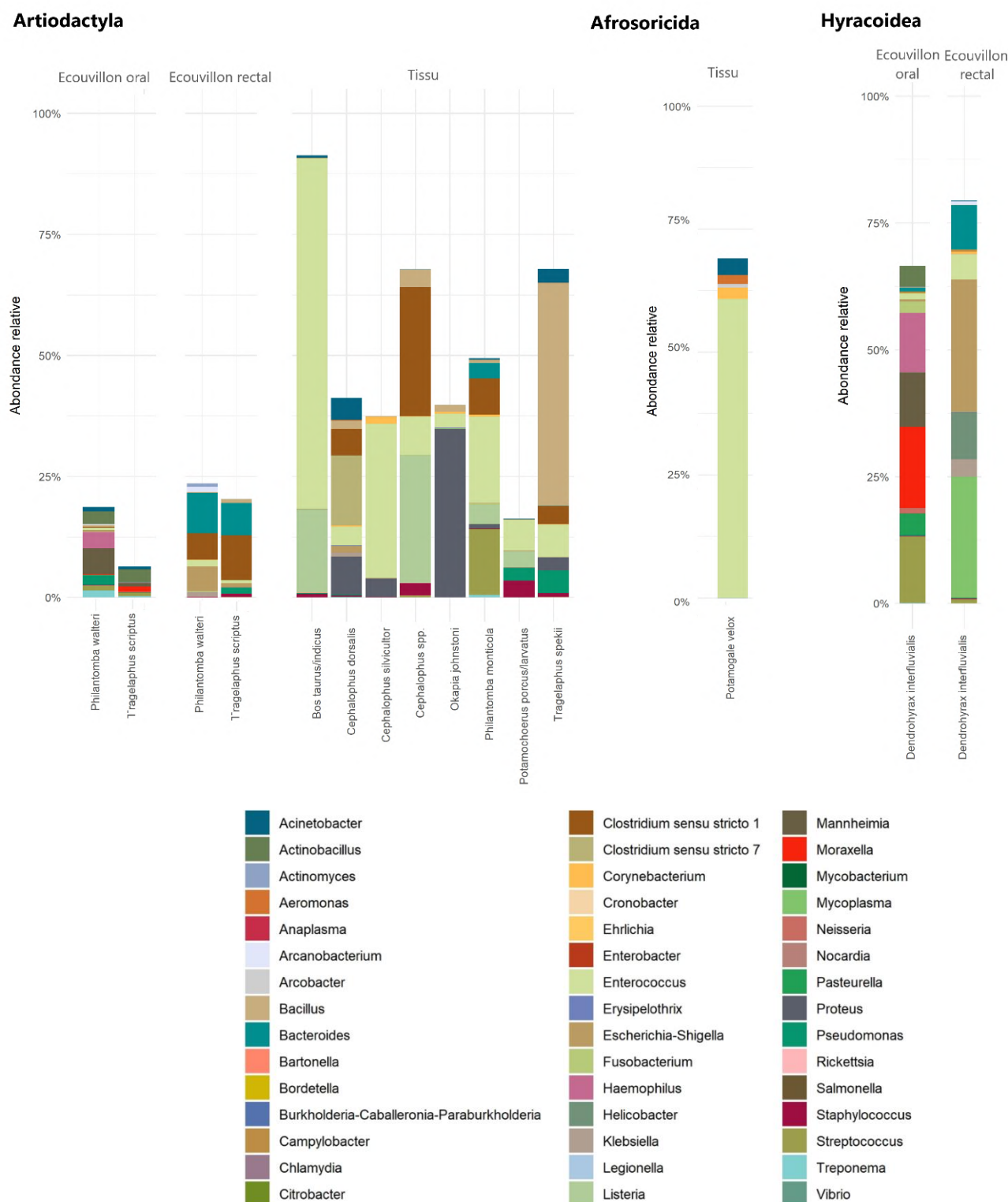


Figure 43 : Genres bactériens sélectionnés présents dans les échantillons. La « heatmap » représente l'abondance relative des genres bactériens potentiellement pathogènes pour l'homme listés **Tableau 11** en fonction des différents ordres de mammifères. Un clustering hiérarchique des ordres de mammifères basé sur l'abondance relative des différents genres bactériens a été réalisé.

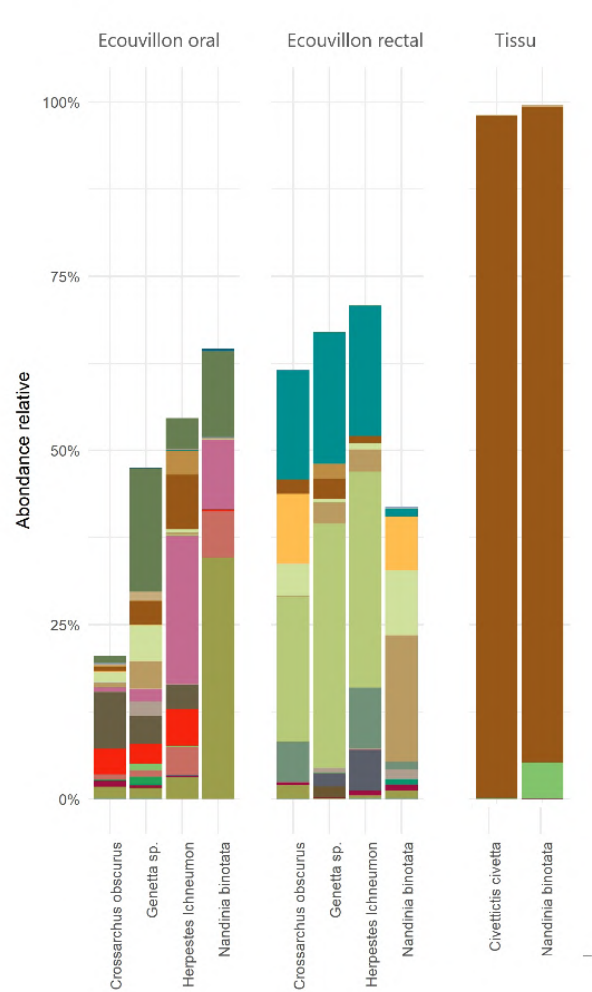
Un nombre total de **31 genres bactériens** incluant des espèces pathogènes pour l'homme ont été identifiés dans l'ensemble des données avec une abondance relative $> 1\%$ au sein des échantillons, représentant 5178 OTUs. Le genre *Clostridium* (12,7%) suivi d'*Enterococcus* (11,1%), *Haemophilus* (10%), *Escherichia-Shigella* (8,3%) et *Streptococcus* (7,2%) sont les plus abondants au sein des échantillons. En termes de diversité des OTUs, les principaux contributeurs sont *Bacteroides*, *Streptococcus*, *Clostridium sensu stricto 1*, *Escherichia-Shigella*, et *Staphylococcus* constituant environ 53 % des OTUs « pathogènes » identifiés.

La **Figure 43** permet de représenter l'abondance relative des différents genres bactériens identifiés comme potentiellement pathogènes pour l'homme pour chacun des ordres de mammifères étudiés. La composition détaillée par espèces de mammifères, en fonction du type d'échantillons est fournie **Figure 44**.

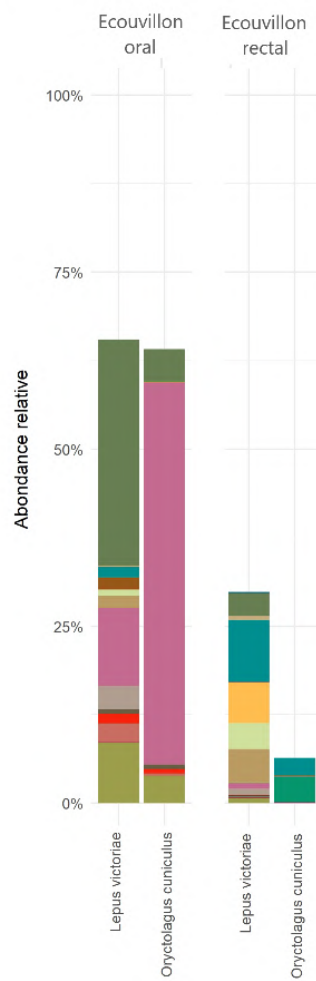
Figure 44 : Abondance relative de chacun des genres bactériens listés **Tableau 11** par espèces de mammifères étudiées pour chaque type d'échantillons.



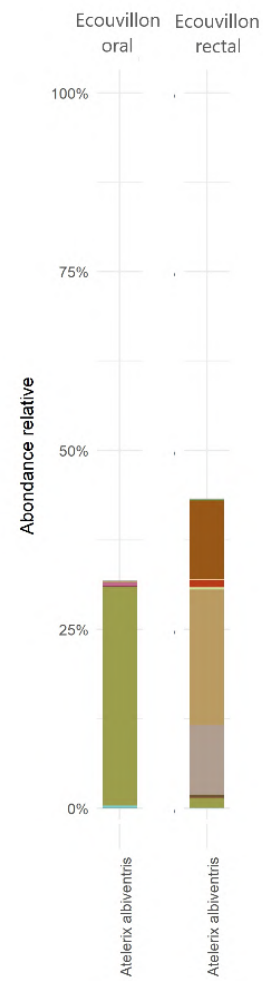
Carnivora



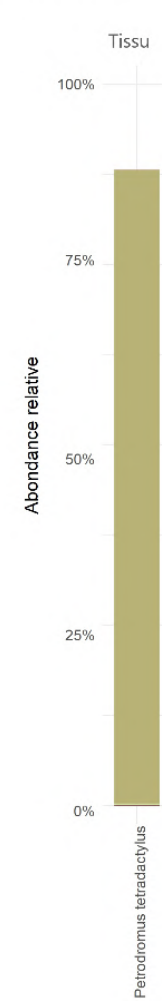
Lagomorpha



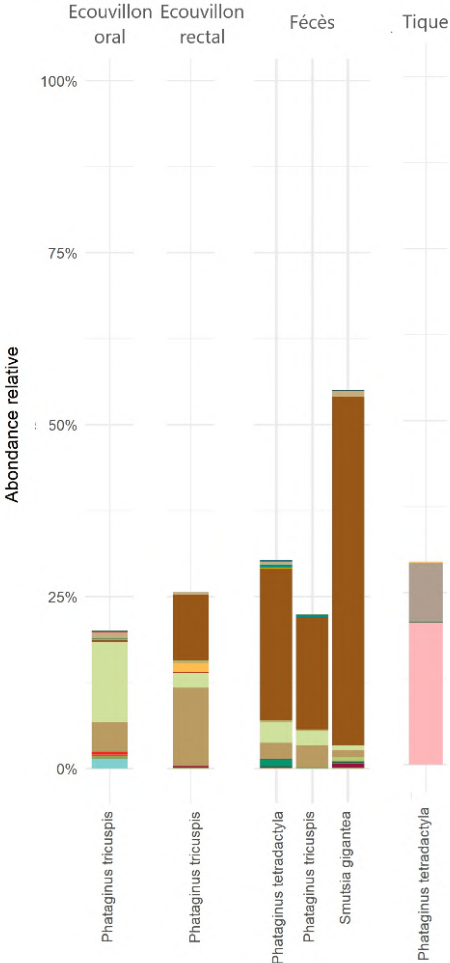
Lipotyphla



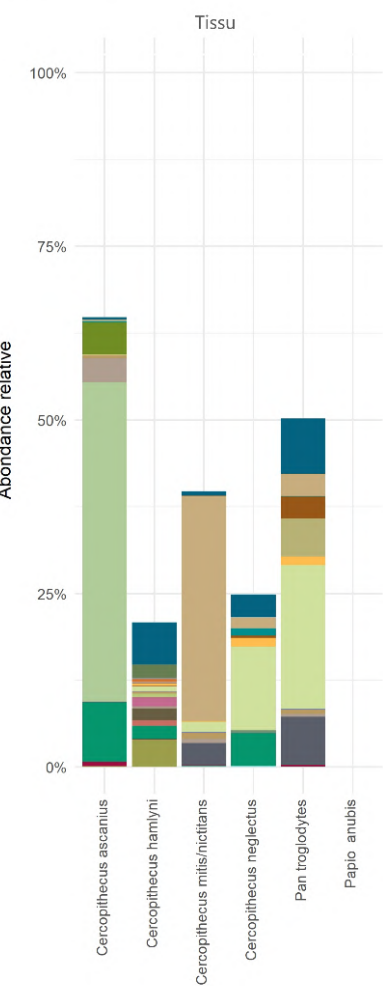
Macroscelidea



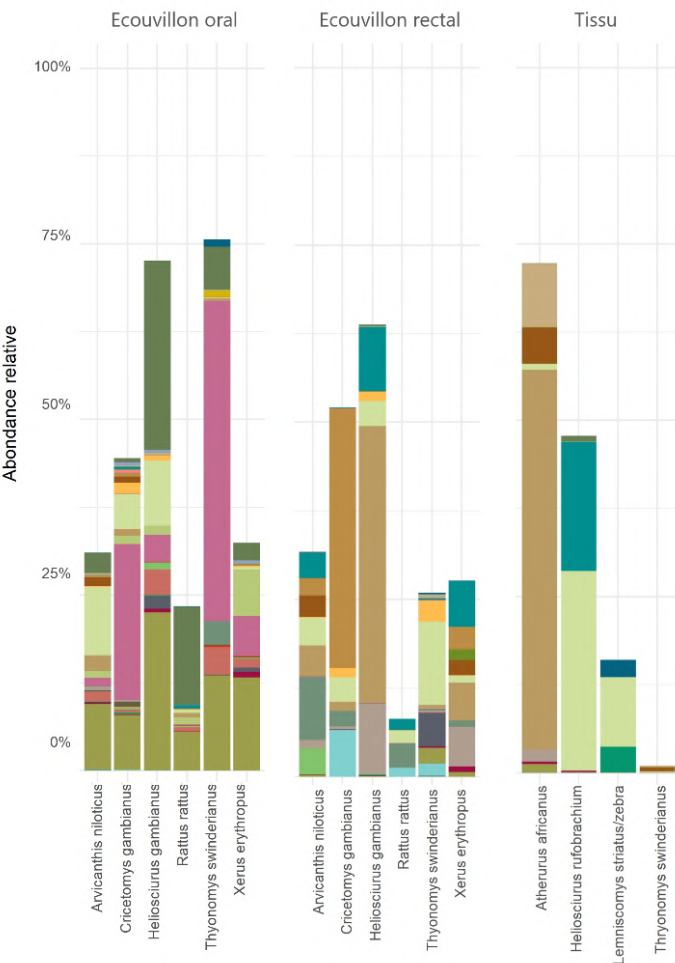
Pholidota



Primates



Rodentia



Afrosoricida

L'ordre Afrosoricida n'est représenté que par un seul échantillon tissulaire en provenance de la République Démocratique du Congo, ce dernier est composé à plus de 60% par des *reads* appartenant au genre *Enterococcus*. Les bactéries du genre *Enterococcus* sont considérées comme indicatrices de contamination d'origine fécale (Afssa 2009), les « entérocoques » participant à la composition des flores intestinales. Ces bactéries ubiquistes sont aussi présentes dans les eaux usées, dans le sol et sur les végétaux par suite de contaminations fécales (Dromigny 2011). Ainsi une telle prévalence au sein de l'échantillon tissulaire suggère des mauvaises conditions d'hygiène (transport, éviscération, stockage) ayant résultées en une contamination de la viande.

Artiodactyles

La prévalence des genres identifiés comme « pathogènes » est largement supérieure au sein des échantillons tissulaires par rapport à ceux oraux ou rectaux, en effet elle dépasse 60% pour 3 des espèces d'artiodactyles échantillonnées avec une abondance élevée des genres *Clostridium* (15,6%), *Enterococcus* (10,1%), *Proteus* (6,5%), *Acinetobacter* (3,1%), *Listeria* (3,2%) et *Bacillus* (2,8%). Le genre *Clostridium* regroupe à la fois des espèces non pathogènes pour l'homme telle que *Clostridium butyricum*, mais aussi des espèces sécrétrices de toxines telles que *Clostridium tetani* (agent du tétanos), *Clostridium botulinum* (agent du botulisme) et *Clostridium perfringens* (multiples infections alimentaires). L'homme se contamine soit par ingestion directe de toxines préformées dans l'aliment (*C. botulinum*) ou de cellules végétatives responsables de la production de toxines lors de leur sporulation (*C. perfringens*). La viande crue peut, par exemple, être contaminée par des spores de *C. perfringens* qui survivent en partie à la cuisson, l'environnement anaérobie créé par le chauffage va alors favoriser la germination des spores si le refroidissement de la viande n'est pas rapide. Un stockage à température ambiante après la cuisson permet aux cellules végétatives de se développer et de se multiplier (Bhunia 2007), ce qui augmente significativement le risque pathogène pour l'homme, la dose infectieuse étant estimée entre 10^7 et 10^9 UFC. S'il est avéré qu'il existe un portage asymptomatique de ces pathogènes dans la flore intestinale animale, ces bactéries sont aussi largement hydrotelluriques, ubiquistes et peuvent être introduites dans l'aliment par le biais de contaminations environnementales (Fosse 2004). Le genre *Proteus*, notamment *Proteus mirabilis*, est aussi impliqué dans des maladies d'origine alimentaire (gastro-entérite, maladie diarrhéique) et est à l'origine de la détérioration des aliments notamment la viande crue. En tant qu'agent pathogène opportuniste de l'homme, *Proteus* est présent dans le tractus gastro-intestinal, la peau et la muqueuse buccale des humains et des animaux, ainsi que dans les matières fécales, le sol, l'eau et les plantes. Ainsi, la détection de *Proteus* spp. dans cette étude révèle que les aliments concernés (ici notamment les échantillons tissulaires d'*Okapia johnstoni*, et *Cephalus dorsalis*) ont été préparés dans des conditions peu hygiéniques (Y. Wang et Pan 2014). Une forte abondance du genre *Bacillus* a été noté au sein des échantillons tissulaires de *Tragelaphus spekii* (Sitatunga), or s'il n'est pas rapporté dans la littérature de cas de fièvre charbonneuse (*Bacillus anthracis*) dans cette espèce, le grand koudou (*Tragelaphus strepsiceros*) a été identifié comme l'hôte le plus important de la maladie dans les savanes de l'Afrique du Sud et du Zimbabwe (Mukarati et al. 2020) laissant supposer un portage possible chez le Sitatunga. Le risque de contamination humaine est d'autant plus important lors du

ramassage de carcasses trouvées en forêt qui ne permet pas de juger de la santé de l'animal ante-mortem. Au regard de la sévérité de la maladie, la détection du genre *Bacillus* dans cette espèce ne doit donc pas être négligée, même si elle pourrait tout autant être associée à la présence d'espèces ubiquistes telluriques non pathogènes. Parmi le genre *Listeria*, *Listeria monocytogenes* est responsable de la listériose humaine qui est l'une des infections d'origine alimentaire les plus graves avec une létalité de près de 30% (Dromigny 2011). Cette bactérie saprophyte peut être hébergée de manière asymptomatique chez les artiodactyles (bovins, ovins, caprins, suidés) (Fosse 2004), et a été isolée à la fois dans l'eau et le sol (Magalhães et al. 2014). Ainsi il est difficile de savoir si la contamination des échantillons de *Bos taurus* et *Cephalophus* spp. par *Listeria* résulte d'une contamination par la flore intestinale de l'hôte ou de l'environnement. Etant donné la faible prévalence de *Listeria* dans les écouvillons rectaux des artiodactyles de l'étude, il peut être supposé une contamination majoritairement externe.

Même si, comme précédemment explicité Chapitre I – Partie 1, le stress pré-abattage peut être par exemple responsable d'une augmentation de la translocation bactérienne des intestins vers les tissus musculaires, il semble plus probable au regard des niveaux de contamination des tissus et du type de flore représenté que les différentes espèces bactériennes identifiées soient le résultat de mauvaises pratiques d'hygiène (accident d'éviscération, mains des manipulateurs contaminées) et aient été massivement transférées de l'environnement à la viande au cours des processus de production.

Au sein des écouvillons oraux, les genres *Mannheimia* (4,6%), *Haemophilus* (2,8%) et *Actinobacillus* (2,9%) ont principalement été identifiés, tandis que la flore rectale est dominée par *Bacteroides* (9,1%), *Clostridium* (7,3%) et *Escherichia-Shigella* (4,6%). L'excrétion fécale de clostridies chez ces animaux peut ainsi être responsable de la contamination des échantillons tissulaires au cours de mauvaises pratiques de préparation de la viande (accident d'éviscération, souillures fécales, etc...).

Etant donné le peu d'informations disponibles sur les communautés bactériennes orales et fécales de la faune sauvage, il est difficile d'interpréter ce qui est « normal » de ce qui ne l'est pas, quoiqu'il en soit le potentiel pathogène pour l'homme des différents genres identifiés est décrit **Tableau 11**.

Carnivora

Parmi les genres bactériens identifiés au sein des deux échantillons tissulaires de carnivores en provenance de la RDC, 95% des lectures ont été associées au genre *Clostridium*. Il peut être nécessaire de rappeler que les échantillons tissulaires ont permis une moins bonne amplification ADN, avec une diversité alpha réduite, ainsi la forte prévalence de *Clostridium* peut être biaisée par l'absence d'amplification des autres communautés bactériennes. Le chiffre de 95% ne fournit pas une information quantitative, ceci ne permet pas de déterminer la charge bactérienne que représente *Clostridium* au sein des tissus mais simplement de souligner que parmi les bactéries amplifiées dans ces échantillons, 95% appartenaient au genre *Clostridium*. Au regard de la sévérité des maladies induites par les toxines de plusieurs espèces de *Clostridium*, il existe un réel risque sanitaire lié à la consommation de ces produits carnés.

Au sein des échantillons oraux, les genres *Actinobacillus* (12,8%), *Haemophilus* (8,1%), *Mannheimia* (4,4%), *Clostridium* (4,4%), et *Streptococcus* (4,1%) sont majoritairement

représentés selon différentes proportions entre les espèces. *Actinobacillus*, *Haemophilus* et *Mannheimia* appartiennent à la famille des Pasteurellaceae, ce sont des genres commensaux ubiquitaires du tractus respiratoire supérieur chez la plupart des mammifères et constituent des agents pathogènes opportunistes lorsque les défenses de l'hôte sont altérées et permettent la croissance bactérienne (Slater 2007). Si le genre *Actinobacillus* est décrit comme responsable d'infections de plaie chez l'homme lors de morsures par des chevaux (*Actinobacillus equuli*, *Actinobacillus lignieresii*) ou des porcs (*Actinobacillus suis*), il n'est pas couramment identifié lors de morsures par des carnivores (Abrahamian et Goldstein 2011). A contrario, les streptocoques sont des bactéries aérobies communément identifiées au sein de plaies de morsures de chien et de chat domestiques, notamment responsables de lymphangite (Abrahamian et Goldstein 2011). *Mannheimia haemolytica* est responsable de pneumonies et de septicémies hémorragiques chez les moutons, buffles et bovins ; chez l'homme cette espèce bactérienne a été isolée dans des cas d'endocardite, de septicémie et d'infection de plaies, même si la transmission zoonotique reste rare (Punpanich et Srijuntongsiri 2012). Plusieurs espèces d'*Haemophilus* peuvent être pathogènes pour l'homme dont la plus fréquente est *H. influenzae* mais n'est pas une zoonose (Johnston et Apicella 2009). Ainsi, les différents genres bactériens identifiés au sein de la flore orale des carnivores peuvent présenter un potentiel pathogène pour l'homme, qui peut y être exposé que ce soit lors de la chasse et capture des individus avec le risque de morsures, par des aérosols ou encore lors de la consommation de fruits souillés par la salive de ces animaux.

Concernant la flore fécale, *Fusobacterium* (31,1%) et *Bacteroides* (17,9%) sont les deux genres largement majoritaires, ce qui est en accord avec les résultats de Zoelzer et al. (2021) ayant identifié les Fusobacteriaceae comme famille bactérienne la plus dominante chez les carnivores (notamment chez les Felioidea et Canioidea). Bactéries de la flore endogène, les bacilles à Gram négatif anaérobies stricts (*Bacteroides*, *Fusobacterium*), font partie de la flore normale de la cavité buccale, du tractus intestinal et du vagin (Renaud et al. 1994). Parmi les espèces de *Fusobacterium*, *Fusobacterium necrophorum* est la plus virulente et est impliquée dans des infections septiques secondaires à un traumatisme, une morsure, à la destruction des tissus, un œdème (Könönen, Conrads, et Nagy 2015)... Ainsi l'homme peut par exemple s'infecter à la faveur d'une plaie lors de la manipulation des carcasses au contact des fèces d'animaux excréteurs.

Hyracoida

Le premier point à souligner est la proximité de composition microbienne orale et fécale des hyracoïdes et des lagomorphes. Ils sont caractérisés par 4 genres majoritaires : *Moraxella* (16,3%), *Streptococcus* (13,3%), *Haemophilus* (11,9%) et *Mannheimia* (10,1%) pour les écouvillons oraux et *Escherichia-Shigella* (26,9%), *Mycoplasma* (24,7%), pour les écouvillons rectaux.

Le genre *Moraxella* regroupe des bactéries commensales du tractus respiratoire et génital. De nombreuses espèces sont décrites telles que : *M. lacunata*, *M. bovis* ou encore *M. osloensis*, ces espèces peuvent être à l'origine d'infections des voies aériennes supérieures et de l'œil (Berche, Gaillard, et Simonet 1994). Ainsi il n'est pas surprenant d'identifier ce genre bactérien dans des écouvillons oraux aux côtés d'autres Pasteurellaceae commensales des voies respiratoires. Le groupe des « streptocoques oraux » (selon la classification de Bentley et al. 1991) est un groupe

très hétérogène puisqu'il regroupe des streptocoques commensaux et des streptocoques pathogènes « obligatoires » et responsables d'infections spécifiques comme les pneumocoques (*Streptococcus pneumoniae*) (Renaud et al. 1994). Il est donc difficile d'estimer le potentiel pathogène de ce genre bactérien, si ce n'est rappeler son implication possible dans des infections de plaies lors de morsures.

Les espèces de mycoplasmes sont largement répandus dans la nature, ils ont été décrits chez de nombreuses espèces de mammifères, oiseaux et plantes. Chez l'homme ils colonisent les muqueuses respiratoires et génitales. Sur les 15 espèces décrites chez l'homme, seule *Mycoplasma pneumoniae* possède un pouvoir pathogène certain, les autres constituent essentiellement des agents commensaux. L'excrétion fécale du genre *Mycoplasma*, tel qu'il est constaté dans nos données chez les damans, est plutôt décrite chez les oiseaux (Sawicka-Durkalec et al. 2021) (Ferguson-Noel et al. 2020), et peut laisser supposer un portage au niveau du tractus intestinal dans cette espèce. Au sein du genre *Escherichia*, *E.coli* est l'espèce type et est une bactérie résidante du tube digestif de l'homme et des animaux homéothermes. Si la majorité des souches sont de simples commensaux, certaines sont entéropathogènes pour l'homme notamment les pathovars EHEC (*Enterohaemorrhagic E.coli*) et EPEC (*Enteropathogenic E.coli*). Certaines souches sont aussi capables de produire des vérotoxines (VTEC) ou des shigatoxines (STEC). Régulièrement, ces souches sont la cause d'intoxications alimentaires via la consommation de produits animaux (viande ou produits laitiers) mal cuits ou consommés crus (Dromigny 2011). Dans le cadre de cette étude, il serait intéressant de connaître les souches d'*E.coli* impliquées afin de déterminer si elles peuvent constituer un risque pour la santé humaine. Ainsi ces deux genres bactériens, *Mycoplasma* et *Escherichia*, peuvent représenter un potentiel risque pour l'homme si la viande consommée se retrouve contaminée par des souillures fécales.

Lagomorpha

Les lagomorphes présentent les mêmes caractéristiques des flores orales précédemment décrites avec une forte prévalence d'*Actinobacillus* (30,5%), *Haemophilus* (15%), et *Streptococcus* (8,4%). Au niveau de la flore rectale, une proportion significative de corynebactéries (6%) a été identifiée. Au cours des dernières années plus de 60 nouvelles espèces de corynebactéries ont été décrites, une majorité d'entre elles étant impliquées dans des processus infectieux humain et animal (Dias et al. 2011). Trois espèces notamment sont capables de produire une exotoxine létale, la toxine diphtérique (DT) : *Corynebacterium diphtheriae*, *C. ulcerans*, et *C. pseudotuberculosis*, les deux dernières espèces présentant un potentiel zoonotique. *C. ulcerans* a été isolée chez de nombreuses espèces d'animaux domestiques et sauvages, avec une part importante des infections humaines résultant de la consommation de produits laitiers crus. La manipulation d'animaux infectés et de leurs produits (boucherie par exemple) est également source d'infections (Zasada 2014). *C. pseudotuberculosis* est une zoonose plus rare, et les mêmes modes de transmission sont impliqués. Chez les lagomorphes, il n'est pas rapporté d'espèces de corynebactéries spécifiques ou de portage commensal, ainsi l'excrétion fécale de ce genre bactérien soulève des interrogations quant aux espèces bactériennes impliquées et au risque pathogène associé pour l'homme, notamment lors de la manipulation et préparation des carcasses.

Il peut être remarqué une plus faible diversité de genres pathogènes bactériens chez l'espèce de lapin domestique (*Oryctolagus cuniculus*) contrairement au lièvre des savanes (*Lepus victorae*), cependant un seul échantillon issu de l'espèce domestique a été réalisé.

Lipotyphla

Seuls un écouvillon oral et deux écouvillons rectaux caractérisent l'ordre Lipotyphla. La flore orale est largement dominée par les streptocoques (31,3%). La littérature mentionne notamment deux espèces zoonotiques identifiées chez les hérissons: *Streptococcus pyogenes*, et *Streptococcus dysgalactiae* (Ruszkowski et al. 2021), potentiellement transmissibles à l'homme lors de la manipulation des individus.

Les genres *Escherichia-Shigella* (19,7%), *Clostridium* (11,5%) et *Klebsiella* (10%) sont les principaux contributeurs des écouvillons rectaux. Les bactéries du genre *Klebsiella* sont largement ubiquistes dans la nature, tant dans le sol que dans l'eau et participent à la flore gastro-intestinale normale des animaux homéothermes. Les *Klebsiella* ne sont pas considérées comme principaux agents pathogènes entériques ou alimentaires, mais leur rôle dans les maladies intestinales ne peut être exclu. En effet, elles ont été identifiées dans de nombreuses denrées alimentaires (Cooney et al. 2014), avec notamment l'isolement de *Klebsiella* spp. multirésistantes dans des produits carnés (Gundogan 2014) (Theocharidi et al. 2022). Cependant contrairement aux autres coliformes, les espèces de *Klebsiella* existant aussi dans l'environnement, leur présence dans les aliments ou l'eau avec d'autres Enterobacteriaceae n'indique pas nécessairement une contamination fécale. Quoiqu'il en soit, l'ensemble de ces informations soulignent une nouvelle fois l'importance des pratiques d'hygiène contrôlées dans la préparation des carcasses afin d'éviter la contamination des tissus avec des bactéries d'origine fécale ou environnementale.

Macroscelidea

Il existe un seul échantillon tissulaire appartenant à l'ordre des Macroscelidea dans nos données, limitant son interprétation. 83% des espèces bactériennes identifiées dans cet échantillon appartiennent au genre *Clostridium*. De la même manière que pour les échantillons tissulaires des carnivores, s'il est probable que cette contamination soit d'origine exogène, la pathogénicité associée à certaines espèces de clostridie suggère un réel risque sanitaire lié à la consommation de ces produits carnés.

Pholidota

Quatre types d'échantillons ont été réalisés afin d'investiguer la diversité microbienne vectorisée par les pangolins : écouvillons oraux et rectaux, fèces, tiques.

La flore buccale des pangolins présente la particularité, dans cette étude, d'être riche en bactéries habituellement commensales de la flore intestinale avec notamment *Enterococcus* (12,1%), *Escherichia-Shigella* (4,6%), et *Bacillus* (1,04%). Cette caractéristique peut être directement consécutive au régime alimentaire myrmécophage et termitophage de ces mammifères ingérant une grande quantité de terre lors de leur prise alimentaire, terre qui peut

notamment avoir été souillée par des fèces. Par ailleurs, ce régime alimentaire particulier peut aussi avoir conditionné le développement microbien de la cavité buccale des pangolins en influant sur différents paramètres tels que le pH, et en fournissant des ressources nutritionnelles exerçant une pression sélective sur les microorganismes (Cornejo Ulloa et al. 2019) (Santonocito et al. 2022).

Une grande proportion de clostridies a été identifiée au sein des fèces (34,9%). Or comme précédemment cité, les bactéries du genre *Clostridium* sont largement répandues dans les sols et l'eau où elles survivent grâce à leurs spores, ainsi une contamination environnementale des échantillons pouvait être avancée. Cependant, les écouvillons rectaux permettent de confirmer la forte prévalence de ce genre bactérien au sein de la flore intestinale de ces mammifères. Ces résultats sont en accord avec ceux de Ma et al. (2018) qui ont identifié 57 espèces de clostridies au sein du microbiome intestinal du pangolin javanais dont notamment *Clostridium botulinum*. Or les neuro-exotoxines botuliniques sont parmi les substances biologiques les plus toxiques pour l'homme, 1g de toxine de type A pouvant théoriquement tuer 100 millions de personnes (Fosse 2004). *Clostridium botulinum*, par l'extrême gravité des signes cliniques qu'il induit chez l'homme, est un danger majeur pour le consommateur.

L'investigation microbiologique des tiques *Amblyomma compressum*, hautement spécifiques des pangolins (Uilenberg, et al 2012), a permis de révéler l'abondance des genres bactériens suivants : *Rickettsia* (20,6%), *Francisella* (12,9%), et *Klebsiella* (8,6%). Les rickettsies sont des bactéries strictement intracellulaires, et possèdent comme caractéristique commune d'être associées à des arthropodes piqueurs (acariens ou insectes) qui sont vecteurs et éventuellement tout ou partie réservoir des bactéries. Ainsi les rickettsies sont inoculées à l'homme lors d'un repas sanguin, *Rickettsia africae* est par exemple responsable de la fièvre à tique africaine chez l'homme et a précédemment été isolé chez *Amblyomma compressum* (Mediannikov et al. 2012). Dans nos échantillons de tiques, l'espèce *Rickettsia raoultii* a été identifiée avec une similarité de 100% dans la base de données Silva NGS (**Tableau 15**). Des cas d'infections humaines avec cette bactérie sont décrites dans la littérature (Jia et al. 2014), responsable notamment d'asthénie, anorexie, nausées, et d'éruptions cutanées érythémateuses. De façon surprenante, cette rickettsie n'est décrite que dans des espèces de tiques asiatiques ou européennes (Mediannikov et al. 2008) et n'est pas mentionnée en Afrique, obtenir la séquence génétique de la bactérie permettrait donc de confirmer son identification et sa première mention en Afrique ou de révéler une nouvelle séquence proche de celle de *Rickettsia raoultii*. *Ehrlichia chaffeensis*, agent de l'ehrlichiose monocyttaire humaine, a aussi été extrait de nos échantillons (**Tableau 15**). Si les cerfs de Virginie aux Etats-Unis constituent le principal réservoir de la maladie, cette bactérie reste sous-diagnostiquée dans les pays d'Afrique sub-saharienne (Esemu, Ndip, et Ndip 2011) (Ndip et al. 2009) (Brouqui et al. 1994). Ces informations soulignent l'implication potentielle des pangolins en tant qu'hôte réservoir de bactéries zoonotiques. Le genre *Francisella* inclut notamment *Francisella tularensis* responsable de la tularémie, zoonose infectieuse à déclaration obligatoire en France dont la transmission s'effectue en partie par de nombreuses espèces de tiques. Cependant si la tularémie est suspectée présente en Afrique, un seul cas humain a pour l'instant été identifié (Njeru et al. 2017). La forte prévalence d'Enterobacteriaceae telles que *Klebsiella* au sein d'espèces de tiques dures (Khalaf et al. 2018) soutient l'hypothèse de leur implication potentielle dans la transmission de ces bactéries, que ce soit à l'animal ou à l'homme.

Ainsi, la manipulation, le commerce illégal et la consommation de pangolins, expose donc l'homme à des bactéries pathogènes notables, responsable de maladies humaines, que ce soit directement par contact avec l'animal (fluides, fèces) ou par l'exposition à de potentiels vecteurs (tiques notamment).

Primates

Les échantillons tissulaires des primates sont caractérisés par les genres *Enterococcus* (12,7%), *Bacillus* (6,6%), *Acinetobacter* (5,1%), *Listeria* (4,4%), *Proteus* (4,3%), et *Clostridium* (4,9%), avec des variations importantes de ces proportions en fonction des espèces.

Dans l'espèce *Cercopithecus ascanius*, 40 % des lectures identifiées appartiennent au genre *Listeria*. Ces résultats font écho à ceux de Chaber et Cunningham (2016), qui ont dénombré un nombre important de *Listeria* spp. dans des prélèvements de viandes de primates saisies à l'aéroport Paris Charles de Gaulle. La contamination de la viande par *Listeria* peut résulter d'une contamination fécale lors de l'abattage, ou être secondaire à des mauvaises pratiques d'hygiène (contamination environnementale, surfaces de travail contaminées, contamination par le manipulateur, etc...) (Fosse 2004). *Listeria monocytogenes* possède notamment la capacité d'adhérer aux surfaces et de facilement former des biofilms par exemple sur les couteaux utilisés pour découper la viande, ce qui est corrélé à sa persistance dans l'environnement (Colagiorgi et al. 2016). Des recherches supplémentaires seraient nécessaires afin d'établir l'origine des espèces de *Listeria* isolées dans cette étude. Aucune donnée n'a été recueillie sur le mode de mise à mort, les conditions d'éviscération, le stockage de la carcasse et l'inspection de celle-ci, mais ces informations pourraient être utiles pour l'interprétation des résultats.

Parmi les 3 échantillons identifiés comme *Cercopithecus mitis/nictitans*, une forte proportion du genre *Bacillus* a été isolé. Si la majorité des *Bacillus* ne sont pas pathogènes, plusieurs espèces sont impliquées dans la production de toxines, notamment des toxines émétiques et des entérotoxines diarrhéiques. De par leur abondance dans le sol et leur capacité à former des endospores résistantes à des conditions environnementales extrêmes, les bacilles notamment *Bacillus cereus* peuvent contaminer pratiquement toutes les matières premières. L'intoxication alimentaire à *Bacillus cereus* peut être causée soit par l'ingestion d'un grand nombre de cellules bactériennes et/ou de spores dans des aliments contaminés (type diarrhéique), soit par l'ingestion d'aliments contaminés par une toxine préformée (type émétique). La cuisson de la viande peut ne pas être suffisante pour détruire les endospores, ou les toxines (toxine émétique thermorésistante), ainsi la majorité des aliments associés à des toxi-infections à *B. cereus* ont subi une étape de cuisson mais non suivie par un refroidissement permettant de limiter la germination des spores (Authority (EFSA) 2005).

Excepté *Enterococcus*, l'ensemble des genres identifiés dans ces échantillons tissulaires présente la particularité d'être tout autant ubiquistes dans l'environnement que commensaux du tube digestif. Ainsi il est difficile de déterminer la source primaire de contamination ; quoiqu'il en soit la prévalence de ces pathogènes indique un risque sanitaire notable associé à la consommation de ces produits.

Rodentia

L'ordre des rongeurs est caractérisé par la plus grande diversité de genres bactériens listés comme potentiellement pathogène pour l'homme.

Haemophilus (18,8%), *Streptococcus* (11,8%), *Actinobacillus* (4,6%), et *Enterococcus* (4%) constituent les principaux contributeurs de la flore orale, cependant une large diversité de genres minoritaires sont aussi identifiés tels que *Fusobacterium*, *Neisseria*, *Helicobacter*, *Escherichia-Shigella*, *Corynebacterium*, *Clostridium*, *Staphylococcus*... Le genre *Neisseria*, non mentionné précédemment, est commensal des muqueuses et a été isolé chez plusieurs espèces animales notamment dans des cas de morsures de chats et de chiens, même si peu d'études ont été menées à ce sujet (C. Wang et al. 2016) (Merlino et al. 2021). Deux espèces sont principalement impliquées dans des infections humaines *Neisseria meningitidis* et *N. gonorrhoeae*, les autres espèces pouvant être des pathogènes opportunistes.

La flore rectale des rongeurs se distingue par la forte abondance du genre *Campylobacter* (11,3%), déjà noté sur la **Figure 41**. La transmission de *Campylobacter* spp. à l'homme est essentiellement d'origine alimentaire. En effet, ce genre regroupe plusieurs espèces de bactéries avec un pouvoir pathogène variable, et dont le portage est asymptomatique chez de nombreuses espèces animales au sein de leur tube digestif. L'homme s'infecte par consommation d'aliments contaminés (viande et abats) dont la cuisson est insuffisante, par boisson d'eau contaminée, ou par contact direct avec des animaux excréteurs (Kvalsvig et al. 2014). Ainsi, les oiseaux par exemple sont considérés comme le réservoir naturel de *C. jejuni* principale cause d'infections alimentaires aux Etats-Unis et dans le monde (Dromigny 2011) (21 274 décès ont été attribués aux campylobactéries en 2010 dans le monde (World Health Organization 2015)). Elles représentent une des principales causes de gastro-entérite chez l'homme, notamment chez les jeunes enfants dans les pays en développement. Les maladies gastro-intestinales ne sont pas les seules préoccupations de santé publique concernant ces bactéries puisque des recherches récentes ont permis de mettre en évidence le rôle important joué par l'infection à *Campylobacter* dans l'étiologie du syndrome de Guillain-Barré, maladie neurologique grave (Kvalsvig et al. 2014). Dans la littérature il est fait mention de *C. jejuni*, *C. coli*, *C. hyointestinalis* dans le contenu digestif des rongeurs (B. G. Meerburg et al. 2006). Parmi les études conduites sur la prévalence de *Campylobacter* sp. chez les rongeurs, moitié d'entre elles ont été réalisés sur des fèces impliquant une possible contamination environnementale (Bastiaan G Meerburg et Kijlstra 2007). Les deux études ayant utilisées des écouvillons rectaux ont permis de mettre en évidence des prévalences respectives de 77% (campagnol roussâtre) et de 0% (non défini) (Bastiaan G Meerburg et Kijlstra 2007). Notre étude a, quant à elle, permis de révéler le portage intestinal de campylobactéries dans plusieurs espèces de rongeurs africains (*Arvicanthis niloticus*, *Cricetomys gambianus*, *Xerus erythropus*, *Thyonomys swinderianus*) avec des abondances relativement élevées notamment chez le rat de Gambie (> 30%), ce risque zoonotique n'ayant pas été mentionné dans les précédentes revues de littérature chez ces espèces (Kurpiers et al. 2015) (Van Vliet et al. 2017). L'identification spécifique des campylobactéries n'a pas été possible avec la base de données SILVA NGS, l'amplification et le séquençage du genre *Campylobacter* dans les échantillons rectaux des rongeurs permettrait ainsi de proposer une meilleure estimation du risque zoonotique associé à ces bactéries.

Les échantillons tissulaires sont représentés par le même type de flore que précédemment évoqué dans les autres ordres de mammifères avec des genres caractéristiques d'une

contamination fécale et/ou environnementale : *Escherichia-Shigella* (23,4%), *Enterococcus* (5,9%), *Bacillus* (3,9%), *Bacteroides* (2,6%), *Clostridium* (2,4%).

Recherche spécifique d'agents pathogènes

Pour certaines OTUs, la base de données Silva NGS a été capable de proposer une assignation taxonomique jusqu'à l'espèce bactérienne même si cela ne concerne qu'une faible proportion des données. Une recherche manuelle a ainsi permis d'identifier au sein de nos échantillons de nombreuses espèces bactériennes (**Annexe 31**) listées comme responsables de maladies infectieuses émergentes pour l'homme (Jones et al. 2008). Le **Tableau 15**, ci-dessous, détaille l'occurrence de plusieurs de ces espèces d'intérêt sanitaire, médical et vétérinaire majeur.

Tableau 15 : Espèces bactériennes pathogènes pour l'homme identifiées dans les échantillons

Espèces bactériennes	Nombre d'OTUs	Nombres de reads	Type d'échantillons identifiés (Nb)	Espèces de mammifères
<i>Bacillus anthracis</i>	1	1	Tissu (1)	<i>Atherurus africanus</i> (1) <i>Oryctolagus cuniculus</i> (1) <i>Rattus rattus</i> (1) <i>Lepus victoriae</i> (3) <i>Cricetomys gambianus</i> (1) <i>Phataginus tricuspidis</i> (2) <i>Thyonomys swinderianus</i> (6) <i>Phataginus tetradactyla</i> (1) <i>Arvicantis niloticus</i> (1) <i>Cephalophus dorsalis</i> (1)
<i>Bordetella pertussis</i>	1	7 332	Ecouvillon oral (13), Ecouvillon rectal (2), Fèces (1), Tissu (1)	<i>Dendrohyrax interfluvialis</i> (2), <i>Herpestes Ichneumon</i> (1), <i>Arvicantis niloticus</i> (1)
<i>Campylobacter fetus</i>	1	4	Ecouvillon oral (4)	<i>Thyonomys swinderianus</i> , <i>Philantomba walteri</i> <i>Tragelaphus scriptus</i> <i>Smutsia gigantea</i> <i>Phataginus tetradactyla</i> (12) <i>Phataginus tricuspidis</i> (3) <i>Pan troglodytes</i>
<i>Clostridium botulinum</i>	1	171	Ecouvillon rectal (3), Fèces (16), Tissu (1)	<i>Herpestes Ichneumon</i> (9) <i>Genetta spp.</i> (5) <i>Xerus erythropus</i> (2) <i>Atelerix albiventris</i> <i>Lepus victoriae</i> <i>Phataginus tricuspidis</i> (5) <i>Crossarchus obscurus</i> (2) <i>Cricetomys gambianus</i> <i>Philantomba walteri</i> <i>Atherurus africanus</i> (3) <i>Cephalophus spp.</i> <i>Tragelaphus spekii</i> <i>Smutsia gigantea</i> <i>Phataginus tetradactyla</i> <i>Cephalophus dorsalis</i> (3) <i>Pan troglodytes</i> <i>Philantomba monticola</i>
<i>Clostridium perfringens</i>	1	134 550	Ecouvillon oral (11), Ecouvillon rectal (12), Fèces (5), Tissu (11)	<i>Thyonomys swinderianus</i> <i>Heliosciurus gambianus</i>
<i>Clostridium tetani</i>	1	2	Ecouvillon oral (2)	<i>Phataginus tetradactyla</i> (<i>Amblyomma compressum</i>)
<i>Ehrlichia chaffeensis</i> str. <i>Wakulla</i>	1	240	Tique (2)	

<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>	1	2 387	Tissu (15)	<i>Okapia johnstoni</i> <i>Cephalophus dorsalis</i> (6) <i>Pan troglodytes</i> (5) <i>Cephalophus dorsalis</i> <i>Cercopithecus mitis/nictitans</i> (2)
<i>Escherichia coli O157:H7</i>	1	3	Ecouvillon rectal (3)	<i>Dendrohyrax interfluvialis</i> <i>Cricetomys gambianus</i> <i>Xerus erythropus</i>
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	1	3 271	Ecouvillon oral (11), Ecouvillon rectal (4), Tissu (1)	<i>Dendrohyrax interfluvialis</i> (9) <i>Rattus rattus</i> <i>Thyonomys swinderianus</i> <i>Lepus victoriae</i> <i>Herpestes Ichneumon</i> <i>Tragelaphus scriptus</i> <i>Cricetomys gambianus</i> <i>Philantomba walteri</i> <i>Cephalophus dorsalis</i>
<i>Haemophilus influenzae</i>	1	2 781	Ecouvillon oral (5)	<i>Thyonomys swinderianus</i> (5)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2	190 141	Ecouvillon oral (22), Ecouvillon rectal (47), Tique (3), Tissu (19)	<i>Lepus victoriae</i> (11) <i>Cricetomys gambianus</i> (4) <i>Rattus rattus</i> <i>Oryctolagus cuniculus</i> <i>Herpestes Ichneumon</i> (4) <i>Dendrohyrax interfluvialis</i> (9) <i>Xerus erythropus</i> (6) <i>Genetta sp.</i> (13) <i>Atelerix albiventris</i> (2) <i>Philantomba walteri</i> (5) <i>Heliosciurus gambianus</i> <i>Arvicanthis niloticus</i> (9) <i>Thyonomys swinderianus</i> (2) <i>Nandinia binotata</i> <i>Tragelaphus scriptus</i> <i>Atherurus africanus</i> (2) <i>Phataginus tetradactyla</i> (3) <i>Phataginus tricuspis</i> <i>Cephalophus dorsalis</i> (12) <i>Pan troglodytes</i> (4) <i>Cercopithecus hamlyni</i> <i>Cercopithecus mitis/nictitans</i> (3)
<i>Mannheimia haemolytica</i>	1	4	Ecouvillon oral (1)	<i>Herpestes Ichneumon</i>
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	1	58	Ecouvillon rectal (2)	<i>Lepus victoriae</i> <i>Thyonomys swinderianus</i>
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	1	2	Ecouvillon oral (2)	<i>Thyonomys swinderianus</i> , <i>Heliosciurus gambianus</i>
<i>Pasteurella multocida</i>	1	535	Ecouvillon oral (14)	<i>Dendrohyrax interfluvialis</i> <i>Xerus erythropus</i> (2) <i>Heliosciurus gambianus</i> (2) <i>Genetta sp.</i> (2) <i>Thyonomys swinderianus</i> <i>Tragelaphus scriptus</i> (2) <i>Philantomba wal sppteri</i> <i>Cricetomys gambianus</i> <i>Herpestes Ichneumon</i> (2)
<i>Proteus mirabilis</i>	2	224 653	Ecouvillon oral (4), Ecouvillon rectal (12), Fèces (1), Tissu (38)	<i>Herpestes Ichneumon</i> (6) <i>Dendrohyrax interfluvialis</i> <i>Atelerix albiventris</i> <i>Thyonomys swinderianus</i> (3) <i>Genetta sp.</i> (6) <i>Okapia johnstoni</i> (2) <i>Cephalophus dorsalis</i> (18) <i>Pan troglodytes</i> (11) <i>Philantomba monticola</i> (2) <i>Xerus erythropus</i> <i>Heliosciurus gambianus</i> <i>Tragelaphus speki</i> <i>Phataginus tetradactyla</i>

				<i>Cercopithecus mitis/nictitans</i> (2) <i>Cephalophus silvicultor</i>
<i>Salmonella enterica</i>	1	7	Ecouvillon oral (3), Ecouvillon rectal (3)	<i>Herpestes Ichneumon</i> , <i>Thyonomys swinderianus</i> (2), <i>Arvicanthis niloticus</i> (3)
<i>Staphylococcus aureus</i>	1	4	Ecouvillon oral (1), Ecouvillon rectal (1), Tissu (2)	<i>Heliosciurus gambianus</i> <i>Thyonomys swinderianus</i> <i>Tragelaphus spekii</i> <i>Cercopithecus mitis/nictitans</i>
<i>Rickettsia raoultii</i>	1	62 079	Tique (2)	<i>Phataginus tetradactyla</i> (<i>Amblyomma compressum</i>)
<i>Vibrio cholerae</i>	1	23	Ecouvillon rectal (1), Tissu (1)	<i>Oryctolagus cuniculus</i> <i>Cephalophus dorsalis</i>

La présence de certains agents pathogènes d'intérêt dans nos échantillons suggère fortement que la transformation et la consommation de viandes de brousse peuvent contribuer à la propagation de zoonoses et de maladies d'origine alimentaire à l'homme.

Par exemple, une séquence similaire à *Bacillus anthracis* (1 OTU) a été identifiée dans l'échantillon tissulaire d'un athérure africain (*Atherurus africanus*). L'homme peut contracter la fièvre charbonneuse par contact avec des spores (voie cutanée ou respiratoire), ou après consommation de viande contaminée ; ainsi la présence de la bactérie dans cette denrée alimentaire représente un risque sanitaire majeur pour l'homme même si la dose infectieuse par voie digestive n'est pas référencée. Les rongeurs ne constituent pas les principaux réservoirs de la bactérie, cependant peu d'études ont discuté de leur réceptivité dans la nature. La revue de Bakhteeva et Timofeev (2022) défend l'hypothèse selon laquelle le régime alimentaire des rongeurs associé à leur digestion rapide leur confère une certaine résistance. Ainsi, la présence de cette bactérie dans les tissus d'un athérure peut le plus probablement s'expliquer par une contamination environnementale post-mortem (persistance des spores dans l'environnement), plutôt que par l'infection de l'animal hôte.

Parmi les espèces de clostridies isolées dans nos échantillons, les trois espèces d'intérêt *Clostridium botulinum*, *Clostridium tetani*, *Clostridium perfringens* ont été identifiées. *Clostridium botulinum* a majoritairement été échantillonné dans les fèces de pangolins mais n'a pas été isolé dans les écouvillons rectaux de ces mêmes espèces, il est ainsi possible que les espèces présentes soit issues du sol, qui constitue l'habitat principal de cette bactérie. Il n'en demeure pas moins que le genre *Clostridium* a largement été isolé dans les écouvillons rectaux de pangolins, d'autres espèces étant potentiellement impliquées. *Clostridium perfringens* est répandu dans nos données que ce soit par portage buccal et rectal, ou dans les échantillons tissulaires, cela souligne à la fois une excrétion intestinale de la bactérie par les animaux en tant qu'hôtes réservoirs et une souillure résultante des tissus destinés à la consommation. Or comme précédemment expliqué, la présence de *Clostridium perfringens* dans la viande est problématique, notamment puisque la cuisson ne permet pas d'éliminer totalement les spores bactériennes mais autorise au contraire leur germination en l'absence de réfrigération secondaire, réfrigération qui n'est pas disponible pour une majorité de la population d'Afrique centrale (cf. 0,4% de la population rurale de RCA seulement ayant accès à l'électricité).

Mycobacterium tuberculosis est un agent de la tuberculose dont l'homme constitue le principal réservoir. Certains animaux tels que les chiens (Mentula et al. 2020), les cochons (LoBue, Enarson, et Thoen 2010), ou les cochons d'inde (Gao et al. 2018), vivant à proximité des

hommes y sont également sensibles et peuvent être à leur tour vecteurs d'infection. Ce bacille est un cas intéressant de zoonose, en effet les animaux domestiques s'infectent majoritairement par l'inhalation d'aérosols issus d'humains contaminés (Mentula et al. 2020). Ainsi le portage rectal de cette bactérie chez un lagomorphe et un rongeur dans notre étude soulève la question des liens épidémiologiques qui peuvent exister entre certains nuisibles et l'homme dans la propagation de la tuberculose en Afrique équatoriale. Cette question est d'un intérêt majeur puisque la tuberculose constitue une des principales causes de mortalité humaine notamment en Afrique, avec plus de 417 000 décès recensés en 2016 (OMS Afrique). L'épidémie est notamment corrélée à la forte prévalence du VIH sur le continent, puisqu'il est estimé que les personnes porteuses du virus présentent 20 à 30 fois plus de risque de contracter une forme active de tuberculose (Larson et al. 2017). Le rôle des rongeurs et des lagomorphes dans la dissémination de la bactérie reste à déterminer, en effet bien qu'ils ne soient pas des hôtes réservoirs de *Mycobacterium tuberculosis*, ils sont susceptibles d'y être infectés puisqu'ils sont utilisés comme modèles de laboratoire pour l'étude de la bactérie (Manabe et al. 2003) (Cooper 2015). Ainsi, il peut être supposé que les deux individus aient été infectés à la faveur d'un contact rapproché avec l'homme et puissent servir de vecteurs secondaires d'infection notamment lors de leur manipulation au cours de la chasse. L'hypothèse d'une contamination humaine des 2 échantillons lors des prélèvements ne peut être exclue.

Si *Klebsiella pneumoniae* est un agent pathogène opportuniste chez l'homme, habituellement commensal du tractus respiratoire et digestif de nombreuses espèces comme en témoignent nos résultats, l'augmentation de la prévalence de souches virulentes et résistantes aux antibiotiques constitue une menace croissante pour la santé humaine, notamment en Afrique (Ssekatawa et al. 2021). D'autant plus que les cas d'infections nosocomiales à *K. pneumoniae* sont fréquents dans les centres de santé africains (Douti et al. 2018). Il serait ainsi intéressant de déterminer si la faune sauvage participe à la propagation de ces souches multi-résistantes.

Vibrio cholerae fait partie des trois catégories de souches de *Vibrio* présentant un niveau important de risque par voie alimentaire (Dromigny 2011). Cette espèce est intéressante à détailler ici puisqu'elle usuellement associée à des maladies d'origine hydrique. En effet, le choléra est une maladie strictement humaine dont la transmission s'effectue principalement d'homme à homme par contact avec des fluides (vomissements, selles, sueur, ...), ainsi l'évacuation des eaux usées dans les effluents constitue une voie majeure de contamination. Les denrées alimentaires initialement exemptes de *V. cholerae* peuvent alors être contaminées lorsqu'ils sont nettoyés avec de l'eau, mélangés à d'autres aliments contaminés, ou par l'intermédiaire des personnes qui manipulent les aliments. Ces voies de transmission peuvent expliquer la contamination de l'échantillon tissulaire du Céphalophe à bande dorsale, tandis que la positivité de l'écouvillon rectal peut résulter d'une contamination au cours du prélèvement. Cet exemple souligne l'importance d'intégrer l'ensemble des étapes de production de la viande de brousse dans l'évaluation des risques sanitaires liés à leur consommation, et non pas uniquement les risques intrinsèques à la faune sauvage, puisque les aliments se contaminent tout au long de la filière. L'amélioration de l'accès global à l'eau, à l'assainissement et à l'hygiène (WASH) constitue ainsi une étape essentielle pour réduire la prévalence des maladies d'origine alimentaire en Afrique.

Au sein du genre *Listeria*, *Listeria monocytogenes* n'a pas été identifié sur la base de données Silva NGS, un séquençage ciblé permettrait de confirmer ou d'infirmer sa présence notamment dans les échantillons tissulaires. De la même manière, comme précédemment évoqué, le genre

Campylobacter n'a pas donné lieu à l'identification d'espèces pathogènes notables (*C. jejuni*, *C. coli*, *C. hyointestinalis*) chez les rongeurs, or il serait intéressant de déterminer quelles espèces sont vectorisées par ces mammifères puisqu'ils représentent un enjeu de santé publique en Afrique tropicale avec notamment le développement de l'aulacodiculture, et de ferme à rongeurs (*Thryonomys swinderianus*).

Contrairement à la discussion préalable sur les maladies d'origine alimentaire les plus prévalentes en Afrique tropicale (Chapitre I – Partie 1), l'espèce *Salmonella enterica* responsable de toxi-infections alimentaires et de fièvres typhoïdes/paratyphoïdes chez l'homme n'a pas été identifiée dans un large panel d'échantillons de notre étude. Cependant, il est tout aussi probable que différentes OTUs associées à cette espèce bactérienne n'aient été assignées qu'au rang du genre bactérien ne nous permettant pas d'estimer la réelle distribution de la bactérie dans nos données.

Par souci de concision, il n'est pas envisageable de détailler l'ensemble des espèces bactériennes pathogènes identifiées (**Tableau 15 ; Annexe 31**), cependant l'ensemble de ces résultats soulignent la diversité des risques bactériens auxquels l'homme s'expose lors de la manipulation et de la consommation de viande de brousse. Il serait intéressant d'envisager un séquençage plus étendu des échantillons d'intérêt afin de caractériser plus précisément les risques associés à ces pathogènes potentiels.

3. Discussion

Uniformiser les protocoles

Les différences significatives de diversité alpha entre les différents types d'échantillons et modes de préservation interrogent sur la stratégie d'échantillonnage optimale à appliquer pour les études de métabarcoding fondées sur le gène ARNr 16S. Dans le cadre de notre étude, les échantillons oraux et rectaux préservés dans une solution tampon spécifique (NORGEN) ont permis d'obtenir les plus hauts niveaux de diversité bactérienne (diversité alpha), *a contrario* des échantillons tissulaires et des fèces préservés dans de l'éthanol, RNA Later ou congelés. Ce tampon NORGEN empêche la croissance bactérienne et fongique, et permet de conserver les échantillons à température ambiante pendant une longue période (deux ans) sans affecter la qualité de l'échantillon (Swab Collection and DNA Preservation System, Norgen, Canada). Ainsi, notre étude a permis de démontrer que ce protocole de prélèvement et d'extraction fournit de bons résultats d'amplification et que les écouvillons oraux et rectaux constituent des matrices de choix pour l'étude par métabarcoding des communautés bactériennes vectorisées par la viande de brousse. Cependant il est difficile de déterminer si la faible diversité microbienne des échantillons tissulaires est corrélée aux modes de préservation, qui n'auraient pas permis de conserver efficacement l'information ADN, ou si elle reflète une réelle « stérilité » des tissus. En effet, comme il le sera détaillé par la suite, les muscles des animaux sains ne contiennent que peu ou pas de micro-organismes, la viande se contamine majoritairement au cours des différents processus de production (abattage, éviscération, transport, stockage) (Bantawa et al. 2018). Il aurait ainsi été pertinent de comparer la contamination superficielle et profonde des échantillons tissulaires selon les mêmes modes de préservation afin de pouvoir conclure à un effet de « stérilité » des tissus profonds (Chaber et Cunningham 2016) qui expliquerait la plus faible amplification de ces échantillons dans notre étude. Le choix du type d'échantillons dépend des objectifs de l'étude, ainsi si les écouvillons oraux et rectaux permettent une meilleure amplification des communautés bactériennes, ils ne permettent pas d'investiguer la contamination résultante de la viande et des risques consécutifs pour le consommateur. Il n'existe donc pas à ce jour de consensus clair sur les meilleures pratiques à appliquer pour la collecte et la préservation d'échantillons dans le cadre d'une étude du microbiome 16S (Pollock et al. 2018). De la même manière, en microbiologie alimentaire, il n'existe pas encore de procédures normalisées pour les analyses fondées sur le séquençage du gène ARNr 16S, contrairement aux techniques de mise en culture habituellement utilisées (Maillet et al. 2021). L'effet des types d'échantillons et des modes de conservation sur les niveaux de diversité bactérienne devrait ainsi être évalué plus en détail dans des études ultérieures.

Avantages et limites du métabarcoding dans l'étude des communautés microbiennes

L'utilisation du séquençage haut-débit du gène ARNr 16S nous a permis d'accéder à plus de 1541 genres bactériens et d'identifier dans nos données au moins 65 espèces bactériennes avec un potentiel pathogène pour l'homme (**Annexe 31**). Ces résultats sont supérieurs à ceux précédemment publiés sur la viande de brousse (B. Dell 2020), et témoignent de la sensibilité de cette technique vis-à-vis de la mise en culture bactérienne (Bachand et al. 2012) (Chaber et

Cunningham 2016). Le métabarcoding, fournissant des milliers de séquences à partir d'un échantillon, se révèle être une technique de choix pour le criblage de la diversité des communautés bactériennes. Cependant, plusieurs paramètres ont pu impacter la représentativité des communautés identifiées dans notre étude. Par exemple les différents taxons bactériens ne partagent pas tous la même force d'adhésion aux tissus/muqueuses ni la même sensibilité à la lyse. La technique de prélèvement (écouvillon) et le protocole d'extraction utilisé ont ainsi pu influencer les résultats (Maillet et al. 2021). De plus, bien que nous ayons pu identifier plusieurs espèces bactériennes dans la base de données Silva NGS, le séquençage d'un fragment du gène de l'ARNr 16s ne fournit pas une résolution suffisante pour identifier la plupart des bactéries au niveau de l'espèce.

Aujourd'hui en hygiène des aliments, le métabarcoding est surtout utilisé pour l'identification des espèces animales dans des produits transformés (Xing et al. 2019) (Dobrovolny et al. 2019), et l'évolution de la flore microbienne au cours des processus de stockage (Macé et al. 2013). Nos résultats laissent envisager l'utilisation d'une telle méthode pour la surveillance sanitaire des aliments. Cependant il faut souligner certaines limites, en effet cette méthode moléculaire ne permet pas de distinguer des bactéries mortes de celles viables, ni d'apprécier les capacités de croissance et de développement de ces organismes sur des matrices alimentaires. Il convient ainsi de rappeler que la présence de matériel génétique bactérien ne confirme pas nécessairement sa capacité infectieuse. Par ailleurs, elle ne permet pas non plus de réaliser une évaluation quantitative de la contamination microbienne, or ce paramètre est déterminant puisque les normes législatives relatives à la sécurité microbiologique des denrées alimentaires s'appuient sur des « limites microbiologiques », qui définissent les valeurs au-delà desquelles une denrée alimentaire est contaminée de manière inacceptable par les micro-organismes et représente donc un risque pour la santé humaine (Dromigny 2011).

Dans l'industrie agro-alimentaire, le séquençage de génomes complets (Whole Genome Sequencing) basé sur les séquenceurs NGS de dernière génération se développe (Brown et al. 2019). En effet, cette méthode permet notamment la détection et la traçabilité des foyers de maladies d'origine alimentaire, l'identification et la caractérisation plus précise (résistance antimicrobienne, virulence, etc.) des micro-organismes, ainsi que la comparaison des séquences génétiques. Couplé à l'analyse des SNPs (Single Nucleotide Polymorphism), ou au typage multi-loci cgMLST (core genome MultiLocus Sequence Typing), cette technologie autorise par exemple le sérotypage et le sous-typage en routine des souches *Salmonella* et *Listeria* (Jackson et al. 2016) (Moura et al. 2017). Que ce soit dans une démarche proactive, avec l'analyse systématique des autocontrôles non-conformes sur les chaînes de production alimentaire ou bien ponctuellement en cas de crise lors d'une épidémie, ces nouvelles approches semblent dessiner le futur de la surveillance sanitaire des aliments dans les pays industrialisés. Cependant, ces méthodes restent ancrées dans la pratique traditionnelle de laboratoire qui consiste à sélectionner et à cultiver un seul isolat (Billington, Kingsbury, et Rivas 2022). Les approches métagénomiques, y compris métabarcoding, offrent quant à elles la possibilité d'identifier directement l'ensemble des communautés microbiennes présentes dans un échantillon et pourraient faire partie de la prochaine révolution dans le diagnostic de la sécurité des aliments.

Cette étude visait à répondre au vide scientifique concernant la flore bactérienne associée à la viande de brousse, afin de déterminer le risque d'exposition de l'homme à des maladies zoonotiques et maladies d'origine alimentaire lors de la manipulation et de la consommation de cette denrée alimentaire. Nos données ont permis de révéler la présence de 31 genres bactériens préoccupants incluant notamment *Bacillus*, *Campylobacter*, *Clostridium*, *Escherichia-Shigella*, *Klebsiella*, *Mycobacterium*, *Mycoplasma*, *Staphylococcus*, *Vibrio*... Comme précédemment évoqué, les genres mentionnés ci-dessus sont très diversifiés et comprennent à la fois des espèces qui sont pathogènes pour l'homme ainsi que des espèces qui ne sont pas responsables d'affections humaines. Cependant, l'identification de plusieurs espèces bactériennes responsables de maladies graves telles que *Bacillus anthracis*, *Haemophilus influenzae*, *Clostridium botulinum*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Vibrio cholerae*..., a confirmé les inquiétudes relatives à la sécurité de la viande de brousse et justifie donc de consacrer plus d'efforts de recherche à cette problématique. Dans la littérature très peu d'espèces bactériennes ont précédemment été isolées (**Tableau 11** ; Chapitre 1 – Partie II) dans cette denrée, notre étude est la première à témoigner d'une telle diversité de bactéries zoonotiques, avec notamment la première mention de plusieurs espèces telles que : *Fusobacterium necrophorum*, *Haemophilus influenzae*, *Klebsiella pneumoniae*, *Mannheimia haemolytica*, *Mycobacterium tuberculosis*... Cette diversité observée contraste fortement avec le peu de données disponibles sur les pathogènes bactériens identifiés dans la viande de brousse contrairement à ceux viraux, et souligne le biais d'échantillonnage important qui existe à cet égard.

Les flores bactériennes identifiées sont fonction du type d'échantillon investigué. En effet s'il existe des variabilités spécifiques entre les différents ordres de mammifères il est cependant possible de souligner la prédominance globale de certains genres selon le prélèvement effectué. Le graphique d'ordination NMDS de diversité beta (**Figure 37**) souligne par ailleurs bien cet aspect avec l'identification de patterns de regroupement. Ainsi, la flore rectale regroupe majoritairement les genres *Bacteroides*, *Escherichia-Shigella*, *Fusobacterium*, *Campylobacter*, *Enterococcus*, et *Clostridium* tandis que les écouvillons oraux font surtout état des genres *Haemophilus*, *Actinobacillus*, *Streptococcus*, *Mannheimia*, *Moraxella*. Les échantillons tissulaires sont quant à eux caractérisés par *Enterococcus*, *Clostridium*, *Proteus*, *Bacillus*, *Escherichia-Shigella* et *Listeria*. Ces informations permettent de mettre en évidence que les dangers bactériens auxquels l'homme s'expose sont fonction du type d'activité exercée par les différents acteurs de la filière viande de brousse (**Figure 45**). En effet, les chasseurs par exemple sont les plus sujets à des plaies de morsures (Filippone et al. 2015), les exposant ainsi à des pathogènes de la cavité buccale tels que *Capnocytophaga canimorsus*, *Pasteurella multocida*, ou encore *Fusobacterium necrophorum*... Les pathogènes présents dans la salive des animaux peuvent aussi infecter l'homme à la faveur de la consommation de fruits préalablement léchés par ces derniers, ou par le biais d'aérosols. A l'inverse l'éviscération des carcasses et le dépeçage exposent l'homme à des pathogènes majoritairement cutanés, et digestifs avec par exemple *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Campylobacter spp.*, *Clostridium perfringens*, etc... Enfin la consommation de la viande de brousse peut être responsable de maladies entériques ou de toxi-infections alimentaires impliquant notamment *Clostridium botulinum*, *Clostridium perfringens*, ou *Campylobacter spp.* La notion de risque prend pour variable le niveau d'exposition au danger. Ainsi qualifier de manière plus précise les différents acteurs de la filière, leur fréquence d'exposition aux pathogènes ainsi que le type d'exposition

(morsure, blessure, absence de port de gants, etc...) permettrait d'évaluer plus précisément la probabilité d'occurrence de maladies zoonotiques et d'origine alimentaire issues de la viande de brousse. Dans cette même démarche, travailler avec un plus grand nombre d'échantillons permettrait d'obtenir une idée globale de la prévalence de ces pathogènes au sein du gibier en Afrique tropicale.

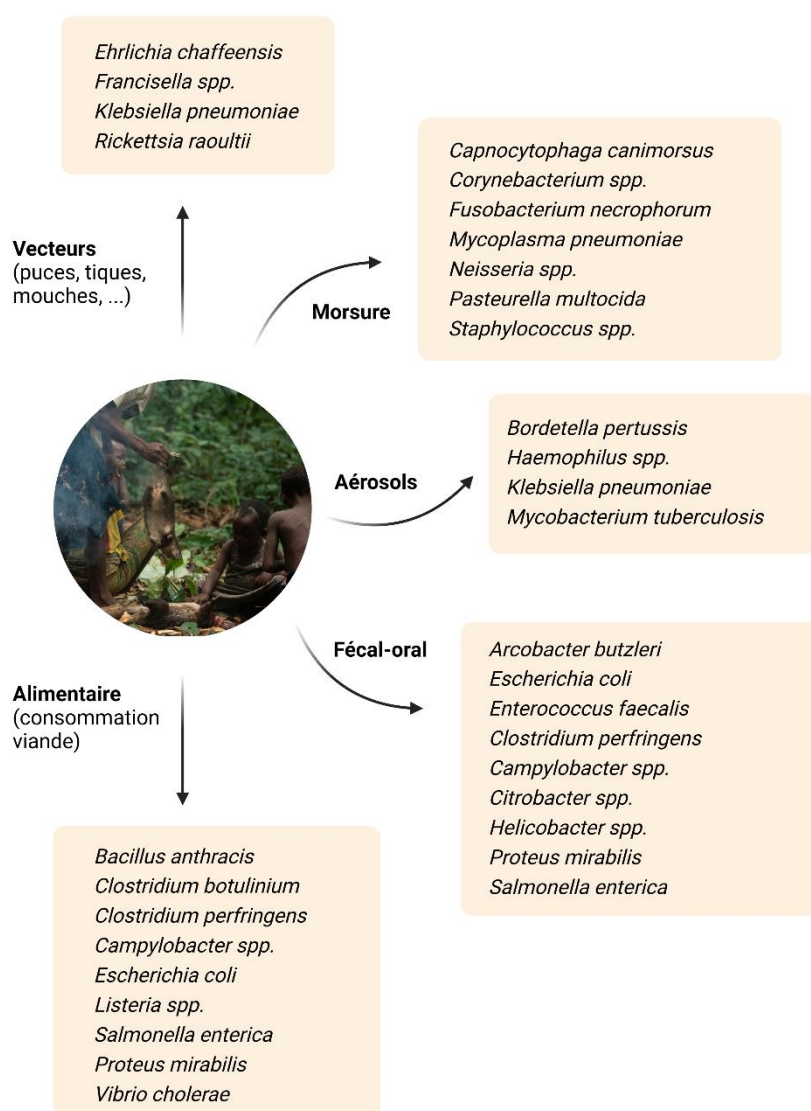


Figure 45 : Exemple de dangers bactériens identifiés dans notre étude en fonction du type d'échantillon et description de leurs modes de transmission possibles à l'homme. ©Marine Montblanc (Created with BioRender.com)

La contamination bactérienne des échantillons tissulaires dans cette étude soulève la question déterminante de l'origine de leur infection. En effet, il est difficile de statuer, avec certitude, si la flore bactérienne observée dans ces échantillons est représentative du microbiote endogène de l'hôte ou consécutive à une contamination environnementale et une altération des aliments. Afin de limiter les effets de la contamination environnementale il est d'usage de réaliser des

prélèvements internes aux tissus, or dans cette étude le prélèvement tissulaire n'a pas été standardisé entre les différentes équipes de recherche et plusieurs variables ne sont pas connues notamment le mode de prélèvement des échantillons en provenance de la RDC. Les tissus internes des animaux sains sont généralement considérés comme stériles au moment de l'abattage (Bacon 2005). Étant donné le statut sanitaire inconnu de la faune sauvage précédant son abattage il est délicat de pouvoir l'affirmer dans notre cas. Cependant la contamination systématique des carcasses est le plus souvent secondaire aux processus de transformation de l'animal en aliment (Bacon 2005), par l'introduction de pathogènes extérieurs (sol, air, instruments de découpe, mains du manipulateur, etc...) ou de bactéries commensales de l'hôte (tube digestif, nœuds lymphatiques, fèces, etc...) (Bhunja 2007). Ainsi, au regard de ces considérations et du type de flore identifiée au sein de nos échantillons tissulaires, il est plus probable que les bactéries identifiées soient majoritairement témoins des conditions non hygiéniques de préparation du gibier en Afrique tropicale, avec une chaîne du froid souvent inexistante. Obtenir plus de détails sur l'anamnèse des échantillons (mode d'abattage de l'animal, transport et stockage, condition d'éviscération, temps écoulé entre l'abattage et le prélèvement, profondeur de prélèvement) permettrait d'identifier de potentielles étapes clés ayant pu influencer la diversité microbienne des prélèvements. Par ailleurs l'isolement de plusieurs pathogènes spécifiques à l'homme (*Mycobacterium tuberculosis*, *Bordetella pertussis*, *Haemophilus influenzae*) au sein de nos échantillons questionne sur leur possible contamination par différents intermédiaires humains préalables (chasseurs, manipulateurs).

L'investigation microbiologique d'*Amblyomma compressum*, tique fortement associée aux pangolins d'Afrique, a permis d'identifier deux espèces bactériennes pathogènes : *Ehrlichia chaffensis* et *Rickettsia raoultii*, la seconde étant jusque-là non mentionnée sur le continent. Ces résultats soulignent le rôle déterminant que peuvent jouer les vecteurs dans la transmission de pathogènes au sein de la filière viande de brousse, puisque 0,4 à 2,7 millions de pangolins sont chassés chaque année dans les forêts d'Afrique centrale (Ingram et al. 2018). L'homme peut alors accidentellement s'infecter par le biais de ces arthropodes piqueurs associés aux hôtes sauvages lors de la manipulation des carcasses et des différentes étapes de préparation. Divers insectes tels que les mouches, cafards ou fourmis peuvent aussi être responsables de contaminations croisées des aliments en transportant les agents pathogènes à la surface de leur corps d'un endroit à l'autre, et constituent ainsi des vecteurs mécaniques de dissémination (Khamesipour et al. 2018). Si ces voies de contamination sont évoquées dans la littérature traitant de la viande de brousse (Kurpiers et al. 2015 ; Hilderink et de Winter 2021), elles n'ont pas spécifiquement été étudiées sur les marchés, ne nous permettant pas d'évaluer le fardeau qu'elles représentent pour la santé humaine. Or, il est estimé que les maladies à transmission vectorielle représentent près de 17 % de la charge mondiale des maladies infectieuses (Chala et Hamde 2021) et seraient responsables de 28,8 % des émergences infectieuses de la dernière décennie (Jones et al. 2008). Ces résultats sont d'autant plus vérifiés en région tropicale où le risque de zoonoses issues de la faune sauvage et de MIE à transmission vectorielle serait d'autant plus important que l'effort d'échantillonnage est faible et les modifications anthropiques des écosystèmes rapides (Jones et al. 2008). Dans leur étude investiguant les voies de transmission des maladies infectieuses émergentes, Loh et al. (2015) ont démontré que les zoonoses étaient plus susceptibles d'être transmises par des vecteurs et par contact indirect. L'ensemble de ces données pointe la nécessité d'intégrer cette variable dans l'évaluation des risques associés à la viande de brousse, et de sensibiliser la communauté scientifique à la

surveillance de ces réservoirs pathogènes en Afrique tropicale afin de prévenir l'émergence de nouvelles maladies infectieuses.

Des ordres de mammifères d'intérêt pour la surveillance épidémiologique

Existe-t-il un ordre de mammifères présentant un risque plus élevé de transmission de pathogènes zoonotiques ?

Parmi nos échantillons, l'ordre des artiodactyles et celui des lagomorphes présentent la plus grande diversité bactérienne (**Figure 35**). Ces résultats sont concordants avec la littérature, dans laquelle il est décrit que les herbivores (ruminants et périssodactyles) arborent une diversité microbienne alpha supérieure à celle des carnivores (Zoelzer et al. 2021). Comme précédemment évoqué, ces différences de flore bactérienne sont le plus probablement le reflet des différences physiologiques de système digestif qui existent entre ces ordres de mammifères. Les ruminants et les lagomorphes regroupent tout deux des espèces fortement dépendantes d'une digestion microbienne, que ce soit ruminale ou caecale (fermenteurs pré- et post-gastriques). De concert avec le régime alimentaire, la phylogénie (**Figure 40 ; Figure 41**) et la physiologie de l'hôte semblent ainsi être des facteurs cruciaux affectant la communauté microbienne intestinale des mammifères (Rojas et al. 2021) (Youngblut et al. 2019). Concernant le microbiote oral, ces assertions semblent aussi se vérifier puisque les sources alimentaires influencent les espèces bactériennes présentes (Sawaswong et al. 2021). Quoiqu'il en soit, si l'explication des facteurs de variabilité des compositions microbiennes entre mammifères pourrait faire l'objet d'un second sujet de thèse, la forte diversité observée chez certains ordres laisse craindre à un potentiel zoonotique plus important au sein de ces espèces. Si cette assertion se vérifie pour les artiodactyles puisqu'ils présentent aussi dans nos données une part importante de genres bactériens pathogènes, la diversité observée chez les lagomorphes ne semble pas être corrélée à une plus forte pression zoonotique (en comparaison des rongeurs par exemple).

L'implication des artiodactyles dans l'émergence de futures zoonoses est une préoccupation grandissante. En effet, leur proximité avec l'homme (Han et al. 2016) en tant qu'animal d'élevage et gibier, notamment en Afrique centrale (Fa et al. 2005), facilitent l'adaptation de certains pathogènes à l'homme au cours de contacts répétés. L'étude de Morand et al. (2014) appuie cette idée puisqu'elle a permis de démontrer que les espèces d'ongulés ayant la plus longue histoire de domestication sont non seulement porteuses d'un plus grand nombre d'agents pathogènes zoonotiques mais peuvent également les transmettre à une plus grande diversité d'espèces hôtes alternatives. Les ongulés présenteraient ainsi le plus grand nombre d'espèces pathogènes zoonotiques dont notamment la plus forte proportion d'agents bactériens zoonotiques émergents (Woolhouse et Gowtage-Sequeria 2005). Etant donné la diversité microbienne identifiée dans notre étude, ainsi que la large étendue spatiale que les ongulés occupent en Afrique centrale (Kingdon 2019), ils représentent un groupe d'intérêt majeur pour l'épidémiosurveillance des maladies zoonotiques et émergentes. Ces résultats sont importants puisque les efforts de recherche aujourd'hui en Afrique tropicale se concentrent majoritairement sur les pathogènes viraux et en particulier chez les primates, notre étude permet de souligner l'implication potentielle des artiodactyles dans l'émergence de futures zoonoses.

Les hyracoïdes sont des taxons peu étudiés en termes de communautés bactériennes, pourtant ils présentent une diversité microbienne alpha importante et arborent différentes espèces zoonotiques notables telles que *Campylobacter fetus*, *Pasteurella multocida*, *Escherichia Coli* O157:H7, *Klebsiella pneumoniae*. Nos résultats suggèrent que cet ordre de mammifère mériterait une exploration plus approfondie de sa flore bactérienne. Les hyracoïdes appartiennent au superordre des afrothériens qui regroupent à la fois les éléphants, les lamantins, les oryctéropes ou encore les macroscélides. L'histoire évolutive particulière de cet ordre de mammifère dont le nombre d'espèces a considérablement chuté au cours de la première radiation évolutive des bovidés au Miocène, leur aurait permis de conserver des caractères primitifs tels que leur mode d'alimentation (« crochetage » par les molaires au lieu des incisives) associé à un tube digestif complexe (caecum développé, deux appendices du côlon) (Moyano, Cassini, et Giannini 2019). Ces particularités anatomiques pourraient expliquer la diversité microbienne observée.

Dans notre étude, les rongeurs présentent la plus grande diversité et proportion de genres bactériens identifiés comme potentiellement pathogènes pour l'homme, suivi des artiodactyles, des carnivores puis des hyracoïdes et lagomorphes. La littérature fait aussi état de ce nombre important d'espèces zoonotiques transmissibles par les rongeurs : 10.7 % des rongeurs (244/2220 espèces) seraient porteurs de 85 zoonoses uniques (B. A. Han et al. 2016). Parmi les genres représentés *Campylobacter* revêt une importance sanitaire notable pour la sécurité des aliments. Les rongeurs constituent un enjeu majeur de santé publique en Afrique centrale, en effet malgré le fait qu'ils constituent des réservoirs connus de maladies transmissibles à l'homme, ils pourraient représenter « une solution pour diminuer la faim et la malnutrition dans le monde » (Gruber 2016). Plusieurs publications suggèrent l'élevage de rongeurs, notamment des aulacodes en Afrique de l'Ouest, pour diminuer la dépendance des populations à la viande de brousse à la fois dans une optique de conservation de la biodiversité mais surtout comme solution à la « Bushmeat crisis » qui se dessine (Gruber 2016) (Wicander et Coad 2014). La relation entre maladies infectieuses et la sécurité alimentaire est complexe, en effet si les rongeurs sont des hôtes importants de maladies zoonotiques ils confèrent cependant un statut de sécurité alimentaire plus élevé aux populations les consommant tandis que l'insécurité alimentaire est finalement associée à l'exploitation d'une plus grande diversité d'espèces de viande de brousse, augmentant l'exposition des populations à une plus grande diversité d'agents pathogènes (Friant et al. 2020). De plus, l'insécurité alimentaire et la malnutrition sont des facteurs aggravants des infections opportunistes. Le principal enjeu de ces nouvelles filières d'élevage consiste donc à diminuer les risques d'exposition de l'homme aux pathogènes vectorisés par ces espèces, notamment au cours des processus de production : manipulation de l'animal, abattage, éviscération, contact avec des fluides et fèces. Au regard de nos résultats, il convient cependant de rester prudent quant à ce développement puisque la domestication de telles espèces et l'augmentation des contacts avec l'homme qu'elle suppose augmentent le risque de transmission et d'émergence de nouveaux pathogènes zoonotiques (Besselsen et al. 2008) (Krügel et al. 2022). Ceci est d'autant plus vrai que l'élevage de rongeurs implique une grande concentration d'animaux vivants exposés à des conditions de stress, tout en étant en contact étroit avec des rongeurs sauvages ou d'autres animaux sauvages porteurs d'agents infectieux. Hormis ces perspectives d'élevage, il faut souligner que les rongeurs font déjà largement parti du régime alimentaire de nombreuses populations d'Afrique centrale et de l'Ouest (Jori 2001). La viande d'aulacode est considérée comme un met prisé, où son prix est trois à quatre fois supérieur à celui du bœuf (Amori et Spartaco 2002). L'établissement de

communautés originaire d'Afrique tropicale dans l'hémisphère Nord a aussi conduit à l'augmentation des importations illégales de viande de brousse, notamment en grande partie des rongeurs, dans ces territoires constituant un enjeu sanitaire puisqu'elles participent à l'introduction et à la propagation d'agents pathogènes. En effet, aux Etats-Unis entre 2005 et 2010, c'est 543 saisies de viande de brousse qui ont été réalisées aux frontières, 51% des denrées confisqués étaient des rongeurs (Bair-Brake et al. 2014). Les problématiques liées à la consommation de rongeurs sont donc multiples, notre étude souligne la nécessité d'encadrer ces pratiques par un suivi vétérinaire afin de limiter l'exposition et la propagation de pathogènes à l'homme.

Les pangolins présentent des particularités de flore microbienne qu'il serait intéressant d'investiguer davantage. Leur régime alimentaire spécifique ainsi que leur mode de vie fouisseur pourraient être responsables de leur spécialisation microbienne. Si phylogénétiquement ils sont le plus proches des carnivores, leur microbiome intestinal se rapproche le plus de celui des myrmécophages (F. Zhang et al. 2021). Au cœur de la polémique sur l'origine de l'émergence du nouveau SARS-CoV-2, les pangolins furent désignés comme potentiels hôtes intermédiaires (G.-Z. Han 2020). Notre étude a permis de souligner que ces mammifères pourraient effectivement être impliqués dans la transmission de maladies zoonotiques à l'homme par l'identification de plusieurs espèces bactériennes pathogènes.

La diversité bactérienne de l'ordre des primates est sous-représentée dans nos données en l'absence d'écouvillons oral et rectal, seuls des échantillons tissulaires ont été prélevés biaisant largement les communautés bactériennes obtenues.

Quelles implications ? Des solutions ? One Health

L'ensemble de cette étude a clairement permis de mettre en évidence la diversité des risques zoonotiques bactériens auxquels l'homme s'expose lors de la production et consommation de viande de brousse en Afrique tropicale. Ces résultats s'inscrivent dans un contexte d'émergence rapide de nouvelles maladies infectieuses, dans lequel les forêts tropicales constituent des « hot-spots » de diversité (Van Vliet et al. 2017 ; Jones et al. 2008). Or, comme exposé dans le Chapitre-1 la viande de brousse est une problématique complexe mêlant à la fois des enjeux de sécurité alimentaire, de santé publique et de protection de la biodiversité. Chaque année, dans le Bassin du Congo, ce sont 5 millions de tonnes de viande de brousse qui sont prélevées dans les forêts (A. Kamins et al. 2014). Il n'existe pas de « solution facile » à ce problème. Essayer de remplacer cette quantité de viande par du bétail, entraînerait un nouveau type de catastrophe environnementale avec une déforestation importante des écosystèmes et une production de déchets significative, d'autant plus que l'élevage bovins dans ces régions est souvent difficile. En plus d'être la principale source de protéines de nombreuses populations d'Afrique tropicale, la viande de brousse constitue aussi l'une des principales sources de revenus de nombreux ménages. Ainsi, interdire la consommation de viande de brousse en raison des risques pathogènes n'est pas envisageable, par contre diminuer sa consommation via le développement à la fois d'alternatives économiques et protéiques constitue l'une des principales stratégies optées par les organismes de conservation de la biodiversité (Secretariat of the Convention on Biological Diversity 2011). Encadrer les activités de chasse, prévenir et sensibiliser les populations aux problématiques de santé liées à la viande de brousse sont nécessaires afin de

réduire le risque de transmission et d'émergence d'agents pathogènes. En effet, les résultats de notre étude ont mis en évidence que la contamination de la viande de brousse peut résulter à la fois de contaminations endogènes, environnementales ou issues des processus de production. Ainsi, plusieurs points « clés » dans la transformation de la viande sont particulièrement à risque notamment l'abattage, l'habillage et la dissection, ainsi que les étapes ultérieures de stockage et de conservation. Diverses recommandations de sécurité peuvent alors être adressées aux populations, à la fois pour prévenir leur exposition personnelle ainsi que l'infection de la viande, telles que : désinfecter les plaies de morsure, limiter les plaies abdominales lors de l'abattage de l'animal (tir), précautions lors du transport de l'animal notamment vis-à-vis des vecteurs et du contact avec des fluides, désinfection du matériel de découpe, éviscération dans un « milieu contrôlé » (surface facile à désinfecter, pas à même le sol), précautions lors de l'éviscération aux souillures intestinales et rectales, inspection de la carcasse, limiter les contaminations croisées en n'entreposant pas de la viande fraîche au même endroit que de la viande cuite, port de gants, nettoyage fréquent des mains du manipulateur, ... En pratique ces recommandations sont largement limitées par la pauvreté et le manque de ressources matérielles (gants, produits désinfectants...). Ainsi, la cuisson à cœur de la viande constitue souvent l'étape déterminante de prévention des maladies d'origine alimentaire. Cependant elle n'est pas toujours suffisante pour lutter contre les spores bactériennes et n'empêche aucunement l'exposition préalable des manipulateurs aux nombreux dangers zoonotiques lors de la préparation de la viande. Malgré les résultats de l'étude, il est difficile de stigmatiser auprès des populations locales la consommation de rongeurs comme la plus « dangereuse » en termes de pathogènes, étant donné que les rongeurs constituent aussi aujourd'hui un des exemples d'alternatives nutritionnelles. Notre étude permet seulement d'alerter sur les risques liés à cette pratique et la nécessité de l'encadrer par des suivis vétérinaires stricts avec une surveillance accrue de ce réservoir dans l'émergence de pathogènes.

Ce travail s'inscrit dans une démarche One Health, la question de la viande de brousse étant à l'interface de problématiques à la fois animales, humaines et environnementales, et souligne la nécessité de collaborations interdisciplinaires pour l'intégration et la gestion des risques sanitaires associés. Ainsi, différentes initiatives se développent à l'échelle internationale afin de mettre en œuvre des stratégies de surveillance ciblées ne considérant pas uniquement le réservoir humain. Le projet PREDICT (Pandemic Preparedness For Global Health Security) initié par l'Agence des Etats-Unis pour le Développement International (USAID) a été mis en place en 2009 dans le but de renforcer les capacités locales des pays en développement à prévenir, détecter et contrôler les maladies infectieuses. Le projet cherche à établir des collaborations transdisciplinaires afin d'identifier les menaces virales zoonotiques potentielles dans les régions à haut risque de MIE telles que l'Afrique centrale, l'Asie du Sud et du Sud-Est, et certaines parties de l'Amérique latine (Kelly et al. 2020). Ce projet, initialement mis en œuvre dans plus de 20 pays s'appuie sur 5 stratégies pour améliorer la détection précoce des pathogènes viraux : 1) la création ou le renforcement des capacités de détection des virus zoonotiques ; 2) le développement des capacités des laboratoires de diagnostic et de réponse aux épidémies ; 3) la caractérisation des interfaces animal-homme à haut risque ; 4) l'optimisation des modèles prédictifs d'émergence et de propagation des maladies ; et 5) le déploiement d'outils de gestion et de communication pour permettre le partage de données issues de la surveillance des virus zoonotiques à l'échelle mondiale. En République Démocratique du Congo par exemple, ce projet repose sur la collaboration avec plusieurs institutions locales telles que : le laboratoire central vétérinaire de Kinshasa, l'Institution

Congolais pour la Conservation de la Nature, les CDC (Centers for Disease Control), l'Institut National de la Recherche Biomédicale, le ministère de l'environnement, l'association Lola Ya Bonobo Sanctuary, etc... En pratique, le programme PREDICT a permis d'identifier en RDC 3 nouvelles espèces d'adénovirus chez des rongeurs, l'amplification de 20 herpesvirus différents chez plus de 100 primates et rongeurs, la détection de bocavirus proches de ceux humains chez 6 primates sauvages, etc.... La viande de brousse constituant une interface privilégiée pour l'émergence de pathogènes zoonotiques, 179 entretiens et 12 groupes de discussion avec différents acteurs de la filière ont été réalisés afin d'identifier des comportements et des zones à risque, l'objectif étant de mettre en oeuvre une surveillance continue et ciblée, et d'établir des recommandations pour améliorer la sécurité sanitaire (Lucas et al. 2022). Une surveillance syndromique des patients présentés dans les hôpitaux locaux est aussi effectuée dans le but de déceler de potentiels virus zoonotiques au sein des populations exposées à des contacts rapprochés avec la faune sauvage (Lucas et al. 2020). La communication des risques et la sensibilisation des populations à ces problématiques représentent aussi une part importante du projet (K. Saylors et al. 2021).

Conclusion

Partant du constat qu'il n'existe que très peu de données sur la contribution de la viande de brousse au développement de maladies zoonotiques et d'origine alimentaire chez l'homme, notre étude avait pour but d'établir des résultats préliminaires en criblant la diversité des pathogènes bactériens présents dans divers échantillons de gibiers d'Afrique tropicale.

Nos résultats ont ainsi permis de mettre en évidence un indice de diversité alpha élevé au sein de l'ordre des artiodactyles et des lagomorphes. La phylogénie ainsi que le régime alimentaire semblent être des facteurs déterminants des flores bactériennes, suggérant un niveau d'exposition variable de l'homme à des pathogènes en fonction des espèces consommées. L'utilisation de plusieurs matrices d'échantillons a révélé une certaine homogénéité des communautés bactériennes au sein de chaque type d'échantillons, permettant de corréler le risque d'exposition aux activités de chasse pratiquées (abattage, éviscération, transport, consommation). Au total, 31 genres bactériens potentiellement pathogènes pour l'homme ont été identifiés dans l'ensemble de nos données avec une abondance relative > 1%. Les rongeurs constituent l'ordre de mammifères ayant recensé la plus forte proportion de ces « genres pathogènes ». Ces données mettent en évidence l'importante diversité des bactéries présentes dans les carcasses de viande de brousse destinées à la consommation. Les bactéries identifiées au sein des prélèvements tissulaires reflètent les conditions non hygiéniques de préparation du gibier en Afrique tropicale autorisant des sources multiples de contamination. Une meilleure compréhension des microbiomes de la viande de brousse et des facteurs qui les influencent est essentielle afin d'établir des recommandations visant à réduire les risques de transmission de maladies zoonotiques et alimentaires.

La gestion des risques sanitaires mis en évidence dans notre étude suppose une collaboration interdisciplinaire entre les acteurs de la santé animale, humaine et environnementale. L'intégration de la viande de brousse aux réseaux d'épidémiosurveillance est indispensable afin de prévenir le risque d'événements épidémiques. La combinaison d'un réseau de surveillance de la faune avec celle d'une surveillance de santé humaine, basée sur la détection de symptômes généraux par exemple, permettrait d'établir rapidement la source de foyers infectieux et l'identification des pathogènes mis en jeu. Ces dispositifs de surveillance doivent ensuite permettre aux dirigeants des pays de réviser le cadre institutionnel et réglementaire de la filière viande de brousse.

Bibliographie

- Abat, Cédric, Michael Huart, Vincent Garcia, Grégory Dubourg, et Didier Raoult. 2016. « Enterococcus Faecalis Urinary-Tract Infections: Do They Have a Zoonotic Origin? » *Journal of Infection* 73 (4): 305-13. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2016.07.012>.
- Abdesselam, K., et F. Pagotto. 2014. « Bacteria: Cronobacter (Enterobacter) Sakazakii and Other Cronobacter Spp. » In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 424-32. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00097-4>.
- Abebe, Engidaw, Getachew Gugsu, et Meselu Ahmed. 2020. « Review on Major Food-Borne Zoonotic Bacterial Pathogens ». *Journal of Tropical Medicine* 2020 (juin): 4674235. <https://doi.org/10.1155/2020/4674235>.
- Abrahamian, Fredrick M., et Ellie J. C. Goldstein. 2011. « Microbiology of Animal Bite Wound Infections ». *Clinical Microbiology Reviews* 24 (2): 231-46. <https://doi.org/10.1128/CMR.00041-10>.
- Ad, Nair, Cheng C, Jaworski Dc, Willard Lh, Sanderson Mw, et Ganta Rr. 2014. « Ehrlichia Chaffeensis Infection in the Reservoir Host (White-Tailed Deer) and in an Incidental Host (Dog) Is Impacted by Its Prior Growth in Macrophage and Tick Cell Environments ». *PloS One* 9 (10). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0109056>.
- Afssa. 2009. « Avis sur la mise en place d'un plan de surveillance sur les carcasses de volailles portant sur les critères indicateurs d'hygiène du procédé d'abattage - Saisine n°2009 - SA - 0046 ».
- Aghokeng, Avelin F., Ahidjo Ayoubu, Eitel Mpoudi-Ngole, Severin Loul, Florian Liegeois, Eric Delaporte, et Martine Peeters. 2010. « Extensive Survey on the Prevalence and Genetic Diversity of SIVs in Primate Bushmeat Provides Insights into Risks for Potential New Cross-Species Transmissions ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 10 (3): 386-96. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2009.04.014>.
- Akem, Efuet Simon, et Ngambouk Vitalis Pemunta. 2020a. « The bat meat chain and perceptions of the risk of contracting Ebola in the Mount Cameroon region ». *BMC Public Health* 20 (1): 593. <https://doi.org/10.1186/s12889-020-08460-8>.
- Alcaide, María, Enzo Messina, Michael Richter, Rafael Bargiela, Jörg Peplies, Sharon A. Huws, Charles J. Newbold, et al. 2012. « Gene Sets for Utilization of Primary and Secondary Nutrition Supplies in the Distal Gut of Endangered Iberian Lynx ». *PLoS ONE* 7 (12): e51521. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0051521>.
- Alhaji, N. B., S. Yatswako, et E. Y. Oddoh. 2018. « Knowledge, Risk Perception and Mitigation Measures towards Ebola Virus Disease by Potentially Exposed Bushmeat Handlers in North-Central Nigeria: Any Critical Gap? » *Zoonoses and Public Health* 65 (1): 158-67. <https://doi.org/10.1111/zph.12384>.
- Allan, Brian F. 2000. « The Effect of Forest Fragmentation on Lyme Disease Risk », 10.
- Allen, William, et Thomas Richard Heywood Thomson. 1848. *A Narrative of the Expedition Sent by Her Majesty's Government to the River Niger, in 1841: Under the Command of Captain H. D. Trotter*, R.N. R. Bentley.
- Amori, Giovanni, et Gippoliti Spartaco. 2002. « Rodents and the bushmeat harvest in Central Africa ». In *Links between Biodiversity Conservation, Livelihoods and Food Security: the Sustainable Use of Wild Species for Meat*, 95-100.
- Anderson, Marti J. 2017. « Permutational Multivariate Analysis of Variance (PERMANOVA) ». In *Wiley StatsRef: Statistics Reference Online*, 1-15. John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781118445112.stat07841>.
- Ashhurst-Smith, C., R. Norton, W. Thoreau, et M. M. Peel. 1998. « Actinobacillus Equuli Septicemia: An Unusual Zoonotic Infection ». *Journal of Clinical Microbiology* 36 (9): 2789-90. <https://doi.org/10.1128/JCM.36.9.2789-2790.1998>.
- Atabay, HI, JEL Corry, et C Ceylan. 2014. « Bacteria: Arcobacter ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 344-47. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00083-4>.

- Authority (EFSA), European Food Safety. 2005. « Opinion of the Scientific Panel on Biological Hazards (BIOHAZ) on *Bacillus Cereus* and Other *Bacillus* Spp in Foodstuffs ». *EFSA Journal* 3 (4): 175. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2005.175>.
- Avagnina, A., D. Nucera, M. A. Grassi, E. Ferroglio, A. Dalmasso, et T. Civera. 2012. « The Microbiological Conditions of Carcasses from Large Game Animals in Italy ». *Meat Science* 91 (3): 266-71. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.01.025>.
- Ayegbusi, Toluwanimi, Samuel A. Jegede, Kafayat Aminu, et Daniel Oladimeji Oluwayelu. 2016. « Perception and Prevention Practices against Ebola Virus Disease by Bushmeat Handlers in Ibadan, Nigeria ». *African Journal of Biomedical Research* 19 (2): 117-24. <https://doi.org/10.4314/ajbr.v19i2>.
- Bachand, Nicholas, André Ravel, Richard Onanga, Julie Arsenault, et Jean-Paul Gonzalez. 2012. « Public Health Significance of Zoonotic Bacterial Pathogens from Bushmeat Sold in Urban Markets of Gabon, Central Africa ». *Journal of Wildlife Diseases* 48 (3): 785-89. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-48.3.785>.
- Bacon, R.T. 2005. « Physical decontamination strategies for meat ». *Improving the Safety of Fresh Meat*, juillet, 318-49. <https://doi.org/10.1533/9781845691028.2.318>.
- Baillie, L., et TG Huwar. 2014. « Bacteria: *Bacillus Anthracis* ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 348-55. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00086-X>.
- Bair-Brake, H., T. Bell, A. Higgins, N. Bailey, M. Duda, S. Shapiro, H. E. Eves, N. Marano, et G. Galland. 2014. « Is That a Rodent in Your Luggage? A Mixed Method Approach to Describe Bushmeat Importation into the United States ». *Zoonoses and Public Health* 61 (2): 97-104. <https://doi.org/10.1111/zph.12050>.
- Bakhteeva, Irina, et Vitalii Timofeev. 2022. « Some Peculiarities of Anthrax Epidemiology in Herbivorous and Carnivorous Animals ». *Life (Basel, Switzerland)* 12 (6): 870. <https://doi.org/10.3390/life12060870>.
- Bantawa, Kamana, Kalyan Rai, Dhiren Subba Limbu, et Hemanta Khanal. 2018. « Food-borne bacterial pathogens in marketed raw meat of Dharan, eastern Nepal ». *BMC Research Notes* 11 (août): 618. <https://doi.org/10.1186/s13104-018-3722-x>.
- Batumike, Rodrigue, Gerard Imani, Christian Urom, et Aida Cuni-Sanchez. 2021. « Bushmeat Hunting around Lomami National Park, Democratic Republic of the Congo ». *Oryx* 55 (3): 421-31. <https://doi.org/10.1017/S0030605319001017>.
- Baudel, Helene, Helene De Nys, Eitel Mpoudi Ngole, Martine Peeters, et Alice Desclaux. 2019. « Understanding Ebola Virus and Other Zoonotic Transmission Risks through Human-Bat Contacts: Exploratory Study on Knowledge, Attitudes and Practices in Southern Cameroon ». *Zoonoses and Public Health* 66 (3): 288-95. <https://doi.org/10.1111/zph.12563>.
- Beauclerk, John. 1994. *Hunters and Gatherers in Central Africa: On the Margins of Development*. Repr. Oxfam Research Paper 6. Oxford: Oxfam.
- Behravesh, Casey Barton, Ian T. Williams, et Robert V. Tauxe. 2012. *EMERGING FOODBORNE PATHOGENS AND PROBLEMS: EXPANDING PREVENTION EFFORTS BEFORE SLAUGHTER OR HARVEST. Improving Food Safety Through a One Health Approach: Workshop Summary*. National Academies Press (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK114501/>.
- Belasen, Anat M., Molly C. Bletz, Domingos da Silva Leite, Luís Felipe Toledo, et Timothy Y. James. 2019. « Long-Term Habitat Fragmentation Is Associated With Reduced MHC IIB Diversity and Increased Infections in Amphibian Hosts ». *Frontiers in Ecology and Evolution* 6. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fevo.2018.00236>.
- Benoiston, Anne-Sophie. 2022. « AnneSoBen/obitools_workflow: v1.0.2. GitHub. » <https://doi.org/10.5281/zenodo.6676577>.
- Bentley, R. W., J. A. Leigh, et M. D. Collins. 1991. « Intrageneric Structure of *Streptococcus* Based on Comparative Analysis of Small-Subunit rRNA Sequences ». *International Journal of Systematic Bacteriology* 41 (4): 487-94. <https://doi.org/10.1099/00207713-41-4-487>.
- Berche, Patrick, Jean-Louis Gaillard, et Michel Simonet. 1994. *Bactériologie: Bactéries des infections humaines*. Paris: Médecine Sciences Publications.

- Bergogne-Bérézin, E. 2014a. « Bacteria: Acinetobacter ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 337-41. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00084-6>.
- Bergogne-Bérézin, E. 2014b. « Bacteria: Helicobacter Pylori ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 446-49. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00100-1>.
- Besselsen, David G., Craig L. Franklin, Robert S. Livingston, et Lela K. Riley. 2008. « Lurking in the Shadows: Emerging Rodent Infectious Diseases ». *ILAR Journal* 49 (3): 277-90. <https://doi.org/10.1093/ilar.49.3.277>.
- Bhunja, Arun. 2007. *Foodborne Microbial Pathogens: Mechanisms and Pathogenesis*. 1er édition. New York: Springer-Verlag New York Inc.
- Billington, Craig, Joanne M. Kingsbury, et Lucia Rivas. 2022. « Metagenomics Approaches for Improving Food Safety: A Review ». *Journal of Food Protection* 85 (3): 448-64. <https://doi.org/10.4315/JFP-21-301>.
- Bonwitt, Jesse, Martin Kandeh, Michael Dawson, Rashid Ansumana, Foday Sahr, Ann H. Kelly, et Hannah Brown. 2017. « Participation of Women and Children in Hunting Activities in Sierra Leone and Implications for Control of Zoonotic Infections ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 11 (7): e0005699. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005699>.
- Boundenga, Larson, Boris Makanga, Benjamin Ollomo, Aude Gilabert, Virginie Rougeron, Bertrand Mve-Ondo, Céline Arnathau, et al. 2016. « Haemosporidian Parasites of Antelopes and Other Vertebrates from Gabon, Central Africa ». *PLOS ONE* 11 (2): e0148958. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0148958>.
- Boyer, Frédéric, Céline Mercier, Aurélie Bonin, Yvan Le Bras, Pierre Taberlet, et Eric Coissac. 2016. « Obitools: A Unix-Inspired Software Package for DNA Metabarcoding ». *Molecular Ecology Resources* 16 (1): 176-82. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12428>.
- Brashares, Justin S., Christopher D. Golden, Karen Z. Weinbaum, Christopher B. Barrett, et Grace V. Okello. 2011. « Economic and Geographic Drivers of Wildlife Consumption in Rural Africa ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 108 (34): 13931-36. <https://doi.org/10.1073/pnas.1011526108>.
- Bratschi, Martin W., Peter Steinmann, Anna Wickenden, et Thomas P. Gillis. 2015. « Current Knowledge on *Mycobacterium Leprae* Transmission: A Systematic Literature Review ». *Leprosy Review* 86 (2): 142-55. <https://doi.org/10.47276/lr.86.2.142>.
- Brazier, Jon S. 2006. « Human Infections with *Fusobacterium Necrophorum* ». *Anaerobe* 12 (4): 165-72. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2005.11.003>.
- Bridel, Sébastien, Valérie Bouchez, Bryan Brancotte, Sofia Hauck, Nathalie Armatys, Annie Landier, Estelle Mühle, et al. 2022. « A comprehensive resource for *Bordetella* genomic epidemiology and biodiversity studies ». *Nature Communications* 13 (juillet): 3807. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-31517-8>.
- Brouqui, P., C. Le Cam, P. J. Kelly, R. Laurens, A. Tounkara, S. Sawadogo, null Velo-Marcel, L. Gondao, B. Faugere, et J. Delmont. 1994. « Serologic Evidence for Human Ehrlichiosis in Africa ». *European Journal of Epidemiology* 10 (6): 695-98. <https://doi.org/10.1007/BF01719283>.
- Brown, Eric, Uday Dessai, Sherri McGarry, et Peter Gerner-Smidt. 2019. « Use of Whole-Genome Sequencing for Food Safety and Public Health in the United States ». *Foodborne Pathogens and Disease* 16 (7): 441. <https://doi.org/10.1089/fpd.2019.2662>.
- Burgos-Rodriguez, Armando G. 2011. « Zoonotic Diseases of Primates ». *The Veterinary Clinics of North America. Exotic Animal Practice* 14 (3): 557-75, viii. <https://doi.org/10.1016/j.cvex.2011.05.006>.
- Camacho, Christiam, George Coulouris, Vahram Avagyan, Ning Ma, Jason Papadopoulos, Kevin Bealer, et Thomas L. Madden. 2009. « BLAST+: Architecture and Applications ». *BMC Bioinformatics* 10 (décembre): 421. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-10-421>.
- Caprioli, A., S. Morabito, et G. Scavia. 2014. « Bacteria: Shiga Toxin-Producing *Escherichia Coli* and Other Pathogenic *Escherichia Coli* ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine

- Motarjemi, 417-23. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00095-0>.
- Cawthorn, Donna-Mareè, et Louwrens C. Hoffman. 2015. « The bushmeat and food security nexus: A global account of the contributions, conundrums and ethical collisions ». *Food Research International (Ottawa, Ont.)* 76 (octobre): 906-25. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2015.03.025>.
- CBD. 2008. *Conservation and use of wildlife-based resources the bushmeat crisis*.
- Chaber, Anne-Lise, Sophie Allebone-Webb, Yves Lignereux, Andrew A. Cunningham, et J. Marcus Rowcliffe. 2010. « The Scale of Illegal Meat Importation from Africa to Europe via Paris ». *Conservation Letters* 3 (5): 317-21. <https://doi.org/10.1111/j.1755-263X.2010.00121.x>.
- Chaber, Anne-Lise, et Andrew Cunningham. 2016. « Public Health Risks from Illegally Imported African Bushmeat and Smoked Fish : Public Health Risks from African Bushmeat and Smoked Fish ». *EcoHealth* 13 (1): 135-38. <https://doi.org/10.1007/s10393-015-1065-9>.
- Challender, Daniel W. S., Helen C. Nash, et Carly Waterman. 2020. *Pangolins: Science, Society and Conservation*. Biodiversity of the World. London, United Kingdom: Academic press, an imprint of Elsevier.
- Chao, Anne, Nicholas J. Gotelli, T. C. Hsieh, Elizabeth L. Sander, K. H. Ma, Robert K. Colwell, et Aaron M. Ellison. 2014. « Rarefaction and Extrapolation with Hill Numbers: A Framework for Sampling and Estimation in Species Diversity Studies ». *Ecological Monographs* 84 (1): 45-67. <https://doi.org/10.1890/13-0133.1>.
- Chausson, Alexandre M., J. Marcus Rowcliffe, Lucie Escouflaire, Michelle Wieland, et Juliet H. Wright. 2019. « Understanding the Sociocultural Drivers of Urban Bushmeat Consumption for Behavior Change Interventions in Pointe Noire, Republic of Congo ». *Human Ecology* 47 (2): 179-91. <https://doi.org/10.1007/s10745-019-0061-z>.
- Cianciotto, Nicholas P. 2001. « Pathogenicity of Legionella Pneumophila ». *International Journal of Medical Microbiology* 291 (5): 331-43. <https://doi.org/10.1078/1438-4221-00139>.
- Cling, Jean-Pierre, Stéphane Lagrée, Mireille Razafindrakoto, et François Roubaud. 2012. *L'économie informelle dans les pays en développement*. AFD. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01664167>.
- Colagiorgi, Angelo, Pierluigi Di Ciccio, Emanuela Zanardi, Sergio Ghidini, et Adriana Ianieri. 2016. « A Look inside the Listeria monocytogenes Biofilms Extracellular Matrix ». *Microorganisms* 4 (3): 22. <https://doi.org/10.3390/microorganisms4030022>.
- Cooney, S., S O'Brien, C Iversen, et S Fanning. 2014. « Bacteria: Other Pathogenic Enterobacteriaceae – Enterobacter and Other Genera ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 433-41. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00104-9>.
- Cooper, Andrea M. 2015. « Mouse Model of Tuberculosis ». *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine* 5 (2): a018556. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a018556>.
- Cornejo Ulloa, Pilar, Monique H. van der Veen, et Bastiaan P. Krom. 2019. « Review: Modulation of the Oral Microbiome by the Host to Promote Ecological Balance ». *Odontology* 107 (4): 437-48. <https://doi.org/10.1007/s10266-019-00413-x>.
- Covey, Ryan, et W. Scott McGraw. 2014. « Monkeys in a West African Bushmeat Market: Implications for Cercopithecoid Conservation in Eastern Liberia ». *Tropical Conservation Science* 7 (1): 115-25. <https://doi.org/10.1177/194008291400700103>.
- Cox, T. Paul. 2012. « Farming the Battlefield: The Meanings of War, Cattle and Soil in South Kivu, Democratic Republic of the Congo ». *Disasters* 36 (2): 233-48. <https://doi.org/10.1111/j.1467-7717.2011.01257.x>.
- Cutler, S. J. 2014. « Bacteria: Coxiella Burnetii ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 410-16. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00094-9>.
- Davies, Glyn. 2002. « Bushmeat and International Development ». *Conservation Biology* 16 (3): 587-89.
- Dawson, Simon. 2017. « Bushmeat ». *Food Ethics Education* 13 (juillet): 209-20. https://doi.org/10.1007/978-3-319-64738-8_12.

- De Merode, Emmanuel, et Guy Cowlshaw. 2006. « Species Protection, the Changing Informal Economy, and the Politics of Access to the Bushmeat Trade in the Democratic Republic of Congo ». *Conservation Biology: The Journal of the Society for Conservation Biology* 20 (4): 1262-71. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2006.00425.x>.
- Dell, BreeAnna. 2020. « Emerging Zoonotic Pathogens at the Human-Wildlife Interface in Protected Areas: Game in the Southeastern United States and Bushmeat in Northern Uganda ». *Doctoral Dissertations*, décembre. https://trace.tennessee.edu/utk_graddiss/6066.
- Dell, BreeAnna M., Marcy J. Souza, et Adam S. Willcox. 2020. « Attitudes, Practices, and Zoonoses Awareness of Community Members Involved in the Bushmeat Trade near Murchison Falls National Park, Northern Uganda ». *PloS One* 15 (9): e0239599. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239599>.
- Delogu, Giovanni, Michela Sali, et Giovanni Fadda. 2013. « The Biology of Mycobacterium Tuberculosis Infection ». *Mediterranean Journal of Hematology and Infectious Diseases* 5 (1): e2013070. <https://doi.org/10.4084/MJHID.2013.070>.
- Delsuc, Frédéric, Jessica L. Metcalf, Laura Wegener Parfrey, Se Jin Song, Antonio González, et Rob Knight. 2014. « Convergence of Gut Microbiomes in Myrmecophagous Mammals ». *Molecular Ecology* 23 (6): 1301-17. <https://doi.org/10.1111/mec.12501>.
- Dethier, Marc, Andrea Ghiurghi, AGRECOL (Organization), France, SCETAGRI, CIRAD (Organization), ECOFAC (Program), et Fauna & Flora International, éd. 1999. *Etude de la chasse villageoise dans la forêt de N'gotto: étude réalisée dans le cadre du volet « Conservation et Développement Rural » de la Composante République Centrafricaine*. [République Centrafricaine: s.n.
- Deutz, Armin, F. Volk, Peter Pless, Harald Foetschl, et Peter Wagner. 2006. « Game meat hygiene aspects of dogging red and roe deer ». *Archiv für lebensmittelhygiene* 57 (novembre): 197-202.
- Dias, Alexandre Alves de Souza de Oliveira, Louisy Sanchez Santos, Priscila Soares Sabbadini, Cíntia Silva Santos, Feliciano Correa Silva Junior, Fátima Napoleão, Prescilla Emy Nagao, Maria Helena Simões Villas-Bôas, Raphael Hirata Junior, et Ana Luíza Mattos Guaraldi. 2011. « Corynebacterium Ulcerans Diphtheria: An Emerging Zoonosis in Brazil and Worldwide ». *Revista de Saúde Pública* 45 (décembre): 1176-91. <https://doi.org/10.1590/S0034-89102011000600021>.
- Dobrovolny, Stefanie, Marion Blaschitz, Thomas Weinmaier, Jan Pechatschek, Margit Cichna-Markl, Alexander Indra, Peter Hufnagl, et Rupert Hochegger. 2019. « Development of a DNA Metabarcoding Method for the Identification of Fifteen Mammalian and Six Poultry Species in Food ». *Food Chemistry* 272 (janvier): 354-61. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.08.032>.
- Dobson, Andrew P., Stuart L. Pimm, Lee Hannah, Les Kaufman, Jorge A. Ahumada, Amy W. Ando, Aaron Bernstein, et al. 2020. « Ecology and economics for pandemic prevention ». *Science* 369 (6502): 379-81. <https://doi.org/10.1126/science.abc3189>.
- Douno, Moussa, Emmanuel Asampong, N'Faly Magassouba, Elisabeth Fichet-Calvet, et Marí Sáez Almudena. 2021. « Hunting and Consumption of Rodents by Children in the Lassa Fever Endemic Area of Faranah, Guinea ». *PLOS Neglected Tropical Diseases* 15 (3): e0009212. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009212>.
- Douti, Nadiedjoa Kokou, Mawouto Fiawoo, Mounerou Salou, Kossi Mawududzi Senagbe, Manani Hemou, Essi Ememe Sanni, Dzayisse Yawo Atakouma, Bakoe Bakonde, et Mireille Prince-David. 2018. « Klebsiella Pneumoniae Nosocomial Infection in an African Pediatrics Health Center: Case of Campus-Teaching Hospital in Togo ». *International Journal of Clinical Pediatrics* 7 (4): 51-54.
- Drancourt, M., C. Bollet, A. Carlouz, R. Martelin, J. P. Gayral, et D. Raoult. 2000. « 16S Ribosomal DNA Sequence Analysis of a Large Collection of Environmental and Clinical Unidentifiable Bacterial Isolates ». *Journal of Clinical Microbiology* 38 (10): 3623-30. <https://doi.org/10.1128/JCM.38.10.3623-3630.2000>.
- Draulans, Dirk, et Ellen Van Krunckelsven. 2002. « The Impact of War on Forest Areas in the Democratic Republic of Congo ». *Oryx* 36 (1): 35-40. <https://doi.org/10.1017/S0030605302000066>.

- Dromigny, Eric. 2011. *Les critères microbiologiques des denrées alimentaires: Réglementation, agents microbiens, autocontrôle*. Paris: Tec & Doc Lavoisier.
- Duploux, Anne, Guillaume Minard, et Marjo Saastamoinen. 2020. « The Gut Bacterial Community Affects Immunity but Not Metabolism in a Specialist Herbivorous Butterfly ». *Ecology and Evolution* 10 (16): 8755-69. <https://doi.org/10.1002/ece3.6573>.
- Durski, Kara N., Andrea M. McCollum, Yoshinori Nakazawa, Brett W. Petersen, Mary G. Reynolds, Sylvie Briand, Mamoudou Harouna Djingarey, Victoria Olson, Inger K. Damon, et Asheena Khalakdina. 2018. « Emergence of Monkeypox — West and Central Africa, 1970–2017 ». *Morbidity and Mortality Weekly Report* 67 (10): 306-10. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6710a5>.
- Elsaghir, Hend, et Anil Kumar Reddy Reddivari. 2022. « Bacteroides Fragilis ». In *StatPearls*. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK553032/>.
- Epstein, Jonathan H. 2019. « Emerging Diseases in Bats ». *Fowler's Zoo and Wild Animal Medicine Current Therapy, Volume 9*, 274-79. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-55228-8.00040-0>.
- Esemu, Seraphine, Lucy Ndip, et Roland Ndip. 2011. « Ehrlichia species, probable emerging human pathogens in sub-Saharan Africa: Environmental exacerbation ». *Reviews on environmental health* 26 (décembre): 269-79. <https://doi.org/10.1515/REVEH.2011.034>.
- Esling, Philippe, Franck Lejzerowicz, et Jan Pawlowski. 2015. « Accurate multiplexing and filtering for high-throughput amplicon-sequencing ». *Nucleic Acids Research* 43 (5): 2513-24. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv107>.
- Esona, Mathew D., Rashi Gautam, Preeti Chhabra, Jan Vinjé, Michael D. Bowen, et Rachel M. Burke. 2022. « Gastrointestinal Tract Infections: Viruses ». In *Encyclopedia of Infection and Immunity*, édité par Nima Rezaei, 82-106. Oxford: Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-818731-9.00217-2>.
- Ethelberg, S., K. Mølbak, et M. H. Josefsen. 2014. « Bacteria: Salmonella Non-Typhi ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 501-14. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00112-8>.
- Etter, Eric, Pilar Donado, Ferran Jori, Alexandre Caron, Flavie Goutard, et François Roger. 2006. « Risk Analysis and Bovine Tuberculosis, a Re-Emerging Zoonosis ». *Annals of the New York Academy of Sciences* 1081 (1): 61-73. <https://doi.org/10.1196/annals.1373.006>.
- Fa, John E., Dominic Currie, et Jessica Meeuwig. 2003. « Bushmeat and Food Security in the Congo Basin: Linkages between Wildlife and People's Future ». *Environmental Conservation* 30 (1): 71-78. <https://doi.org/10.1017/S0376892903000067>.
- Fa, John E., Sarah F. Ryan, et Diana J. Bell. 2005. « Hunting Vulnerability, Ecological Characteristics and Harvest Rates of Bushmeat Species in Afrotropical Forests ». *Biological Conservation* 121 (2): 167-76. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2004.04.016>.
- FAO and WHO. 2021. *Microbiological Risk Assessment – Guidance for Food*. Microbiological Risk Assessment Series 36. Rome, Italy: FAO and WHO. <https://doi.org/10.4060/cb5006en>.
- Fargeot, Christian. 2004. « La chasse commerciale en Afrique Centrale. I. La venaison ou le négoce d'un produit vivrier ». *BOIS & FORETS DES TROPIQUES* 282 (décembre): 27-40. <https://doi.org/10.19182/bft2004.282.a20217>.
- . 2013. « La chasse commerciale en Afrique centrale : une menace pour la biodiversité ou une activité économique durable ? : Le cas de la république centrafricaine ». Phdthesis, Université Paul Valéry - Montpellier III. <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00931537>.
- Fellows, Peter. 2016. *Food Processing Technology: Principles and Practice*. San Diego: Elsevier Science.
- Ferguson-Noel, Naola, Natalie K. Armour, Amir H. Noormohammadi, Mohamed El-Gazzar, et Janet M. Bradbury. 2020. « Mycoplasmosis ». In *Diseases of Poultry*, 907-65. John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781119371199.ch21>.
- Filippone, Claudia, Edouard Betsem, Patricia Tortevoe, Olivier Cassar, Sylviane Bassot, Alain Froment, Arnaud Fontanet, et Antoine Gessain. 2015. « A Severe Bite From a Nonhuman Primate Is a Major Risk Factor for HTLV-1 Infection in Hunters From Central Africa ». *Clinical Infectious Diseases: An Official Publication of the Infectious Diseases Society of America* 60 (11): 1667-76. <https://doi.org/10.1093/cid/civ145>.

- Fliegerova, Katerina, Ilma Tapio, Aurelie Bonin, Jakub Mrazek, Maria Luisa Callegari, Paolo Bani, Alireza Bayat, et al. 2014. « Effect of DNA Extraction and Sample Preservation Method on Rumen Bacterial Population ». *Anaerobe* 29 (octobre): 80-84. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2013.09.015>.
- Forgie, Ella M. E., Kasereka Masumbuko Claude, et Michael T. Hawkes. 2022. « Perceptions of Ebola Virus Disease among the Bambuti Hunter Group: A Mixed-Methods Study ». *Pathogens and Global Health* 116 (4): 244-53. <https://doi.org/10.1080/20477724.2021.1970909>.
- Fosse, Julien. 2004. *Dangers biologiques et consommation des viandes*. Paris: Tec & Doc Lavoisier.
- Friant, Sagan, Wilfred A. Ayambem, Alobi O. Alobi, Nzube M. Ifebueme, Oshama M. Otukpa, David A. Ogar, Clement B. I. Alawa, Tony L. Goldberg, Jerry K. Jacka, et Jessica M. Rothman. 2020. « Eating Bushmeat Improves Food Security in a Biodiversity and Infectious Disease “Hotspot” ». *EcoHealth* 17 (1): 125-38. <https://doi.org/10.1007/s10393-020-01473-0>.
- Friant, Sagan, Sarah B. Paige, et Tony L. Goldberg. 2015a. « Drivers of Bushmeat Hunting and Perceptions of Zoonoses in Nigerian Hunting Communities ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 9 (5): e0003792. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003792>.
- Gallois, Sandrine, Tinde Ruth van Andel, et Gintare Pranskaitytė. 2021. « Alcohol, Drugs and Sexual Abuse in Cameroon’s Rainforest ». *Social Science & Medicine* 277 (mai): 113929. <https://doi.org/10.1016/j.socscimed.2021.113929>.
- Gao, Jianfeng, Ming Guo, Li Teng, Rong Bao, Qiaoyang Xian, Xin Wang, et Wenzhe Ho. 2018. « Guinea pig infected with Mycobacterium tuberculosis via oral consumption ». *Journal of Applied Animal Research* 46 (1): 1323-28. <https://doi.org/10.1080/09712119.2018.1505622>.
- Gbogbo, F., et M. O. Kyei. 2017. « Knowledge, Perceptions and Attitude of a Community Living around a Colony of Straw-Coloured Fruit Bats (Eidolon Helvum) in Ghana after Ebola Virus Disease Outbreak in West Africa ». *Zoonoses and Public Health* 64 (8): 628-35. <https://doi.org/10.1111/zph.12357>.
- Gibb, Rory, David W. Redding, Kai Qing Chin, Christl A. Donnelly, Tim M. Blackburn, Tim Newbold, et Kate E. Jones. 2020. « Zoonotic Host Diversity Increases in Human-Dominated Ecosystems ». *Nature* 584 (7821): 398-402. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2562-8>.
- Gillespie, Thomas R., Colin A. Chapman, et Ellis C. Greiner. 2005. « Effects of Logging on Gastrointestinal Parasite Infections and Infection Risk in African Primates ». *Journal of Applied Ecology* 42 (4): 699-707. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2005.01049.x>.
- Gombeer, Sophie, Casimir Nebesse, Prescott Akawa, Steve Ngoy, Marc Peeters, Ann Vanderheyden, Kenny Meganck, et al. 2021. « Exploring the bushmeat market in Brussels, Belgium: a clandestine luxury business ». *Biodiversity and Conservation* 30 (janvier). <https://doi.org/10.1007/s10531-020-02074-7>.
- Gomes-Neves, Eduarda, Ana Carolina Abrantes, Madalena Vieira-Pinto, et Alexandra Müller. 2021. « Wild Game Meat—a Microbiological Safety and Hygiene Challenge? » *Current Clinical Microbiology Reports* 8 (juin): 1-9. <https://doi.org/10.1007/s40588-021-00158-8>.
- Granum, P. E., L Stenfors Arnesen, et C From. 2014. « Bacteria: Bacillus Cereus and Other Pathogenic Bacillus Species ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 356-63. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00087-1>.
- Gratz, N. G. 1997. « The Burden of Rodent-Borne Diseases in Africa South of the Sahara ». In *Belgian Journal of Zoology (Belgium)*. https://scholar.google.com/scholar_lookup?title=The+burden+of+rodent-borne+diseases+in+Africa+South+of+the+Sahara&author=Gratz%2C+N.G.&publication_year=1997.
- Gruber, Karl. 2016. « Rodent meat – a sustainable way to feed the world? » *EMBO Reports* 17 (5): 630-33. <https://doi.org/10.15252/embr.201642306>.
- Guégan, Jean-François, Benoit de Thoisy, Ahidjo Ayoub, et Julien Cappelle. 2019. « Forêts tropicales, changements d’usage des sols et risques infectieux émergents ». *Santé Publique S1 (HS1)*: 91-106. <https://doi.org/10.3917/spub.190.0091>.
- Gundogan, N. 2014. « Klebsiella ». In *Encyclopedia of Food Microbiology (Second Edition)*, édité par Carl A. Batt et Mary Lou Tortorello, 383-88. Oxford: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384730-0.00172-5>.

- Gyuranecz, M. 2014. « Bacteria: Francisella Tularensis ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 442-45. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00099-8>.
- Hamid, Mohamed E. 2016. « Clinical Quiz No. 1 ». In *Skin Diseases of Cattle in the Tropics*, édité par Mohamed E. Hamid, 3-7. Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-811054-6.00001-5>.
- Han, Barbara A., Adrian A. Castellanos, John Paul Schmidt, Ilya R. Fischhoff, et John M. Drake. 2021. « The Ecology of Zoonotic Parasites in the Carnivora ». *Trends in Parasitology* 37 (12): 1096-1110. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2021.08.006>.
- Han, Barbara A., Andrew M. Kramer, et John M. Drake. 2016. « Global Patterns of Zoonotic Disease in Mammals ». *Trends in Parasitology* 32 (7): 565-77. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2016.04.007>.
- Han, Barbara A., John Paul Schmidt, Sarah E. Bowden, et John M. Drake. 2015. « Rodent reservoirs of future zoonotic diseases ». *Proceedings of the National Academy of Sciences* 112 (22): 7039-44. <https://doi.org/10.1073/pnas.1501598112>.
- Han, Guan-Zhu. 2020. « Pangolins Harbor SARS-CoV-2-Related Coronaviruses ». *Trends in Microbiology* 28 (7): 515-17. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.04.001>.
- Hardi, Richard, Gergely Babocsay, Dennis Tappe, Mihály Sulyok, Imre Bodó, et Lajos Rózsa. 2017. « Armillifer-Infected Snakes Sold at Congolese Bushmeat Markets Represent an Emerging Zoonotic Threat ». *EcoHealth* 14 (4): 743-49. <https://doi.org/10.1007/s10393-017-1274-5>.
- Heerden, Van, et Casper Vorster. 2016. « The Effect of Delayed Evisceration on the Microbiological Safety of Black Wildebeest (Connochaetes Gnou) Meat ». Dissertation, University of Pretoria. <https://repository.up.ac.za/handle/2263/57303>.
- Heighton, Sean, et Philippe Gaubert. 2021. « A timely systematic review on pangolin research, commercialization, and popularization to identify knowledge gaps and produce conservation guidelines ». *Biological Conservation* 256 (avril): 109042. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2021.109042>.
- Hilderink, M. H., et I. I. de Winter. 2021. « No Need to Beat around the Bushmeat—The Role of Wildlife Trade and Conservation Initiatives in the Emergence of Zoonotic Diseases ». *Heliyon* 7 (7): e07692. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e07692>.
- Hing, Mony, Dorien Van Den Bossche, Tinne Lernout, Christel Cochez, Jean-Paul Pirnay, et Walter Heuninckx. 2019. « Prevalence of Anaplasma phagocytophilum in humans in Belgium for the period 2013–2016. » *Acta Clinica Belgica* 74 (4): 280-85. <https://doi.org/10.1080/17843286.2018.1491928>.
- Hossain, Z. 2014a. « Bacteria: Pseudomonas ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 490-500. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00109-8>.
- . 2014b. « Bacteria: Streptococcus ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 535-45. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00116-5>.
- Ingram, Daniel J., Lauren Coad, Katharine A. Abernethy, Fiona Maisels, Emma J. Stokes, Kadiri S. Bobo, Thomas Breuer, et al. 2018. « Assessing Africa-Wide Pangolin Exploitation by Scaling Local Data ». *Conservation Letters* 11 (2): e12389. <https://doi.org/10.1111/conl.12389>.
- Jackson, Brendan R., Cheryl Tarr, Errol Strain, Kelly A. Jackson, Amanda Conrad, Heather Carleton, Lee S. Katz, et al. 2016. « Implementation of Nationwide Real-Time Whole-Genome Sequencing to Enhance Listeriosis Outbreak Detection and Investigation ». *Clinical Infectious Diseases: An Official Publication of the Infectious Diseases Society of America* 63 (3): 380-86. <https://doi.org/10.1093/cid/ciw242>.
- Jaffee, Steve, Spencer Henson, Delia Grace, Mateo Ambrosio, et Frank Berthe. 2020. « Why Food Safety Matters to Africa: Making the Case for Policy Action ». 0 éd. Washington, DC: International Food Policy Research Institute. https://doi.org/10.2499/9780896293946_10.
- Jaffee, Steven, Spencer Henson, Laurian Unnevehr, Delia Grace, et Emilie Cassou. s. d. « The Safe Food Imperative: Accelerating Progress in Low-And Middleincome Countries », 211.
- Jahnke, H. E. 1982. « Livestock production systems and livestock development in Tropical Africa ». Kiel (Germany, F.R.) Kieler Wissenschaftsverlag Vauk.

- https://scholar.google.com/scholar_lookup?title=Livestock+production+systems+and+livestock+development+in+Tropical+Africa&author=Jahnke%2C+H.E.&publication_year=1982.
- Jaimes, Jose D., Veronika Jarosova, Ondrej Vesely, Chahrazed Mekadim, Jakub Mrazek, Petr Marsik, Jiri Killer, Karel Smejkal, Pavel Kloucek, et Jaroslav Havlik. 2019. « Effect of Selected Stilbenoids on Human Fecal Microbiota ». *Molecules* 24 (4): 744. <https://doi.org/10.3390/molecules24040744>.
- Jia, Na, Yuan-Chun Zheng, Lan Ma, Qiu-Bo Huo, Xue-Bing Ni, Bao-Gui Jiang, Yan-Li Chu, Rui-Ruo Jiang, Jia-Fu Jiang, et Wu-Chun Cao. 2014. « Human Infections with Rickettsia raoultii, China ». *Emerging Infectious Diseases* 20 (5): 866-68. <https://doi.org/10.3201/eid2005.130995>.
- Johnston, J. W., et M. A. Apicella. 2009. « Haemophilus Influenzae ». In *Encyclopedia of Microbiology (Third Edition)*, édité par Moselio Schaechter, 153-62. Oxford: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-012373944-5.00174-7>.
- Jones, Kate E., Nikkita G. Patel, Marc A. Levy, Adam Storeygard, Deborah Balk, John L. Gittleman, et Peter Daszak. 2008. « Global Trends in Emerging Infectious Diseases ». *Nature* 451 (7181): 990-93. <https://doi.org/10.1038/nature06536>.
- Jori, Ferran. 2001. « La production de rongeurs en milieu tropical ». *Bois et Forêts des Tropiques*. <https://agritrop.cirad.fr/480284/>.
- Kamins, Alexandra, Kate Baker, Olivier Restif, Andrew Cunningham, et James L.N. Wood. 2014. « 5. Emerging risks from bat bushmeat in West Africa ». In *Trends in game meat hygiene*, 91-106. Wageningen Academic Publishers. https://doi.org/10.3920/978-90-8686-238-2_5.
- Kamins, Alexandra O., J. Marcus Rowcliffe, Yaa Ntiama-Baidu, Andrew A. Cunningham, James L. N. Wood, et Olivier Restif. 2015. « Characteristics and Risk Perceptions of Ghanaians Potentially Exposed to Bat-Borne Zoonoses through Bushmeat ». *EcoHealth* 12 (1): 104-20. <https://doi.org/10.1007/s10393-014-0977-0>.
- Kandi, Venkataramana. 2015. « Human Nocardia Infections: A Review of Pulmonary Nocardiosis ». *Cureus* 7 (8). <https://doi.org/10.7759/cureus.304>.
- Karalus, Richard, et Anthony Campagnari. 2000. « Moraxella Catarrhalis: A Review of an Important Human Mucosal Pathogen ». *Microbes and Infection* 2 (5): 547-59. [https://doi.org/10.1016/S1286-4579\(00\)00314-2](https://doi.org/10.1016/S1286-4579(00)00314-2).
- Karl, J. Philip, Adrienne M. Hatch, Steven M. Arcidiacono, Sarah C. Pearce, Ida G. Pantoja-Feliciano, Laurel A. Doherty, et Jason W. Soares. 2018. « Effects of Psychological, Environmental and Physical Stressors on the Gut Microbiota ». *Frontiers in Microbiology* 9 (septembre): 2013. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02013>.
- Katani, Robab, Megan A. Schilling, Beatus Lyimo, Ernest Eblate, Andimile Martin, Triza Tonui, Isabella M. Cattadori, et al. 2021. « Identification of Bacillus Anthracis, Brucella Spp., and Coxiella Burnetii DNA Signatures from Bushmeat ». *Scientific Reports* 11 (1): 14876. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-94112-9>.
- Katani, Robab, Megan A. Schilling, Beatus Lyimo, Triza Tonui, Isabella M. Cattadori, Ernest Eblate, Andimile Martin, et al. 2019. « Microbial Diversity in Bushmeat Samples Recovered from the Serengeti Ecosystem in Tanzania ». *Scientific Reports* 9 (1): 18086. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-53969-7>.
- Kelly, Terra R., Catherine Machalaba, William B. Karesh, Paulina Zielinska Crook, Kirsten Gilardi, Julius Nziza, Marcela M. Uhart, et al. 2020. « Implementing One Health approaches to confront emerging and re-emerging zoonotic disease threats: lessons from PREDICT ». *One Health Outlook* 2 (1): 1. <https://doi.org/10.1186/s42522-019-0007-9>.
- Kerstens, Karel, Paul De Vos, Monique Gillis, Jean Swings, Peter Vandamme, et Erko Stackebrandt. 2006. « Introduction to the Proteobacteria ». In *The Prokaryotes: Volume 5: Proteobacteria: Alpha and Beta Subclasses*, édité par Martin Dworkin, Stanley Falkow, Eugene Rosenberg, Karl-Heinz Schleifer, et Erko Stackebrandt, 3-37. New York, NY: Springer. https://doi.org/10.1007/0-387-30745-1_1.
- Khalaf, Jenan Mahmood, Ibrahim Abbas Mohammed, et Abdulkarim Jafar Karim. 2018. « The epidemiology of tick in transmission of Enterobacteriaceae bacteria in buffaloes in Marshes of the south of Iraq ». *Veterinary World* 11 (12): 1677-81. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2018.1677-1681>.

- Khamesipour, F., K. Lankarani, B. Honarvar, et T. Kwenti. 2018. « A systematic review of human pathogens carried by the housefly (*Musca domestica* L.) ». *BMC Public Health*. <https://doi.org/10.1186/s12889-018-5934-3>.
- Kingdon, Jonathan. 2019. *The Kingdon Field Guide to African Mammals: Second Edition*. 1er édition. Bloomsbury Wildlife.
- Koizumi, Nobuo, Maki Muto, Tsutomu Tanikawa, Hiroshi Mizutani, Yoshiko Sohmura, Eiji Hayashi, Nobuaki Akao, Mayu Hoshino, Hiroki Kawabata, et Haruo YR 2009 Watanabe. 2009. « Human leptospirosis cases and the prevalence of rats harbouring *Leptospira interrogans* in urban areas of Tokyo, Japan ». *Journal of Medical Microbiology* 58 (9): 1227-30. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.011528-0>.
- Könönen, Eija, Georg Conrads, et Elisabeth Nagy. 2015. « Bacteroides, Porphyromonas, Prevotella, Fusobacterium, and Other Anaerobic Gram-Negative Rods ». In *Manual of Clinical Microbiology*, 967-93. John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1128/9781555817381.ch54>.
- Koringa, Prakash G., Jalpa R. Thakkar, Ramesh J. Pandit, Ankit T. Hinsu, Mithil J. Parekh, Ravi K. Shah, Subhash J. Jakhesara, et Chaitanya G. Joshi. 2019. « Metagenomic Characterisation of Ruminal Bacterial Diversity in Buffaloes from Birth to Adulthood Using 16S rRNA Gene Amplicon Sequencing ». *Functional & Integrative Genomics* 19 (2): 237-47. <https://doi.org/10.1007/s10142-018-0640-x>.
- Krügel, Maria, Nina Król, Volkhard A. J. Kempf, Martin Pfeffer, et Anna Obiegala. 2022. « Emerging rodent-associated Bartonella: a threat for human health? » *Parasites & Vectors* 15 (1): 113. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05162-5>.
- Kümpel, Noëlle. 2005. « The bushmeat trade ». *POSTnote*, février.
- Kurpiers, Laura A., Björn Schulte-Herbrüggen, Imran Ejotre, et DeeAnn M. Reeder. 2015. « Bushmeat and Emerging Infectious Diseases: Lessons from Africa ». *Problematic Wildlife*, septembre, 507-51. https://doi.org/10.1007/978-3-319-22246-2_24.
- Kus, J.V. 2014. « Infections due to Citrobacter and Enterobacter ». *xPharm: The Comprehensive Pharmacology Reference*, décembre. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.05089-3>.
- Kvalsvig, A., M. G. Baker, A. Sears, et N. French. 2014. « Bacteria: Campylobacter ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 369-80. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00089-5>.
- Lambert, Caroline, Mathilde Couteaudier, Julie Gouzil, Léa Richard, Thomas Montange, Edouard Betsem, Réjane Rua, et al. 2018. « Potent neutralizing antibodies in humans infected with zoonotic simian foamy viruses target conserved epitopes located in the dimorphic domain of the surface envelope protein ». *PLoS Pathogens* 14 (10): e1007293. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1007293>.
- Lange, Christian E., Fabien R. Niama, Kenneth Cameron, Sarah H. Olson, Rock Aime Nina, Alain Ondzie, Gerard Bounga, et al. 2019. « First evidence of a new simian adenovirus clustering with Human mastadenovirus F viruses ». *Virology Journal* 16 (1): 147. <https://doi.org/10.1186/s12985-019-1248-z>.
- Langkjaer, Emilia, et Storm, Malou. 2018. « Gut microbiome of African viverrids reflect the omnivorous diet of the host ».
- Larson, Erica C., Camille L. Novis, Laura J. Martins, Amanda B. Macedo, Kady E. Kimball, Alberto Bosque, Vicente Planelles, et Louis R. Barrows. 2017. « Mycobacterium tuberculosis reactivates latent HIV-1 in T cells in vitro ». *PLoS ONE* 12 (9): e0185162. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0185162>.
- Leroy, Eric M., Alain Epelboin, Vital Mondonge, Xavier Pourrut, Jean-Paul Gonzalez, Jean-Jacques Muyembe-Tamfum, et Pierre Formenty. 2009. « Human Ebola Outbreak Resulting from Direct Exposure to Fruit Bats in Luebo, Democratic Republic of Congo, 2007 ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)* 9 (6): 723-28. <https://doi.org/10.1089/vbz.2008.0167>.
- Leroy, Eric M., Pierre Rouquet, Pierre Formenty, Sandrine Souquière, Annelisa Kilbourne, Jean-Marc Froment, Magdalena Bermejo, et al. 2004. « Multiple Ebola Virus Transmission Events and Rapid Decline of Central African Wildlife ». *Science (New York, N.Y.)* 303 (5656): 387-90. <https://doi.org/10.1126/science.1092528>.

- Lescuyer, G., et R. Nasi. 2016. « Financial and Economic Values of Bushmeat in Rural and Urban Livelihoods in Cameroon: Inputs to the Development of Public Policy ». *International Forestry Review* 18 (1): 93-107. <https://doi.org/10.1505/146554816819683726>.
- Ley, Ruth E., Micah Hamady, Catherine Lozupone, Peter Turnbaugh, Rob Roy Ramey, J. Stephen Bircher, Michael. L. Schlegel, et al. 2008. « Evolution of mammals and their gut microbes ». *Science (New York, N.Y.)* 320 (5883): 1647-51. <https://doi.org/10.1126/science.1155725>.
- Liégeois, Florian, Vanina Boué, Fatima Mouacha, Christelle Butel, Bertrand Mve Ondo, Xavier Pourrut, Eric Leroy, Martine Peeters, et François Rouet. 2012. « New STLV-3 strains and a divergent SIVmus strain identified in non-human primate bushmeat in Gabon ». *Retrovirology* 9 (1): 28. <https://doi.org/10.1186/1742-4690-9-28>.
- LoBue, P. A., D. A. Enarson, et C. O. Thoen. 2010. « Tuberculosis in humans and animals: an overview [Serialised article. Tuberculosis: a re-emerging disease in animals and humans. Number 1 in the series] ». *The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease* 14 (9): 1075-78.
- Loh, Elizabeth H., Carlos Zambrana-Torrel, Kevin J. Olival, Tiffany L. Bogich, Christine K. Johnson, Jonna A. K. Mazet, William Karesh, et Peter Daszak. 2015. « Targeting Transmission Pathways for Emerging Zoonotic Disease Surveillance and Control ». *Vector Borne and Zoonotic Diseases* 15 (7): 432-37. <https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1563>.
- Lucas, Ashley, Charles Kumakamba, Christian E Lange, Erby Obel, Guy Miningue, Jacques Likofata, Amethyst Gillis, et al. 2020. « Serology and Behavioral Perspectives on Ebola Virus Disease Among Bushmeat Vendors in Equateur, Democratic Republic of the Congo, After the 2018 Outbreak ». *Open Forum Infectious Diseases* 7 (8): ofaa295. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofaa295>.
- Lucas, Ashley, Charles Kumakamba, Karen Saylor, Erby Obel, Reggiani Kamenga, Maria Makuwa, Catherine Clary, et al. 2022. « Risk Perceptions and Behaviors of Actors in the Wild Animal Value Chain in Kinshasa, Democratic Republic of Congo ». *PLOS ONE* 17 (2): e0261601. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0261601>.
- Lytras, Spyros, Joseph Hughes, Darren Martin, Phillip Swanepoel, Arné de Klerk, Rentia Lourens, Sergei L. Kosakovsky Pond, Wei Xia, Xiaowei Jiang, et David L. Robertson. 2022. « Exploring the Natural Origins of SARS-CoV-2 in the Light of Recombination ». *Genome Biology and Evolution* 14 (2): evac018. <https://doi.org/10.1093/gbe/evac018>.
- Ma, Jing-E., Hai-Ying Jiang, Lin-Miao Li, Xiu-Juan Zhang, Guan-Yu Li, Hui-Ming Li, Xue-Jun Jin, et Jin-Ping Chen. 2018. « The Fecal Metagenomics of Malayan Pangolins Identifies an Extensive Adaptation to Myrmecophagy ». *Frontiers in Microbiology* 9: 2793. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02793>.
- Macé, Sabrina, Jean-Jacques Joffraud, Mireille Cardinal, Mariya Malcheva, Josiane Cornet, Valérie Lalanne, Frédérique Chevalier, Thierry Sérot, Marie-France Pilet, et Xavier Dousset. 2013. « Evaluation of the Spoilage Potential of Bacteria Isolated from Spoiled Raw Salmon (*Salmo Salar*) Fillets Stored under Modified Atmosphere Packaging ». *International Journal of Food Microbiology* 160 (3): 227-38. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.10.013>.
- Magalhães, R, C Mena, V Ferreira, J Silva, G Almeida, P Gibbs, et P Teixeira. 2014. « Bacteria: *Listeria Monocytogenes* ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 450-61. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00101-3>.
- Magnino, Simone, Pierre Colin, Eduardo Dei-Cas, Mogens Madsen, Jim McLauchlin, Karsten Nöckler, Miguel Prieto Maradona, Eirini Tsigarida, Emmanuel Vanopdenbosch, et Carlos Van Peteghem. 2009. « Biological Risks Associated with Consumption of Reptile Products ». *International Journal of Food Microbiology* 134 (3): 163-75. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2009.07.001>.
- Magyar, T., et A. Lax. 2014. « 00106 - Bacteria: *Pasteurella Multocida* ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 476-79. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00106-2>.
- Maillet, Aurélien, Agnès Bouju-Albert, Steven Roblin, Pauline Vaissié, Sébastien Leuillet, Xavier Dousset, Emmanuel Jaffrès, Jérôme Combrisson, et Hervé Prévost. 2021. « Impact of DNA Extraction and Sampling Methods on Bacterial Communities Monitored by 16S rDNA

- Metabarcoding in Cold-Smoked Salmon and Processing Plant Surfaces ». *Food Microbiology* 95 (mai): 103705. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2020.103705>.
- Mainka, Sue, et Mandar Trivedi. 2002. *Links Between Biodiversity Conservation, Livelihoods and Food Security: The Sustainable Use of Wild Species for Meat*. IUCN.
- Makosso-Vheiyé, Georges. 2012. « Traditional Smoking Processes of Bushmeat in Congo (Brazzaville) ». *International Journal of Molecular Zoology*, janvier. <https://doi.org/10.5376/ijmz.2012.02.0008>.
- Manabe, Yukari C., Arthur M. Dannenberg, Sandeep K. Tyagi, Christine L. Hatem, Mark Yoder, Samuel C. Woolwine, Bernard C. Zook, M. Louise M. Pitt, et William R. Bishai. 2003. « Different Strains of Mycobacterium tuberculosis Cause Various Spectrums of Disease in the Rabbit Model of Tuberculosis ». *Infection and Immunity* 71 (10): 6004-11. <https://doi.org/10.1128/IAI.71.10.6004-6011.2003>.
- Marcon, Eric. 2015. « Mesures de la Biodiversité ». Lecture, AgroParisTech. <https://hal-agroparistech.archives-ouvertes.fr/cel-01205813>.
- Maté, Carmen, et M. Colell. 2014. « Hunting among Moka Bubis in Bioko: dynamics of faunal exploitation at the village level ».
- Maurice, Melle, Nkwatoh Fuashi, Olle Flaubert, Ekabe Mbinde, et Chah Mbah. 2017. « An Exploration of Bats Consumption Behaviour and the Awareness of Zoonotic Diseases in Bamenda, Northwest Region, Cameroon ». *International journal of Rural Development, Environment and Health Research* 1 (janvier): 89-101. <https://doi.org/10.22161/ijreh.1.3.10>.
- Mbun, C. M., et Nguemwo, B. S. 2021. « Assessment of Species in Bushmeat Trade in Cameroon and the Republic of the Congo. » *TRAFFIC*, juin.
- McArthur, Donna Behler. 2019. « Emerging Infectious Diseases ». *The Nursing Clinics of North America* 54 (2): 297-311. <https://doi.org/10.1016/j.cnur.2019.02.006>.
- McMahon, Barry J., Serge Morand, et Jeremy S. Gray. 2018. « Ecosystem Change and Zoonoses in the Anthropocene ». *Zoonoses and Public Health* 65 (7): 755-65. <https://doi.org/10.1111/zph.12489>.
- McMurdie, Paul J., et Susan Holmes. 2013. « Phyloseq: An R Package for Reproducible Interactive Analysis and Graphics of Microbiome Census Data ». *PloS One* 8 (4): e61217. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>.
- Mediannikov, Oleg, Georges Diatta, Yah Zolia, Mamadou Cellou Balde, Henry Kohar, Jean-François Trape, et Didier Raoult. 2012. « Tick-Borne Rickettsiae in Guinea and Liberia ». *Ticks and Tick-Borne Diseases* 3 (1): 43-48. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2011.08.002>.
- Mediannikov, Oleg, Kotaro Matsumoto, Irina Samoylenko, Michel Drancourt, Véronique Roux, Elena Rydkina, Bernard Davoust, Irina Tarasevich, Philippe Brouqui, et Pierre-Edouard Fournier. 2008. « Rickettsia Raoultii Sp. Nov., a Spotted Fever Group Rickettsia Associated with Dermacentor Ticks in Europe and Russia ». *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 58 (Pt 7): 1635-39. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64952-0>.
- Meerburg, B. G., W. F. Jacobs-Reitsma, J. A. Wagenaar, et A. Kijlstra. 2006. « Presence of Salmonella and Campylobacter spp. in Wild Small Mammals on Organic Farms ». *Applied and Environmental Microbiology* 72 (1): 960-62. <https://doi.org/10.1128/AEM.72.1.960-962.2006>.
- Meerburg, Bastiaan G, et Aize Kijlstra. 2007. « Role of Rodents in Transmission of Salmonella and Campylobacter ». *Journal of the Science of Food and Agriculture* 87 (15): 2774-81. <https://doi.org/10.1002/jsfa.3004>.
- Mentula, Silja, Veera Karkamo, Teresa Skrzypczak, Jaana Seppänen, Hanne-Leena Hyryläinen, Marjo Haanperä, et Hanna Soini. 2020. « Emerging source of infection – Mycobacterium tuberculosis in rescue dogs: a case report ». *Access Microbiology* 2 (11): acmi000168. <https://doi.org/10.1099/acmi.0.000168>.
- Mercier, Céline, Frédéric Boyer, Aurélie Bonin, et Eric Coissac. 2013. « SUMATRA and SUMACLUSt: fast and exact comparison and clustering of sequences. », Programs and Abstracts of the SeqBio, .
- Merlino, John, Timothy Gray, Rohan Beresford, Sai Rupa Baskar, Thomas Gottlieb, et Jacob YR 2021 Birdsall. 2021. « Wound infection caused by Neisseria zoodegmatidis, a zoonotic pathogen: a case report ». *Access Microbiology* 3 (3): 000196. <https://doi.org/10.1099/acmi.0.000196>.

- Mescle, J.-F., J. Zucca, et Claude-Marcel Bourgeois. 1996. *MICROBIOLOGIE ALIMENTAIRE.: Tome 1, Aspect microbiologique de la sécurité et de la qualité des aliments*. London: Tec & Doc Lavoisier.
- Mickleburgh, Simon, Kerry Waylen, et Paul Racey. 2009. « Bats as Bushmeat: A Global Review ». *Oryx* 43 (2): 217-34. <https://doi.org/10.1017/S0030605308000938>.
- Monroe, Benjamin P., Jeffrey B. Doty, Cynthia Moses, Saturnin Ibata, Mary Reynolds, et Darin Carroll. 2015. « Collection and Utilization of Animal Carcasses Associated with zoonotic Disease in Tshuapa District, the Democratic Republic of the Congo, 2012 ». *Journal of Wildlife Diseases* 51 (3): 734-38. <https://doi.org/10.7589/2014-05-140>.
- Morand, Serge, K. Marie McIntyre, et Matthew Baylis. 2014. « Domesticated Animals and Human Infectious Diseases of Zoonotic Origins: Domestication Time Matters ». *Infection, Genetics and Evolution: Journal of Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics in Infectious Diseases* 24 (juin): 76-81. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.02.013>.
- Mossoun, Arsène, Sébastien Calvignac-Spencer, Augustin E. Anoh, Maude S. Pauly, Daniel A. Driscoll, Adam O. Michel, Lavry Grah Nazaire, et al. 2017. « Bushmeat Hunting and Zoonotic Transmission of Simian T-Lymphotropic Virus 1 in Tropical West and Central Africa ». *Journal of Virology* 91 (10): e02479-16. <https://doi.org/10.1128/JVI.02479-16>.
- Mossoun, Arsène, Maude Pauly, Chantal Akoua-Koffi, Emmanuel Couacy-Hymann, Siv Aina J. Leendertz, Augustin E. Anoh, Ange H. Gnoukpoho, Fabian H. Leendertz, et Grit Schubert. 2015. « Contact to Non-Human Primates and Risk Factors for Zoonotic Disease Emergence in the Taï Region, Côte d'Ivoire ». *EcoHealth* 12 (4): 580-91. <https://doi.org/10.1007/s10393-015-1056-x>.
- Moura, Alexandra, Mathieu Tourdjman, Alexandre Leclercq, Estelle Hamelin, Edith Laurent, Nathalie Fredriksen, Dieter Van Cauteren, et al. 2017. « Real-Time Whole-Genome Sequencing for Surveillance of *Listeria monocytogenes*, France ». *Emerging Infectious Diseases* 23 (9): 1462-70. <https://doi.org/10.3201/eid2309.170336>.
- Moyano, Silvana, Guillermo Cassini, et Norberto Giannini. 2019. « Skull Ontogeny of the Hyraxes *Procavia capensis* and *Dendrohyrax arboreus* (Procaviidae: Hyracoidea) ». *Journal of Mammalian Evolution* 26 (septembre). <https://doi.org/10.1007/s10914-017-9424-7>.
- Muhanguzi, Dennis, Kim Picozzi, Jan Hattendorf, Michael Thrusfield, John David Kabasa, Charles Waiswa, et Susan Christina Welburn. 2014. « The burden and spatial distribution of bovine African trypanosomes in small holder crop-livestock production systems in Tororo District, south-eastern Uganda ». *Parasites & Vectors* 7 (1): 603. <https://doi.org/10.1186/s13071-014-0603-6>.
- Mukarati, Norman L., Gift Matope, Michel de Garine-Wichatitsky, Daud N. Ndhlovu, Alexandre Caron, et Davies M. Pfukenyi. 2020. « The pattern of anthrax at the wildlife-livestock-human interface in Zimbabwe ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 14 (10): e0008800. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008800>.
- Namusisi, Shamilah, Michael Mahero, Dominic Travis, Katherine Pelican, Cheryl Robertson, et Lawrence Mugisha. 2021. « A descriptive study of zoonotic disease risk at the human-wildlife interface in a biodiversity hot spot in South Western Uganda ». *PLoS Neglected Tropical Diseases* 15 (1): e0008633. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008633>.
- Nasi, R., A. Taber, et N. Van Vliet. 2011. « Empty Forests, Empty Stomachs? Bushmeat and Livelihoods in the Congo and Amazon Basins ». *International Forestry Review* 13 (3): 355-68. <https://doi.org/10.1505/146554811798293872>.
- Nasi, Robert, D. Brown, D. Wilkie, E. Bennett, C. Tutin, G. van Tol, et T. Christophersen. 2008. « Conservation and Use of Wildlife-Based Resources: The Bushmeat Crisis ». Working Paper. Secretariat of the Convention on Biological Diversity and Center for International Forestry Research (CIFOR), Bogor, Indonesia. <https://cgspace.cgiar.org/handle/10568/19887>.
- Ndip, L. M., M. Labruna, R. N. Ndip, D. H. Walker, et J. W. McBride. 2009. « Molecular and Clinical Evidence of *Ehrlichia Chaffeensis* Infection in Cameroonian Patients with Undifferentiated Febrile Illness ». *Annals of Tropical Medicine and Parasitology* 103 (8): 719-25. <https://doi.org/10.1179/000349809X12554106963753>.
- Nielsen, Martin Reinhardt, Mariève Pouliot, Henrik Meilby, Carsten Smith-Hall, et Arild Angelsen. 2017. « Global Patterns and Determinants of the Economic Importance of Bushmeat ».

- Biological Conservation* 215 (novembre): 277-87.
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.08.036>.
- Njeru, J., H. Tomaso, K. Mertens, K. Henning, G. Wareth, R. Heller, S. Kariuki, E.M. Fèvre, H. Neubauer, et M.W. Pletz. 2017. « Serological evidence of *Francisella tularensis* in febrile patients seeking treatment at remote hospitals, northeastern Kenya, 2014–2015 ». *New Microbes and New Infections* 19 (juin): 62-66. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2017.05.015>.
- Noss, Andrew J. 1998. « Cable Snare and Bushmeat Markets in a Central African Forest ». *Environmental Conservation* 25 (3): 228-33. <https://doi.org/10.1017/S0376892998000289>.
- Oates, John F., Michael Abedi-Lartey, W. Scott McGraw, Thomas T. Struhsaker, et George H. Whitesides. 2000. « Extinction of a West African Red Colobus Monkey ». *Conservation Biology* 14 (5): 1526-32. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2000.99230.x>.
- Ohimain, Elijah. 2014. « Unsustainable Exploitation of Freshwater Wetland Turtles and Tortoises in Central Niger Delta ». *International Journal of Environmental Monitoring and Analysis* 2 (janvier): 57. <https://doi.org/10.11648/j.ijema.20140202.11>.
- Okaro, Udoka, Anteneh Addisu, Beata Casanas, et Burt Anderson. 2017. « Bartonella Species, an Emerging Cause of Blood-Culture-Negative Endocarditis ». *Clinical Microbiology Reviews* 30 (3): 709-46. <https://doi.org/10.1128/CMR.00013-17>.
- Okoye, Ikem, Kingsley Uchenna Ozioko, Nduka.N.Rose Obiezue, et Ikele Chika. 2015. « Intestinal parasitic fauna and zoonotic potentials of commonly consumed wildlife ». *Helminthologia* 52 (septembre): 195-204. <https://doi.org/10.1515/helmin-2015-0033>.
- Oksanen, Jari, Gavin Simpson, F. Guillaume Blanchet, Roeland Kindt, Pierre Legendre, Peter Minchin, R. Hara, et al. 2022. *vegan community ecology package version 2.6-2 April 2022*.
- Omer, Mohamed K., Avelino Álvarez-Ordóñez, Miguel Prieto, Eystein Skjerve, Tekie Asehun, et Ole Arne Alvseike. 2018. « A Systematic Review of Bacterial Foodborne Outbreaks Related to Red Meat and Meat Products ». *Foodborne Pathogens and Disease* 15 (10): 598-611. <https://doi.org/10.1089/fpd.2017.2393>.
- Orlandi, P.A., D.-M.T. Chu, J.W. Bier, et G.J. Jackson. 2002. « Parasites and the food supply ». *Food Technology* 56 (avril): 72-81.
- Ouagal, M., P. Hendrikx, D. Berkvens, A. Nchare, B. Cisse, P.Y. Akpeli, K. Sory, et C. Saegerman. 2008. « Les réseaux d'épidémiosurveillance des maladies animales en Afrique francophone de l'Ouest et du Centre: -EN- las redes de vigilancia epidemiológica zoonosanitaria en los países francófonos de Africa Occidental y Central -FR- Epidemiological surveillance networks for animal diseases in French-speaking West and Central Africa -ES- ». *Revue Scientifique et Technique de l'OIE* 27 (3): 689-702. <https://doi.org/10.20506/rst.27.3.1828>.
- Pappas, G. 2014. « Bacteria: Brucella ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 364-68. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00088-3>.
- Parkhill, J., B. W. Wren, N. R. Thomson, R. W. Titball, M. T. G. Holden, M. B. Prentice, M. Sebahia, et al. 2001. « Genome Sequence of *Yersinia Pestis*, the Causative Agent of Plague ». *Nature* 413 (6855): 523-27. <https://doi.org/10.1038/35097083>.
- Peck, M. W. 2014. « Bacteria: Clostridium Botulinum ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 381-94. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00091-3>.
- Pedersen, Amy B., et T. Jonathan Davies. 2009. « Cross-Species Pathogen Transmission and Disease Emergence in Primates ». *Ecohealth* 6 (4): 496-508. <https://doi.org/10.1007/s10393-010-0284-3>.
- Peeters, Martine, Marie-Laure Chaix, et Eric Delaporte. 2008. « Phylogénie des SIV et des VIH - Mieux comprendre l'origine des VIH ». *médecine/sciences* 24 (6-7): 621-28. <https://doi.org/10.1051/medsci/20082467621>.
- Peeters, Martine, Valerie Courgnaud, Bernadette Abela, Philippe Auzel, Xavier Pourrut, Frederic Bibollet-Ruche, Severin Loul, et al. 2002. « Risk to Human Health from a Plethora of Simian Immunodeficiency Viruses in Primate Bushmeat ». *Emerging Infectious Diseases* 8 (5): 451-57. <https://doi.org/10.3201/eid0805.01-0522>.
- Pernet, Olivier, Bradley S. Schneider, Shannon M. Beaty, Matthew LeBreton, Tatyana E. Yun, Arnold Park, Trevor T. Zachariah, et al. 2014. « Evidence for Henipavirus Spillover into Human

- Populations in Africa ». *Nature Communications* 5 (1): 5342.
<https://doi.org/10.1038/ncomms6342>.
- Petrozzi, Fabio, Giovanni Amori, Daniel Franco, Philippe Gaubert, Nic Pacini, Edem Eniang, G.C. Akani, Edoardo Politano, et Luca Luiselli. 2016. « Ecology of the bushmeat trade in West and Central Africa ». *Tropical Ecology* 57 (janvier): 547-59.
- Pollock, Jolinda, Laura Glendinning, Trong Wisedchanwet, et Mick Watson. 2018. « The Madness of Microbiome: Attempting To Find Consensus “Best Practice” for 16S Microbiome Studies ». *Applied and Environmental Microbiology* 84 (7): e02627-17.
<https://doi.org/10.1128/AEM.02627-17>.
- Pongsiri, Montira J., Joe Roman, Vanessa O. Ezenwa, Tony L. Goldberg, Hillel S. Koren, Stephen C. Newbold, Richard S. Ostfeld, Subhrendu K. Pattanayak, et Daniel J. Salkeld. 2009. « Biodiversity Loss Affects Global Disease Ecology ». *BioScience* 59 (11): 945-54.
<https://doi.org/10.1525/bio.2009.59.11.6>.
- Pourrut, X., J. L. D. Diffo, R. M. Somo, C. F. Bilong Bilong, E. Delaporte, M. LeBreton, et J. P. Gonzalez. 2011. « Prevalence of Gastrointestinal Parasites in Primate Bushmeat and Pets in Cameroon ». *Veterinary Parasitology* 175 (1-2): 187-91.
<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2010.09.023>.
- Punpanich, Warunee, et Sarunya Srijungtongsiri. 2012. « Pasteurella (Mannheimia) haemolytica septicemia in an infant: A case report ». *Journal of infection in developing countries* 6 (juillet): 584-87. <https://doi.org/10.3855/jidc.1998>.
- Quast, Christian, Elmar Pruesse, Pelin Yilmaz, Jan Gerken, Timmy Schweer, Pablo Yarza, Jörg Peplies, et Frank Oliver Glöckner. 2013. « The SILVA Ribosomal RNA Gene Database Project: Improved Data Processing and Web-Based Tools ». *Nucleic Acids Research* 41 (Database issue): D590-596. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1219>.
- Radakovic, Milorad, et John Fletcher. 2011. « Risk Management of Game: From Theory to Practice ». In *Game Meat Hygiene in Focus: Microbiology, Epidemiology, Risk Analysis and Quality Assurance*, édité par P. Paulsen, A. Bauer, M. Vodnansky, R. Winkelmayer, et F. J. M. Smulders, 209-21. Wageningen: Academic Publishers. https://doi.org/10.3920/978-90-8686-723-3_16.
- Ramamurthy, T., et G. B. Nair. 2014. « Bacteria: Vibrio Cholerae ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 546-54. Waltham: Academic Press.
<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00117-7>.
- Renaud, F., Willy Hansen, Jean Freney, et C. Bollet. 1994. *MANUEL DE BACTERIOLOGIE CLINIQUE.: Volume 1, 2ème édition*. Place of publication not identified: Elsevier.
- Robertson, S., J. Li, et B. A. McClane. 2014. « Bacteria: Clostridium Perfringens ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 395-402. Waltham: Academic Press.
<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00092-5>.
- Rodriguez-Morales, A. J., et DM Castañeda-Hernández. 2014. « Bacteria: Aeromonas ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 342-43. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00405-4>.
- Rohde, Gernot, Eberhard Straube, Andreas Essig, Petra Reinhold, et Konrad Sachse. 2010. « Chlamydial Zoonoses ». *Deutsches Arzteblatt International* 107 (10): 174-80.
<https://doi.org/10.3238/arztebl.2010.0174>.
- Rojas, Connie A., Santiago Ramírez-Barahona, Kay E. Holekamp, et Kevin R. Theis. 2021. « Host phylogeny and host ecology structure the mammalian gut microbiota at different taxonomic scales ». *Animal Microbiome* 3 (1): 33. <https://doi.org/10.1186/s42523-021-00094-4>.
- Rouphael, Nadine G., et David S. Stephens. 2012. « Neisseria Meningitidis: Biology, Microbiology, and Epidemiology ». In *Neisseria Meningitidis: Advanced Methods and Protocols*, édité par Myron Christodoulides, 1-20. Methods in Molecular Biology. Totowa, NJ: Humana Press.
https://doi.org/10.1007/978-1-61779-346-2_1.
- Rowcliffe, J. Marcus, E. J. Milner-Gulland, et Guy Cowlshaw. 2005. « Do Bushmeat Consumers Have Other Fish to Fry? » *Trends in Ecology & Evolution*, SPECIAL ISSUE: BUMPER BOOK REVIEW, 20 (6): 274-76. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.03.007>.

- Rowe, Gene, et Fergus Bolger. 2016. « Final Report on ‘the Identification of Food Safety Priorities Using the Delphi Technique’ ». *EFSA Supporting Publications* 13 (3): 1007E. <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2016.EN-1007>.
- Ruszkowski, Jakub J., Mateusz Hetman, Hanna Turlewicz-Podbielska, et Małgorzata Pomorska-Mól. 2021. « Hedgehogs as a Potential Source of Zoonotic Pathogens—A Review and an Update of Knowledge ». *Animals* 11 (6): 1754. <https://doi.org/10.3390/ani11061754>.
- Santonocito, Simona, Amerigo Giudice, Alessandro Polizzi, Giuseppe Troiano, Emanuele Maria Merlo, Rossana Sclafani, Giuseppe Grosso, et Gaetano Isola. 2022. « A Cross-Talk between Diet and the Oral Microbiome: Balance of Nutrition on Inflammation and Immune System’s Response during Periodontitis ». *Nutrients* 14 (12): 2426. <https://doi.org/10.3390/nu14122426>.
- Saraya, Takeshi. 2017. « Mycoplasma Pneumoniae Infection: Basics ». *Journal of General and Family Medicine* 18 (3): 118-25. <https://doi.org/10.1002/jgf2.15>.
- Saupe, Erin E., Corinne E. Myers, A. Townsend Peterson, Jorge Soberón, Joy Singarayer, Paul Valdes, et Huijie Qiao. 2019. « Spatio-Temporal Climate Change Contributes to Latitudinal Diversity Gradients ». *Nature Ecology & Evolution* 3 (10): 1419-29. <https://doi.org/10.1038/s41559-019-0962-7>.
- Sawaswong, Vorthon, Kesmanee Praianantathavorn, Prangwalai Chanchaem, Ariya Khamwut, Taratorn Kemthong, Yuzuru Hamada, Suchinda Malaivijitnond, et Sunchai Payungporn. 2021. « Comparative analysis of oral-gut microbiota between captive and wild long-tailed macaque in Thailand ». *Scientific Reports* 11 (juillet): 14280. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-93779-4>.
- Sawicka-Durkalec, Anna, Olimpia Kurska, Łukasz Bednarz, et Grzegorz Tomczyk. 2021. « Occurrence of Mycoplasma spp. in wild birds: phylogenetic analysis and potential factors affecting distribution ». *Scientific Reports* 11 (août): 17065. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-96577-0>.
- Saylors, Karen E., Moctar M. Mouiche, Ashley Lucas, David J. McIver, Annie Matsida, Catherine Clary, Victorine T. Maptue, Jason D. Euren, Matthew LeBreton, et Ubald Tamoufe. 2021. « Market Characteristics and Zoonotic Disease Risk Perception in Cameroon Bushmeat Markets ». *Social Science & Medicine* 268 (janvier): 113358. <https://doi.org/10.1016/j.socscimed.2020.113358>.
- Saylors, Karen, David Wolking, Emily Hagan, Stephanie Martinez, Leilani Francisco, Jason Euren, Sarah Olson, et al. 2021. « Socializing One Health: an innovative strategy to investigate social and behavioral risks of emerging viral threats ». *One Health Outlook* 3 (mai): 11. <https://doi.org/10.1186/s42522-021-00036-9>.
- Schenck, Michelle, Ernestine Nsame Effa, Malcolm Starkey, David Wilkie, Kate Abernethy, Paul Telfer, Ricardo Godoy, et Adrian Treves. 2006. « Why People Eat Bushmeat: Results From Two-Choice, Taste Tests in Gabon, Central Africa ». *Human Ecology* 34 (3): 433. <https://doi.org/10.1007/s10745-006-9025-1>.
- Schloss, Patrick D., et Jo Handelsman. 2005. « Introducing DOTUR, a Computer Program for Defining Operational Taxonomic Units and Estimating Species Richness ». *Applied and Environmental Microbiology* 71 (3): 1501-6. <https://doi.org/10.1128/AEM.71.3.1501-1506.2005>.
- Schmidt, Fabian, Florian Liegeois, Edward J. D. Greenwood, Matthew LeBreton, James Lester, Luc Deleplancque, Martine Peeters, et al. 2017. « Phyloepidemiological Analysis Reveals That Viral Divergence Led to the Paucity of Simian Immunodeficiency Virus SIVmus/Gsn/Mon Infections in Wild Populations ». *Journal of Virology* 91 (6): e01884-16. <https://doi.org/10.1128/JVI.01884-16>.
- Schnell, Ida Baerholm, Kristine Bohmann, et M. Thomas P. Gilbert. 2015. « Tag Jumps Illuminated--Reducing Sequence-to-Sample Misidentifications in Metabarcoding Studies ». *Molecular Ecology Resources* 15 (6): 1289-1303. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12402>.
- Schulte-Herbrüggen, Björn, Guy Cowlshaw, Katherine Homewood, et J. Marcus Rowcliffe. 2013. « The Importance of Bushmeat in the Livelihoods of West African Cash-Crop Farmers Living in a Faunally-Depleted Landscape ». *PLOS ONE* 8 (8): e72807. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0072807>.

- Secretariat of the Convention on Biological Diversity. 2011. « Livelihood alternatives for the unsustainable use of bushmeat ». *Report prepared for the CBD Bushmeat Liaison Group*. T.
- Seidler, T., T. Alter, M. Krüger, et K. Fehlhaber. 2001. « Transport Stress--Consequences for Bacterial Translocation, Endogenous Contamination and Bactericidal Activity of Serum of Slaughter Pigs ». *Berliner Und Munchener Tierarztliche Wochenschrift* 114 (9-10): 375-77.
- Silva-Ramos, Carlos Ramiro, et Álvaro A. Faccini-Martínez. 2021. « Clinical, Epidemiological, and Laboratory Features of Rickettsia Africæ Infection, African Tick-Bite Fever: A Systematic Review ». *Le Infezioni in Medicina* 29 (3): 366-77. <https://doi.org/10.53854/liim-2903-7>.
- Singha, Harisankar, Karuppusamy Shanmugasundaram, Sheetal Saini, et Bhupendra Nath Tripathi. 2020. « Serological Survey of Humans Exposed to Burkholderia Mallei-Infected Equids: A Public Health Approach ». *Asia-Pacific Journal of Public Health* 32 (5): 274-77. <https://doi.org/10.1177/1010539520930500>.
- Slater, Josh. 2007. « 23 - Bacterial Infections of the Equine Respiratory Tract ». In *Equine Respiratory Medicine and Surgery*, édité par Bruce C McGorum, Padraic M Dixon, N Edward Robinson, et Jim Schumacher, 327-53. Edinburgh: W.B. Saunders. <https://doi.org/10.1016/B978-0-7020-2759-8.50028-3>.
- Smith, James L., et Pina M. Fratamico. 2018. « Emerging and Re-Emerging Foodborne Pathogens ». *Foodborne Pathogens and Disease* 15 (12): 737-57. <https://doi.org/10.1089/fpd.2018.2493>.
- Smith, Katherine F., Michael Goldberg, Samantha Rosenthal, Lynn Carlson, Jane Chen, Cici Chen, et Sohini Ramachandran. 2014. « Global rise in human infectious disease outbreaks ». *Journal of The Royal Society Interface* 11 (101): 20140950. <https://doi.org/10.1098/rsif.2014.0950>.
- Smith, Kristine M., Simon J. Anthony, William M. Switzer, Jonathan H. Epstein, Tracie Seimon, Hongwei Jia, Maria D. Sanchez, et al. 2012. « Zoonotic Viruses Associated with Illegally Imported Wildlife Products ». *PLOS ONE* 7 (1): e29505. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0029505>.
- Ssekatawa, Kenneth, Denis K. Byarugaba, Jesca L. Nakavuma, Charles D. Kato, Francis Ejobi, Robert Tweyongyere, et Wampande M. Eddie. 2021. « Prevalence of pathogenic Klebsiella pneumoniae based on PCR capsular typing harbouring carbapenemases encoding genes in Uganda tertiary hospitals ». *Antimicrobial Resistance & Infection Control* 10 (1): 57. <https://doi.org/10.1186/s13756-021-00923-w>.
- Stackebrandt, E., et B. Goebel. 1994. « Taxonomic note: A place for DNA:DNA reassociation and 16s rRNA sequence analysis in the present spec ». In . <https://doi.org/10.1099/00207713-44-4-846>.
- Steve, Ahuka-Mundeke, Ayoubah Ahidjo, Mbala-Kingebeni Placide, Foncelle Caroline, Mubonga Mukulumanya, Ndimbo-Kumugo Simon-Pierre, Lunguya-Metila Octavie, et al. 2017. « High Prevalences and a Wide Genetic Diversity of Simian Retroviruses in Non-Human Primate Bushmeat in Rural Areas of the Democratic Republic of Congo ». *EcoHealth* 14 (1): 100-114. <https://doi.org/10.1007/s10393-016-1202-0>.
- Subramanian, Melanie. 2012. « Zoonotic Disease Risk and the Bushmeat Trade: Assessing Awareness Among Hunters and Traders in Sierra Leone ». *EcoHealth* 9 (4): 471-82. <https://doi.org/10.1007/s10393-012-0807-1>.
- . 2013. « Zoonotic Disease Risk and the Bushmeat Trade: Assessing Awareness Among Hunters and Traders in Sierra Leone ». *EcoHealth* 9 (février). <https://doi.org/10.1007/s10393-012-0807-1>.
- Sutra, Laurent, Michel Federighi, et Jean-Louis Jouve. 1998. *Manuel de bactériologie alimentaire*. Paris: Economica.
- Taberlet, Pierre, Aurélie Bonin, Lucie Zinger, et Eric Coissac. 2018. *Environmental DNA: For Biodiversity Research and Monitoring*. Oxford, United Kingdom: Oxford Univ Pr.
- Tagu, Denis, Stéphanie Jaubert-Possamai, et Agnès Méreau. 2018. *Principes des techniques de biologie moléculaire et génomique : 3e édition revue et augmentée*. <https://hal.inrae.fr/hal-03318953>.
- Talisuna, Ambrose, Ali Ahmed Yahaya, Soatiana Cathycia Rajatonirina, Mary Stephen, Antonio Oke, Allan Mpairwe, Amadou Bailo Diallo, et al. 2019. « Joint external evaluation of the International Health Regulation (2005) capacities: current status and lessons learnt in the

- WHO African region ». *BMJ Global Health* 4 (6): e001312. <https://doi.org/10.1136/bmjgh-2018-001312>.
- Tappe, Dennis, Mihály Sulyok, Therese Riu, Lajos Rózsa, Imre Bodó, Christoph Schoen, Birgit Muntau, Gergely Babocsay, et Richard Hardi. 2016. « Co-infections in Visceral Pentastomiasis, Democratic Republic of the Congo ». *Emerging Infectious Diseases* 22 (8): 1333-39. <https://doi.org/10.3201/eid2208.151895>.
- Tatum, Randi, et Anthony L. Pearson-Shaver. 2022. « *Borrelia Burgdorferi* ». In *StatPearls*. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK532894/>.
- Tauxe, Robert V. 2002. « Emerging Foodborne Pathogens ». *International Journal of Food Microbiology*, 11.
- Taylor, L H, S M Latham, et M E Woolhouse. 2001. « Risk factors for human disease emergence. » *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 356 (1411): 983-89. <https://doi.org/10.1098/rstb.2001.0888>.
- Temmam, Sarah, Bernard Davoust, Anne-Lise Chaber, Yves Lignereux, Caroline Michelle, Sonia Monteil-Bouchard, Didier Raoult, et Christelle Desnues. 2017. « Screening for Viral Pathogens in African Simian Bushmeat Seized at A French Airport ». *Transboundary and Emerging Diseases* 64 (4): 1159-67. <https://doi.org/10.1111/tbed.12481>.
- Temmam, Sarah, Khamsing Vongphayloth, Eduard Baquero Salazar, Sandie Munier, Massimiliano Bonomi, Béatrice Regnault, Bounsavane Douangboubpha, et al. 2022. « Bat Coronaviruses Related to SARS-CoV-2 and Infectious for Human Cells ». *Nature*, février. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04532-4>.
- Theocharidi, Nikoletta Argyro, Iliana Balta, Dimitra Houhoula, Andreas G. Tsantes, George P. Lalliotis, Angeliki C. Polydera, Haralambos Stamatis, et Panagiotis Halvatsiotis. 2022. « High Prevalence of Klebsiella Pneumoniae in Greek Meat Products: Detection of Virulence and Antimicrobial Resistance Genes by Molecular Techniques ». *Foods (Basel, Switzerland)* 11 (5): 708. <https://doi.org/10.3390/foods11050708>.
- Todd, E. C. D. 2014a. « Bacteria: Mycobacterium Avium Ssp. Paratuberculosis ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 462-67. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00102-5>.
- . 2014b. « Bacteria: Staphylococcus Aureus ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 530-34. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00115-3>.
- . 2014c. « Bacteria: Yersinia Enterocolitica and Yersinia Pseudotuberculosis ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 574-80. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00121-9>.
- Tollens, E. 2010. « Potential Impacts of Agriculture Development on the Forest Cover in the Congo Basin ». *Undefined*. <https://www.semanticscholar.org/paper/Potential-Impacts-of-Agriculture-Development-on-the-Tollens/cbfa062936d6dfbdd1d7e092ba7e4dc368445aa9>.
- Tweneboah Lawson, Elaine, Fidelia Ohemeng, Jesse Ayivor, Melissa Leach, Linda Waldman, et Yaa Ntiamoa-Baidu. 2017. « Understanding framings and perceptions of spillover: Preventing future outbreaks of bat-borne zoonoses? » *Disaster Prevention and Management: An International Journal* 26 (juin): 00-00. <https://doi.org/10.1108/DPM-04-2016-0082>.
- Uilenberg, Gerrit, Agustín Estrada-Peña, et Jean Thal. 2012. « Ticks of the Central African Republic ». *Experimental & applied acarology* 60 (septembre). <https://doi.org/10.1007/s10493-012-9605-2>.
- Underwood, Wendy J., Ruth Blauwiekel, Margaret L. Delano, Rose Gillesby, Scott A. Mischler, et Adam Schoell. 2015. « Chapter 15 - Biology and Diseases of Ruminants (Sheep, Goats, and Cattle) ». In *Laboratory Animal Medicine (Third Edition)*, édité par James G. Fox, Lynn C. Anderson, Glen M. Otto, Kathleen R. Pritchett-Corning, et Mark T. Whary, 623-94. American College of Laboratory Animal Medicine. Boston: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409527-4.00015-8>.
- Van Vliet, Nathalie, Jessica Lizeth Moreno Calderón, Juanita Gómez, Wen Zhou, John Emmanuel Fa, Christopher Golden, Rômulo Romeu Nóbrega Alves, et Robert Nasi. 2017. « Bushmeat and Human Health: Assessing the Evidence in Tropical and Sub-Tropical Forests », avril. <https://doi.org/10.15451/ec2017-04-6.3-1-45>.

- Van Wyk, Ilana C., et Joop Boomker. 2011. « Parasites of South African Wildlife. XIX. The Prevalence of Helminths in Some Common Antelopes, Warthogs and a Bushpig in the Limpopo Province, South Africa ». *The Onderstepoort Journal of Veterinary Research* 78 (1): 308. <https://doi.org/10.4102/ojvr.v78i1.308>.
- Volard, Bertrand, Loïc Mignot, Emmanuel Piednoir, Christophe de Champs, Anne Limelette, et Thomas Guillard. 2016. « Infection systémique à *Erysipelothrix rhusiopathiae* sans endocardite soulignant les difficultés du diagnostic bactériologique Cas clinique et revue de la littérature ». *Annales de Biologie Clinique* 74 (3): 306-12. <https://doi.org/10.1684/abc.2016.1140>.
- Vora, Neil M., Modupe Osinubi, Ryan M. Wallace, Abimbola Aman-Oloniyo, Yemi H. Gbadegesin, Yennan Kerecvel Sebastian, Olugbon Abdullateef Saliman, et al. 2014. « Assessment of Potential Zoonotic Disease Exposure and Illness Related to an Annual Bat Festival--Idanre, Nigeria ». *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report* 63 (15): 334.
- Waite, David W., Maria S. Chuvochina, et Philip Hugenholtz. 2019. « Road Map of the Phylum Campylobacterota ». In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*, 1-11. John Wiley & Sons, Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781118960608.bm00040>.
- Walker, A., A. Bouattour, J. Camicas, A. Estrada-Peña, I. Horak, A. Latif, R. Pegram, et P. Preston. 2003. « Ticks of Domestic Animals in Africa: A Guide to Identification of Species ». *Undefined*. <https://www.semanticscholar.org/paper/Ticks-of-domestic-animals-in-Africa%3A-a-guide-to-of-Walker-Bouattour/cdda35b475e0902e3db7559d5d155fa2b8afd42b>.
- Wang, Chengmin, Jing Luo, Haijing Wang, Said Amer, Hua Ding, Ying Dong, et Hongxuan He. 2016. « Isolation and Characterization of a *Neisseria* Sp. from the Captive Wild Goose (*Anser Anser*) ». *Integrative Zoology* 11 (2): 128-33. <https://doi.org/10.1111/1749-4877.12181>.
- Wang, Ning, Shi-Yue Li, Xing-Lou Yang, Hui-Min Huang, Yu-Ji Zhang, Hua Guo, Chu-Ming Luo, et al. 2018. « Serological Evidence of Bat SARS-Related Coronavirus Infection in Humans, China ». *Virologica Sinica* 33 (1): 104-7. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0012-7>.
- Wang, Yong, et Xiaoling Pan. 2014. « Bacteria: *Proteus* ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 486-89. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00108-6>.
- Wiafe, Edward. 2014. « CONSUMER VIEWS OF BUSHMEAT CONSUMPTION IN TWO GHANAIAAN MARKETS ». *Applied Research Journal* 2014 (1) (décembre): 20-27.
- Wicander, Sylvia, et Lauren Coad. 2014. *Learning our Lessons: A Review of Alternative Livelihood Projects in Central Africa*. <https://doi.org/10.13140/2.1.2993.7287>.
- Wickham, Hadley. 2016. *Ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. 2nd ed. 2016 edition. New York, NY: Springer.
- Wilkinson, David A., Jonathan C. Marshall, Nigel P. French, et David T. S. Hayman. 2018. « Habitat fragmentation, biodiversity loss and the risk of novel infectious disease emergence ». *Journal of The Royal Society Interface* 15 (149): 20180403. <https://doi.org/10.1098/rsif.2018.0403>.
- Willcox, Adam S., et Diangha Mercy Nambu. 2007. « Wildlife Hunting Practices and Bushmeat Dynamics of the Banyangi and Mbo People of Southwestern Cameroon ». *Biological Conservation*, Conservation in Areas of High Population Density in Sub-Saharan Africa, 134 (2): 251-61. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2006.08.016>.
- Wolfe, Nathan D., Peter Daszak, A. Marm Kilpatrick, et Donald S. Burke. 2005. « Bushmeat Hunting, Deforestation, and Prediction of Zoonoses Emergence ». *Emerging Infectious Diseases* 11 (12): 1822-27. <https://doi.org/10.3201/eid1112.040789>.
- Wolfe, Nathan D., William M Switzer, Jean K Carr, Vinod B Bhullar, Vedapuri Shanmugam, Ubald Tamoufe, A Tassy Prosser, et al. 2004. « Naturally Acquired Simian Retrovirus Infections in Central African Hunters ». *The Lancet* 363 (9413): 932-37. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(04\)15787-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(04)15787-5).
- Wolfe, Nathan, Mpoudi Eitel, James Gockowski, Pia Muchaal, Christian Nolte, A. Prosser, Judith Torimiro, Stephan Weise, et Donald Burke. 2012. « Deforestation, hunting and the ecology of microbial emergence ». *Global Change Hum. Health* 1 (avril): 10-25. <https://doi.org/10.1023/A:1011519513354>.

- Woolhouse, Mark E.J., et Sonya Gowtage-Sequeria. 2005. « Host Range and Emerging and Reemerging Pathogens ». *Emerging Infectious Diseases* 11 (12): 1842-47. <https://doi.org/10.3201/eid1112.050997>.
- World Health Organization. 2015. *WHO Estimates of the Global Burden of Foodborne Diseases: Foodborne Disease Burden Epidemiology Reference Group 2007-2015*. Geneva: World Health Organization. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/199350>.
- World Migration Report 2022. 2020. <https://publications.iom.int/books/world-migration-report-2022>.
- Worobey, Michael, Paul Telfer, Sandrine Souquière, Meredith Hunter, Clint A. Coleman, Michael J. Metzger, Patricia Reed, et al. 2010. « Island Biogeography Reveals the Deep History of SIV ». *Science (New York, N.Y.)* 329 (5998): 1487. <https://doi.org/10.1126/science.1193550>.
- Wright, Juliet H., et Nancy E. C. Priston. 2010. « Hunting and Trapping in Lebiale Division, Cameroon: Bushmeat Harvesting Practices and Human Reliance ». *Endangered Species Research* 11 (1): 1-12. <https://doi.org/10.3354/esr00244>.
- Xing, Ran-Ran, Nan Wang, Ran-Ran Hu, Jiu-Kai Zhang, Jian-Xun Han, et Ying Chen. 2019. « Application of next Generation Sequencing for Species Identification in Meat and Poultry Products: A DNA Metabarcoding Approach ». *Food Control* 101 (juillet): 173-79. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2019.02.034>.
- Youngblut, Nicholas D., Georg H. Reischer, William Walters, Nathalie Schuster, Chris Walzer, Gabrielle Stalder, Ruth E. Ley, et Andreas H. Farnleitner. 2019. « Host Diet and Evolutionary History Explain Different Aspects of Gut Microbiome Diversity among Vertebrate Clades ». *Nature Communications* 10 (1): 2200. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-10191-3>.
- Zaghloul, M. Z. 2014. « Bacteria: Shigella ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 523-29. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00114-1>.
- Zasada, A. A. 2014. « Bacteria: Toxigenic Corynebacteria ». In *Encyclopedia of Food Safety*, édité par Yasmine Motarjemi, 403-9. Waltham: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-378612-8.00093-7>.
- Zhang, Fuhua, Na Xu, Wenhua Wang, Yishuang Yu, et Shibao Wu. 2021. « The gut microbiome of the Sunda pangolin (*Manis javanica*) reveals its adaptation to specialized myrmecophagy ». *PeerJ* 9 (juin): e11490. <https://doi.org/10.7717/peerj.11490>.
- Zhang, Honghai, et Lei Chen. 2010. « Phylogenetic Analysis of 16S RRNA Gene Sequences Reveals Distal Gut Bacterial Diversity in Wild Wolves (*Canis Lupus*) ». *Molecular Biology Reports* 37 (8): 4013-22. <https://doi.org/10.1007/s11033-010-0060-z>.
- Zinger, Lucie, Clément Lionnet, Anne-Sophie Benoiston, Julian Donald, Céline Mercier, et Frédéric Boyer. 2021. « MetabaR: An r Package for the Evaluation and Improvement of DNA Metabarcoding Data Quality ». *Methods in Ecology and Evolution* 12 (4): 586-92. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13552>.
- Zoelzer, Franziska, Anna Lena Burger, et Paul Wilhelm Dierkes. 2021. « Unraveling differences in fecal microbiota stability in mammals: from high variable carnivores and consistently stable herbivores ». *Animal Microbiome* 3 (novembre): 77. <https://doi.org/10.1186/s42523-021-00141-0>.

Annexes

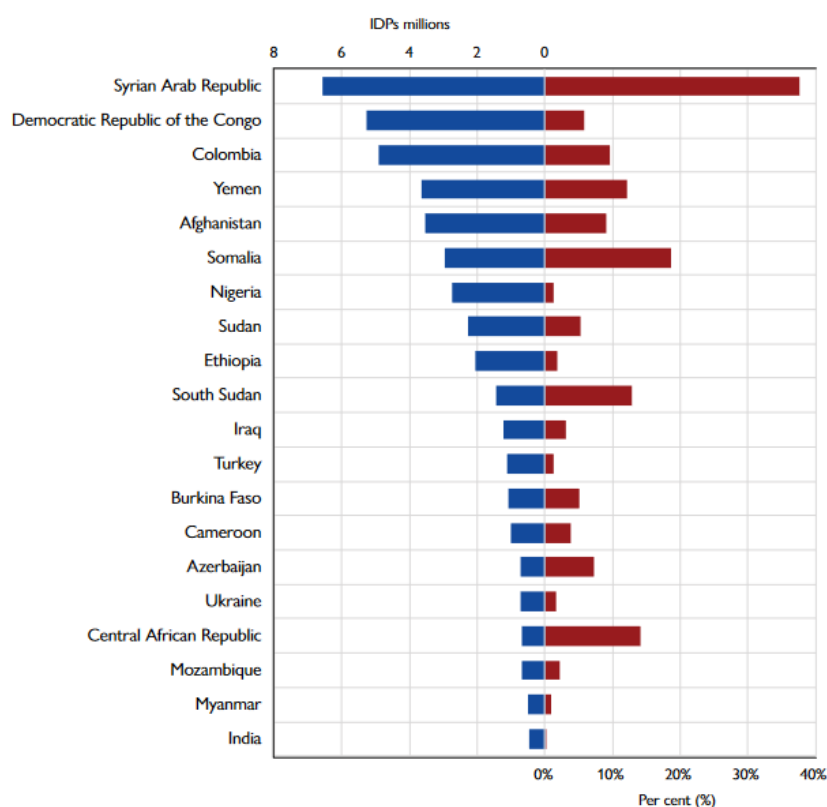
Table 43: Agricultural expenditures in national budgets by country in the Congo Basin compared to CAADP target (Maputo engagement) of 10%

	%	year reported
Cameroon	3.8	2005
CAR	3.0	2005
DRC	1.7	2005
Eq. Guinea	- (1)	-
Gabon	0.8	2004
Rep. of Congo	- (1)	-

(1) no data reported to NEPAD secretariat

Source: NEPAD secretariat.

Annexe 1 : Budget alloué à l'agriculture par différents pays du bassin du Congo (Source : Tollens 2010)



Source: IDMC, 2021.

Notes: IDP populations refer to the accumulated number of people displaced over time. The population size used to calculate the percentage of conflict IDPs is based on the total resident population of the country per UN DESA population estimates (2021a).

Annexe 2 : 20 pays enregistrant le plus de déplacements internes de leur population à cause des conflits (Source : OIM)

Main categories of drivers associated with emergence and reemergence of human pathogens

Rank*	Driver
1	Changes in land use or agricultural practices
2	Changes in human demographics and society
3	Poor population health (e.g., HIV, malnutrition)
4	Hospitals and medical procedures
5	Pathogen evolution (e.g., antimicrobial drug resistance, increased virulence)
6	Contamination of food sources or water supplies
7	International travel
8	Failure of public health programs
9	International trade
10	Climate change

Annexe 3 : Principaux facteurs associés à l'émergence des maladies infectieuses classés par le nombre total d'agents pathogènes émergents correspondants (Source : Woolhouse et Gowtage-Sequeria 2005)

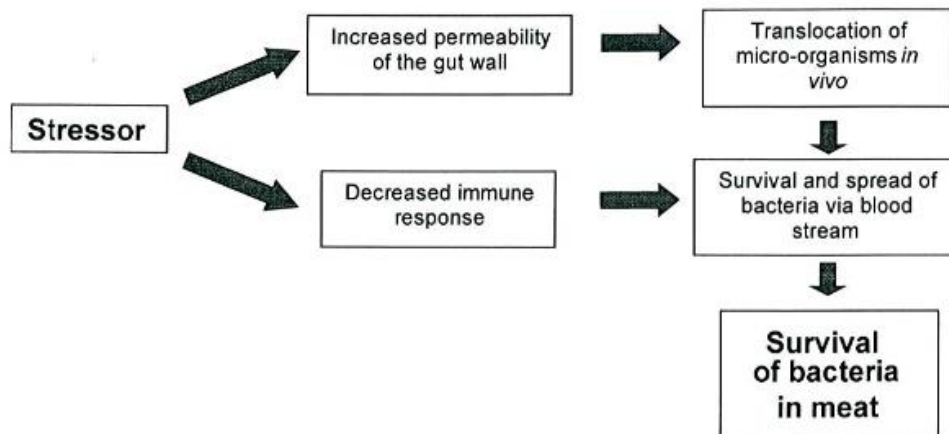
	Danger	Lésions macroscopiques éventuelles
Dangers parasitaires	<i>Alaria alata</i>	Lésions nodulaires multiples
	<i>Ankylostoma duodenale</i>	Kystes dans le tissu musculaire strié
	<i>Cysticercus bovis</i> <i>Cysticercus cellulosæ</i>	Vésicules translucides à blanchâtres évoluant éventuellement vers la calcification ou l'abcédation et concernant certains sites d'élection
	<i>Echinococcus granulosus</i>	Volumineux kyste globuleux translucide
	<i>Fasciola hepatica</i>	Cholangite, dégénérescence hépatique
	<i>Linguatula serrata</i>	Lésions granulomateuses hémorragiques du foie
	<i>Sarcocystis bovihominis</i>	Discrètes lésions kystiques blanchâtres éventuellement calcifiées Tissu adipeux sous-cutané éventuellement œdémateux et pétéchiail Épanchements séreux Hépatomégalie
Dangers bactériens	<i>Bacillus anthracis</i>	Coloration sombre et congestion de l'ensemble de la carcasse Splénomégalie, hépatomégalie, hypertrophie rénale
	<i>Burkholderia mallei</i>	Lésions ulcérées et purulentes des sinus frontaux
	<i>Burkholderia pseudomallei</i>	Lésions granulomateuses suppurées multiples
	<i>Brucella suis</i>	Mammites, orchites, lymphadénite
	<i>Clostridium perfringens</i>	Entérite, péritonite, atteinte hépatique associée
	<i>Mycobacterium spp</i>	Lésions spécifiques des organes d'entrée du germe et des nœuds lymphatiques associés
	<i>Staphylococcus aureus</i>	Lésions abcédées
	<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	Adénomégalie mésentérique

Annexe 4 : Dangers pouvant engendrer éventuellement des lésions macroscopiques sur les carcasses (Source : Fosse 2004)

Disease	ESE1	ESE2	SSA1	SSA2	SSA3	SSA4
Tuberculosis (2016)	148	414	1,326	2,769	1,694	1,150
HIV/AIDS (2016)	67	440	3,138	5,131	11,928	1,171
Malaria (2016)	1	1	3,496	4,964	12	357
FBD (2010)	272	390	1,235	1,322	797	967
FBD Illness Rate	6,873	9,270	9,370	11,047	8,061	10,767
FBD Death Rate	2.8	3.9	15.9	17.8	10.8	12.6

Source: WHO-FERG unpublished statistics and WHO Global Health Observatory data (<https://apps.who.int/gho/data/view.main>).
Note: ESE = East and Southeast Asia; FBD = foodborne disease; SSA = Africa south of the Sahara. ESE1, ESE2, SSA1, SSA2, SSA3, and SSA4 signify individual countries whose burden of disease patterns are representative of those in these regions.

Annexe 5 : DALYs pour 100 000 habitants, fardeau estimé de plusieurs maladies en Afrique subsaharienne et Asie du Sud-Est. DALY : Disability-Adjusted Life Year. Les DALYs expriment l'impact d'une maladie en années de vie perdues (mortalité prématurée ou par vie avec une incapacité (morbidité)). ESE : East and Southeast Asia / SSA : African south of the Sahara

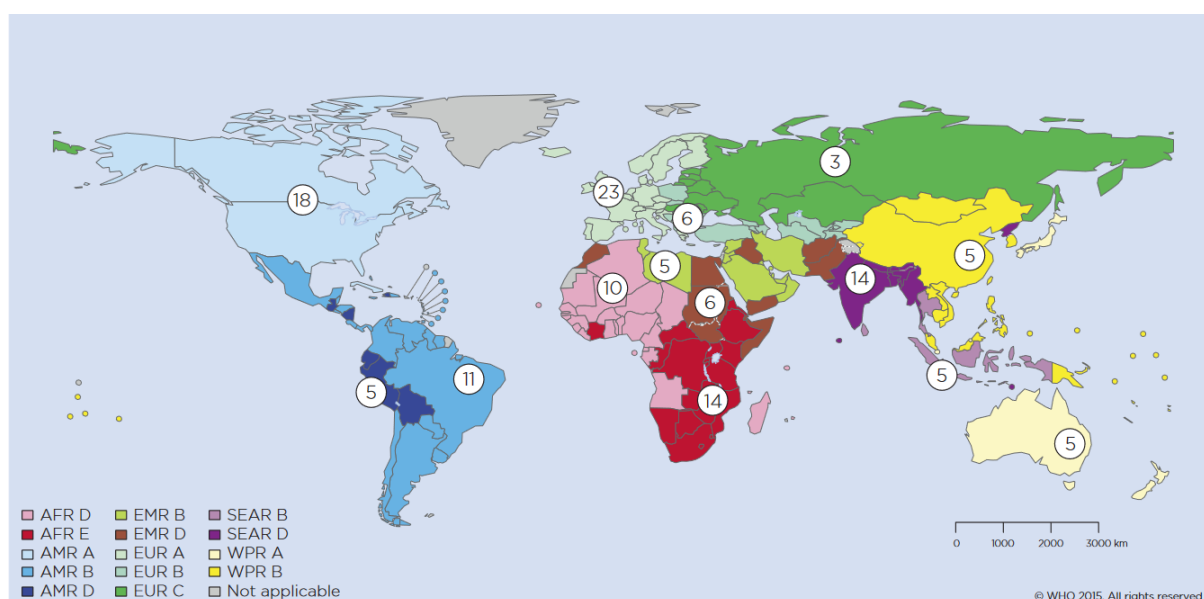


Annexe 6 : Impact des facteurs de stress sur la contamination endogène bactérienne de la viande
(Source : Seidler et al. 2001)

The JEE grading and scoring

Capacity grading, colour code and score	Attribute description
No capacity—score 1 (red)	Attributes of a capacity are not in place
Limited capacity—score 2 (yellow)	Attributes of a capacity are in the development stage (some are achieved, and some are undergoing; however, the implementation has started)
Developed capacity—score 3 (yellow)	Attributes of a capacity are in place; however, there is the issue of sustainability and measured by lack of inclusion in the operational plan in National Health Sector Planning (NHSP) and/or secure funding
Demonstrated capacity—score 4 (green)	Attributes are in place, sustainable for a few more years and can be measured by the inclusion of attributes or IHR (2005) core capacities in the national health sector plan—green
Sustainable capacity—score 5 (green)	Attributes are functional, sustainable and the country is supporting other countries in its implementation. This is the highest level of the achievement of implementation of IHR (2005) core capacities

Annexe 7 : Echelle d'évaluation de la capacité des pays pour un domaine technique selon la RSI (Source : Talisuna et al. 2019)



Annexe 8 : Liste des sous-régions utilisées pour la légende des figures 10 et 11 (Source: WHO, 2015)

Annexe 9: Liste des publications sélectionnées

Database / Title / Publication	Subject	Kind of stud	Pathogen	Name pathogens	Group speci	Species (but	Identification	Number of s	Country	Study site	Single/multi	Details stud	Year of publ	Authors	Article Title	Keywords	Source Title	Document T	Abstract
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus					West Africa				2015		Drivers for occasional spillover event of Ebola virus	EFSA JOURN Article			In order to identify the drivers for spillover of Ebola
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Mix	Babesia - Candidatus	Mammals	Grasscutters	PCR 18 rDNA 81 ticks		Ghana	Urban market	Single	Central bush	2020	Adenyo, C; O	Bacterial and protozoan pathogens/symbionts in tick	ACTA TROPIC Article			Ticks and tick-borne pathogens constitute a great th
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-human r	ELISA confir 2586 (1856		Cameroon	Hunters, anti-	Multiple	5 remote fore	2009	Azhokeng, AI	Extensive survey on the prevalence and genetic div	INFECTION Article	Proce		To evaluate the risk of cross-species transmissions
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Mustached m	ELISA confir 46 samples (		Cameroon	Wild caught r	Multiple		2009	Azhokeng, AI	Full-length sequence analysis of SIV/m in wild pox	VIROLOGY Article			Mustached monkeys (Cercopithecus cephus), whic
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	Retroviruses (SIVs, STLVs)	Mammals	Non-human r	Immunosassa 331 samples		Democratic R	Hunters / rur	Multiple	Remoted fore	2017	Ahuka-Mundi	High Prevalences and a Wide Genetic Diversity of S	ECOHEALTH- Correction			Four types of human T cell lymphotropic viruses (H
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	STLVs	Mammals	Non-human r	PCR and seq 330 samples		Democratic R	Rural market	Multiple	Three rural ci	2012	Ahuka-Mundi	Identification and Molecular Characterization of New AIDS RESEA Article				
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus			Surveys conducted in mark		Nigeria			Nine markets	2015	Akani, GC; D	Ebola virus effects on the bushmeat trade in West \	AFRICAN JO Article			
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus	Mammals	Bats	Ethnographic	30	Cameroon	Market	Multiple	Nine of the n	2020	Akemi, ES; P	The bat meat chain and perceptions of the risk of α	BMC PUBLIC Article			Background Local people's interaction with bats ren
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus					West Africa				2015	Alexander, KJ	What Factors Might Have Led to the Emergence of	PLOS NEGLI Review			An Ebola outbreak of unprecedented scope emerge
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus			Questionnaire 396 bushme		Nigeria	Urban market	Multiple	3 bushmeat r	2018	Alhaji, NB; Y	Knowledge, risk perception and mitigation measures	ZOOZONES Article			The bushmeat industry has been a topic of increas
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Cytomegaloviruses	Mammals	Human	PCR 657 (human r		Ivory Coast				2015	Anoh, AE; Ak	Genetic identification of cytomegaloviruses in a rur	VIROLOGY JO Article			Background. Cytomegaloviruses (CMVs) are herpe
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus			Interviews 25 bushmeat		Nigeria				2016	Ayedbusi, J	Perception and prevention practices against Ebola \	AFRICAN JO Article			The expanding bushmeat market in Africa contribut
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Protozoan	Plasmodium, Hepatocystis	Mammals	Greater spot-	PCR for Plas 292 wild C. n		Cameroon	Hunters, anti-	Multiple	11 samples s	2012	Ayoubu, A; M	Ubiquitous Hepatocystis infections, but no evidence	INTERNATIO Article			Western gorillas (Gorilla gorilla) have been identifi
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Bacteria	Campylobacter, Salmonella	Mammals	Guenons (Ce	Culture 128 muscle ti		Gabon	Urban market	Multiple	2 markets in l	2012	Bachand, N; I	Public Health Significance of Zoonotic Bacterial Pat	JOURNAL OI Article			Wild animal meat represents an important source o
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infections	Bird, Bat, Rodents	NHP, Other	543 confiscat		United States			Borders entra	2013	Bair-Brake, H	Is That a Rodent in Your Luggage? A Mixed Metho	ZOOZONES Article			Bushmeat, defined as meat derived from wild anim
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus	Mammals	Bats	Semi-structur 135 responde		Cameroon	Rural villages	Multiple	11 villages of	2019	Baudel, H; D	Understanding Ebola virus and other zoonotic trans	ZOOZONES Article			The ecology of Ebola virus (EBV) remains largely u
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus	Mammals	Undefined	Semi-structur 47 interviews		Sierra Leone	Rural villages	Multiple	9 villages	2018	Bonwillt, J; D	Unintended consequences of the 'bushmeat ban' in	SOCIAL SCIE Article			Following the 2013-2016 outbreak of Ebola virus di
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infections	Mammals	Undefined	Semi-structur 47 interviews		Sierra Leone	Rural villages	Multiple	9 villages	2018	Bonwillt, J; K	Participation of women and children in hunting activ	PLOS NEGLI Article			The emergence of infectious diseases of zoonotic c
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Virus	Lassa Fever	Mammals	Rodent (Mast	Semi-structur 21 interviews		Sierra Leone	Rural villages	Multiple	14 villages	2016	Bonwillt, J; K	Rat-at-ouille: A Mixed Method Study to Characterize	ECOHEALTH- Article			Lassa fever is a zoonotic hemorrhagic illness pred
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Chimpanzees	Antibodies of 1458 fecal sa		Gabon	Remote prim	Multiple		2015	Boue, V; Loc	High Rate of Simian Immunodeficiency Virus (SIV)	VIRESUS-BA Article			The emergence of HIV-1 groups M, N, O, and P is
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Protozoan	Haemosporidian parasites	Mammals	Bli	13 species of PCR amplific		Gabon	Seizures of illegal hunting,		bushmeat sale	2016	Boundouga, I	Haemosporidian Parasites of Antelopes and Other \	PLOS ONE Article			Re-examination, using molecular tools, of the divers
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Undefined	Enterobacteriaceae, Listeria monocytogenes, Salmonella			Aerobic Viabl 18 bushmeat		France	Airport (Charles de Gaulle)			2012	Butler, CD	Infectious disease emergence and global change: th	INFECTION Article			Background. Concern intensifying that emerging in
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Bacteria	Enterobacteriaceae, Listeria monocytogenes, Salmonella			Aerobic Viabl 18 bushmeat		France	Airport (Charles de Gaulle)			2015	Chaber, AL; C	Public Health Risks from Illegally Imported African E	ECOHEALTH- Article			Large-scale importation of bushmeat from West an
Web Of Scier S	Disease trans	Literature rev	Virus	Viral zoonoses									2021	Cheetham, S	Bats as Reservoirs of Viral Zoonoses	50 YEARS O Article	Book		In the last few decades, a special interest in viruses
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	HIV/SIVs	Mammals	Non-human primates			Cameroon	Urban market	Single	Bushmeat m	2000	Chitnis, A; R	Origin of HIV type 1 in colonial French Equatorial A	AI DIS RESEA Article			Sociocultural factors during the postcolonial period
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-human r	Antibodies de 25 blood sam		Cameroon				2001	Cournaud, V	Characterization of a novel simian immunodeficienc	JOURNAL OI Article			Exploration of the diversity among primate lentivir
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	HIV/SIVs	Mammals	Non-human primates			Cameroon				2012	De Sousa, JD	Enhanced Heterosexual Transmission Hypothesis fr	VIRESUS-BA Article			HIV-1 M originated from SIV/cpe endemic in chimpa
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Bacteria	16S rRNA	Mammals	25 species	16S rRNA an 137 bushmeat		Uganda	Hunters, Urb	Multiple	Bushmeat tis	2020	Deil, BM	Emerging Zoonotic Pathogens at the Human-Wildlif	Doctoral Diss Article			The harvest of bushmeat is widespread in the tropi
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infections (Marburg virus, Ebola,			Interviews 292 women v		Uganda	Hunters, Co	Multiple	10 villages fo	2019	Deil, BM; Sol	Attitudes, practices, and zoonoses awareness of co	PLOS ONE Article			Most of the human pandemics reported to date ca
Google Schol J	Disease trans	Literature rev	Mix	Zoonotic infections	Mammals	Non-human primates			Uganda				2019	Devauq, Medi	Infectious Disease Risk Across the Growing Humar	FRONTIERS Article			Hunting and butchering of wildlife in Central Africa
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	2 436 human			Cameroon				2012	Djoko, CF; W	Failure to Detect Simian Immunodeficiency Virus in	ECOHEALTH- Article			During 2012, 2013 and 2015, we collected small m
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus			Semi-structur 332 responde		Ghana	Urban and ru	Multiple	2 urban cente	2017	Doty, JB; Mal	Assessing Monkeypox Virus Prevalence in Small M	VIRESUS-BA Article			The handling, capturing, butchering, and transporta
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Bacteria	Bacillus anthracis	Mammals	Human	Immunosassa 1 386 human		Ivory Coast	Town, village	Multiple	One town, 17	2020	Duonamou, L	Consumer perceptions and reported wild and dome	PEERJ Article			Bacillus cereus biovar anthracis (Bcbva) is an unty
Web Of Scier S	Disease trans	Literature rev	Bacteria	Mycobacterium bovis	Mammals	Cattle							2020	Dupke, S; Sc	Serological evidence for human exposure to Bacillu	PLOS NEGLI Article			The widespread of immunodeficiency with AIDS, th
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Filoviruses (Ebola virus (EB	Mammals	Human	PCR and We 331 samples		Uganda				2018	Evans, TS; T	Suspected Exposure to Filoviruses Among People C	JOURNAL OI Article	Proce		Background Human and filovirus host interactions r
Google Schol J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Mammals				Tropical rain forests				2019	Fa Nasi; Vile	Bushmeat, anthropogenic change, and human healt	SANTE PUBL Article			À 18hÙheure où plus de 5 millions c
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus	Mammals		Focus discus 113 Bambuti,		Democratic Republic of Congo				2022	EMJIE; M	Perceptions of ebola virus disease among the bamb	PATHOGENS Article	Early		The second largest Ebola virus disease (EVD) epid
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infections			327 individua		Nigeria	Rural villages	Multiple	Five rural hur	2015	Frant, Paige;	Drivers of Bushmeat Hunting and Perceptions of Z	PLOS Neglec Article			Bushmeat hunting threatens biodiversity and increa
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Virus	Ebola virus	Mammals		570 interview		Nigeria			Main wild me	2021	Funk, SM; Fe	Pre- and post-Ebola outbreak trends in wild meat tr	BIOLOGICAL Article			Ebola virus disease, EVD, has been linked with wlc
Google Schol J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Mammals								2015	Gale, P; Sim	The challenge of using experimental infectivity data	JOURNAL OI Review			Analysis of published data shows that experimental
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Mammals								2017	Gboob, TS; F	Knowledge, perceptions and attitude of a communit	ZOOZONES Article			A large population of straw-coloured fruit bats (Eido
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Mammals								2013	Gessain, A; F	HTLV-3/4 and simian foamy retroviruses in humans	VIROLOGY Review			Non-human primates are considered to be likely so
Google Schol J	Disease trans	Literature rev	Virus	Retroviruses (HTLV and SF	Mammals	Non-Human Primates			Ivory Coast	Tai national park area			2014	Gouartan; Ak	The ecology of primate retroviruses – An assessme	VIROLOGY Article			The ecology of primate retroviruses – An assessme
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Orthopoxvirus (Monkeypox)	Mammals	Human	ELISA + ques 125 particip		Cameroon	Rural villages	Multiple	Mfou district, randomly sele	2020	Guadriado, S	Asymptomatic Orthopoxvirus Circulation in Humans	AMERICAN J Article			Monkeypox virus is a zoonotic Orthopoxvirus (OPX)
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	HTLV-1	Mammals	Human	Immunosassa 3051 human		Democratic R	Rural villages	Multiple		2021	Halbrook, M;	Human T-cell lymphotropic virus type 1 transmissio	PLOS NEGLI Article			The Democratic Republic of the Congo (DRC) has
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Helminth	Amillifer armillatus, Amillif	Reptiles	Vipers (Bitts	Morphologica 53 snakes ex		Democratic R	Rural market	Multiple	Kole markets	2017	Hardi, R; Bab	Amillifer-Infected Snakes Sold at Congolese Bushr	ECOHEALTH- Article			African pythons (Pythonidae) and large vipers (Bitts
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Fruit bat (Eidolon	Mammals	Fruit bat (Eidolon	Indirect fluore 262 serum fr		Ghana		Multiple	(n=173) from	2010	Hayman, DTS	Long-Term Survival of an Urban Fruit Bat Seroposit	PLOS ONE Article			This paper presents a quantitative assessment moc
Google Schol J	Disease trans	Model	Virus	Zoonotic bat borne viruses	Mammals	Bats							2019	Horian, V; G	Application of a quantitative entry assessment mod	MICROBIAL Article			Ebola virus disease (EVD) presents a threat to publ
Web Of Scier J	Disease trans	Model	Virus	Ebola virus	Mammals	Bats							2017	Hranac, VR; C	Predicting Ebola virus disease risk and the role of A	EPIDEMICS Article			Leptospirosis is the most widespread zoonosis in th
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Bacteria	Leptospirosis	Mammals	Banded moun	PCR 41 banded m		Botswana	All animal samples<		collected opportunist	2012	Jobbins, SE;	Leptospirosis interrogans at the Human-Wildlife Interf	ZOOZONES Article			The ecology of primate retroviruses – An assessme
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Paramyxovirus RNA	Mammals	Bats (Eidolon	L-gene PCR 310 pooled ui		Ghana				2021	Joima, ER; G	Longitudinal Secretion of Paramyxovirus RNA in the	VIRESUS-BA Article			The straw-coloured fruit bat (Eidolon helvum) is wid
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infe	Mammals	Zoonotic infe	Structured qu 327 particip		Kenya	Rural villages	Multiple	Five commun	2021	Kamau, J; As	The intersection of land use and human behavior as	PLOS NEGLI Article			Author summary Many infectious diseases, such as
Web Of Scier J	Disease trans	Human and social study		Zoonotic infe	Mammals	Bats (Eidolon helvum)	> 700 Ghana		Ghana				2013	Kamins, A; B	Emerging risks from bat bushmeat in West Africa	TRENDS IN Article	Book		Despite major advances in medicine, infectious dis
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infe	Mammals	Bats(Eidolon	Interviews us 551 interview		Ghana	Urban and ru	Multiple	2 cities Accra	2011	Kamins, AO;	Uncovering the fruit bat bushmeat commodity chain	BIOLOGICAL Article			Harvesting, consumption and trade of bushmeat an
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infe	Mammals	Bats(Eidolon	Interviews us 551 interview		Ghana	Urban and ru	Multiple	2 cities Accra	2014	Kamins, AO;	Characteristics and Risk Perceptions of Ghanaians	ECOHEALTH- Article			Emerging zoonotic pathogens from wildlife pose inc
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Undefined	Zoonotic infe	EIDs								2020	Kareesh, WB;	The Bushmeat Increase of bushmeat consumptio	MOUNT SIN Article			Bushmeat is a term that refers to the use of wild an
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Bacteria	Bacillus anthracis, Brucella	Mammals	Zebra, Buffalo	RT-PCR + mi 3784 bushme		Tanzania	Rural market	Multiple	Around the th	2021	Katani, R; Sc	Identification of Bacillus anthracis, Brucella spp., an	SCIENTIFIC Article			Meat from wildlife species (bushmeat) represents a
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Bacteria	Microbial diversity	Mammals	Large herbiv	16s rRNA sei 56 bushmeat		Tanzania	Rural market	Multiple	Bunda, Serer	2019	Katani, R; Sc	Microbial Diversity in Bushmeat Samples Recover	SCIENTIFIC Article			Bushmeat, the meat and organs derived from wildli
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Mammals								2019	Kock, RA; Be	Searching for the source of Ebola: the elusive factor	REVUE SCIE Article			The natural ecology of Ebola virus infection remain
Google Schol J	Disease trans	Literature rev	Undefined	Zoonotic infection									2015	Kurpers; Sch	Bushmeat and Emerging Infectious Diseases: Less	PROBLEMAI Book Chapter			Zoonoses can constitute a threat for public health t
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Coronaviruses	Mammals	Frugivorous r	RT-PCR 634 samples		Guinea		Multiple	Captured at 1	2020	Lacroix, A; Vi	Wide Diversity of Coronaviruses in Frugivorous and	VIRESUS-BA Article			Background Adenoviruses play an important role as
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Adenoviruses	Mammals	Non-Human l	Nested and s 24 freshly kill		Republic of C	Hunters	Single	Small village	2019	Lange, CE; N	First evidence of a new simian adenovirus clusteri	VIROLOGY J Article			Purpose - Bats provide many ecosystem services a
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infe	Mammals	Bats	Participatory landscape, ma		Ghana				2017	Lawson, ET;	Understanding framings and perceptions of spillove	DISASTER P Article			There is a great need to determine the factors that i
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infe	Mammals	Zoonotic infe	Patterns of bushmeat hunting and disease		Cameroon	Rural villages	Multiple	17 rural centr	2006	LeBreton, M;	Patterns of bushmeat hunting and perceptions of di	ANIMAL CO Article			Author summary Ebola virus disease is a highly pat
Web Of Scier J	Disease trans	Model	Virus	Ebola virus									2021	Lee-Cruz, L; I	Mapping of Ebola virus spillover: Suitability and sea	PLOS NEGLI Article			Infectious disease has joined habitat loss and hunti
Web Of Scier B	Disease trans	Experimental	Bacteria	Bacillus anthracis	Mammals	Pan troglodytes verus	Eight sudden		Ivory Coast	Tai National f			2020	Leedertz, Elie	Anthrax kills wild chimpanzees in a tropical rainfore	NATURE Article			Ebola virus disease (EVD) is a threat to human hea
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Mammals	Bats													

Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Retroviruses (SIVs, STLVs)	Mammals	Non-Human I	Serological te	48 whole bloc	Gabon	Multiple	8 provinces o	2012	Liegeois, F; E	New STLV-3 strains and a divergent SIV/mus strain	RETROVIRO Article	Background: Human retroviral infections such as	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-Human I	PCR amplifi	2 wild red col	Ivory Coast		Tai National f	2009	Liegeois, F; L	Full-Length Genome Characterization of a Novel Str	JOURNAL OF Article	Simian immunodeficiency viruses (SIVs) are found	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-Human I	ELISA, PCR	25 whole bloc	Gabon	Multiple	Different loca	2014	Liegeois, F; S	Full-Length Genome Analyses of Two New Simian I	VIRUSES-BA Article	The Simian Immunodeficiency Virus (SIV) mus/m	
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Retroviruses (SIVs, STLVs)	Mammals	Non-Human I	Primates					2012	Locatelli, S; F	Cross-species transmission of simian retroviruses: A	AIDS Review	The HIV-1 group M epidemic illustrates the extrac	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-Human I	HIV cross-re	127 fecal san	Ivory Coast		Tai National f	2011	Locatelli, S; F	Lack of Evidence of Simian Immunodeficiency Virus	INTERATIO Article, Proce	It is now well established that the human immuno	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Bacteria	Treponema pallidum	Mammals	Human	Immunosass	186 children,	Tanzania	Multiple	2 areas in the	2020	Lubanza, CKK	Seroseurvey of Treponema pallidum infection among	BMC INFECT Article	Background The first yaws eradication campaign i	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	Ebola virus	Mammals	NHP	Serology, PC	Liver, lung, s	Democratic Republic of Cor	Multiple	2 markets in l	2020	Lucas, A; K	Serology and Behavioral Perspectives on Ebola Viru	OPEN FORU Article	After the 2018 Ebola outbreak in Equateur Provin	
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Mammals	Role of food in transmission of Ebola, litterature review				Multiple	Five sampling	2015	Mann, E; Str	A Review of the Role of Food and the Food System	PLOS NEGLI Review	The current outbreak of Ebola virus disease (EVD	
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Consumption	Mammals	Bats	Questionnair	525 responde	Cameroon	Multiple	2017	Maurice, Fua	An Exploration of Bats Consumption Behaviour and	International J Article	The recent increase in zoonotic viral disease outb	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Helminth	Trichinella	Mammals	Rodent (Cricetomys gaml	Tissue sampl	Nigeria		Hunters		2010	Mbaya, AW; J	Trichinella in African giant rats (Cricetomys gambi	JOURNAL OF Article		
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Protozoan	Rickettsia	Mammals	Pangolin, Dui	qPCR	21 ticks colle	Liberia	Rural villages	Multiple	2012	Mediannikov,	Tick-borne rickettsiae in Guinea and Liberia	TICKS AND I Article	While the high seroprevalence for the rickettsiae t	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infections	Mammals / N	Rodent, Prim	Community discussions, focus group, per		Rural villages	Multiple	34 villages an	2015	Monroe, BP; J	Collection and Utilization of Animal Carcasses Assc	JOURNAL OF Article	The collection and consumption of animal carcass	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	STLVs/HTLVs	Mammals	Non-Human I	Multiplied	n 52 anesthetiz	Ivory Coast /	Rural villages	Multiple	2017	Mossoun, A; J	Bushmeat Hunting and Zoonotic Transmission of S	JOURNAL OF Article	Simian T-lymphotropic virus 1 (STLV-1) enters hu	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Contact Hum	Mammals	Non-Human I	Standardized	504 volunteer	Ivory Coast	Multiple	2015	Mossoun, A; J	Contact to Non-human Primates and Risk Factors f	ECOHEALTH Article	Elevated exposure levels to non-human primates i	
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Helminth	Trichinella								2013	Mukaratirwa,	Trichinella infections in animals and humans in sub	ACTA TROPIC Review	The aim of this review is to provide information on	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Bushmeat hunting and risk	awareness of z	Semi-structur	370 responde	Uganda	Rural villages	Multiple	2021	Namusisi, S; A	descriptive study of zoonotic disease risk at the hi	PLOS NEGLI Article	Zoonotic diseases pose a significant health challe	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Contact Hum	Mammals	Non-Human I	Participatory i	449 particip	Cameroon	Multiple	2018	Narat, V; Kan	Using physical contact heterogeneity and frequency	PLOS NEGLI Article	Emerging infectious diseases of zoonotic origin c	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-Human I	HIV antibody	28 sera of NH	Cameroon	Rural and ur: Multiple	Southern Car	2007	Ndembi, N; K	Exposure to SIVmd-2 in Southern Cameroon: Pub	AIDS REVIEW Review	Compelling evidence appeared in 2002 of human	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Ebola virus			Participat ok	50 participant	Cameroon	Urban city	Single	2017	Ngaide, T; Sini	Implications of Changing Attitudes towards Game M	HUMAN ORC Article	In this article, we examine social responses to the	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Bacteria	Escherichia Coli	Mammals	Fruit bats (5	Cultivation of	64 frozen tis	Republic of Conqo	Multiple	1 site = logdir	2017	Nowak, K; F	Highly diverse and antimicrobial susceptible Escher	PLOS ONE Article	Bats are suspected to be a reservoir of several ba	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-Human I	PCR, high-re	124 free-ranc	Kenya	Urban and pe	Multiple	2020	Nyamota, R; J	Broad diversity of simian immunodeficiency virus int	JOURNAL OF Article	Background Simian immunodeficiency virus (SIV)	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Contact Hum	Mammals	Fruit bats	Focus discus	136 person f	Ghana	Rural villages	Single	2017	Ohemeng, F; J	Socio-cultural Determinants of Human-Bat Interacti	ANTHROZOZ Article	Bats are known to be a natural reservoir for a lot c
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Helminth	Gastro-intestinal parasites	Mammals, Bi	17 Francolin	Faecal sedier	143 fecal san	Nigeria	Hunters	Single	2015	Okoye, IC; O;	Intestinal parasitic fauna and zoonotic potentials of	HELMINTHO Article	A study was carried out in Nsukka cultural zone, l	
Web Of Scier J	Disease trans	Model	Virus	Ebola virus	Do human ac	Mammals	Fruit bats					2019	Olivero, J; Fa	Human activities link fruit bat presence to Ebola vir	MAMMAL RE Review	A significant link between forest loss and fragmer	
Web Of Scier J	Disease trans	Model	Virus	Ebola virus	Mammalian b	Mammals	Fruit bats					2016	Olivero, J; Fa	Mammalian biogeography and the Ebola virus in Afr	MAMMAL RE Review	1. Ebola virus is responsible for the fatal Ebola vir	
Google Schol J	Disease trans	Model	Virus	Ebola virus	Deforestation	Mammals	Fruit bats					2017	Olivero, J; Fa	Recent loss of closed forests is associated with Ebc	SCIENTIFIC I Article	Ebola virus disease (EVD) is a contagious, severe	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Ebola virus	Consumption	Mammals	Two sets of q	100 responde	Nigeria	Multiple	Nsukka and l	2020	Onyekuru, N; J	Effects of Ebola Virus Disease Outbreak on Bush M	JOURNAL OF Article	The 2014 disease outbreak in West Africa of the l	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Ebola virus	Link between wealthier households and dk	2 different da	275 househol		Liberia	Rural villages	Multiple	2017	Ordaz-Nemet	The socio-economic drivers of bushmeat consumpt	PLOS NEGLI Article	Bushmeat represents an important source of anin	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Knowledge and hunting attitudes toward z	Cross-sector	76 repondent		Nigeria	Hunters and bushmeat trad	Multiple	2018	Ozioko, KU; C	Knowledge, attitudes, and behavioural risk factors n	EPIDEMIOLOG Article	OBJECTIVES: In light of the dramatic spread of E	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Human-animal interaction and risk factors	Household in	1240 individu		Uganda	Multiple	38 communiti	2014	Paige, SB; Fr	Beyond Bushmeat: Animal Contact, Injury, and Zoo	ECOHEALTH Article	Zoonotic pathogens cause an estimated 70% of e	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-Human I	Immunosass; Blood and tis		Cameroon	Urban maket	Multiple	2002	Peeters, M; C	Risk to human health from a plethora of Simian imm	EMERGING I Article	To assess human exposure to Simian immunodef	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	HNVs (Henipavirus : Nipah	Mammals	Fruit bats (Ei	Cross-neutral; Blood sample		Cameroon	Hunters	Single	2014	Pernet, O; Sc	Evidence for henipavirus spillover into human popul	NATURE CO Article	Zoonotic transmission of lethal henipaviruses (HN	
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Undefined	Zoonotic infections	Mammals, Bi	58 species investigated						2021	Peros, CS; D	Bushmeat, wet markets, and the risks of pandemics	ENVIRONME Review	The novel coronavirus (SARS-CoV-2) is the third c	
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Literature criticism about health communication during Ebola Outbreak							2018	Post, K	SENDING THE RIGHT MESSAGE: WILD GAME A HEALTH SEC	Article	The unprecedented scale of the Ebola epidemic in	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Helminth	Gastro-intestinal parasites	Mammals	Non-Human I	Direct smears	125 fecal san	Cameroon	Urban market	Multiple	2011	Pourrut, X; D	Prevalence of gastrointestinal parasites in primate b	VETERINARY Article	To document the prevalence of gastrointestinal pa	
Web Of Scier J	Disease trans	Model	Virus	Ebola virus	Food productivity increase so Ebola outbreak decrease							2019	Price, GN	Does Productivity in the Formal Food Sector Drive f	AFRICAN DE Article	As the hunting, butchering, processing, and consu	
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Orthopoxvirus	Risk factors for MKP		Questionnair	939 particip	Republic Den	Rural villages	Multiple	2017	Quiner, CA; I	Presumptive risk factors for monkeypox in rural con	PLOS ONE Article	Monkeypox virus (MPXV), a close relative of Vari	
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	Transmission	Mammals						2014	Riswanto, S; M	Transmission of Ebola Virus Disease: An Overview	ANNALS OF Review	Ebola is a viral illness of which the initial sympto	
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Wild animal exposures : risk	Cross-sector	3140 subjects		Republic Den	Rural villages	Multiple	2017	Rimoin, AW; W	Human Exposure to Wild Animals in the Sankuru P	ECOHEALTH Article	Due to the high level of biological diversity in the C	
Web Of Scier J	Disease trans	Model	Virus	Impact of Ebola and hunting on WL Gorilla, assessing risk of transmission to humans ?								2007	Rizkalla, C; B	Modeling the Impact of Ebola and bushmeat hunting	ECOHEALTH Article	The 2003 outbreak of Ebola in the Republic of Cor	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Non-Human I	Nested PCR	107 Mustach	Gabon	Hunters	Multiple	2019	Schmidt, J; P	Ecological indicators of mammal exposure to Ebola	PHILOSOPH Article	Human immunodeficiency virus type 1 (HIV-1) is t	
Google Schol J	Disease trans	Model	Virus	Ebola virus	Understandin	Mammals						2017	Schmidt, JP; P	Ecological indicators of mammal exposure to Ebola	PHILOSOPH Article	Much of the basic ecology of Ebolavirus remains u	
Web Of Scier J	Disease trans	Model	Virus	Bz	Risk of Bat-B	Mammals	Bats					2016	Simons, RRL	A Generic Quantitative Risk Assessment Framework	PLOs One Article	Bat-borne viruses have been linked to a number of	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Mix	Retroviruses (SFV, HIV), Hi	Mammals	NHP, rodent	PCR, sequen	Samples from	USA	Airport (JFK)	Single	2012	Smith, S; Swtze	Zoonotic Viruses Associated with Illegally Imported	PLOS ONE Article	The global trade in wildlife has historically contribu	
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	HIV/SIVs	Causes of ep	Mammals	NHP					2019	Sousa, JD; M	The epidemic emergence of HIV: what novel enable	FUTURE VIR Editorial Mate	Humans acquired retroviruses from simians, main	
Web Of Scier J	Disease trans	Human and s	Undefined	Zoonotic infer	Hunting practices and awareness of zoon	Questionnair	123 bushme		Sierra Leone	Hunters, trad	Multiple	2012	Subramanian	Zoonotic Disease Risk and the Bushmeat Trade: As	ECOHEALTH Article	The bushmeat industry has been a topic of increas	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Helminth	Amillifer, Raillietiella	Reptiles	2 Gaboon vip	Morphologica	4 larg snakes	Democratic R	Town market	Multiple	2016	Tappe, D; Sul	Co-infections in Visceral Pentastomiasis, Democr	EMERGING I Article	Snakeborne Amillifer pentastomiasis is an emergi	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	Paramyxoviruses, Coronavi	Mammals	NHP (Cercop	Quantificator	4 NHP	France	Airport (Toulouse)	Multiple	2017	Temmam, S; J	Screening for Viral Pathogens in African Simian Bu	TRANSBOU Article	Illegal bushmeat traffic is an important threat to bi	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Lymphocytic choriomeningit	Mammals	Rodent, Cam	Reverse trans	45 samples o	Gabon	Multiple	Between Kan	2021	Ushijima, Y; J	Identification of potential novel hosts and the risk of	INTERNATIO Article	Objectives: Lymphocytic choriomeningitis virus (LC	
Google Schol J	Disease trans	Literature rev	Mix	Virus, Bacteri	Zoonotic pool in bushmet in tropical forests							2017	Van Vliet, N; J	Bushmeat and human health: Assessing the Eviden	ETHNOBIOL Review	The importance of bushmeat as source of food an	
Google Schol J	Disease trans	Human and s	Undefined	Bat-born zoonotic	Mammals	Bats	Interviews of 54 persons		Nigeria			2014	Vora, NM; O;	Assessment of Potential Zoonotic Disease Exposur	MMWR-MOF Article		
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	Henipavirus	Mammals	Bats (Eidolon	PCR	339 samples		Republic of C	Hunters	2012	Weiss, S; No	Henipavirus-related Sequences in Fruit Bat Bushme	EMERGING I Letter		
Web Of Scier J	Disease trans	Literature rev	Virus	Ebola virus	History, epidemiology, outbreaks							2015	Weyer, J; Gr	Ebola Virus Disease: History, Epidemiology and Out	CURRENT IN Article	Over the past 40 years, sporadic Ebola virus disea	
Google Schol J	Disease trans	Literature rev	Virus	Zoonotic viral	Bushmeat hunting, deforestation and zoonotic disease							2005	Wolfe, ND; D	Bushmeat hunting deforestation, and prediction of z	EMERGING I Article	Understanding the emergence of new zoonotic aq	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	HTLVs	Mammals	Human	Serology, PC	930 human b	Cameroon	Rural villages	Multiple	2005	Wolfe, ND; S	Emergence of unique primate T-lymphotropic virus	PROCEEDIN Article	The human T-lymphotropic viruses (HTLVs) types	
Web Of Scier J	Disease trans	Experimental	Virus	Retroviruses	Mammals	Human	Serology, PC	1099 human	Cameroon	Rural villages	Multiple	2004	Wolfe, ND; S	Naturally acquired simian retrovirus infections in ce	LANCET Article	Background Hunting and butchering of wild non-hi	
Google Schol J	Disease trans	Experimental	Virus	SIVs	Mammals	NHP	Serology, PC	Tissue sampl	Equatorial Gu	Urban market	Single	2010	Worobey, M; J	Island Biogeography Reveals the Deep History of SI	SCIENCE Article		

Annexe 10 : Liste des publications expérimentales répondant aux critères de l'étude et collection de méta-données

Kind of study	Pathogen	Name pathog	Group speci	Ordre	Methode_lab	Identification	Type_sample	Number of s	Country	Study site	Single/multi	Year of publi	Authors	Article Title
Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Primate	Immunoassay	ELISA confirm	Blood	2586 (1856 di	Cameroon	Hunters, anti-	Multiple	2009	Aghokeng, AF	Extensive survey on the prevalence of SIVs in
Experimental	Virus	Retroviruses	Mammals	Primate	Immunoassay	Immunoassay	Blood, Tissue	331 samples	Democratic R	Hunters / rura	Multiple	2017	Ahuka-Munde	High Prevalences and a Wide Genetic Diversity of SIVs in
Experimental	Virus	STLVs	Mammals	Primate	PCR, sequen	PCR and seq	Blood	330 samples	Democratic R	Rural market	Multiple	2012	Ahuka-Munde	Identification and Molecular Characterization of STLVs in
Experimental	Protozoan	Plasmodium	Mammals	Primate	PCR	PCR for Plas	Blood	292 wild C. ni	Cameroon	Hunters, anti-	Multiple	2012	Ayoub, A; M	Ubiquitous Hepatocystis infections, t
Experimental	Bacteria	Campylobact	Mammals	Primate, Rod	Culture	Culture	Tissue	128 muscle ti	Gabon	Urban market	Multiple	2012	Bachand, N; F	Public Health Significance of Zoonotic Campylobacter Infections in
Experimental	Protozoan	Haemosporidi	Mammals, Bir	Artiodactyla, F	PCR, sequen	PCR amplific	Blood, Tissue	492 bushmea	Gabon	Seizures of illegal hunting, b		2016	Boundenga, L	Haemosporidian Parasites of Antelope
Experimental	Bacteria	Enterobacteri	Mammals, Re	NA	Culture	Aerobic Viabl	Tissue	18 bushmeat	France	Airport (Charles de Gaulle)		2015	Chaber, AL; C	Public Health Risks from Illegally Imported
Experimental	Bacteria	16S rRNA	Mammals	Artiodactyla, F	Metabarcodi	16S rRNA am	Tissue	137 bushmea	Uganda	Hunters, Urb	Multiple	2020	Dell, BM	Emerging Zoonotic Pathogens at the
Experimental	Helminth	<i>Armillifer arm</i>	Reptiles	Squamata	Morphologica	Morphologica	Tissue	53 snakes ex	Democratic R	Rural market	Multiple	2017	Hardi, R; Bab	Armillifer-Infected Snakes Sold at Co
Experimental	Bacteria	<i>Bacillus anthr</i>	Mammals	Artiodactyla	Metabarcodi	RT-PCR + mi	Tissue	3784 bushme	Tanzania	Rural market	Multiple	2021	Katani, R; Scl	Identification of <i>Bacillus anthracis</i> , Bi
Experimental	Bacteria	Microbial dive	Mammals	Artiodactyla, F	Metabarcodi	16s rRNA sec	Tissue	56 bushmeat	Tanzania	Rural market	Multiple	2019	Katani, R; Scl	Microbial Diversity in Bushmeat Sam
Experimental	Virus	Adenoviruses	Mammals	Primate	PCR	Nested and s	Tissue	24 freshly kill	Republic of C	Hunters	Single	2019	Lange, CE; N	First evidence of a new simian adenovirus
Experimental	Virus	Retroviruses	Mammals	Primate	Immunoassay, Serological	te	Blood, Tissue	48 whole bloo	Gabon		Multiple	2012	Liegeois, F; B	New STLV-3 strains and a divergent
Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Primate	PCR, sequen	PCR amplific	Blood, Tissue	2 wild red col	Ivory Coast			2009	Liegeois, F; L	Full-Length Genome Characterization of SIVs
Experimental	Virus	STLVs/HTLVs	Mammals	Primate	PCR	Multiplexed n	Tissue	52 anesthetiz	Ivory Coast / I	Rural villages	Multiple	2017	Mossoun, A; C	Bushmeat Hunting and Zoonotic Tra
Experimental	Helminth	Gastro-intesti	Mammals, Bir	Lagomorpha,	Morphologica	Faecal sedier	Feces	143 fecal sam	Nigeria	Hunters	Single	2015	Okoye, IC; Oz	Intestinal parasitic fauna and zoonotic
Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Primate	Immunoassay	Immunoassay	Blood, Tissue	Blood and tis	Cameroon	Urban maket	Multiple	2002	Peeters, M; C	Risk to human health from a plethor
Experimental	Virus	HNVs (Henip	Mammals	Chiroptera	Immunoassay	Cross-neutraliz	Blood	Blood sample	Cameroon	Hunters	Single	2014	Pernet, O; Sc	Evidence for henipavirus spillover int
Experimental	Helminth	Gastro-intesti	Mammals	Primate	Morphologica	Direct smears	Feces	125 fecal sam	Cameroon	Urban market	Multiple	2011	Pourrut, X; Di	Prevalence of gastrointestinal parasi
Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Primate	Immunoassay	Nested PCR	Blood, Tissue	107 Mustache	Gabon	Hunters	Multiple	2017	Schmidt, F; Li	Phyloepidemiological Analysis Reve
Experimental	Mix	Retroviruses	Mammals	Primate, Rod	PCR, sequen	PCR, sequen	Tissue	Samples from	USA	Airport (JFK)	Single	2012	Smith; Switze	Zoonotic Viruses Associated with Ille
Experimental	Helminth	Armillifer, Rai	Reptiles	Squamata	Morphologica	Morphologica	Tissue	4 larg snakes	Democratic R	Town market		2016	Tappe, D; Sul	Co-infections in Visceral Pentastomi
Experimental	Virus	Paramyxoviru	Mammals	Primate	Metabarcodi	Quantification	Tissue	4 NHP	France	Airport (Toulouse)		2017	Temmam, S; S	Screening for Viral Pathogens in Afri
Experimental	Virus	Ebola virus	Mammals	Primate	Immunoassay	Serology, PCI	Tissue, Orals	Liver, lung, sp	Democratic Republic of Con	Multiple		2020	Lucas, A; Kun	Serology and Behavioral Perspective
Experimental	Virus	SIVs	Mammals	Primate	Immunoassay	Serology, PCI	Tissue	Tissue sampl	Equatorial Gu	Urban market	Single	2010	Worobey, M; I	Island Biogeography Reveals the De
Experimental	Virus	Lymphocytic choriomeningiti	Mammals		Immunoassay	Reverse trans	Tissue	45 samples of	Gabon	Rural market	Multiple	2021	Ushijima, Y; Abe, H; Ozeki, T; Ondo, GN; Mbading	

Annexe 11 : Données extraites des 26 études expérimentales sélectionnées

Type de pathogène		Classe		Ordre	
Virus Bactérie Protozoaire Helminthe Mixte	14 5 2 4 1	Mammifère Reptile Oiseau	24 5 2	Artiodactyla	6
				Primate	16
				Rodentia	6
				Squamata	4
				Crocodylia	1
				Testudines	1
				Carnivora	3
				Lagomorpha	2
				Galliforme	2
				Chiroptera	2
				Tubulidentata	1
				Pholidota	1
				Bucerotiforme	1
				/Columbiformes	
				Simple	18
				Multiple	7
Type d'échantillons		Méthode d'identification			
Tissu Sang Fèces Ecouvillon rectal/ oral	20 10 1 1	Immuno-essai		1	
		PCR		3	
		Immuno-essai + PCR		4	
		Immuno-essai + PCR +		4	
		séquençage			
		PCR + séquençage		4	
		Identification morphologique		4	
		Métabarcoding		4	
Culture		2			

Annexe 12 : Liste des échantillons et méta-données associées

name	order	genus	species	place	country	date	origin	condition	additional inf	sample_type	preservation	number_pho	manipulator	date_extract	remark
1	Lagomorpha	Oryctolagus	Oryctolagus c	UAC	Benin	28/12/2021	domestique	frais	mort < 1h	oralswab	NORGEN		DIAGOUN Joe	23/03/2022	
2	Rodentia	Rattus	Rattus rattus	UAC	Benin	28/12/2021	domestique	frais	mort < 1h	oralswab	NORGEN		DIAGOUN Joe	23/03/2022	
3	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	095112_593j	DIAGOUN Joe	21/03/2022	
4	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	144417_042j	ALES Nazif DJ	21/03/2022	
5	Rodentia	Xerus	Xerus erythro	Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	162556_805j	DIAGOUN Joe	21/03/2022	
6	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga	Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	163342_182j	DIAGOUN Joe	21/03/2022	
7	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga	Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	163931_124j	DIAGOUN Joe	21/03/2022	
8	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga	Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	163954_906j	DIAGOUN Joe	24/03/2022	
9	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	084703_942j	ALES Nazif DJ	21/03/2022	
10	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	084703_943j	ALES Nazif DJ	22/03/2022	
11	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	090229_965j	ALES Nazif DJ	22/03/2022	
12	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	091029_321j	ALES Nazif DJ	22/03/2022	
13	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	092130_407j	ALES Nazif DJ	22/03/2022	
14	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	094248_912j	ALES Nazif DJ	22/03/2022	
15	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	120321_327j	DIAGOUN Joe	22/03/2022	
16	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	143848_764j	DIAGOUN Joe	22/03/2022	
17	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	143902_062j	DIAGOUN Joe	22/03/2022	
18	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	143914_392j	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
19	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	14392_655jp	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
20	Rodentia	Xerus	Xerus erythro	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	165956_950j	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
21	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	170002_392j	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
22	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	092524-721jp	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
23	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax	Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	092530-701jp	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
24	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax	Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	093111-397jp	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
25	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax	Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	093123-074jp	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
26	Rodentia	Xerus	Xerus erythro	Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	110733-785jp	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
27	Rodentia	Xerus	Xerus erythro	Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	110740-940jp	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
28	Carnivora	Genetta	Genetta sp.	Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	132208-322jp	DIAGOUN Joe	23/03/2022	
29	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga	Tegon	Benin	12/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	113356-839jp	ALES Nazif DJ	23/03/2022	
30	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga	Tegon	Benin	12/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	142502-607jp	ALES Nazif DJ	23/03/2022	
31	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga	Tegon	Benin	12/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	142519-896jp	ALES Nazif DJ	23/03/2022	
32	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	12/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	152048-823jp	ALES Nazif DJ	23/03/2022	
33	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	12/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	152116-670jp	ALES Nazif DJ	23/03/2022	
34	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria	Tegon	Benin	12/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	152217-186jp	ALES Nazif DJ	24/03/2022	
35	Carnivora	Genetta	Genetta sp.	Tegon	Benin	12/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	152230-681jp	ALES Nazif DJ	23/03/2022	

36	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	12/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	164854-754jp	ALES Nazif	DJ	23/03/2022
37	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	13/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	090251-272jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
38	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	13/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	104713-358jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
39	Lipotyphla	Atelerix	Atelerix albiv Tegon	Benin	13/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	104928-281jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
40	Lipotyphla	Atelerix	Atelerix albiv Tegon	Benin	13/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	104932-142jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
41	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	14/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	145101-915jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
42	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	14/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	145108-923jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
43	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr Tegon	Benin	14/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	152525-087jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
44	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	15/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	130333-356jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
45	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	16/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	121500-026jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
46	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	16/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	121509-01pgp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
47	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	16/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	121519-328jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
48	Carnivora	Crossarchus	Crossarchus o Tegon	Benin	17/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	113412-882jp	DIAGOUN Joe		23/03/2022
49	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	17/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	120407-118jp	DIAGOUN Joe		24/03/2022
50	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	17/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	120413-151jp	DIAGOUN Joe		24/03/2022
51	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	17/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	120418-570jp	DIAGOUN Joe		24/03/2022
52	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	18/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	172929_741.j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
53	Rodentia	Heliosciurus	Heliosciurus g Tegon	Benin	18/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	172944_147.j	ALES Nazif + D		24/03/2022
54	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	18/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	173003_989.j	ALES Nazif + D		24/03/2022
55	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	18/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	180640-6.jpg	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
56	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	29/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	082611-119jp	DIAGOUN Joe		24/03/2022
57	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	29/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	102714-113jp	DIAGOUN Joe		24/03/2022
58	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	29/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	132333-082jp	DIAGOUN Joe		24/03/2022
59	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	29/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	1161024	DIAGOUN Joe		24/03/2022
60	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	30/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	102810_211j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
61	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	30/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	102823_131j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
62	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	30/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	102828_101j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
63	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	30/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	102838_733j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
64	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	01/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	130941_819j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
65	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	02/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	094207_151j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
66	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	02/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	110338_313j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
67	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	02/02/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	121006_361j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
68	Rodentia	Heliosciurus	Heliosciurus g Tegon	Benin	02/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	161903_796j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
69	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	03/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	084352_313j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
70	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	03/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	090327_968j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
71	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	03/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	130015_963j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
72	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	03/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	130023_491j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
73	Rodentia	Thryonomys	Thyonomys s Tegon	Benin	04/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	113804_821j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
74	Artiodactyla	Tragelaphus	Tragelaphus s Tegon	Benin	04/02/2022	sauvage	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN	132227_121j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
75	Artiodactyla	Tragelaphus	Tragelaphus s Tegon	Benin	05/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	084307_432j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
76	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	05/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	131134_872j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
77	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	07/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	085543_644j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
78	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	07/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	085556_550j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
79	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	07/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	oralswab	NORGEN	085610_848j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
80	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	08/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	101805_714j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
81	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	08/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	135259_639j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
82	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	09/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	085634_634j	ALES Nazif	DJ	24/03/2022
83	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	09/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	165928_083j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
84	Carnivora	Nandinia	Nandinia bino Tegon	Benin	10/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	084843_617j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
85	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	03/02/2022	captif	frais	mort < 8h	oralswab	NORGEN				24/03/2022
86	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	082101_960j	DIAGOUN Joe		24/03/2022
87	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	093914_077j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
88	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	093932_570j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
89	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	093932_571j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
90	Carnivora	Crossarchus	Crossarchus o Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	130152_034j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
91	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	23/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	101051_758j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
92	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr Tegon	Benin	23/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	WA0014	DIAGOUN Joe		28/03/2022
93	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	101054_758j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
94	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	101100_409j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
95	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	101108_787j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
96	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	101117_741j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
97	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	101134_428j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
98	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	101140_748j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
99	Artiodactyla	Tragelaphus	Tragelaphus s Tegon	Benin	03/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	084940_743j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
100	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	03/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	oralswab	NORGEN	151851_030j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
101	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	06/03/2022				oralswab	NORGEN				28/03/2022
100b	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	03/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	151851_030j	DIAGOUN Joe		30/03/2022
101b	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	06/03/2022				rectalswab	NORGEN				30/03/2022
101b	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	084703_943j	ALES Nazif	DJ	28/03/2022
11b	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	090229_965j	ALES Nazif	DJ	28/03/2022
12b	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	091029_321j	ALES Nazif	DJ	28/03/2022
13b	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	092130_407j	ALES Nazif	DJ	28/03/2022
14b	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	094248_912j	ALES Nazif	DJ	30/03/2022
15b	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	120321_327j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
16b	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	143848_764j	DIAGOUN Joe		28/03/2022
17b	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	143902_062j	DIAGOUN Joe		29/03/2022
18b	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	143914_392j	DIAGOUN Joe		29/03/2022
19b	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	14392_655jp	DIAGOUN Joe		29/03/2022
1b	Lagomorpha	Oryctolagus	Oryctolagus c UAC	Benin	28/12/2021	domestique	frais	mort < 1h	rectalswab	NORGEN	DIAGOUN Joe			28/03/2022
20b	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	165956_950j	DIAGOUN Joe		29/03/2022
21b	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	170002_392j	DIAGOUN Joe		29/03/2022
22b	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	092524-721jp	DIAGOUN Joe		29/03/2022
23b	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	092530-701jp	DIAGOUN Joe		29/03/2022
24b	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	11/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	093111-397jp	DIAGOUN Joe		29/03/2022
25b														

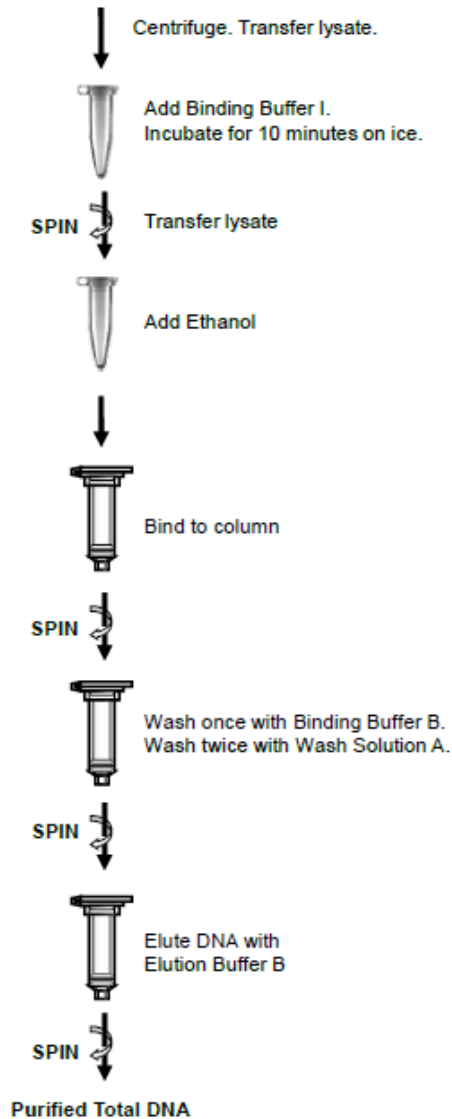
42b	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	14/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	145108-923jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
43b	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr Tegon	Benin	14/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	152525-087jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
44b	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	15/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	130333-356jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
45b	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	16/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	121500-026jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
46b	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	16/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	121509-01jpg	DIAGOUN Joe	29/03/2022
47b	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	16/01/2022	sauvage	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	121519-328jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
48b	Carnivora	Crossarchus	Crossarchus o Tegon	Benin	17/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	113412-882jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
49b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	17/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	120407-118jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
4b	Lagomorpha	Lepus	Lepus victoria Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	144417_042j	ALES Nazif DJ	28/03/2022
50b	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	17/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	120413-151jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
51b	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	17/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	120418-570jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
52b	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	18/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	172929_741.j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
53b	Rodentia	Heliosciurus	Heliosciurus g Tegon	Benin	18/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	172944_147.j	ALES Nazif + D	29/03/2022
54b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	18/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	173003_989.j	ALES Nazif + D	29/03/2022
55b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	18/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	180640-6.jpg	ALES Nazif + D	29/03/2022
56b	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	29/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	082611-119jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
57b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	29/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	102714-113jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
58b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	29/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	132333-082jp	DIAGOUN Joe	29/03/2022
59b	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	29/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	1161024	DIAGOUN Joe	29/03/2022
5b	Rodentia	Xerus	Xerus erythro Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	162556_805j	DIAGOUN Joe	28/03/2022
60b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	30/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	102810_211j	DIAGOUN Joe	29/03/2022
61b	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	30/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	102823_131j	DIAGOUN Joe	29/03/2022
62b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	30/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	102828_101j	DIAGOUN Joe	29/03/2022
63b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	30/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	102838_733j	DIAGOUN Joe	29/03/2022
64b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	01/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	130941_819j	DIAGOUN Joe	29/03/2022
65b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	02/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	094207_151j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
66b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	02/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	110338_318j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
67b	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	02/02/2022	sauvage	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	121006_361j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
68b	Rodentia	Heliosciurus	Heliosciurus g Tegon	Benin	02/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	161903_796j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
69b	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	03/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	084352_313j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
6b	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	163342_182j	DIAGOUN Joe	28/03/2022
70b	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	03/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	090327_968j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
71b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	03/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	130015_963j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
72b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	03/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	130023_491j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
73b	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Tegon	Benin	04/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	113804_821j	DIAGOUN Joe	29/03/2022
74b	Artiodactyla	Tragelaphus	Tragelaphus s Tegon	Benin	04/02/2022	sauvage	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	132227_421j	DIAGOUN Joe	29/03/2022
75b	Artiodactyla	Tragelaphus	Tragelaphus s Tegon	Benin	05/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	084307_432j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
76b	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	05/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	131134_872j	ALES Nazif DJ	29/03/2022
77b	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	07/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	085543_644j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
78b	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Tegon	Benin	07/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	085556_550j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
79b	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	07/02/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	085610_848j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
7b	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	163931_124j	DIAGOUN Joe	28/03/2022
80b	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	08/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	101805_714j	ALES Nazif DJ	30/03/2022
81b	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	08/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	135259_639j	ALES Nazif DJ	30/03/2022
82b	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	09/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	085634_634j	ALES Nazif DJ	30/03/2022
83b	Carnivora	Herpestes	Herpestes Ich Tegon	Benin	09/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	165928_083j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
84b	Carnivora	Nandinia	Nandinia bino Tegon	Benin	10/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	084843_617j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
85b	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	03/02/2022	captif	frais	mort < 8h	rectalswab	NORGEN	30/03/2022		
86b	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	082101_960j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
87b	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	093914_077j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
88b	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	093932_570j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
89b	Carnivora	Genetta	Genetta sp. Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	093932_571j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
8b	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys ga Tegon	Benin	09/01/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	163954_906j	DIAGOUN Joe	28/03/2022
90b	Carnivora	Crossarchus	Crossarchus o Tegon	Benin	22/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	130152_034j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
91b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	23/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	101051_758j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
92b	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr Tegon	Benin	23/02/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	WA0014	DIAGOUN Joe	30/03/2022
93b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	101054_758j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
94b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	101100_409j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
95b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	101108_787j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
96b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	101117_741j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
97b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	101134_428j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
98b	Rodentia	Arvicanthis	Arvicanthis ni Tegon	Benin	02/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	101140_748j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
99b	Artiodactyla	Tragelaphus	Tragelaphus s Tegon	Benin	03/03/2022	sauvage	frais	mort > 8h	rectalswab	NORGEN	084940_743j	DIAGOUN Joe	30/03/2022
Bxi001	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba Tegon	Benin	10/01/2022	sauvage	frais	mort > 12h	rectalswab	NORGEN	084703_942j	ALES Nazif DJ	28/03/2022
Bxi002	Artiodactyla	Potamochoer	Potamochoer Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi003	Artiodactyla	Bos	Bos taurus/in Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi004	Rodentia	Atherurus	Atherurus afr Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi004	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi005	Artiodactyla	Potamochoer	Potamochoer Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi006	Artiodactyla	Bos	Bos taurus/in Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi007	Artiodactyla	Potamochoer	Potamochoer Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi008	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi009	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi010	Artiodactyla	Tragelaphus	Tragelaphus s Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi011	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus Brussels	Belgium					tissue	frozen			
Bxi012	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s Brussels	Belgium					tissue	frozen			
COB1739	Rodentia	Heliosciurus	Heliosciurus r Yangambi Ma DRC						tissue			RNAlater	
CRT266	Rodentia	Rhynchocyon	Rhynchocyon Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT282	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus s Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT283	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus s Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT285	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys e Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT294	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT295	Afrosoricida	Potamogale	Potamogale v Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT296	Rodentia	Rhynchocyon	Rhynchocyon Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT370	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus p Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT371	Primates	Galagoides	Galagoides th Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT372	Rodentia	Lemniscomys	Lemniscomys Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT373	Rodentia	Lemniscomys	Lemniscomys Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT464	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus s Bomané Fore DRC						tissue			RNAlater	
CRT466	Carnivora	Nandinia	Nandinia bino Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT467	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT644	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus s Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT649	Carnivora	Nandinia	Nandinia bino Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT658	Macroscelide	Petrodromus	Petrodromus Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT659	Primates	Perodicticina	Perodicticina Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT664	Macroscelide	Petrodromus	Petrodromus Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT666	Rodentia	Malacomys	Malacomys lo Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT669	Rodentia	Lemniscomys	Lemniscomys Along Congo DRC						tissue			RNAlater	
CRT670	Macroscelide	Petrodromus	Petrodromus Along Congo DRC						tissue				

CRT771	Macroscelide	Petrodromus	Petrodromus	Along Congo	DRC			tissue	RNAlater		
CRT772	Macroscelide	Petrodromus	Petrodromus	Along Congo	DRC			tissue	RNAlater		
KOLE-002	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Likati	DRC			tissue	ethanol		
KPONYO-001	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba	Likati	DRC			tissue	ethanol		
KPONYO-002	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Likati	DRC			tissue	ethanol		
KPONYO-003	Primates	Cercocebus	Cercocebus c	Likati	DRC			tissue	ethanol		
KPONYO-004	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Likati	DRC			tissue	ethanol		
KPONYO-005	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Likati	DRC			tissue	ethanol		
KPONYO-006	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba	Likati	DRC			tissue	ethanol		
KPONYO-007	Carnivora	Civettictis	Civettictis civ	Likati	DRC			tissue	ethanol		
KPONYO-008	Carnivora	Civettictis	Civettictis civ	Likati	DRC			tissue	ethanol		
LIKATI-006	Rodentia	Atherurus	Atherurus afr	Likati	DRC			tissue	ethanol		
LIKATI-007	Primates	Papio	Papio anubis	Likati	DRC			tissue	ethanol		
LIKATI-011	Primates	Papio	Papio anubis	Likati	DRC			tissue	ethanol		
LIKATI-012	Rodentia	Atherurus	Atherurus afr	Likati	DRC			tissue	ethanol		
R1	Pholidota	Smutsia	Smutsia gigantea		CAR	sauvage		feces	RNAlater	12/04/2022	
R2	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	sauvage		feces	RNAlater	12/04/2022	
RTBF001	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Brussels	Belgium			vivant	frozen		
S1	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr	Bayanga	CAR	04/07/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S10	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	08/08/2021	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S10b	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	08/08/2021	sauvage	vivant	feces	ethanol	12/04/2022
S11	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	08/08/2021	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S1b	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr	Bayanga	CAR	04/07/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	12/04/2022
S2	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr	Bayanga	CAR	04/09/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S2b	Pholidota	Phataginus	Phataginus tr	Bayanga	CAR	04/09/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	12/04/2022
S3	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	17/09/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S4	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	04/04/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S5	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	04/10/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S5b	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	04/10/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	12/04/2022
S6	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	04/10/2020	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S7	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	sauvage		vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S8	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	sauvage		vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S9	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	11/06/2021	sauvage	vivant	feces	ethanol	06/04/2022
S9b	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	11/06/2021	sauvage	vivant	feces	ethanol	12/04/2022
T1	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	10/05/2020	sauvage	vivant	tick	ethanol	12/04/2022 M
T2	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	10/05/2020	sauvage	vivant	tick	ethanol	12/04/2022 M
T3	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	10/05/2020	sauvage	vivant	tick	ethanol	12/04/2022 F
T4	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	04/08/2021	sauvage	vivant	tick	ethanol	12/04/2022 F
T5	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	04/08/2021	sauvage	vivant	tick	ethanol	12/04/2022 F
T6	Pholidota	Phataginus	Phataginus te	Bayanga	CAR	04/08/2021	sauvage	vivant	tick	ethanol	12/04/2022 F
Temoin_Ext											
TRYO-001	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys s	Epulu	DRC			tissue	ethanol		
UAC-022	Artiodactyla	Okapia	Okapia johnst	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-031	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-041	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-043	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-044	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-046	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-065	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-067	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-077	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-082	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-088	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-094	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-112	Primates	Pan	Pan troglodyt	Lubunga	DRC			tissue	ethanol		
UAC-152	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Lubunga	DRC			tissue	ethanol		
UAC-168	Primates	Pan	Pan troglodyt	Lubunga	DRC			tissue	ethanol		
UAC-180	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Lubunga	DRC			tissue	ethanol		
UAC-188	Afrosoricida	Potamogale	Potamogale	velox	DRC			tissue	ethanol		
UAC-196	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-317	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-327	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-329	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-333	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-357	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-363	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-407	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-413	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-415	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-419	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-424	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Sukisa	DRC			tissue	ethanol		
UAC-429	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-434	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Buta	DRC			tissue	ethanol		
UAC-435	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-443	Primates	Pan	Pan troglodyt	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-445	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-453	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-457	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Kisangani	DRC			tissue	ethanol		
UAC-462	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Sukisa	DRC			tissue	ethanol		
UAC-464	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Sukisa	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UAC-470	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Sukisa	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UAC-477	Primates	Colobus	Colobus	ango	Sukisa	DRC		tissue	ethanol		
UAC-484	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Sukisa	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UAC-492	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Sukisa	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UAC-494	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Sukisa	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UAC-505	Primates	Pan	Pan troglodyt	Sukisa	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UAC-511	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus	Sukisa	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UMA-002	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Basukwambu	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UMA-003	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys e	Basukwambu	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UMA-005	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys e	Basukwambu	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UMA-006	Artiodactyla	Potamochoer	Potamochoer	Basukwambu	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UMA-019	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Basukwambu	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UMA-020	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Basukwambu	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UMA-030	Primates	Pan	Pan troglodyt	Basukwambu	DRC		tissue	tissue	ethanol		
UMA-035	Primates	Pan	Pan troglodyt	Basukwambu	DRC		tissue	tissue	ethanol		
VRT001	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus	Brussels	Belgium		tissue	tissue	frozen		
VRT002	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba	Brussels	Belgium		tissue	tissue	frozen		
VRT003	Primates	Pan	Pan troglodyt	Brussels	Belgium		tissue	tissue	frozen		

Flow Chart

Procedure for Purifying Total DNA using Norgen's Microbiome DNA Isolation Kit

Add Lysis Buffer E and Lysis Additive A to sample as per Lysate Preparation instructions



Annexe 13 : Protocole d'extraction ADN Microbiome DNA Isolation Kit (NORGEN, Canada) - Purification sur colonnes

NucleoSpin® DNA Stool

1 Prepare sample		MN Bead Tube Type A 180–220 mg sample material 850 µL ST1, shake horizontally 2–3 s
2 Lyse sample		70 °C, 5 min Vortex 10 min at RT using MN Bead Tube Holder on Vortex-Genie® 2 at max. speed
3 Precipitate contaminants		13,000 x g, 3 min Transfer 600 µL supernatant 100 µL ST2 Vortex 5 s 5 min, 2–8 °C 13,000 x g, 3 min
4 Filter lysate		Transfer 550 µL cleared lysate on NucleoSpin® Inhibitor Removal Column 13,000 x g, 1 min
5 Adjust binding conditions		200 µL ST3 Vortex 5 s
6 Bind DNA		Load 700 µL sample on NucleoSpin® DNA Stool Column 13,000 x g, 1 min
7 Wash silica membrane		1st 2nd 3rd 4th 600 µL ST3 550 µL ST4 700 µL ST5 Vortex 2 s 700 µL ST5 13,000 x g, 1 min 13,000 x g, 1 min 13,000 x g, 1 min 13,000 x g, 1 min
8 Dry silica membrane		13,000 x g, 2 min
9 Elute DNA		30–100 µL SE 13,000 x g, 1 min Vortex 2 s

Annexe 14 : Protocole d'extraction AND NucleoSpin® DNA Stool (Macherey-Nagel, France) - Purification sur colonnes

NucleoSpin® Tissue				
1	Prepare sample	Cut 25 mg into small pieces		
2	Pre-lyse sample		180 µL T1 25 µL Proteinase K 56 °C, 1–3 h	
3	Lyse sample		200 µL B3 70 °C, 10 min	
4	Adjust DNA binding conditions		210 µL 96–100 % ethanol	
5	Bind DNA	 	Load all 11,000 x g, 1 min	
6	Wash silica membrane	  1 st and 2 nd 	1 st wash 500 µL BW 2 nd wash 600 µL B5	11,000 x g, 1 min
7	Dry silica membrane		11,000 x g, 1 min	
8	Elute highly pure DNA	 	100 µL BE RT, 1 min 11,000 x g, 1 min	

Annexe 15 : Protocole d'extraction ADN NucleoSpin® Tissue (Macherey-Nagel, France) - Purification sur colonnes

Plaque 1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	BLK1	8	15	22	29	36	43	50	57	65	73	81
B	1	BLK2	16	23	30	37	44	51	58	66	74	82
C	2	9	BLK3	24	31	38	45	52	59	67	75	83
D	3	10	17	BLK4	32	39	46	53	60	68	76	84
E	4	11	18	25	BLK5	40	47	54	61	69	77	Tpos1
F	5	12	19	26	33	BLK6	48	55	62	70	78	Tpos2
G	6	13	20	27	34	41	BLK7	56	63	71	79	Tneg1
H	7	14	21	28	35	42	49	BLK8	64	72	80	Tneg2

Plaque 2	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	85	93	101	8b	16b	23b	30b	37b	44b	51b	58b	BLK9
B	86	94	1b	9b	17b	24b	31b	38b	45b	52b	BLK10	61b
C	87	95	2b	10b	18b	25b	32b	39b	46b	BLK11	59b	62b
D	88	96	3b	11b	19b	26b	33b	40b	BLK12	53b	60b	63b
E	89	97	4b	12b	20b	27b	34b	BLK13	47b	54b	Tpos3	64b
F	90	98	5b	13b	21b	28b	BLK14	41b	48b	55b	Tpos4	65b
G	91	99	6b	14b	22b	BLK15	35b	42b	49b	56b	Tneg3	66b
H	92	100	7b	15b	BLK16	29b	36b	43b	50b	57b	Tneg4	67b

Plaque 3	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	68b	75b	82b	89b	96b	S2	S9	S10'	T5	UAC-477	UMA-006	UAC-031
B	BLK17	76b	83b	90b	97b	S3	S10	R1	T6	UAC-413	UMA-019	UAC-041
C	69b	BLK18	84b	91b	98b	S4	S11	R2	UAC-419	UAC-415	UMA-002	UAC-065
D	70b	77b	BLK19	92b	99b	S5	S1'	Témoïn Ext	UAC-429	UAC-443	UMA-020	UAC-067
E	71b	78b	85b	BLK20	100b	S6	S2'	T1	UAC-435	Tpos5	UMA-035	UAC-077
F	72b	79b	86b	93b	BLK21	S7	S5'	T2	UAC-445	Tpos6	UMA-003	UAC-044
G	73b	80b	87b	94b	101b	BLK22	S9'	T3	UAC-407	Tneg5	UMA-005	UAC-022
H	74b	81b	88b	95b	S1	S8	BLK23	T4	UAC-453	Tneg6	TRYO-001	UAC-094

Plaque 4	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	KPONYO-001	KPONYO-004	UAC-329	LIKATI-011	UAC-464	UAC-188	CRT673	CRT666	CRT283	CRT282	BxI002	BxI009
B	KPONYO-006	UAC-043	UAC-333	LIKATI-006	UAC-470	CRT771	CRT664	CRT670	CRT294	CRT644	BxI003	BxI010
C	KPONYO-007	UAC-180	UAC-327	LIKATI-012	UAC-484	CRT772	CRT671	CRT296	CRT285	CRT266	BLK25	BxI011
D	KPONYO-008	UAC-152	UAC-363	UAC-088	UAC-492	CRT370	CRT672	CRT467	Tpos7	BLK26	BxI004	BxI012
E	KOLE-002	UAC-168	UAC-196	UAC-046	UAC-462	CRT373	CRT674	CRT466	BLK27	CRT649	BxI005	VRT001
F	KPONYO-002	UAC-112	UAC-317	UAC-082	UAC-494	CRT372	CRT659	BLK28	Tpos8	CRT658	BxI006	VRT002
G	KPONYO-005	UAC-457	UMA-030	UAC-424	UAC-511	CRT371	BLK29	CRT464	Tneg7	COB1739	BxI007	VRT003
H	KPONYO-003	UAC-357	LIKATI-007	UAC-434	UAC-505	BLK30	CRT669	CRT295	Tneg8	BxI001	BxI008	RTBF001

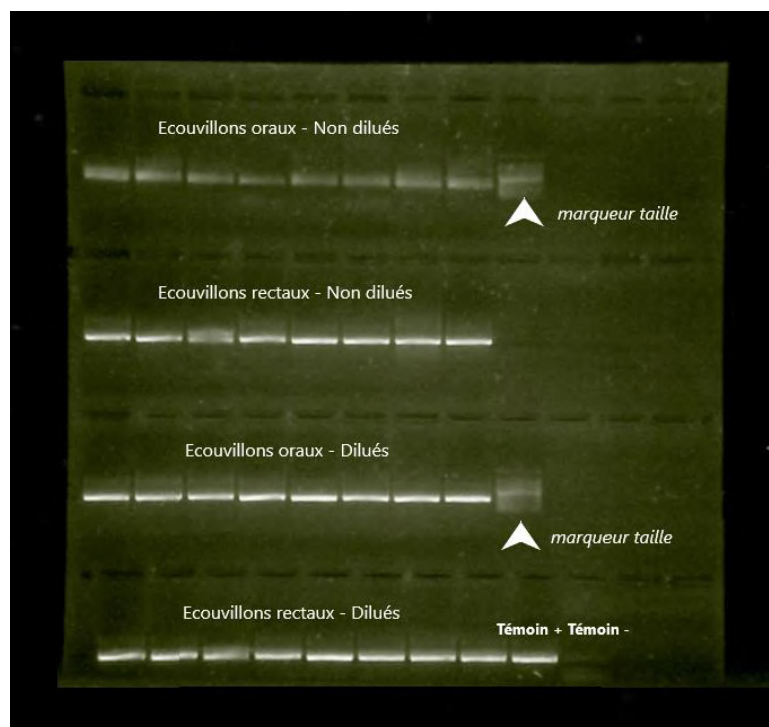
Annexe 16 : Plan de plaque PCR 96 puits (BLK : Puit vide, Tneg : Témoïn PCR négatif, Tpos : Témoïn PCR positif)

Annexe 17 : Plans de plaques PCR 384 puits (3 réplicats utilisant 4 mêmes plaques d'amorces n°1,2,3,4 V5-V6 ADNr 165)

Plaque 1,2,3,4 rep1																							
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
A	1	BLK1-a	85-a	93-a	15-a	101-a	22-a	8b-a	29-a	36-a	23b-a	43-a	30b-a	50-a	37b-a	57-a	44b-a	65-a	51b-a	73-a	58b-a	81-a	BLK9-a
B	1	KPONYO-007	68b-a	KPONYO-007	75b-a	82b-a	LIKAT-011	89b-a	UAC-464-a	UAC-188-a	52-a	CRT666-a	59-a	CRT673-a	51-a	58-a	T5-a	CRT282-a	UAC-477-a	BK002-a	UMA-006-a	#REF!	UAC-031-a
C	2	1-a	86-a	BLK2-c	94-a	1b-a	23-a	9b-a	30-a	37-a	24b-a	44-a	31b-a	51-a	38b-a	58-a	45b-a	66-a	52b-a	74-a	BLK10-a	82-a	61b-a
D	2	KPONYO-007	BLK17-a	UAC-043-a	76b-a	83b-a	LIKAT-006	90b-a	UAC-470-a	97b-a	53-a	CRT664-a	51b-a	CRT670-a	32b-a	59-a	T6-a	CRT644-a	UAC-413-a	BK003-a	UMA-019-a	BK010-a	UAC-031-a
E	3	2-a	87-a	9-a	95-a	2b-a	24-a	10b-a	31-a	38-a	25b-a	45-a	32b-a	52-a	39b-a	59-a	46b-a	67-a	BLK11-a	75-a	59b-a	83-a	62b-a
F	3	KPONYO-007	69b-a	UAC-180-a	BLK18-a	84b-a	LIKAT-012	91b-a	UAC-484-a	98b-a	54-a	CRT671-a	51b-a	CRT296-a	40b-a	60-a	BLK12-a	UAC-419-a	CRT266-a	BLK25-a	UMA-002-a	BK011-a	UAC-041-a
G	4	3-a	88-a	10-a	96-a	3b-a	BLK4-a	11b-a	32-a	39-a	26b-a	46-a	33b-a	53-a	40b-a	60-a	BLK12-a	UAC-419-a	CRT266-a	BLK25-a	UMA-002-a	BK011-a	UAC-041-a
H	4	KPONYO-007	70b-a	UAC-152-a	77b-a	BLK19-a	UAC-088-a	92b-a	UAC-492-a	99b-a	55-a	CRT672-a	51-a	CRT467-a	Témoins Ext	61-a	47b-a	UAC-443-a	BLK26-a	BK004-a	UMA-020-a	BK012-a	UAC-067-a
I	5	4-a	89-a	11-a	97-a	4b-a	25-a	12b-a	BLK5-a	40-a	27b-a	47-a	34b-a	54-a	41b-a	62-a	48b-a	70-a	55b-a	77-a	Tpos3-a	Tpos1-a	UAC-077-a
J	5	KOLE-002-a	71b-b	UAC-168-a	78b-a	85b-a	UAC-046-a	BLK20-a	UAC-462-a	100b-a	56-a	CRT674-a	52-a	CRT466-a	T1-a	BLK27-a	UAC-435-a	CRT649-a	Tpos5-a	BK005-a	UMA-035-a	VRT001-a	UAC-077-a
K	6	5-a	90-a	12-a	98-a	5b-a	26-a	13b-a	33-a	41b-a	28b-a	48-a	35b-a	55-a	42b-a	63-a	49b-a	71-a	56b-a	79-a	Tneg3-a	Tneg1-a	UAC-044-a
L	6	KPONYO-007	72b-b	UAC-112-a	79b-a	86b-a	UAC-082-a	93b-a	UAC-494-a	BLK21-a	57-a	CRT659-a	55-a	BLK28-a	T2-a	Tpos8-a	UAC-445-a	CRT658-a	Tpos6-a	BK006-a	UMA-003-a	VRT002-a	UAC-044-a
M	7	6-a	91-a	13-a	99-a	6b-a	27-a	14b-a	34-a	42b-a	29b-a	49-a	36b-a	56-a	43b-a	64-a	50b-a	72-a	57b-a	80-a	Tneg4-a	Tneg2-a	UAC-022-a
N	7	KPONYO-007	73b-b	UAC-457-a	80b-a	87b-a	UAC-424-a	94b-a	UAC-511-a	101b-a	58-a	BLK29-a	59-a	CRT464-a	T3-a	Tneg7-a	UAC-407-a	COB1739-a	Tneg5-a	BK007-a	UMA-005-a	VRT003-a	UAC-022-a
O	8	7-a	92-a	14-a	100-a	7b-a	28-a	15b-a	35-a	43b-a	30b-a	50b-a	37b-a	57-a	44b-a	65-a	51b-a	73-a	58b-a	81-a	BLK9-a	UAC-031-a	
P	8	KPONYO-007	74b-a	UAC-357-a	81b-a	88b-a	UAC-434-a	95b-a	UAC-505-a	51-a	58-a	CRT669-a	BLK23-a	CRT295-a	T4-a	Tneg8-a	UAC-453-a	BK001-a	Tneg6-a	BK008-a	TRYO-001-a	RTBF001-a	UAC-094-a

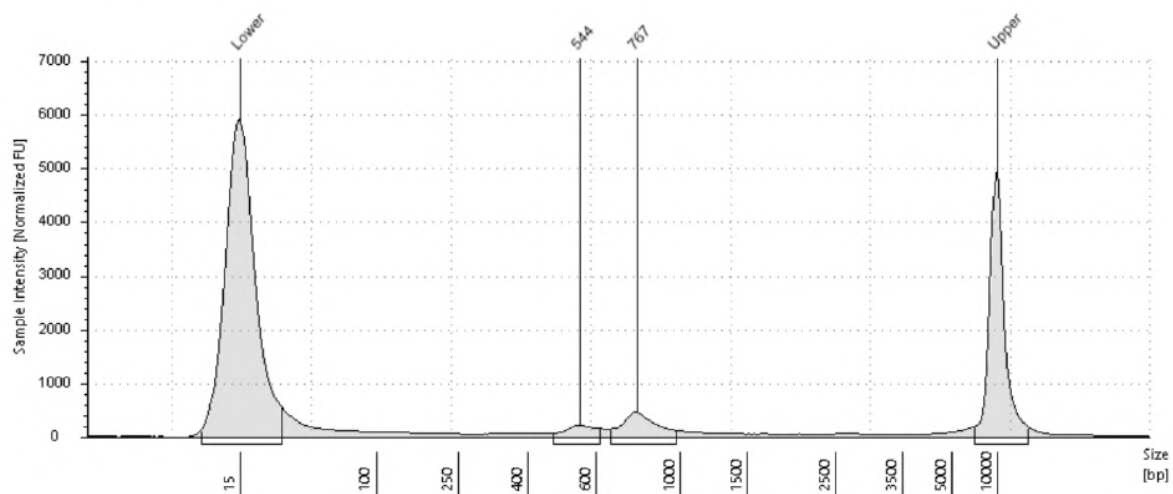
Plaque 1,2,3,4 rep2																							
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
A	1	BLK1-b	85-b	93-b	15-b	101-b	22-b	8b-b	29-b	36-b	23b-b	43-b	30b-b	50-b	37b-b	57-b	44b-b	65-b	51b-b	73-b	58b-b	81-b	BLK9-b
B	1	KPONYO-007	68b-b	KPONYO-007	75b-b	82b-b	LIKAT-011	89b-b	UAC-464-b	UAC-188-b	52-b	CRT666-b	59-b	CRT673-b	51-b	58-b	T5-b	CRT282-b	UAC-477-b	BK002-b	UMA-006-b	#REF!	UAC-031-b
C	2	1-b	86-b	BLK2-c	94-b	1b-b	23-b	9b-b	30-b	37-b	24b-b	44-b	31b-b	51-b	38b-b	58-b	45b-b	66-b	52b-b	74-b	BLK10-b	82-b	61b-b
D	2	KPONYO-007	BLK17-b	UAC-043-b	76b-b	83b-b	LIKAT-006	90b-b	UAC-470-b	97b-b	53-b	CRT664-b	51b-b	CRT670-b	32b-b	59-b	T6-b	CRT644-b	UAC-413-b	BK003-b	UMA-019-b	BK010-b	UAC-031-b
E	3	2-b	87-b	9-b	95-b	2b-b	24-b	10b-b	31-b	38-b	25b-b	45-b	32b-b	52-b	39b-b	59-b	46b-b	67-b	BLK11-b	75-b	59b-b	83-b	62b-b
F	3	KPONYO-007	69b-b	UAC-180-b	BLK18-b	84b-b	LIKAT-012	91b-b	UAC-484-b	98b-b	54-b	CRT671-b	51b-b	CRT296-b	40b-b	60-b	BLK12-b	UAC-419-b	CRT266-b	BLK25-b	UMA-002-b	BK011-b	UAC-041-b
G	4	3-b	88-b	10-b	96-b	3b-b	BLK4-b	11b-b	32-b	39-b	26b-b	46-b	33b-b	53-b	40b-b	60-b	BLK12-b	UAC-419-b	CRT266-b	BLK25-b	UMA-002-b	BK011-b	UAC-041-b
H	4	KPONYO-007	70b-b	UAC-152-b	77b-b	BLK19-b	UAC-088-b	92b-b	UAC-492-b	99b-b	55-b	CRT672-b	51b-b	CRT467-b	Témoins Ext	61b-b	47b-b	UAC-443-b	BLK26-b	BK004-b	UMA-020-b	BK012-b	UAC-067-b
I	5	4-b	89-b	11-b	97-b	4b-b	25-b	12b-b	BLK5-b	40-b	27b-b	47-b	34b-b	54-b	41b-b	62-b	48b-b	70-b	55b-b	77-b	Tpos3-b	Tpos1-b	UAC-077-b
J	5	KOLE-002-b	71b-b	UAC-168-b	78b-b	85b-b	UAC-046-b	BLK20-b	UAC-462-b	100b-b	56-b	CRT674-b	52-b	CRT466-b	T1-b	BLK27-b	UAC-435-b	CRT649-b	Tpos5-b	BK005-b	UMA-035-b	VRT001-b	UAC-077-b
K	6	5-b	90-b	12-b	98-b	5b-b	26-b	13b-b	33-b	41b-b	28b-b	48-b	35b-b	55-b	42b-b	63-b	49b-b	71-b	56b-b	79-b	Tneg3-b	Tneg1-b	UAC-044-b
L	6	KPONYO-007	72b-b	UAC-112-b	79b-b	86b-b	UAC-082-b	93b-b	UAC-494-b	BLK21-b	57-b	CRT659-b	55-b	BLK28-b	T2-b	Tpos8-b	UAC-445-b	CRT658-b	Tpos6-b	BK006-b	UMA-003-b	VRT002-b	UAC-044-b
M	7	6-b	91-b	13-b	99-b	6b-b	27-b	14b-b	34-b	42b-b	29b-b	49-b	36b-b	56-b	43b-b	64-b	50b-b	72-b	57b-b	80-b	Tneg4-b	Tneg2-b	UAC-022-b
N	7	KPONYO-007	73b-b	UAC-457-b	80b-b	87b-b	UAC-424-b	94b-b	UAC-511-b	101b-b	58-b	BLK29-b	59-b	CRT464-b	T3-b	Tneg7-b	UAC-407-b	COB1739-b	Tneg5-b	BK007-b	UMA-005-b	VRT003-b	UAC-022-b
O	8	7-b	92-b	14-b	100-b	7b-b	28-b	15b-b	35-b	43b-b	30b-b	50b-b	37b-b	57b-b	44b-b	65b-b	51b-b	73b-b	58b-b	81b-b	BLK9-b	UAC-031-b	
P	8	KPONYO-007	74b-b	UAC-357-b	81b-b	88b-b	UAC-434-b	95b-b	UAC-505-b	51b-b	58-b	CRT669-b	BLK23-b	CRT295-b	T4-b	Tneg8-b	UAC-453-b	BK001-b	Tneg6-b	BK008-b	TRYO-001-b	RTBF001-b	UAC-094-b

Plaque 1,2,3,4 rep3																							
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
A	1	BLK1-c	85-c	93-c	15-c	101-c	22-c	8b-c	29-c	36-c	23b-c	43-c	30b-c	50-c	37b-c	57-c	44b-c	65-c	51b-c	73-c	58b-c	81-c	BLK9-c
B	1	KPONYO-007	68b-c	KPONYO-007	75b-c	82b-c	LIKAT-011	89b-c	UAC-464-c	UAC-188-c	52-c	CRT666-c	59-c	CRT673-c	51-c	58-c	T5-c	CRT282-c	UAC-477-c	BK002-c	UMA-006-c	#REF!	UAC-031-c
C	2	1-c	86-c	BLK2-c	94-c	1b-c	23-c	9b-c	30-c	37-c	24b-c	44-c	31b-c	51-c	38b-c	58-c	45b-c	66-c	52b-c	74-c	BLK10-c	82-c	61b-c
D	2	KPONYO-007	BLK17-c	UAC-043-c	76b-c	83b-c	LIKAT-006	90b-c	UAC-470-c	97b-c	53-c	CRT664-c	51b-c	CRT670-c	32b-c	59-c	T6-c	CRT644-c	UAC-413-c	BK003-c	UMA-019-c	BK010-c	UAC-031-c
E	3	2-c	87-c	9-c	95-c	2b-c	24-c	10b-c	31-c	38-c	25b-c	45-c	32b-c	52-c	39b-c	59-c	46b-c	67-c	BLK11-c	75-c	59b-c	83-c	62b-c
F	3	KPONYO-007	69b-c	UAC-180-c	BLK18-c	84b-c	LIKAT-012	91b-c	UAC-484-c	98b-c	54-c	CRT671-c	51b-c	CRT296-c	40b-c	60-c	BLK12-c	UAC-419-c	CRT266-c	BLK25-c	UMA-002-c	BK011-c	UAC-041-c
G	4	3-c	88-c	10-c	96-c	3b-c	BLK4-c	11b-c	32-c	39-c	26b-c	46-c	33b-c	53-c	40b-c	60-c	BLK12-c	UAC-419-c	CRT266-c	BLK25-c	UMA-002-c	BK011-c	UAC-041-c
H	4	KPONYO-007	70b-c	UAC-152-c	77b-c	BLK19-c	UAC-088-c	92b-c	UAC-492-c	99b-c	55-c	CRT672-c	51b-c	CRT467-c	Témoins Ext	61b-c	47b-c	UAC-443-c	BLK26-c	BK004-c	UMA-020-c	BK012-c	UAC-067-c
I	5	4-c	89-c	11-c	97-c	4b-c	25-c	12b-c	BLK5-c	40-c	27b-c	47-c	34b-c	54-c	41b-c	62-c	48b-c	70-c	55b-c	77-c	Tpos3-c	Tpos1-c	UAC-077-c
J	5	KOLE-002-c	71b-c	UAC-168-c	78b-c	85b-c	UAC-046-c	BLK20-c	UAC-462-c	100b-c	56-c	CRT674-c	52-c	CRT466-c	T1-c	BLK27-c	UAC-435-c	CRT649-c	Tpos5-c	BK005-c	UMA-035-c	VRT001-c	UAC-077-c
K	6	5-c	90-c	12-c	98-c	5b-c	26-c	13b-c	33-c	41b-c	28b-c	48-c	35b-c	55-c	42b-c	63-c	49b-c	71-c	56b-c	79-c	Tneg3-c	Tneg1-c	UAC-044-c
L	6	KPONYO-007	72b-c	UAC-112-c	79b-c	86b-c	UAC-082-c	93b-c	UAC-494-c	BLK21-c	57-c	CRT659-c	55b-c	BLK28-c	T2-c	Tpos8-c	UAC-445-c	CRT658-c	Tpos6-c	BK006-c	UMA-003-c	VRT002-c	UAC-044-c
M	7	6-c	91-c	13-c	99-c	6b-c	27-c	14b-c	34-c	42b-c	29b-c	49-c	36b-c	56-c	43b-c	64-c	50b-c	72-c	57b-c	80-c	Tneg4-c	Tneg2-c	UAC-022-c
N	7	KPONYO-007	73b-c	UAC-457-c	80b-c	87b-c	UAC-424-c	94b-c	UAC-511-c	101b-c	58-c	BLK29-c	59b-c	CRT464-c	T3-c	Tneg7-c	UAC-407-c	COB1739-c	Tneg5-c	BK007-c	UMA-005-c	VRT003-c	UAC-022-c
O	8	7-c	92-c	14-c	100-c	7b-c	28-c	15b-c	35-c	43b-c	30b-c	50b-c	37b-c	57b-c	44b-c	65b-c	51b-c	73b-c	58b-c	81b-c	BLK9-c	UAC-031-c	
P	8	KPONYO-007	74b-c	UAC-357-c	81b-c	88b-c	UAC-434-c	95b-c	UAC-505-c	51b-c	58-c	CRT669-c	BLK23-c	CRT295-c	T4-c	Tneg8-c	UAC-453-c	BK001-c	Tneg6-c	BK008-c	TRYO-001-c	RTBF001-c	UAC-094-c

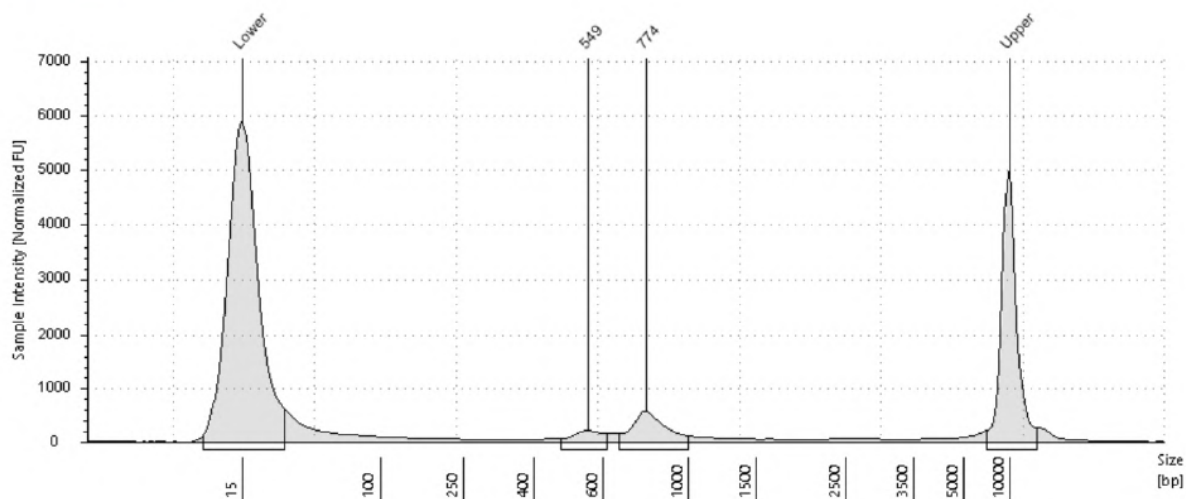


Annexe 18 : Electrophorèse sur gel d'agarose des produits d'amplification ARNr 16S obtenus par PCR classique avec les amorces V4-V5 en fonction de la dilution ou non des échantillons

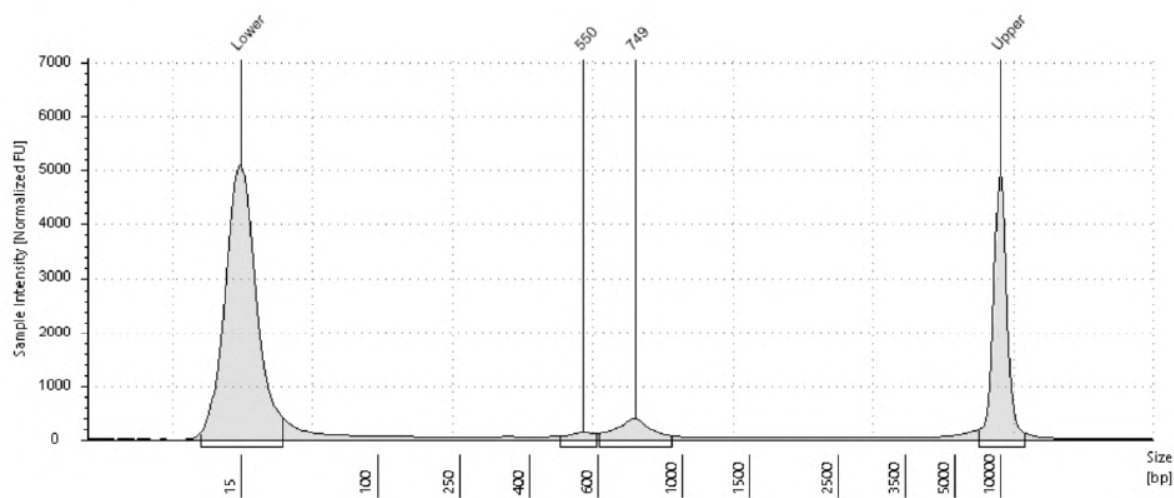
B1: 16S-Rep1



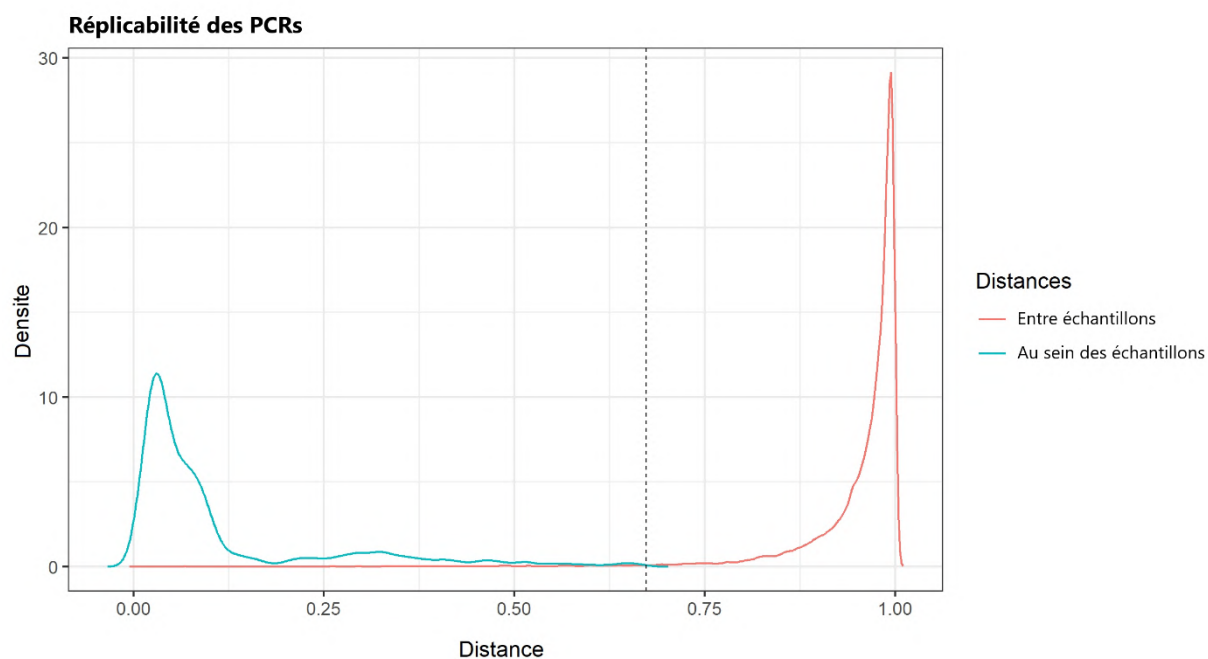
C1: 16S-Rep2



D1: 16S-Rep3



Annexe 19 : Résultats de la TapeStation 4200 (Agilent, France) pour les 3 librairies NGS 16S



Annexe 20 : Evaluation de la répliquabilité des PCRs. Différence de composition moyenne en OTUs entre des échantillons différents (rouge) et entre mêmes échantillons parmi les 3 réplicats (en bleu) – Absence de chevauchement entre les deux courbes.

ID	Order	Genus	Species	Place	Country	Sample_type	Preservation_
	23 Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax interfluvii	Tegon	Benin	oralswab	NORGEN
	37 Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax interfluvii	Tegon	Benin	oralswab	NORGEN
	38 Rodentia	Thryonomys	Thryonomys swinderia	Tegon	Benin	oralswab	NORGEN
	39 Lipotyphla	Atelerix	Atelerix albiventris	Tegon	Benin	oralswab	NORGEN
	67 Artiodactyla	Philantomba	Philantomba walteri	Tegon	Benin	oralswab	NORGEN
Bxl011	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus neglectus	Brussels	Belgium	tissue	frozen
CRT266	Rodentia	Rhynchocyon	Rhynchocyon cirnei	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT282	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus sp.	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT283	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus sp.	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT285	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys emini	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT294	Hyracoidea	Dendrohyrax	Dendrohyrax dorsalis	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT295	Afrosoricida	Potamogale	Potamogale velox	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT296	Rodentia	Rhynchocyon	Rhynchocyon cirnei	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT370	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus pyrropus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT371	Primates	Galagoides	Galagoides thomasi	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT372	Rodentia	Lemniscomys	Lemniscomys striatus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT373	Rodentia	Lemniscomys	Lemniscomys striatus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT464	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus sp.	Bomane Forest	DRC	tissue	RNA later
CRT467	Pholidota	Phataginus	Phataginus tricuspis	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT644	Rodentia	Funisciurus	Funisciurus sp.	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT649	Carnivora	Nandinia	Nandinia binotata	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT658	Macroscelididae	Petrodromus	Petrodromus tetradactylus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT659	Primates	Perodicticinae	Perodicticinae	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT664	Macroscelididae	Petrodromus	Petrodromus tetradactylus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT666	Rodentia	Malacomys	Malacomys longipes	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT670	Macroscelididae	Petrodromus	Petrodromus tetradactylus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT672	Macroscelididae	Petrodromus	Petrodromus tetradactylus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT673	Macroscelididae	Petrodromus	Petrodromus tetradactylus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT674	Macroscelididae	Petrodromus	Petrodromus tetradactylus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT771	Macroscelididae	Petrodromus	Petrodromus tetradactylus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
CRT772	Macroscelididae	Petrodromus	Petrodromus tetradactylus	Along Congo River	DRC	tissue	RNA later
KPONYO-001	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba monticola	Likati	DRC	tissue	ethanol
KPONYO-003	Primates	Cercocebus	Cercocebus chrysogaster	Likati	DRC	tissue	ethanol
KPONYO-005	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus dorsalis	Likati	DRC	tissue	ethanol
KPONYO-006	Artiodactyla	Philantomba	Philantomba monticola	Likati	DRC	tissue	ethanol
KPONYO-008	Carnivora	Civettictis	Civettictis civetta	Likati	DRC	tissue	ethanol
S10b	Pholidota	Phataginus	Phataginus tetradactylus	Bayanga	CAR	feces	ethanol
T2	Pholidota	Phataginus	Phataginus tetradactylus	Bayanga	CAR	tick	ethanol
T5	Pholidota	Phataginus	Phataginus tetradactylus	Bayanga	CAR	tick	ethanol
TRYO-001	Rodentia	Thryonomys	Thryonomys sp.	Epulu	DRC	tissue	ethanol
UAC-077	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus silvicultor	Kisangani	DRC	tissue	ethanol
UAC-088	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus dorsalis	Kisangani	DRC	tissue	ethanol
UAC-168	Primates	Pan	Pan troglodytes	Lubunga	DRC	tissue	ethanol
UAC-357	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus dorsalis	Kisangani	DRC	tissue	ethanol
UAC-357	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus dorsalis	Kisangani	DRC	tissue	ethanol
UAC-445	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus dorsalis	Kisangani	DRC	tissue	ethanol
UAC-453	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus mitis/ni	Kisangani	DRC	tissue	ethanol
UAC-477	Primates	Colobus	Colobus angolensis	Sukisa	DRC	tissue	ethanol
UAC-484	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus dorsalis	Sukisa	DRC	tissue	ethanol
UAC-494	Artiodactyla	Cephalophus	Cephalophus dorsalis	Sukisa	DRC	tissue	ethanol
UAC-505	Primates	Pan	Pan troglodytes	Sukisa	DRC	tissue	ethanol
UMA-002	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus lhoesti	Basukwambula	DRC	tissue	ethanol
UMA-003	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys emini	Basukwambula	DRC	tissue	ethanol
UMA-005	Rodentia	Cricetomys	Cricetomys emini	Basukwambula	DRC	tissue	ethanol
UMA-006	Artiodactyla	Potamochoerus	Potamochoerus porcus	Basukwambula	DRC	tissue	ethanol
UMA-020	Primates	Cercopithecus	Cercopithecus mitis/ni	Basukwambula	DRC	tissue	ethanol
UMA-030	Primates	Pan	Pan troglodytes	Basukwambula	DRC	tissue	ethanol

Annexe 21 : Liste des échantillons supprimés après nettoyage sur metabar

Plaque 1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	BLK1	8	15	22	29	36	43	50	57	65	73	81
B	1	BLK2	16	23	30	37	44	51	58	66	74	82
C	2	9	BLK3	24	31	38	45	52	59	67	75	83
D	3	10	17	BLK4	32	39	46	53	60	68	76	84
E	4	11	18	25	BLK5	40	47	54	61	69	77	Tpos1
F	5	12	19	26	33	BLK6	48	55	62	70	78	Tpos2
G	6	13	20	27	34	41	BLK7	56	63	71	79	Tneg1
H	7	14	21	28	35	42	49	BLK8	64	72	80	Tneg2

Plaque 2	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	85	93	101	8b	16b	23b	30b	37b	44b	51b	58b	BLK9
B	86	94	1b	9b	17b	24b	31b	38b	45b	52b	BLK10	61b
C	87	95	2b	10b	18b	25b	32b	39b	46b	BLK11	59b	62b
D	88	96	3b	11b	19b	26b	33b	40b	BLK12	53b	60b	63b
E	89	97	4b	12b	20b	27b	34b	BLK13	47b	54b	Tpos3	64b
F	90	98	5b	13b	21b	28b	BLK14	41b	48b	55b	Tpos4	65b
G	91	99	6b	14b	22b	BLK15	35b	42b	49b	56b	Tneg3	66b
H	92	100	7b	15b	BLK16	29b	36b	43b	50b	57b	Tneg4	67b

Plaque 3	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	68b	75b	82b	89b	96b	S2	S9	S10'	T5	UAC-477	UMA-006	UAC-031
B	BLK17	76b	83b	90b	97b	S3	S10	R1	T6	UAC-413	UMA-019	UAC-041
C	69b	BLK18	84b	91b	98b	S4	S11	R2	UAC-419	UAC-415	UMA-002	UAC-065
D	70b	77b	BLK19	92b	99b	S5	S1'	Témoïn Ext	UAC-429	UAC-443	UMA-020	UAC-067
E	71b	78b	85b	BLK20	100b	S6	S2'	T1	UAC-435	Tpos5	UMA-035	UAC-077
F	72b	79b	86b	93b	BLK21	S7	S5'	T2	UAC-445	Tpos6	UMA-003	UAC-044
G	73b	80b	87b	94b	101b	BLK22	S9'	T3	UAC-407	Tneg5	UMA-005	UAC-022
H	74b	81b	88b	95b	S1	S8	BLK23	T4	UAC-453	Tneg6	TRYO-001	UAC-094

Plaque 4	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	KPONYO-001	KPONYO-004	UAC-329	LIKATI-011	UAC-464	UAC-188	CRT673	CRT666	CRT283	CRT282	Bxl002	Bxl009
B	KPONYO-006	UAC-043	UAC-333	LIKATI-006	UAC-470	CRT771	CRT664	CRT670	CRT294	CRT644	Bxl003	Bxl010
C	KPONYO-007	UAC-180	UAC-327	LIKATI-012	UAC-484	CRT772	CRT671	CRT296	CRT285	CRT266	BLK25	Bxl011
D	KPONYO-008	UAC-152	UAC-363	UAC-088	UAC-492	CRT370	CRT672	CRT467	Tpos7	BLK26	Bxl004	Bxl012
E	KOLE-002	UAC-168	UAC-196	UAC-046	UAC-462	CRT373	CRT674	CRT466	BLK27	CRT649	Bxl005	VRT001
F	KPONYO-002	UAC-112	UAC-317	UAC-082	UAC-494	CRT372	CRT659	BLK28	Tpos8	CRT658	Bxl006	VRT002
G	KPONYO-005	UAC-457	UMA-030	UAC-424	UAC-511	CRT371	BLK29	CRT464	Tneg7	COB1739	Bxl007	VRT003
H	KPONYO-003	UAC-357	LIKATI-007	UAC-434	UAC-505	BLK30	CRT669	CRT295	Tneg8	Bxl001	Bxl008	RTBF001

Annexe 22 : Répartition par plaque PCR des échantillons supprimés (orange) lors du nettoyage metabar

	Belgique	Bénin	RCA	RDC
Belgique	1	<0,0001	0,01	0,754
Bénin	<0,0001	1	0,0003	<0,0001
RCA	0,01	0,0003	1	0,001
RDC	0,754	<0,0001	0,001	1

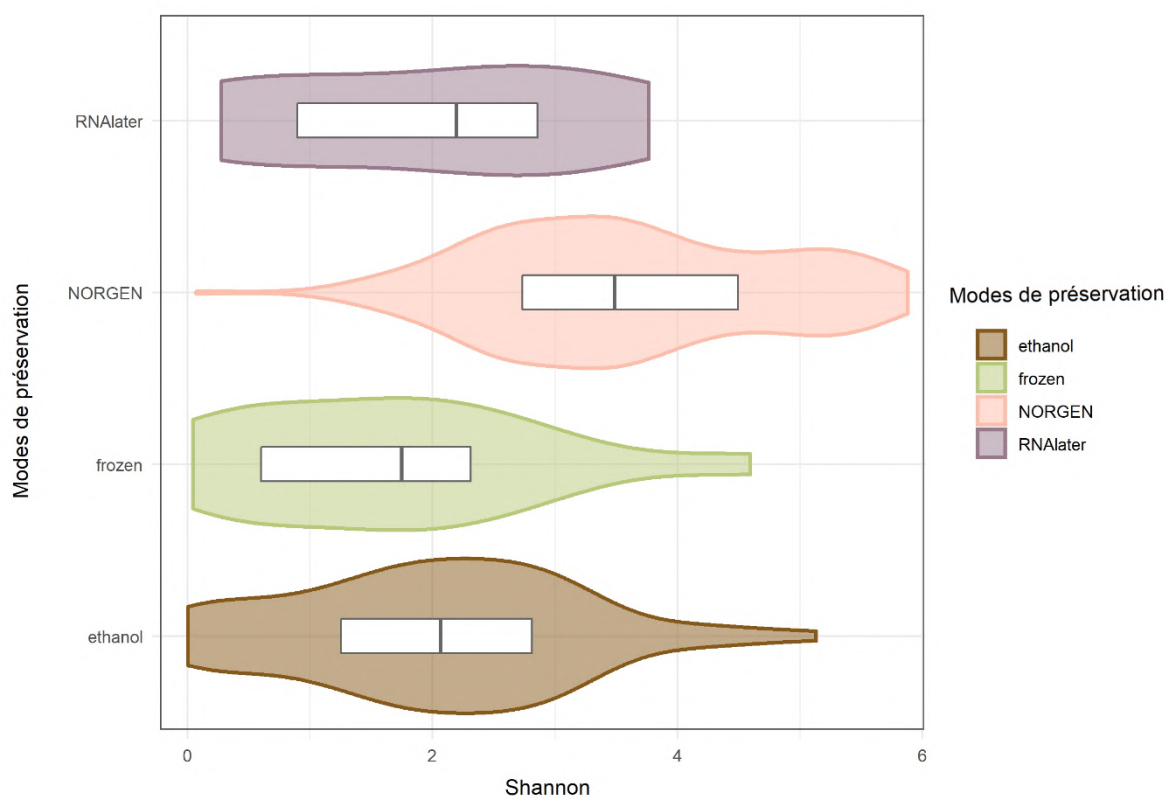
	Fèces	Ecouvillon oral	Ecouvillon rectal	Tique	Tissu
Fèces	1	0,173	0,0009	0,0003	<0,0001
Ecouvillon oral	0,744	1	0,0001	0,0007	<0,0001
Ecouvillon rectal	0,0009	0,0001	1	0,001	<0,0001
Tique	0,0003	0,0007	0,001	1	0,07
Tissu	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,07	1

	Ethanol	Congelé	Norgen	RNAlater
Ethanol	1	0,248	<0,0001	0,941
Congelé	0,248	1	<0,0001	0,622
Norgen	<0,0001	<0,0001	1	0,01
RNAlater	0,941	0,622	0,01	1

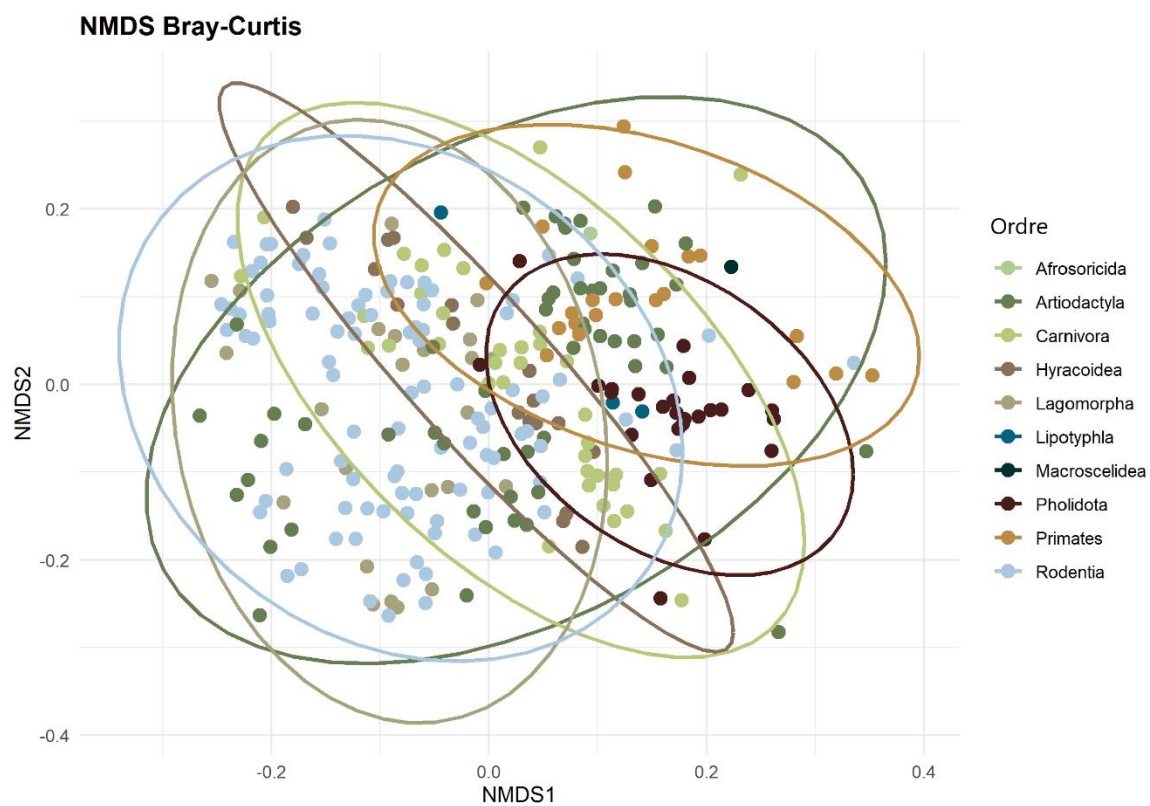
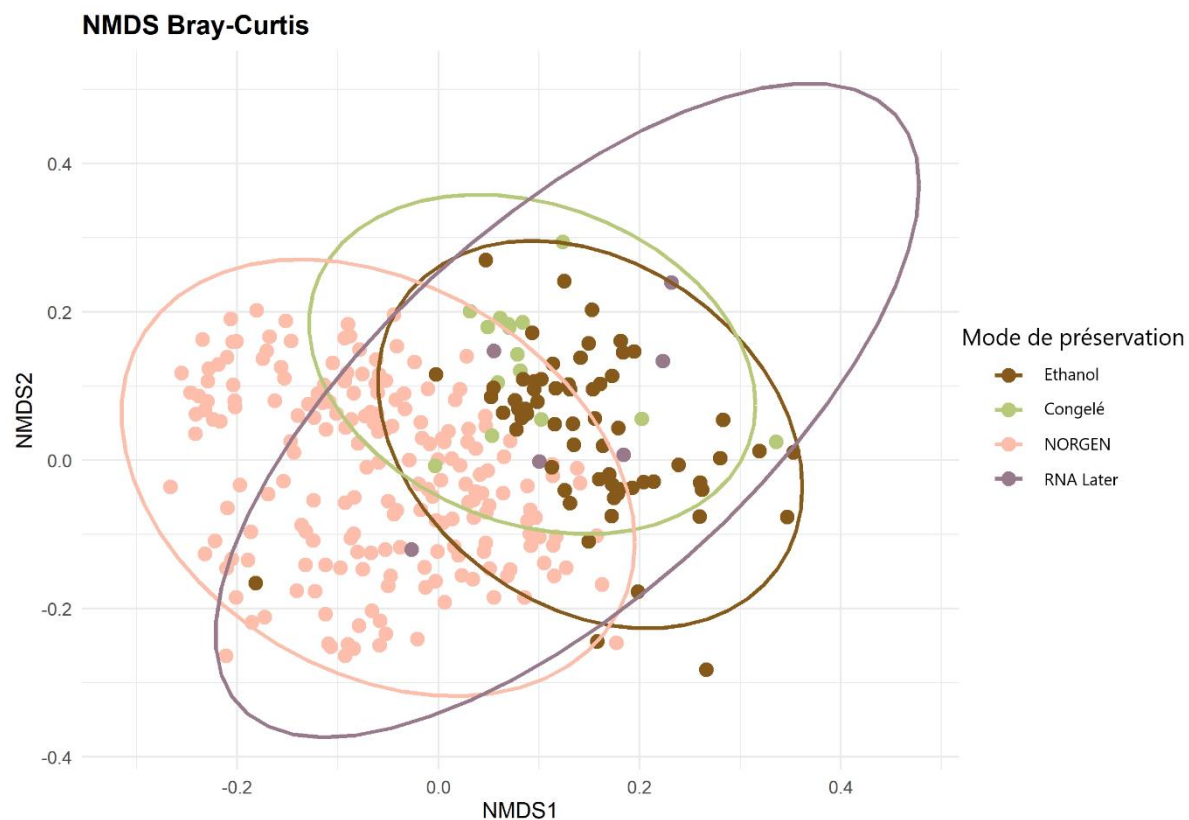
	Afrosoricida	Artiodactyla	Carnivora	Hyracoidea	Lagomorpha	Lipotyphla	Macroscelidea	Pholidota	Primates	Rodentia
Afrosoricida	1	0,293	0,205	0,105	0,08	0,5	1	0,385	0,9	0,120
Artiodactyla	0,293	1	0,670	0,462	0,329	0,699	0,155	0,480	0,001	0,131
Carnivora	0,205	0,670	1	0,246	0,523	0,096	0,154	0,011	<0,0001	0,226
Hyracoidea	0,105	0,462	0,246	1	0,850	0,08	0,105	0,007	<0,0001	0,861
Lagomorpha	0,08	0,329	0,523	0,850	1	0,245	0,08	0,064	<0,0001	0,924
Lipotyphla	0,5	0,699	0,096	0,08	0,245	1	0,5	0,673	0,101	0,128
Macroscelidea	1	0,155	0,154	0,105	0,08	0,5	1	0,154	0,636	0,104
Pholidota	0,385	0,480	0,011	0,007	0,064	0,673	0,154	1	0,002	0,004
Primates	0,9	0,001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,101	0,636	0,002	1	<0,0001
Rodentia	0,120	0,131	0,226	0,861	0,924	0,128	0,104	0,004	<0,0001	1

Bénin	Mort < 1h	Mort < 8h	Mort > 12h	Mort > 8h
Mort < 1h	1	0,921	0,938	0,653
Mort < 8h	0,921	1	0,676	0,108
Mort > 12h	0,938	0,676	1	0,294
Mort > 8h	0,653	0,108	0,294	1

Annexe 23 : P-value des comparaisons multiples par paires selon le test de Wilcoxon pour les différentes variables de l'étude (pays, type d'échantillon, mode de préservation, ordre de mammifère, temps de prélèvement Bénin)



Annexe 24 : Représentation des indices de Shannon en fonction du pays du mode de préservation des échantillons. La dispersion des indices est modélisée par l'aire en couleur, la médiane ainsi que l'écart inter-quartile sont représentés par les box-plots.



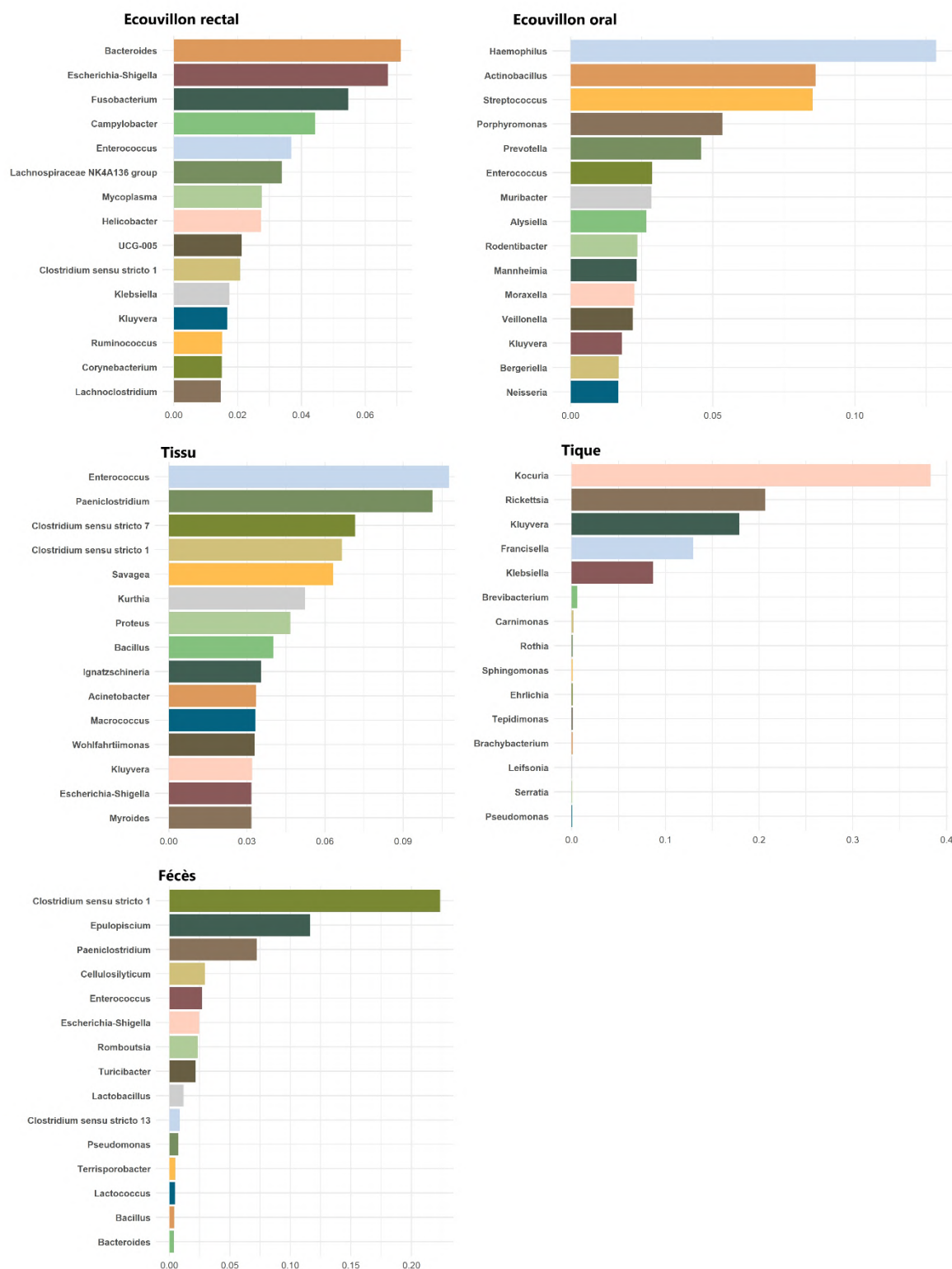
Annexe 25 : Graphiques d'ordination NMDS basés sur la matrice de dissimilarité de Bray-Curtis évaluant la diversité beta en fonction du mode de préservation des échantillons et de l'ordre des mammifères représentés

Annexe 26 : Abondance relative de l'ensemble des phyla parmi les échantillons de l'étude

Phylum	Abondance relative
Firmicutes	0.450494946382134
Proteobacteria	0.300602736183843
Bacteroidota	0.134668671326769
Actinobacteriota	0.0319575760432039
Fusobacteriota	0.0277965682534071
Campylobacterota	0.0263733234016937
Cyanobacteria	0.008351424873263
Spirochaetota	0.00710864890219542
Verrucomicrobiota	0.00382132735029127
Patescibacteria	0.00216486243838497
Synergistota	0.00201979647728986
Fibrobacterota	0.00146374111113606
Desulfobacterota	0.0010703927638508
Planctomycetota	0.000565103479068558
Acidobacteriota	0.000349012025356308
Chloroflexi	0.000344146830024417
Myxococcota	0.00018255536451438
Gemmatimonadota	0.000129407845708286
Deferribacterota	0.000119949139067624
Elusimicrobiota	8.28124325778144e-05
Rs-K70 termite group	7.66917920923491e-05
Bdellovibrionota	5.14908734943354e-05
Nitrospinota	4.06488079710762e-05
Cloacimonadota	4.00210075775628e-05
Armatimonadota	3.74214341370574e-05
Nitrospirota	2.92845675805027e-05
Deinococcota	1.7247088403299e-05
SAR324 clade(Marine group B)	6.24681537645763e-06
Methylomirabilota	4.77492706095306e-06
Enttheonellaeota	4.49454556101501e-06
Schekmanbacteria	4.1623374290327e-06
WPS-2	4.15453636585908e-06
Abditibacteriota	3.18864551861512e-06
Sumerlaeota	3.15472750762795e-06
Hydrogenedentes	2.46344410739506e-06
Latescibacterota	1.51348285422822e-06
MBNT15	1.15110134158254e-06
WS2	1.03481361351119e-06
NB1-j	9.4615033321097e-07
Marinimicrobia (SAR406 clade)	8.29309806469385e-07
Chrysiogenetota	5.39549656804081e-07
Margulisbacteria	5.00139372171712e-07
Dependentiae	4.8937552387353e-07
Caldatibacteriota	2.4145626484268e-07
LCP-89	1.78146707733046e-07
Sva0485	1.2830056408626e-07

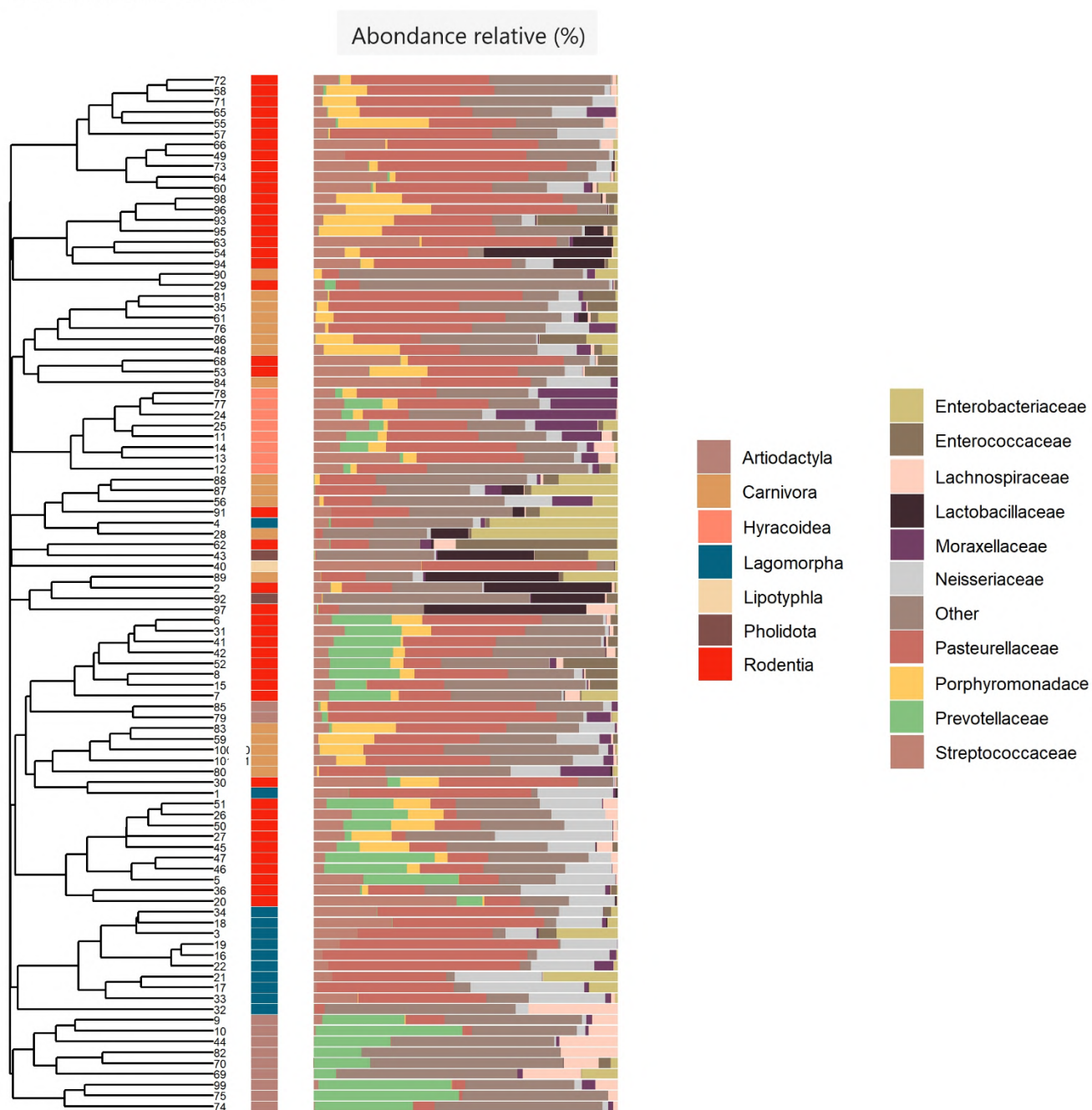
Annexe 27 : Liste des genres bactériens présents à plus de 1% dans l'ensemble des données de l'étude

Genus	Abondance relative
Enterococcus	0.0523635304110784
Haemophilus	0.0440085266224671
Clostridium sensu stricto 1	0.0438797728486471
Escherichia-Shigella	0.0404868804305376
Paeniclostridium	0.0397909482946151
Streptococcus	0.0347497326674137
Actinobacillus	0.0325924971144666
Bacteroides	0.0314244129682067
Fusobacterium	0.026444653473303
Kluyvera	0.0223978548054087
Prevotella	0.022190198971347
Porphyromonas	0.0220865170299546
Clostridium sensu stricto 7	0.0182975375947252
Campylobacter	0.0173211180546059
Proteus	0.0156917597796721
Savagea	0.0155980243011223
Lachnospiraceae NK4A136 group	0.014033249838463
Kurthia	0.01354306228509
Psychrobacter	0.0119736086374087
Bacillus	0.0117746237157024
Helicobacter	0.0116351309842783
Klebsiella	0.0115202728416402
Mycoplasma	0.0114402475032795
Muribacter	0.0104090658202868
Alysiella	0.0102988541957661
Veillonella	0.0102483259129451



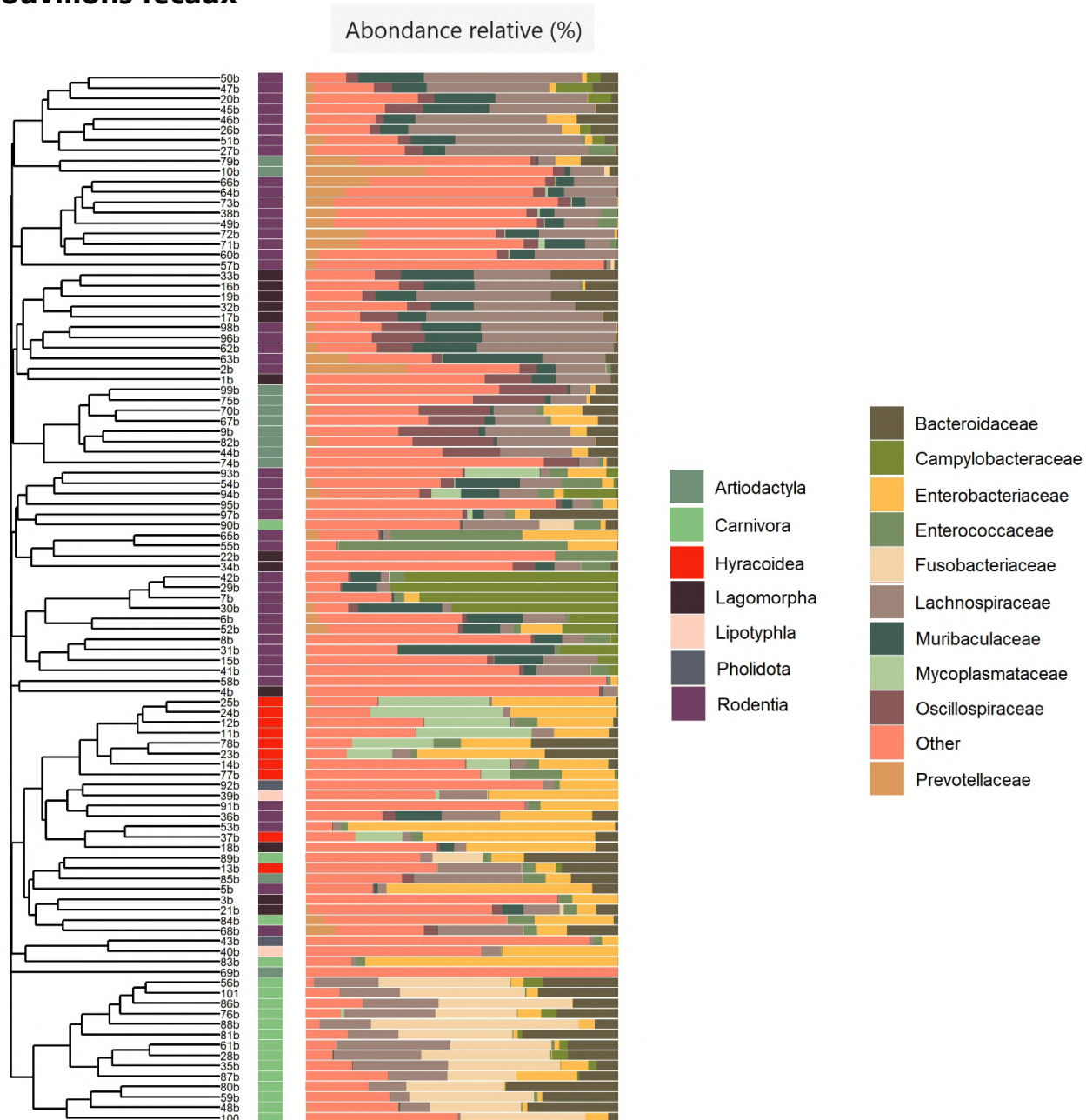
Annexe 28 : Abondance relative des genres bactériens au sein des différents types d'échantillons (seuls les 15 genres les plus abondants pour chacun des types d'échantillons sont représentés graphiquement)

Ecouvillons oraux



Annexe 29 : Clustering hiérarchique des échantillons oraux (Bénin) basé sur l'abondance relative des différentes familles bactériennes (seules les 10 familles les plus abondantes au sein des écouvillons oraux ont été représentées, l'ordre taxonomique auquel appartient l'échantillon est renseigné)

Écouvillons fécaux



Annexe 30 : Clustering hiérarchique des échantillons fécaux (Bénin) basé sur l'abondance relative des différentes familles bactériennes (seules les 10 familles les plus abondantes au sein des écouvillons oraux ont été représentées, l'ordre taxonomique auquel appartient l'échantillon est renseigné)

Liste des espèces bactériennes émergentes identifiées

<i>Actinomyces naeslundii</i>	<i>Nocardia nova</i>
<i>Arcobacter butzleri</i>	<i>Pasteurella caballi</i>
<i>Arcobacter cryaerophilus</i>	<i>Pasteurella multocida</i>
<i>Bacillus anthracis</i>	<i>Proteus mirabilis</i>
<i>Bacillus coagulans</i>	<i>Pseudomonas furukawaii</i>
<i>Bacillus licheniformis</i>	<i>Pseudomonas mendocina</i>
<i>Bacillus subtilis</i>	<i>Pseudomonas oleovorans/pseudoalcaligenes</i>
<i>Bacteroides ovatus</i>	<i>Pseudomonas putida</i>
<i>Bordetella pertussis</i>	<i>Rickettsia raoultii</i>
<i>Campylobacter fetus</i>	<i>Salmonella enterica</i>
<i>Campylobacter gracilis</i>	<i>Serratia marcescens</i>
<i>Campylobacter upsaliensis</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>
<i>Capnocytophaga canimorsus</i>	<i>Staphylococcus haemolyticus</i>
<i>Citrobacter amalonaticus</i>	<i>Staphylococcus warneri</i>
<i>Citrobacter freundii</i>	<i>Streptococcus intermedius</i>
<i>Citrobacter koseri</i>	<i>Streptococcus suis</i>
<i>Clostridium aminobutyricum</i>	<i>Vibrio cholerae</i>
<i>Clostridium botulinum</i>	<i>Vibrio cincinnatiensis</i>
<i>Clostridium novyi</i>	
<i>Clostridium perfringens</i>	
<i>Clostridium septicum</i>	
<i>Clostridium tetani</i>	
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	
<i>Corynebacterium kutscheri</i>	
<i>Ehrlichia chaffeensis str. Wakulla</i>	
<i>Enterococcus faecalis</i>	
<i>Enterococcus hirae</i>	
<i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>	
<i>Escherichia coli</i>	
<i>Escherichia coli O157:H7</i>	
<i>Escherichia coli PA22</i>	
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	
<i>Fusobacterium periodonticum</i>	
<i>Fusobacterium varium</i>	
<i>Haemophilus haemolyticus</i>	
<i>Haemophilus influenzae</i>	
<i>Helicobacter cf. pullorum</i>	
<i>Helicobacter cinaedi</i>	
<i>Helicobacter rodentium</i>	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	
<i>Kluyvera ascorbata</i>	
<i>Kluyvera cryocrescens</i>	
<i>Mannheimia granulomatis</i>	
<i>Mannheimia haemolytica</i>	
<i>Moraxella lacunata</i>	
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	

Annexe 31 : Liste des espèces bactériennes émergentes (Jones et al. 2008) identifiées au sein des échantillons de l'étude (similarité avec la base de référence SILVA > 99%)

Résumé

TITRE : Risques sanitaires liés à la consommation de viande de brousse en Afrique tropicale : investigation microbiologique de prélèvements en provenance du Bénin, de RDC et RCA

En Afrique tropicale, la viande de brousse assure une part importante des besoins alimentaires de la population rurale, cependant la manipulation et la consommation de produits issus de la faune sauvage constituent aujourd'hui une menace majeure de santé publique au regard de l'émergence de nouvelles maladies infectieuses zoonotiques. Après avoir évoqué dans une première partie les enjeux de la viande de brousse à l'interface de problématiques à la fois animales, humaines et environnementales, il sera mis en évidence l'existence de lacunes scientifiques majeures concernant la diversité de pathogènes, notamment bactériens, transmissibles par cette denrée alimentaire. L'application d'un criblage génomique, basé sur le métabarcoding du gène ARNr 16S nous a permis dans un second temps d'investiguer le microbiome de différents types d'échantillons de viande de brousse : écouvillons oraux et rectaux, tissus, fèces, et tiques en provenance du Bénin, de la République Démocratique du Congo, de la République Centrafricaine et de Belgique (saisies). L'identification de plusieurs espèces bactériennes responsables de maladies graves au sein de nos données telles que *Bacillus anthracis*, *Escherichia coli*, *Clostridium botulinum*, *Campylobacter spp.*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Pasteurella multocida*, ou encore *Vibrio cholerae*, a confirmé l'existence de risques sanitaires importants associés à la filière viande de brousse et justifie de consacrer plus d'efforts de recherche à cette problématique. Cette étude apporte des résultats préliminaires à la recherche plus spécifique d'agents pathogènes et s'inscrit dans une démarche « One Health ».

Mots-clés : Afrique tropicale, Bactérie, Métabarcoding, Santé publique, Viande de brousse, 16S

Abstract

TITLE: Health risks associated with bushmeat consumption in tropical Africa: microbial assessment of samples from Benin, DRC and CAR

In tropical Africa, the bushmeat is an important source of protein for rural households. However, bushmeat-related activities, such as handling and consumption of wildlife products, pose a major public sanitary risk in light of newly emerging zoonotic infectious diseases. The first part of my thesis will discuss the growing question of bushmeat consumption in the face of animal, human and environmental issues. A review of the literature will then highlight the existence of major knowledge gaps regarding the diversity of pathogens, particularly bacterias, transmitted by such game meat. The use of a 16S rRNA metabarcoding approach then allowed us to investigate the microbiomes of different types of bushmeat samples: oral and rectal swabs, tissues, feces and ticks from Benin, Democratic Republic of Congo, Central African Republic and Belgium. The identification of several bacterial species causing serious human diseases such as *Bacillus anthracis*, *Escherichia coli*, *Clostridium botulinum*, *Campylobacter spp.*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Pasteurella multocida*, *Vibrio cholerae*, confirmed the existence of significant health risks related to wildlife-based products and justifies further research efforts on this issue. My study provides preliminary results for more extensive sequencing of samples of interest, which will be needed to characterize more accurately the risks associated to those pathogens. Consistent with the One Health approach, this thesis highlights the need for interdisciplinary collaborations to address the bushmeat issue.

Keywords: Bushmeat, Bacteria, Metabarcoding, Public health, tropical Africa, 16S