

RÉSERVOIRS ET VECTEURS DE BARTONELLES ET DE RICKETTSIES EN NOUVELLE-CALÉDONIE

RESERVOIRS AND VECTORS OF BARTONELLAE AND RICKETTSIAE IN NEW CALEDONIA

Par Olivier CABRE⁽¹⁾, Mustapha DAHMANI⁽²⁾, Bernard DAVOUST⁽²⁾, Oleg MEDIANNIKOV^(2*)
(Communication présentée le 23 Juin 2016
Manuscrit accepté le 20 Juillet 2016)

RÉSUMÉ

Les bartonelloses et les rickettsioses sont des infections à transmission vectorielle souvent graves chez l'homme, mais asymptomatiques chez les animaux. Afin d'identifier de potentiels réservoirs et/ou vecteurs d'infections dues à *Bartonella* spp. et à *Rickettsia* spp. en Nouvelle-Calédonie, nous avons effectué des prélèvements de sang sur : 64 chiens, 8 chats, 30 bovins, 25 chevaux et 29 cerfs rusa (*Rusa timorensis*). Trois cent vingt neuf parasites externes hématophages (tiques, puces, mouches piqueuses) ont été collectés sur ces mêmes animaux. Quatre souches de *Bartonella henselae* ont été isolées chez les chats (50 %) et six de *B. chomelii* chez les bovins (20%). *Bartonella* aff. *schoenbuchensis* a été détectée chez 31% des cerfs ; *Rickettsia felis* chez 81% des 21 puces récoltées sur les chiens et *B. clarridgeiae* dans 1% des puces. Nos études confirment que les infections à bartonelles et rickettsies pourraient devenir une préoccupation croissante de santé publique en Océanie et montrent l'intérêt des nouveaux outils de diagnostic moléculaire pour la compréhension de ces maladies.

Mots-clés : Nouvelle-Calédonie, Océanie, *Bartonella*, *Rickettsia*, vecteurs, zoonoses.

ABSTRACT

Bartonellosis and rickettsiosis are vector-borne infections often asymptomatic in animals. In order to identify potential sources and vectors of Bartonella spp. and Rickettsia spp. infection in New Caledonia, we collected blood samples from 64 dogs, 8 cats, 30 cattle, 25 horses and 29 wild deer (Rusa timorensis). 329 associated blood-sucking parasites were also collected. We isolated four strains of Bartonella henselae from cats (50%) and six of Bartonella chomelii from cattle (20%). Deers (31%) were infected by Bartonella aff. schoenbuchensis. Rickettsia felis was detected in 81 % of 21 fleas collected from dogs and Bartonella clarridgeiae in 1% of fleas. Our data confirmed that Bartonella and Rickettsia infections could be an increasing public health concern in Oceania and showed the interest of new molecular diagnostic tools for understanding these diseases.

Key words: New Caledonia, Oceania, *Bartonella* spp., *Rickettsia* spp., vectors, zoonosis.

INTRODUCTION

La Nouvelle-Calédonie est un archipel de l'Océanie, situé en Mélanésie (sud-ouest de l'Océan Pacifique) à 1200 km à l'est de l'Australie et à 1500 km au nord de la Nouvelle-Zélande. La Grande Terre s'étire du nord-ouest au sud-est sur près de 400 km de longueur et 50 à 70 km de largeur. Le climat est tropical (chaud et humide). La Nouvelle-Calédonie présente une

forte biodiversité ; de nombreuses espèces animales et végétales y sont endémiques. La faune sauvage terrestre (4500 espèces) est essentiellement constituée d'insectes, d'oiseaux, de reptiles et de quelques mammifères (roussettes, cerfs rusa). La biodiversité s'explique par la présence d'une chaîne montagneuse centrale qui a créé des niches, des biotopes et des microclimats

(1) Direction centrale du Service de santé des armées, Vincennes, France

(2) Unité de recherche en maladies infectieuses et tropicales émergentes (URMITE), UMR CNRS 7278, INSERM U1015 – IRD 198 – Aix Marseille Université, Marseille, France

(*) Adresse pour correspondance : Oleg Mediannikov, Unité de recherches en maladies infectieuses et tropicales émergentes (URMITE) – Faculté de Médecine, 27 boulevard Jean Moulin, 13385 Marseille cedex 5, France.
Adresse mail : oleguss1@gmail.com

dans lesquels les espèces endémiques ont pu prospérer. La population humaine, en croissance, est d'environ 270 000 habitants.

Les rickettsioses, au sens large, sont depuis longtemps une préoccupation pour les acteurs de la santé publique, notamment dans les armées compte tenu de leur impact potentiel sur les capacités opérationnelles. On peut à titre d'exemple citer les épidémies, durant la première guerre mondiale, de typhus dû à *Rickettsia prowazekii* ou de fièvres des tranchées dues à *Bartonella quintana* (Kelly *et al.* 2002). Historiquement, les rickettsioses étaient définies comme des infections causées par des bactéries parasites intracellulaires obligatoires de cellules eucaryotes (Weiss, 1953) et appartenant à l'ordre des Rickettsiales, qui incluait les familles : *Rickettsiaceae*, *Anaplasmataceae* et *Bartonellaceae*. Compte tenu notamment de leur possibilité de croissance sur milieu enrichi et de leurs caractères génétiques particuliers, les bartonelles ont été depuis re-classifiées (Weinert *et al.* 2009).

Les rickettsies et les bartonelles causent des maladies émergentes ou ré-émergentes souvent associées à un syndrome fébrile aigu (Parola & Raoult, 2001). Le cycle de ces maladies comprend un réservoir/hôte vertébré et un vecteur (généralement un arthropode) qui transfère la bactérie du réservoir à un hôte non infecté. Les arthropodes vecteurs peuvent être des tiques, des puces, des poux, des mouches hématophages, etc. Les vecteurs (surtout les tiques) peuvent eux-mêmes être les réservoirs des rickettsies (Fournier & Raoult, 2009 ; Chomel & Kasten, 2010).

Les rickettsies peuvent causer des maladies fébriles fatales chez l'homme. On distingue trois groupes : le groupe typhus (typhus exanthématique et murin), le groupe *Orientia* (typhus des broussailles) et le groupe boutonneux (Weinert *et al.* 2009). Au sein de ce dernier, *Rickettsia felis* est responsable de la fièvre boutonneuse à puces, maladie émergente décrite pour la première fois en Californie en 1990 et transmise par la puce du chat, *Ctenocephalides felis*, parasite ubiquitaire de nombreux mammifères (Schriefer *et al.* 1994).

Les bartonelles sont les agents de plusieurs maladies humaines et animales (Breitschwerdt *et al.* 2010). *Bartonella henselae* et, dans une moindre mesure, *B. clarridgeiae* sont, par exemple, responsables de la lymphoréticulose bénigne d'inoculation, communément appelée « maladie des griffes du chat ». D'autres espèces peuvent provoquer des bactériémies chroniques et/ou des endocardites, hépatites, rétinites et uvéites, ainsi que des myocardites (Angelakis *et al.* 2010).

Après une vaste campagne de prélèvements réalisée au cours d'une mission spécifique du Service de santé des armées en Nouvelle-Calédonie (avril 2009), deux études ont été menées au sein des laboratoires de l'Unité de recherche sur les maladies infectieuses et tropicales émergentes (URMITE) à la Faculté de médecine de Marseille (Mediannikov *et al.* 2011a ; Mediannikov *et al.* 2011b). L'objectif de ces études était de mieux connaître, en prélevant diverses espèces animales et en utilisant les dernières techniques de biologie moléculaire, les sources et les vecteurs potentiels de bartonelles et de rickettsies en Nouvelle-Calédonie. La population humaine pourrait être exposée à ces bactéries potentiellement pathogènes, et les données disponibles en Océanie sont jusqu'alors peu nombreuses. Le peu de connaissances sur ces infections dans cette région est essentiellement lié au sous diagnostic, à la faible sensibilisation médicale, à la symptomatologie non spécifique par rapport aux autres maladies infectieuses tropicales (syndrome fébrile aigu de type dengue) et à l'accès difficile à des techniques de diagnostic avancées (Parola & Raoult, 2006).

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Échantillonnage

En mars et avril 2009, des prélèvements sanguins ont été réalisés chez 156 animaux représentant cinq espèces animales (dont une espèce sauvage) sur la Grande Terre en Nouvelle-Calédonie (**figure 1**). Avec l'accord de leurs propriétaires, ont ainsi été prélevés, à la veine jugulaire par utilisation de tubes contenant de l'EDTA :

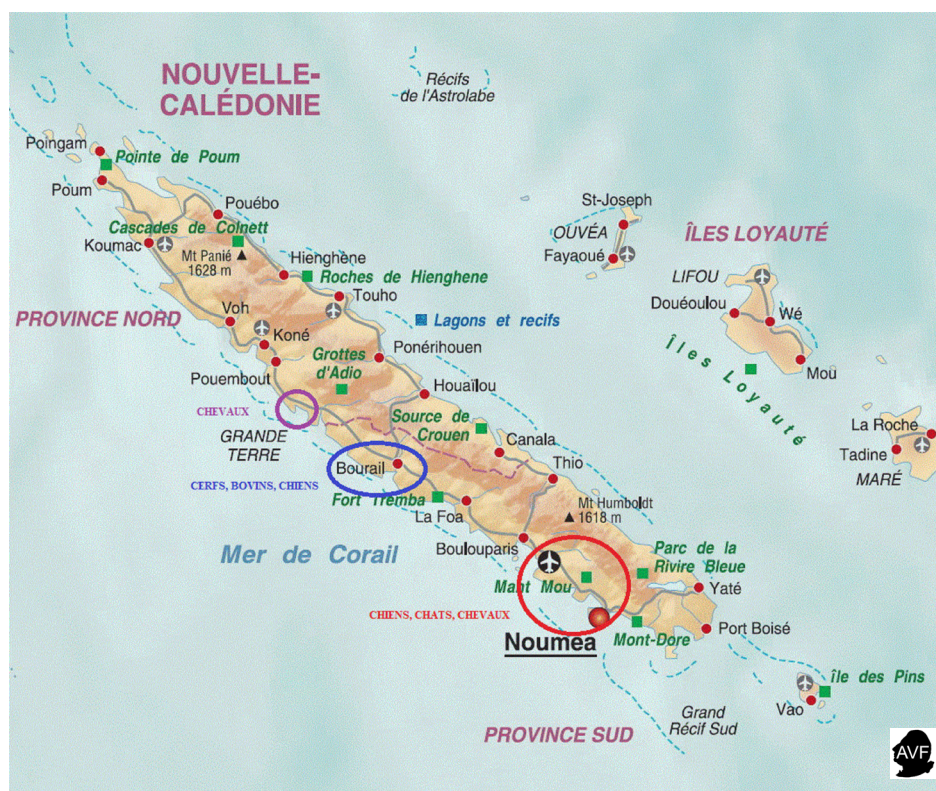


Figure 1 : Lieux de prélèvement (sang et ectoparasites), par espèce animale, en Nouvelle-Calédonie (avril 2009).

- 64 chiens (dont 12 chiens militaires) et huit chats, à la fourrière municipale de Nouméa (quartier Ducos), au refuge de la société protectrice des animaux de Nouvelle-Calédonie de Dumbéa (quartier Koutio), ville située dans la banlieue de Nouméa, ainsi que dans les chenils militaires de Tontouta et de Nandaï (à proximité de Bourail) ;
- 30 bovins de race Limousine (dont neuf veaux) et 29 cerfs rusa ou cerfs de Java (*Rusa timorensis*), à l'abattoir de Bourail ;
- 25 chevaux (dont dix chevaux de la gendarmerie), au peloton de surveillance et d'intervention à cheval de la gendarmerie nationale à Népoui, ainsi que dans un centre équestre privé de Païta (proche banlieue de Nouméa).

Les animaux prélevés étaient tous en apparente bonne santé. Dès réception, les prélèvements sanguins (sang total) ont été conservés à -80°C. Par ailleurs, des ectoparasites (N= 329) ont été recueillis chez ces mêmes animaux, à l'exclusion des chevaux qui étaient très peu parasités. Les ectoparasites récoltés ont été placés dans des tubes contenant de l'éthanol à 70%. L'ensemble des prélèvements ont été transportés jusqu'aux laboratoires de l'URMITE situés à Marseille.

Culture

Des mises en culture pour détecter les bartonelles ont été réalisées sur l'ensemble des prélèvements sanguins (N=156) (Mediannikov *et al.* 2011a). Pour cela, 500 µL de sang ont été disposés sur une gélose Columbia supplémentée avec 5% de sang de mouton (BioMérieux, Marcy l'Étoile, France). Puis, un isolement de souches *Bartonella* spp. a été réalisé selon la méthode décrite par Heller *et al.* (1999). Les cultures ont ensuite été conservées congelées dans des bouillons cœur-cerveille glycérolés.

Détection moléculaire et séquençage

Les ectoparasites ont été identifiés par leur morphologie selon une clé taxonomique standard (Hopkins & Rothschild, 1966 ; Walker, 2000). Ils ont été lavés dans trois bains d'eau stérile puis ont été écrasés au scalpel stérile dans un tube plastique de 1,5 mL. Pour la détection moléculaire, l'ADN a été extrait des arthropodes, des colonies bactériennes et de 200 µL des échantillons de sang par utilisation de trousse d'extraction tissulaire QIAamp

DNA Mini Kit (Qiagen, Hilden, Allemagne) en suivant les recommandations du fabricant, puis conservé à +4°C jusqu'à la mise en œuvre des amplifications (Mediannikov *et al.* 2011a).

Pour l'identification de *Bartonella* spp. dans les prélèvements sanguins (N=156) et chez des arthropodes (N=308), des amorces URBARTO.1 et URBARTO.2 ont été utilisées afin d'amplifier le spacer interne transcrit (*Internal Transcribed Spacer*, ITS) de l'ADN ribosomal 16S-23S, à une température d'hybridation de 48°C, selon la méthode décrite par Rolain *et al.* (2003). La caractérisation moléculaire des souches isolées sur cultures a été réalisée par séquençage de ce même ITS, du gène ARNr 16S et des gènes *ftsZ*, *rpoB* et *gltA* conformément aux critères utilisés pour la définition du genre *Bartonella* (La Scola *et al.* 2003).

Les données ont été collectées avec un séquenceur ABI Prism 3130xl (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). Les amplicons ont été assemblés avec un Chromas Pro 1.34 (Technelysium Pty Ltd., Tewantin, Australie). Une recherche BLAST a été ensuite réalisée pour identifier les séquences obtenues dans la banque de données GenBank.

Des méthodes de PCR en temps réel (qPCR) spécifiques de *Rickettsia* spp. et de *Bartonella* spp. ont également été utilisées, avec un LightCycler 2.0 (Roche Diagnostics GmbH, Mannheim Germany), à partir de 21 puces (*Ctenocephalides felis*) recueillies chez 8 des 64 chiens (Mediannikov *et al.* 2011b). Pour *Rickettsia*, ont été utilisées des amorces et sondes ciblant un gène chromosomique *bioB*, spécifique de *R. felis*, dont les séquences ont été décrites (Varagnol *et al.* 2009). Pour *Bartonella* spp., une sonde 21-bp ciblant le gène ITS ARNr 16S/23S a été utilisée (Varagnol *et al.* 2009). Afin d'identifier l'espèce, les échantillons positifs en qPCR ont été également testés en PCR standard, en utilisant des amorces amplifiant l'ITS de taille variable de *Bartonella* spp. (Parola *et al.* 2003).

RÉSULTATS

Les résultats relatifs à la recherche de *Bartonella* spp. par isolement et détection moléculaire dans le sang et dans les ectoparasites des animaux prélevés sont présentés dans le **tableau 1**.

Espèce animale	Détection de <i>Bartonella</i> spp. dans le sang (nombre de positifs et %)	Animaux avec des ectoparasites (nombre de positifs et %)	Ectoparasites infectés / Ectoparasites testés (%)
<i>Canis lupus</i> N=64	Isolement : Nég. PCR : Nég.	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> (44 - 69%) <i>Ctenocephalides felis</i> (4 - 6,25%) <i>Trichodectes canis</i> (3 - 4,7%)	0/235 0/4 0/24
<i>Felis catus</i> N=8	Isolement : <i>Bartonella henselae</i> (4 - 50%)	<i>Ctenocephalides felis</i> (3 - 37,5 %)	0/8
<i>Bos taurus</i> N=30	Isolement : <i>Bartonella chomelii</i> (6 - 20%)	<i>Rhipicephalus microplus</i> (4 - 30%) <i>Haemaphysalis longicornis</i> (1 - 30%)	0/22 0/1
<i>Equus caballus</i> N=25	Isolement : Nég. PCR : Nég.	Absence	Absence
<i>Rusa timorensis</i> N=29	Isolement : Nég. PCR : <i>Bartonella</i> aff. <i>schoenbuchensis</i> (9 - 31%)	<i>Hippobosca equina</i> (8 - 29%)	<i>Bartonella</i> aff. <i>schoenbuchensis</i> 5/14 - 35%

Tableau 1 : Prélèvements et résultats relatifs à la détection de *Bartonella* spp. dans le sang (isolement, PCR) et dans les ectoparasites (PCR) de cinq espèces animales en Nouvelle-Calédonie (avril 2009).

Ectoparasites

Les chiens étaient parasités par des tiques *Rhipicephalus sanguineus* avec une forte prévalence de 69%. L'infestation pouvait être massive puisque 75 tiques ont été récoltées sur un seul animal. Six pour cent des chiens avaient des puces *Ctenocephalides felis* et cinq pour cent, des poux *Trichodectes canis* (environ huit par animal). Parmi les chats, 38 % hébergeaient des puces *C. felis* (deux à quatre par animal). L'infestation était plus mesurée chez les bovins : 17 % portaient des tiques (quatre à cinq par animal). De manière quasi-exclusive, il s'agissait de *Rhipicephalus microplus*. L'identification morphologique a aussi permis d'identifier une *Haemaphysalis longicornis*. Les chevaux n'hébergeaient pas de parasites externes visibles. Quatorze mouches hématophages *Hippobosca equina* ont été prélevées sur les cerfs sauvages.

Bartonella spp. et *Rickettsia* spp.

L'utilisation de la méthode PCR n'a pas permis de détecter *Bartonella* spp. chez les arthropodes (tiques, puces et poux, N=294) recueillis chez les chiens, chats et bovins. Les PCR réalisées sur les prélèvements sanguins des chiens et des chevaux se sont également révélées négatives. Lors de la recherche par une méthode de PCR en temps réel (qPCR) de *Rickettsia* spp. et de *Bartonella* spp. chez 21 puces (*Ctenocephalides felis*) recueillies sur huit chiens du groupe, il a été montré que 81 % des puces étaient infectées par *Rickettsia felis* et 5%, par *Bartonella clarridgeiae*.

Dix souches de *Bartonella* ont été isolées dans deux espèces animales (quatre chez des chats et six chez des bovins) ; il n'y a pas eu de croissance bactérienne sur les autres milieux ensemencés. Les techniques de détection moléculaire, sur les souches cultivées, ont permis d'identifier *Bartonella henselae* chez 50 % des chats et *Bartonella chomelii* chez 20 % des bovins. Les quatre souches isolées chez les chats montraient peu de variation génétique entre elles. La recherche BLAST a montré que l'une des souches (BNC10) devait être originaire de l'Océanie car elle était génétiquement très proche d'une souche (BH2) isolée dans un nœud lymphatique d'un patient atteint de la maladie des griffes du chat à Gouldburn, en Australie (Dillon *et al.* 2002). Les autres souches étaient presque identiques au génotype Houston-1 qui est retrouvé partout dans le monde.

L'utilisation de la méthode PCR a montré que 35 % des diptères hématophages (*Hippobosca equina*) prélevés sur les cerfs sauvages étaient infectés par *Bartonella* spp. Nous n'avons pas pu cultiver de *Bartonella* à partir de sang des cerfs rusa ; néanmoins la PCR réalisée sur les prélèvements sanguins a permis l'identification de *Bartonella* aff. *schoenbuchensis* chez 31 % d'entre eux. L'étude des séquences des gènes *gltA* et *rpoB* a permis d'autre part de confirmer que les bartonelles présentes chez ces diptères et celles présentes dans le sang des cerfs appartiennent à la même espèce, c'est-à-dire à *Bartonella* aff. *schoenbuchensis*.

DISCUSSION

Les résultats obtenus améliorent les connaissances relatives aux sources et vecteurs de bartonelles et rickettsies en Océanie. Ainsi, nous avons pu cultiver *Bartonella henselae* à partir de sang de chat et *B. chomelii* à partir de sang de bovins. Nous n'avons pas réussi à cultiver des *Bartonellaceae* à partir du sang de cerf sauvage mais la PCR a permis d'y identifier *Bartonella* aff. *schoenbuchensis*. L'ADN de *Rickettsia felis* et de *B. clarridgeiae* a été détecté chez les puces (*Ctenocephalides felis*) et l'ADN de *Bartonella* a été identifié chez des mouches hématophages du cerf.

Nos études confirment que les chats constituent, en Nouvelle-Calédonie comme ailleurs dans le monde, le réservoir de *Bartonella henselae*, agent principal de la maladie des griffes du chat. Le séquençage génétique a démontré l'existence de deux types de souches sur les quatre identifiées, ce qui suggère une possible introduction en Nouvelle-Calédonie par des chats provenant de différentes régions du monde. Les résultats (50% des chats infectés) sont en accord avec la description d'une prévalence plus forte de *B. henselae* dans les régions chaudes et humides (Boulouis *et al.* 2005). La bactérie n'a pas été détectée dans les puces (*C. felis*) des chats étudiés mais il faut considérer que seulement huit puces avaient pu être recueillies sur ces animaux. Des cas d'infections humaines dues à *B. henselae* (endocardites, hépatites) ont été décrits en Nouvelle-Calédonie (Guittet *et al.* 2004 ; Rodrick *et al.* 2004). La présence de *B. henselae* chez le chat en Océanie était jusqu'ici peu signalée. Une étude dans l'Est de l'Australie avait permis d'identifier l'ADN de *Bartonella* spp. chez 16,2 % des chats (Barrs *et al.* 2010). Les études menées jusqu'à présent en Polynésie Française suggèrent que les chats ne seraient pas infectés par *B. henselae* sur ce territoire (Musso *et al.* 2014).

Bartonella clarridgeiae, agent possible mais accessoire de la maladie des griffes du chat, n'a pas été identifié chez les chats lors de cette étude. Les *Bartonellaceae* n'ont pas été détectés chez les chiens de notre échantillon. Or, des études montrent que les chiens peuvent être infectés par différentes espèces de *Bartonella* spp. avec un tableau clinique similaire à celui observé chez l'homme. Leur possible rôle comme sentinelle épidémiologique a été décrit (Chomel & Kasten, 2010).

Nous avons pu montrer le portage de *Bartonella chomelii* chez les bovins de Nouvelle-Calédonie. *B. chomelii* a été isolé chez des bovins en France métropolitaine (Maillard *et al.* 2004). Cela suggère une possible introduction avec ces bovins de race Limousine dont on sait qu'ils ont été importés en Nouvelle-Calédonie. Le portage par la faune sauvage (cerfs rusa) de *Bartonella* spp. a également pu être mis en évidence, de manière originale dans cette région. Ainsi, 31% des cerfs (*Rusa timorensis*) étaient infectés par *Bartonella* aff. *schoenbuchensis*. De l'ADN de *Bartonella* a été identifié dans 35 % des mouches collectées sur eux. Cela suggère que les mouches hématophages de la famille des *Hippoboscidae* pourraient servir de vecteurs de *Bartonella*.

Les diagnostics sur les ectoparasites sont en adéquation avec certaines observations déjà faites en Australie révélant que *Ctenocephalides felis* est très commune et a une très large distribution sur ce continent (Schloderer *et al.* 2006 ; Slapeta *et al.* 2011). Or, c'est un parasite ubiquitaire des animaux domestiques et sauvages, pouvant également se nourrir facilement chez l'homme. Son rôle comme vecteur de maladies émergentes a été décrit depuis le début des années 2000 (Rolain *et al.* 2003). Nous n'avons pas identifié de bartonelles dans les tiques et les poux alors que le rôle des tiques a, par exemple, été signalé comme vecteur de *B. henselae* (Chomel & Kasten, 2010).

Nous avons identifié *Bartonella clarridgeiae* et, avec une prévalence très importante (81%), *Rickettsia felis* dans des puces (*Ctenocephalides felis*) de chiens. *R. felis* et *B. clarridgeiae* ont été décrits pour la première fois en Océanie en 2003 sur des puces (*C. felis*) recueillies sur des chiens et des chats en Nouvelle Zélande, avec un taux d'infection des puces respectivement de 15% et 1% (Kelly *et al.* 2004). Ce portage y est considéré comme étant fréquent (Kelly *et al.* 2005). L'infection des puces du chat (*C. felis*) par *R. felis* a également été montrée en Australie : pour la première fois en Australie Occidentale (Schloderer *et al.* 2006), puis dans l'État du Victoria (Williams *et al.* 2010), dans l'est australien (Barrs *et al.* 2010), dans le Queensland et dans le Territoire du Nord (Hii *et al.* 2013). Les taux d'infections décrits sont compris entre 19,8 % (Barrs *et al.* 2010) et 48,5 % (Hii *et al.* 2013).

Rickettsia felis est considéré comme étant l'agent du groupe boutonneux le plus répandu en Océanie, ce qui reflète la distribution mondiale de ce pathogène émergent pour l'Homme (Derne *et al.* 2015). Il a également été détecté dans les îles Samoa américaines (Tuten *et al.* 2013). L'île de Guam (Reeves *et al.* 2012) et la Polynésie Française (Musso *et al.* 2014) sont les seules îles et territoires du Pacifique où la présence de la bactérie n'a, à notre connaissance, pas été décrite. La maladie humaine due à *R. felis* n'a été décrite qu'une seule fois en Océanie (Derne *et al.* 2015). Il s'agit de cinq cas probables (deux adultes et trois enfants) dans une famille de l'État australien du Victoria, en 2009 qui seraient liés au contact avec des chatons infestés de puces lors de leur achat (Williams *et al.* 2011). *B. clarridgeiae* a, pour sa part, été détecté chez des puces (*C. felis*) en Polynésie Française (Kernif *et al.* 2011) et dans les îles Samoa américaines (Tuten *et al.* 2013).

CONCLUSION

L'utilisation des techniques moléculaires permet d'améliorer l'identification d'agents pathogènes, tant chez les animaux que chez les vecteurs, voire de découvrir de nouvelles espèces.

Cela permet la description de maladies émergentes comme les bartonelloses et rickettsioses et de développer les connaissances quant à leur épidémiologie. Comme le suggèrent nos résultats, l'augmentation du commerce international (avec des échanges d'animaux) et des voyages (avec des animaux de compagnie) sont certainement des voies d'introduction de nouveaux pathogènes dans des territoires qui étaient encore isolés (Soto *et al.* 2009 ; Reeves *et al.* 2012).

Des études menées dans d'autres régions tropicales suggèrent que les rickettsioses sont une cause majeure de maladies fébriles aiguës (Derne *et al.* 2015). La morbidité liée aux rickettsioses est certainement plus élevée que celle qui est admise car elles sont sous diagnostiquées compte tenu de tableaux cliniques non spécifiques et des difficultés d'accès à des analyses sensibles et spécifiques (Derne *et al.* 2015).

Dans cette région du globe, les changements environnementaux et sociaux liés aux prévisions de changement climatique, d'expansion des populations et d'urbanisation ainsi que le développement du tourisme vont amener des changements environnementaux ayant potentiellement des conséquences sur l'écologie, l'abondance des vecteurs et les cycles naturels des maladies (Abdad *et al.* 2011 ; Derne *et al.* 2015). Cela pourrait faire des maladies vectorielles un véritable enjeu de santé publique.

Il apparaît fondamental de continuer les études chez les animaux et les arthropodes, ainsi que chez l'homme par des enquêtes de prévalence. Deux axes de recherche pourraient être également proposés.

Le premier concerne la situation spécifique de la Polynésie Française, territoire présentant de nombreuses similitudes avec la Nouvelle-Calédonie, afin d'identifier les facteurs amenant à une absence ou une prévalence très faible de *Bartonella* spp. et de *Rickettsia* spp. (Musso *et al.* 2014).

Le second serait d'approfondir l'hypothèse d'un rôle potentiel du chien comme réservoir de *Rickettsia felis*, tel que suggéré par certaines études récentes (Hii *et al.* 2011 ; Hii *et al.* 2013). Le rôle de *Rhipicephalus sanguineus*, en tant que possible amplificateur par transmission horizontale de *R. felis* vers *Ctenocephalides felis* (Abdad *et al.* 2011) voire de vecteur, mériterait également d'être exploré. À notre connaissance, *R. felis* n'a pas été identifié chez *R. sanguineus* en Océanie, notamment à l'occasion d'études menées en Polynésie Française (Musso *et al.* 2014) et dans les îles Samoa américaines (Tuten *et al.* 2013). Or, c'est une tique très représentée en milieu tropical humide. *R. felis* a récemment été identifié par détection moléculaire chez des *R. sanguineus* recueillis sur des chiens au Brésil (Oliveira *et al.* 2008) ainsi qu'au Chili (Abarca *et al.* 2013).

REMERCIEMENTS

Nous tenons à remercier la Direction des affaires vétérinaires, alimentaires et rurales de la Nouvelle-Calédonie (DAVAR), et en particulier son directeur le Docteur vétérinaire Christian Desoutter, qui nous a facilité la réalisation de prélèvements au sein de différentes structures. Nous remercions les équipes de l'URMITE pour le travail remarquable réalisé lors de ces études ainsi que la Fondation Méditerranée Infection (Marseille, France) pour son support.

BIBLIOGRAPHIE

- Abarca K, Lopez J, Acosta-Jamett G, Martinez-Valdebenito C. *Rickettsia felis* in *Rhipicephalus sanguineus* from two distant Chilean cities. Vector Borne Zoonotic Dis. 2013 Aug;13(8):607-9. doi:10.1089/vbz.2012.1201.
- Abdad MY, Stenos J, Graves S. *Rickettsia felis*, an emerging flea-transmitted human pathogen. Emerg Health Threats J. 2011 Jul 1;4:7168. doi:10.3402/ehthj.v4i0.7168.
- Angelakis E, Billeter SA, Breitschwerdt EB, Chomel BB, Raoult D. Potential for tick-borne bartonellosis. Emerg Infect Dis. 2010 Mar;16(3):385-91. doi:10.3201/eid1603.081685.
- Barrs VR, Beatty JA, Wilson BJ, Evans N, Gowan R, Baral RM et al. Prevalence of *Bartonella* species, *Rickettsia felis*, haemoplasmas and the *Ehrlichia* group in the blood of cats and fleas in eastern Australia. Aust Vet J. 2010 May;88:160-5. doi:10.1111/j.1751-0813.2010.00569.x.
- Boulouis HJ, Chang CC, Henn JB, Kasten RW, Chomel BB. Factors associated with the rapid emergence of zoonotic *Bartonella* infections. Vet Res. 2005 May-Jun;36(3):383-410.
- Breitschwerdt EB, Maggi RG, Chomel BB, Lappin MR. Bartonellosis: an emerging infectious disease of zoonotic importance to animals and human beings. J Vet Emerg Crit Care. 2010 Feb;20(1):8-30. doi:10.1111/j.1476-4431.2009.00496.x.
- Chomel BB & Kasten RW. Bartonellosis, an increasingly recognized zoonosis. J Appl Microbiol. 2010 Sep;109(3):743-50. doi:10.1111/j.1365-2672.2010.04679.x.
- Derne B, Weinstein P, Musso D, Lau C. Distribution of rickettsioses in Oceania: past patterns and implications for the future. Acta Trop. 2015 Mar;143:121-33. doi:10.1016/j.actatropica.2014.10.012.
- Dillon B, Valenzuela J, Don R, Blanckenberg D, Wigney DI, Malik R, Morris AJ, Robson JM, Iredell J. Limited diversity among human isolates of *Bartonella henselae*. J Clin Microbiol. 2002 Dec;40(12):4691-9.
- Fournier PE & Raoult D. Current knowledge on phylogeny and taxonomy of *Rickettsia* spp. Ann N Y Acad Sci. 2009 May;1166:1-11. doi:10.1111/j.1749-6632.2009.04528.x.
- Guittet V, Ménager C, Missotte I, Duparc B, Verhaegen F, Duhamel JF. Hepatic abscesses in childhood: retrospective study about 33 cases observed in New Caledonia between 1985 and 2003. Arch Pediatr. 2004 Sep;11(9):1046-53.
- Heller R, Riegel P, Hansmann Y, Delacour G, Bermond D, Dehio C et al. *Bartonella tribocurum* sp. nov., a new *Bartonella* species isolated from the blood of wild rats. Int J Syst Bacteriol. 1998 Oct;48 Pt 4:1333-9.
- Hii SF, Kopp SR, Abdad MY, Thompson MF, O'Leary CA, Rees RL et al. Molecular evidence supports the role of dogs as potential reservoirs for *Rickettsia felis*. Vector Borne Zoonotic Dis. 2011 Aug;11(8):1007-12. doi:10.1089/vbz.2010.0270.
- Hii SF, Abdad MY, Kopp SR, Stenos J, Rees RL, Traub RJ. Seroprevalence and risk factors for *Rickettsia felis* exposure in dogs from Southeast Queensland and the Northern Territory, Australia. Parasit Vectors. 2013 Jun 3;6:159. doi:10.1186/1756-3305-6-159.
- Hopkins GHE & Rothschild M. An illustrated catalogue of the Rothschild collection of fleas (*Siphonaptera*) in the British Museum (Natural History), vol I. London :British Museum (Natural History); 1966.
- Kelly DJ, Richards AL, Temenak J, Strickman D, Dasch GA. The past and present threat of rickettsial diseases to military medicine and international public health. Clin Infect Dis. 2002 Jun 15;34(4):S145-69.
- Kelly PJ, Meads N, Theobald A, Fournier PE, Raoult D. *Rickettsia felis*, *Bartonella henselae*, and *B. clarridgeiae*, New Zealand. Emerg Infect Dis. 2004 May;10(5):967-8.
- Kelly P, Rolain JM, Raoult D. Prevalence of human pathogens in cat and dog fleas in New Zealand. N Z Med J. 2005 Nov 25;118(1226):U1754.
- Kernif T, Parola P, Davoust B, Plaire L, Cabre O, Raoult D et al. *Bartonella clarridgeiae* in fleas, Tahiti, French Polynesia. Emerg Infect Dis. 2011 Sep;17(9):1773-5. doi:10.3201/eid1709.102063.
- La Scola B, Zeaiter Z, Khamis A, Raoult D. Gene-sequence-based criteria for species definition in bacteriology: the *Bartonella* paradigm. Trends Microbiol. 2003 Jul;11(7):318-21.
- Maillard R, Riegel P, Barrat F, Bouillin C, Thibault D, Gandoin C et al. *Bartonella chomelii* sp.nov., isolated from French domestic cattle (*Bos taurus*). Int J Syst Evol Microbiol. 2004 Jan; 54(Pt1):215-20.
- Mediannikov O, Davoust B, Cabre O, Rolain JM, Raoult D. *Bartonellae* in animals and vectors in New Caledonia. Comp Immunol Microbiol Infect Dis. 2011a Dec;34(6):497-501. doi:10.1016/j.cimid.2011.09.002.
- Mediannikov O, Cabre O, Qu F, Socolovschi C, Davoust B, Marié JL et al. *Rickettsia felis* and *Bartonella clarridgeiae* in fleas from New Caledonia. Vector Borne Zoonotic Dis. 2011b Feb;11(2):181-3. doi:10.1089/vbz.2009.0199.
- Musso D, Broult J, Parola P, Raoult D, Fournier PE. Absence of antibodies to *Rickettsia* spp., *Bartonella* spp., *Ehrlichia* spp. and *Coxiella burnetii* in Tahiti, French Polynesia. BMC Infect Dis. 2014 May 12;14:255. doi:10.1186/1471-2334-14-255.
- Oliveira KA, Oliveira LS, Dias CC, Silva A Jr, Almeida MR, Almada G et al. Molecular identification of *Rickettsia felis* in ticks and fleas from an endemic area for Brazilian Spotted Fever. Mem Inst Oswaldo Cruz. 2008 Mar;103(2):191-4.
- Parola P & Raoult D. Ticks and tickborne bacterial diseases in humans: an emerging infectious threat. Clin Infect Dis. 2001 Mar 15;32(6):897-928.
- Parola P, Sanogo OY, Lerdthusnee K, Zeaiter Z, Chauvancy G, Gonzalez JP et al. Identification of *Rickettsia* spp. and *Bartonella* spp. in fleas from the Thai-Myanmar border. Ann N Y Acad Sci. 2003 Jun;990:173-81.
- Parola P & Raoult D. Tropical rickettsioses. Clin Dermatol. 2006 May-Jun;24(3):191-200.
- Reeves WK, Wolf SP, Rabago R, Gutierrez T, Nunn P, Johnson J et al. Invertebrate vectors, parasites and rickettsial agents in Guam. Micronesica. 2012 Jan. 43:225-36.
- Rodrick D, Dillon B, Dexter M, Nicholson I, Marcel S, Dickeson D et al. Culture-negative endocarditis due to Houston Complex *Bartonella henselae* acquired in Noumea, New Caledonia. J Clin Microbiol. 2004 Apr;42(4):1846-8.

- Rolain JM, Franc M, Davoust B, Raoult D. Molecular detection of *Bartonella quintana*, *B.koehlerae*, *B.henselae*, *B.clarridgeiae*, *Rickettsia felis*, and *Wolbachia pipientis* in cat fleas, France. *Emerg Infect Dis.* 2003 Mar;9(3):338-42.
- Schloderer D, Owen H, Clark P, Stenos J, Fenwick SG. *Rickettsia felis* in fleas, Western Australia. *Emerg Infect Dis.* 2006 May;12(5):841-3.
- Schriefer ME, Sacci JB Jr, Dumler JS, Bullen MG, Azad AF. Identification of a novel rickettsial infection in a patient diagnosed with murine typhus. *J Clin Microbiol.* 1994 Apr;32(4): 949-54.
- Slapeta J, King J, McDonell D, Malik R, Homer D, Hannan P *et al.* The cat flea (*Ctenocephalides felis*) is the dominant flea on domestic dogs and cats in Australian veterinary practices. *Vet Parasitol.* 2011 Aug 25;180(3-4):383-8. doi:10.1016/j.vetpar.2011.03.035.
- Soto SM. Human migration and infectious diseases. *Clin Microbiol Infect.* 2009 Jan;15 (Suppl 1):26-8. doi:10.1111/j.1469-0691.2008.02694.x.
- Tuten HC, Glowacki MN, Hefley C, Reeves WK. Presence of *Bartonella* and *Rickettsia* spp. in cat fleas and dogs ticks collected from dogs in American Samoa. *J Asia-Pacific Entomol.* 2013 Dec;16(4):461-63. doi:10.1016/j.aspen.2013.06.005.
- Varagnol M, Parola P, Jouan R, Beaucournu JC, Rolain JM, Raoult D. First detection of *Rickettsia felis* and *Bartonella clarridgeiae* in fleas from Laos. *Clin Microbiol Infect.* 2009 Dec;15 Suppl 2:334-5. doi:10.1111/j.1469-0691.2008.02272.x.
- Walker JB, Keirans JE, Horak IG. The genus *Rhipicephalus* (Acari, Ixodidae): a guide to the brown ticks of the world. Cambridge University Press; 2005.
- Weinert LA, Werren JH, Aebi A, Stone GN, Jiggins FM. Evolution and diversity of *Rickettsia* bacteria. *BMC Biol.* 2009 Feb 2;7:6. doi:10.1186/1741-7007-7-6.
- Weiss E & Moulder JW. Emendation of the tribe *Rickettsiae* (Philip 1953). In : Bergey's manual of systematic bacteriology Vol 1. Krieg NR, Holt JG, editors. Baltimore : Williams & Wilkins Co.;1984, pp. 688-704.
- Williams M, Izzard L, Graves SR, Stenos J, Kelly JJ. First probable Australian cases of human infection with *Rickettsia felis* (cat-flea typhus). *Med J Aust.* 2011 Jan 3;194(1):41-3.