



RÉPUBLIQUE  
FRANÇAISE

*Liberté  
Égalité  
Fraternité*



anses








# Bulletin épidémiologique

Santé animale - alimentation

Décembre 2021 / numéro 92

Le *Bulletin épidémiologique* est une publication conjointe de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail et de la direction générale de l'Alimentation du ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation.

# SOMMAIRE

-  **ARTICLE 1**  
Botulisme bovin : importance de la biosécurité pour prévenir les contaminations croisées avec les ateliers de volailles
-  **ARTICLE 2**  
Diffusion en 2020, dans les élevages de porcs du Nord-Ouest de la France, d'un virus influenza porcin H1avN2 d'un génotype nouvellement introduit en Bretagne
-  **ARTICLE 3**  
Revue des facteurs de risque spatialisés de transmission du virus de l'influenza aviaire hautement pathogène H5N8 en France en 2016-2017
-  **ARTICLE 4**  
La migration des anatidés : patron général, évolutions, et conséquences épidémiologiques
-  **ARTICLE 5**  
Diarrhée épidémique porcine : éléments d'épidémiologie descriptive et analytique à l'étranger et en France depuis sa ré-émergence en 2014
-  **ARTICLE 6**  
Un cas de pullorose dans un élevage de cailles de chair en 2019
-  **ARTICLE 7**  
Approche combinée d'analyses de séries temporelles et génomiques/exemple de la détection d'une augmentation de la présence de Salmonella Goldcoast en filière avicole
-  **ARTICLE 8**  
Évaluation OASIS du dispositif de surveillance des salmonelles en alimentation animale (association OQUALIM)
-  **ARTICLE 9**  
Contextes sanitaire et économique en médecine vétérinaire et utilisation d'antibiotiques en France en 2020
-  **ARTICLE 10**  
Évolution du foyer de brucellose chez le bouquetin des Alpes dans le massif du Bargy, Haute Savoie, entre 2012 et 2020
-  **ARTICLE 11**  
Caméra thermique à infrarouge, un nouvel outil apicole pour détecter les mortalités hivernales ?

# Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

Epub Novembre 2020

**Botulisme bovin : importance de la biosécurité pour prévenir les contaminations croisées avec les ateliers de volailles**

***Bovine botulism: importance of biosecurity measures to prevent cross-contaminations with poultry***

Caroline Le Maréchal<sup>(1)</sup>, Rozenn Souillard<sup>(2)</sup>, Yann Villaggi<sup>(3)</sup>, Grégoire Kuntz<sup>(4)</sup>, Sophie Le Bouquin<sup>(2)</sup>, Aline Scalabrino<sup>(5)</sup>, Khadija Ayadi-Akrout<sup>(6)</sup>, Félix Mahé<sup>(4)</sup>, Sophie Thomas<sup>(7)</sup>, Marianne Chemaly<sup>(1)</sup>, Séverine Rautureau<sup>(6)</sup>

Auteur correspondant : Caroline.lemarechal@anses.fr

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité hygiène et qualité des produits avicoles et porcins, Ploufragan, France

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité épidémiologie, santé et bien-être, Ploufragan, France

(3) Direction départementale de la protection des populations des Côtes d'Armor, Ploufragan, France

(4) Groupement de Défense Sanitaire Bretagne, Ploufragan, France

(5) Direction départementale de la protection des populations du Finistère, Quimper, France

(6) Mission des Urgences Sanitaires, Direction générale de l'alimentation, Paris, France

(7) Direction départementale de la cohésion sociale et de la protection des populations de l'Ille et Vilaine, Rennes, France

**Mots clés : botulisme bovin, contamination croisée, volaille / Keywords: bovine botulism, cross-contamination, poultry**

Le botulisme animal se manifeste par une paralysie flasque ascendante due à l'action de la toxine botulique qui empêche la transmission du message nerveux. Cette toxine est principalement produite par la bactérie *Clostridium botulinum*, les types toxiques impliqués dans les foyers de botulisme animal étant majoritairement les types C, D, C/D et D/C. Le botulisme en France concerne principalement les volailles, l'avifaune sauvage et les bovins. Les épisodes de botulisme se traduisent en général par des taux de mortalité qui peuvent être importants (entre 2,8 % et

35,2 % chez les volailles (Souillard et al. 2014) et jusqu'à plus de 70 % chez les bovins (Le Maréchal et al. 2019, Relun et al. 2017)), associés à des pertes économiques directes et indirectes conséquentes. Le botulisme est un danger sanitaire de première catégorie pour toutes les espèces sensibles et donc à déclaration obligatoire. Les cas sont actuellement confirmés par le Laboratoire National de Référence (LNR) en collaboration avec le LABOCEA de Ploufragan ou le Centre National de Référence (CNR).



## Mise en évidence d'un nombre élevé de contaminations croisées entre ateliers de volailles et élevages bovins en 2020 dans le Grand-Ouest

### Augmentation des foyers de botulisme bovin en 2020

Une augmentation du nombre de foyers confirmés de botulisme bovin par le LNR et le LABOCEA a été observée sur la période mai-juillet 2020 dans des élevages situés dans les régions Bretagne, Pays de la Loire et Poitou-Charentes (cf. [tableau 1](#)). En effet, un total de douze foyers a été confirmé sur une période de dix semaines alors qu'en moyenne une dizaine de foyers sont confirmés chaque année en France par l'ensemble des laboratoires. *C. botulinum* de type D/C a été détecté dans les douze foyers via l'analyse de prélèvements de foie, contenus du rumen ou fèces, par PCR en temps réel après une étape d'enrichissement.

### Investigations complémentaires en vue de l'identification de la source de contamination

Pour certains foyers, des investigations complémentaires notamment via la collecte d'échantillons d'environnement par les vétérinaires sanitaires, les DDPP ou le GDS du département ou de la région concernée ont pu être menées. Ces analyses ont permis de mettre en évidence *C. botulinum* de type D/C dans un atelier de volaille à proximité de sept foyers de bovins sur les 8 où des investigations ont pu être menées (au sein du même élevage ou dans le voisinage). Aucune mortalité anormale n'a été notifiée dans ces ateliers volailles.

Par exemple, pour le foyer 1, les signes cliniques sont apparus chez les bovins quelques jours après le départ à l'abattoir des poulets de chair. Les échantillons de fumier provenant de ce lot de poulets (5 positifs sur 5), les prélèvements effectués aux abords du bâtiment, au niveau des circuits de ventilation et du bac d'équarrissage de l'atelier de volailles ont permis de détecter *C. botulinum* de type D/C.

Dans le cas du foyer 3, les échantillons de fumier du lot de poulets de chair qui a précédé l'épisode étaient positifs pour *C. botulinum* type D/C (2 positifs sur 2), ainsi que le bac d'équarrissage et des écouillons cloacaux (4 positifs sur 19) prélevés sur des poulets du lot en place au moment de l'épisode de botulisme bovin.

**Tableau 1.** Récapitulatif des foyers de botulisme bovin confirmés entre mai et juillet 2020

N° d'élevage	Date confirmation laboratoire	Toxine	Mortalité (Nb d'animaux)	Matrices positives* (diagnostic)	Atelier volaille investigué	Localisation atelier volaille	Résultats investigation atelier volaille *
1	20/05/2020	D/C	5	Foie, Rumen, Fèces	Poulets de chair	Élevage mixte	Positif en D/C (dont fumier)
2	29/05/2020	D/C	5	Foie, Fèces	Pas mis en évidence	/	/
3	28/05/2020	D/C	12	Foie, Rumen, Fèces	Poulets de chair	Élevage mixte	Positif en D/C (dont fumier)
4	29/05/2020	D/C	1	Fèces	Poulets de chair	Voisinage	Positif en D/C (dont fumier)
5	29/05/2020	D/C	2 vaches (+1 rétabli)	Rumen	Pas mis en évidence	/	/
6	05/06/2020	D/C	Information non disponible	Foie, Rumen, Fèces	Poulets de chair	Élevage mixte	Positif en D/C (dont fumier)
7	11/06/2020	D/C	2	Fèces	Poulets de chair	Voisinage	Positif en D/C (dont fumier)
8	07/07/2020	D/C	Information non disponible	Rumen	Volaille	Élevage mixte	Pas d'échantillon
9	09/07/2020	D/C	Chèvres : 2 (+2 rétablies) Moutons : 3 (+5 rétablis) Vaches : 0 (+4 rétablies)	Fèces des bovins (autres espèces non analysées)	Volaille	Élevage mixte	Positif en D/C
10	16/07/2020	D/C	5	Fèces	Information non disponible	Voisinage	Fumier de volaille : résultats Négatifs
11	30/07/2020	D/C	Information non disponible	Foie, Rumen	Volaille	Élevage mixte	Positif en D/C
12	30/07/2020	D/C	Information non disponible	Foie, Rumen, Fèces	Information non disponible	/	/

\* Le nombre d'échantillons et la nature varient d'un foyer à l'autre. La détection de *C. botulinum* de type C, D, C/D et D/C a été réalisée par PCR en temps réel après une étape d'enrichissement selon les méthodes décrites dans (Le Maréchal *et al.* 2019).

## Discussion

### Les fumiers de volaille : un réservoir de souches de *C. botulinum* de type D/C (type toxinique responsable du botulisme bovin)

Deux sources majeures à l'origine des épisodes de botulisme bovin sont décrites dans la littérature : la présence d'un cadavre dans un des composants de la ration (Le Maréchal *et al.* 2019, Myllykoski *et al.* 2009) ou la présence de fumier de volaille ou d'un atelier de volaille à proximité des bovins (Souillard *et al.* 2017, Payne *et al.* 2011a, Popoff 1989, Relun *et al.* 2017). Il a par exemple été estimé que près de 90 % des épisodes de botulisme bovin survenus au Royaume-Uni entre 2001 et 2009 étaient liés à du fumier de volaille (via une exposition directe après épandage dans les pâtures, via

l'utilisation du fumier de volailles comme litière ou via la proximité du fumier de volaille) (Payne *et al.* 2011b).

Les cas de botulisme cliniques de type D ou D/C sont très peu fréquents en élevages de volaille en Europe (Le Marechal *et al.* 2016, Woudstra *et al.* 2012), en particulier chez les poulets de chair où seuls des épisodes de type C/D sont détectés (Le Gratiot *et al.* 2020). Des cas cliniques de type D et D/C ne sont détectés sporadiquement qu'en élevage de dindes (Le Gratiot *et al.* 2020). Certains auteurs rapportent que les volailles sont résistantes à la toxine D (Popoff et Argente 1996). La présence de *C. botulinum* de type D ou D/C dans un élevage de volailles peut donc passer inaperçue et constituer un facteur de risque pour les bovins qui sont eux extrêmement sensibles aux types D et D/C (Nakamura *et al.* 2012).

La prévalence de portage asymptomatique de *C. botulinum* par les volailles ainsi que les facteurs propices à ce portage sont inconnus (Hardy et Kaldhusdal 2013). L'hypothèse d'un portage à un faible niveau, en limite de détection des méthodes actuellement disponibles a été émise (Popoff 1989), ce qui expliquerait la difficulté à évaluer cette prévalence dans les études menées jusqu'à présent (Hardy et Kaldhusdal 2013). Bien que la prévalence exacte ne soit pas établie, les volailles sont considérées comme un réservoir et une source d'amplification de *C. botulinum* de type D et de sa toxine (Popoff et Argente 1996). Le rôle de réservoir joué par les volailles a été démontré dans une étude de cas pour *C. botulinum* de type D/C (Souillard *et al.* 2017). Les résultats des écouvillons cloacaux présentés ici confirment également que le portage de *C. botulinum* de type D/C peut exister de manière asymptomatique chez les poulets de chair, pouvant aboutir à une contamination de la litière et de l'environnement du bâtiment d'élevage et de ses abords. Par ailleurs, les cadavres sont un substrat favorable à la croissance de *C. botulinum*. Les épisodes de mortalités au niveau d'un atelier volaille quel qu'en soit l'origine constituent un facteur de risque majeur de multiplication de la bactérie et de production de toxines botuliques. Une bonne gestion des cadavres et de la litière où les cadavres ont pu séjourner est donc indispensable pour prévenir les contaminations des bovins.

Les facteurs à l'origine de l'augmentation du nombre de foyers bovins détectés sur la période de mai à juillet 2020 dans le Grand Ouest de la France n'ont pas été identifiés. Certaines hypothèses peuvent être proposées : augmentation de la prévalence de portage dans les ateliers volailles, Conditions climatiques favorables à une dissémination des spores, autres facteurs ? Plusieurs départements du Grand Ouest et divers organismes de production ont été concernés par ces épisodes, ne permettant pas la mise en évidence d'un point commun pouvant expliquer ce portage observée dans les ateliers de volaille (couvoir, aliment, personnel...). Par ailleurs, bien que des progrès aient été faits ces dernières années que ce soit au niveau de l'isolement des souches (Le Gratiot *et al.* 2020) ou du développement des outils de typage (Le Maréchal *et al.* 2020), aucune méthode simple et rapide n'est actuellement disponible pour permettre la comparaison génétique des souches impliquées dans les foyers. Disposer de telles approches permettraient de comparer les échantillons et souches de façon à mettre en évidence d'éventuels liens entre les épisodes, d'investiguer les sources de contamination et plus globalement de tracer les souches de *C. botulinum*.

### Prévention des contaminations croisées entre ateliers

La mise en place de mesures de biosécurité appropriées entre les ateliers volailles et bovins est indispensable pour prévenir les épisodes de botulisme bovin. Différents modes de contamination entre ces deux ateliers peuvent en effet être envisagés : via le matériel ou les véhicules (lors de la manipulation de fumier contaminé par exemple), via la tenue (bottes en particulier), via le transfert d'un cadavre de volaille (pouvant être présent dans la litière et accessible après le départ des volailles si la bâtiment n'est pas fermé) par le chien de l'élevage depuis l'atelier volailles vers les aliments des bovins (ensilage par exemple), via l'eau de ruissellement, via l'épandage du fumier sur les pâtures (facteur de risque de contamination majeur mis en évidence dès les années 80 (Popoff et Argente 1996)), par voie aéroportée (par le vent lors d'un épandage de fumier de volaille par exemple (Popoff et Argente 1996)). Les recommandations prennent en compte l'ensemble des barrières sanitaires entre les deux productions (prévues par l'arrêté ministériel du 8 février 2016 relatif aux mesures de biosécurité applicables dans les exploitations de volailles) pour prévenir les épisodes en lien avec les élevages de volailles : le changement de tenue et de chaussures entre ateliers dans les exploitations mixtes, l'utilisation de matériel spécifique à chaque atelier dans la mesure du possible ou *a minima* sa décontamination renforcée entre deux utilisations, la proscription de l'épandage et du stockage de fumier de volailles à proximité de zones fréquentées par des bovins. Il est à noter que des contaminations croisées des bovins vers les volailles ont également été décrites (Souillard *et al.* 2015), même s'il semble que cela ne soit pas rapporté de manière fréquente dans la littérature.

D'une manière générale, la mise en place de barrières sanitaires entre les productions avicoles et bovines est essentielle pour prévenir tout risque de contamination-croisées volailles/bovins ou bovins/volailles quel que soit l'agent pathogène considéré, en particulier dans les élevages mixtes.

## Remerciements

Les auteurs remercient les éleveurs et vétérinaires pour leur participation à l'étude, les techniciennes du LNR botulisme aviaire (Sandra Rouxel, Typhaine Poezevara, Amandine Avouac, Emmanuelle Houard) et le LABOCEA de Ploufragan pour les analyses. Cette étude a reçu un soutien financier de la part de l'Anses, de France AgriMer (projet BOTUSOL) et du conseil départemental des Côtes d'Armor.

## Références bibliographiques

- Hardy, S. P., Kaldhusdal, M. 2013. «Type C et C/D toxigenic Clostridium botulinum is not normally present in the intestine of healthy broilers.» *Veterinary Microbiology* 165 (3-4):466-468.
- Le Gratiot, T., Poezevara, T., Rouxel, S., Houard, E., Mazuet, C., Chemaly, M., Le Maréchal, C. 2020. «Development of An Innovative et Quick Method for the Isolation of Clostridium botulinum Strains Involved in Avian Botulism Outbreaks.» *Toxins (Basel)* 12 (42). doi:10.3390/toxins12010042.
- Le Maréchal, C., Annibaldi, F., Bano, L., Tevell Aberg, A., Lindstrom, M., Dorner, M. B., Hedeland, M., Seyboldt, C., Koene, M., Bilei, S., Dermam, Y., Chemaly, M. 2020. «Workshop on the risks associated with animal botulism et ANIBOTNET final meeting.» *Euroreference* 4 February 2020:33-41.
- Le Marechal, C., Ballan V., Rouxel S., Bayon-Auboyer M. H., M. A. Baudouard, H. Morvan, E. Houard, T. Poezevara, R. Souillard, C. Woudstra, S. Le Bouquin, P. Fach, and M. Chemaly. 2016. «Livers provide a reliable matrix for real-time PCR confirmation of avian botulism.» *Anaerobe* 38:7-13. doi: 10.1016/j.anaerobe.2015.10.014.
- Le Maréchal, C., Hulin, O., Macé, S., Chuzeville, C., Rouxel, S., Poezevara, T., Mazuet, C., Pozet, F., Sellal, E., Martin, L., Viry, A., Rubbens, C., Chemaly, M.. 2019. «A Case Report of a Botulism Outbreak in Beef Cattle Due to the Contamination of Wheat by a Roaming Cat Carcass: From the Suspicion to the Management of the Outbreak.» *Animals* 9(12) 1025. doi: https://doi.org/10.3390/ani9121025.
- Myllykoski, J., Lindström, M., Keto-Timonen, R., Söderholm, H., Jakala, J., Kallio, H., Sukura, A., Korkeala, H. 2009. «Type C bovine botulism outbreak due to carcass contaminated non-acidified silage.» *Epidemiology et Infection* 137 (2):284-293.
- Nakamura, K., Kohda, T., Shibata, Y., Tsukamoto, K., Arimitsu, H., Hayashi, M., Mukamoto, M., Sasakawa, N. Kozaki S. 2012. «Unique biological activity of botulinum D/C mosaic neurotoxin in murine species.» *Infection et Immunity* 80 (8):2886-2893.
- Payne, J. H., Hogg, R. A., Otter, A., Roest, H. I. J., Livesey C. T. 2011a. «Emergence of suspected type D botulism in ruminants in England et Wales (2001 to 2009), associated with exposure to broiler litter.» *Veterinary Record* 168 (24):640.
- Payne, J. H., Hogg, R. A., Otter, A., Roest, H. I., Livesey C. T. 2011b. «Emergence of suspected type D botulism in ruminants in England et Wales (2001 to 2009), associated with exposure to broiler litter.» *Vet Rec* 168 (24):640. doi: vr.d1846 [pii] 10.1136/vr.d1846 [doi].
- Popoff, M. 1989. «Revue sur l'épidémiologie du botulisme bovin en France et analyse de sa relation avec les élevages de volailles.» *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* 8 (1):129-145.
- Popoff, M.R., Argente G. 1996. «Le botulisme animal est-il une menace pour l'homme ?» *Bull. Acad. Vét. de France* 69:373-382.
- Relun, A., Dorso, L., Douart, A., Chartier, C., Guatteo, R., Mazuet, C., Popoff, M. R., Assie S. 2017. «A large outbreak of bovine botulism possibly linked to a massive contamination of grass silage by type D/C Clostridium botulinum spores on a farm with dairy et poultry operations.» *Epidemiol Infect.* 1-9. doi: 10.1017/S0950268817002382.
- Souillard, R., Le Marechal, C., Ballan, V., Mahe, F., Chemaly, M., Le Bouquin S. 2017. «A bovine botulism outbreak associated with a suspected cross-contamination from a poultry farm.» *Vet Microbiol* 208:212-216. doi: 10.1016/j.vetmic.2017.07.022.

Souillard, R., Le Maréchal, C., Hollebecque, F., Rouxel, S., Barbé, A., Houard, E., Léon, D., Poëzévara, T., Fach, P., Woudstra, C., Mahé, F., Chemaly, M., Le Bouquin S. 2015. «Occurrence of *C. botulinum* in healthy cattle et their environment following poultry botulism outbreaks in mixed farms.» *Vet Microbiol* 180 (1-2):142-5. doi: 10.1016/j.vetmic.2015.07.032.

Souillard, R., Woudstra, C., Le Marechal, C., Dia, M., Bayon-Auboyer, M. H., Chemaly, M., Fach, P., Le Bouquin S. 2014. «Investigation of *Clostridium botulinum* in commercial poultry farms in France between 2011 et 2013.» *Avian Pathol* 43 (5):458-64. doi: 10.1080/03079457.2014.957644.

Woudstra, C., Skarin H., Anniballi F., Fenicia L., Bano L., Drigo I., Koene M., Bayon -Auboyer M. H., Buffereau J. P., De Medici D., and Fach P. 2012. «Neurotoxin gene profiling of *Clostridium botulinum* types C et D native to different countries within Europe.» *Appl Environ Microbiol* 78 (9):3120-7. doi: AEM.07568-11 [pii] 10.1128/AEM.07568-11 [doi].

**Directeur de publication :** Roger Genet  
**Directeur associé :** Bruno Ferreira  
**Directrice de rédaction :** Emilie Gay  
**Rédacteur en chef :** Julien Cauchard  
**Rédacteurs adjoints :** Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

**Comité de rédaction :** Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard  
**Secrétaire de rédaction :** Isabelle Stubljjar  
**Responsable d'édition :** Fabrice Coutureau

**Assistante d'édition :** Elsa Vidal  
**Anses -** [www.anses.fr](http://www.anses.fr)  
14 rue Pierre et Marie Curie  
94701 Maisons-Alfort Cedex  
**Courriel :** [bulletin.epidemie@anses.fr](mailto:bulletin.epidemie@anses.fr)  
**Conception et réalisation :** Parimage  
**Crédits photos :** Anses, AdobeStock



**MINISTÈRE  
DE L'AGRICULTURE  
ET DE L'ALIMENTATION**

*Liberté  
Égalité  
Fraternité*



agence nationale de sécurité sanitaire  
alimentation, environnement, travail

*Connaître, évaluer, protéger*

# Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

2021

Diffusion en 2020, dans les élevages de porcs du nord-ouest de la France, d'un virus influenza porcine H1<sub>av</sub>N2 d'un génotype nouvellement introduit en Bretagne

*Dissemination in 2020, in swine herds from north-western France, of a H1<sub>av</sub>N2 swine influenza virus of a genotype newly introduced in Brittany*

Séverine Hervé<sup>(1)</sup>, Amélie Chastagner<sup>(1)</sup>, Stéphane Quéguiner<sup>(1)</sup>, Nicolas Barbier<sup>(1)</sup>, Stéphane Gorin<sup>(1)</sup>, Yannick Blanchard<sup>(2)</sup>, Nicolas Rose<sup>(3)</sup>, Agnès Jardin<sup>(4)</sup>, Laure Dommergues<sup>(5,6)</sup>, Gaëlle Simon<sup>(1)</sup>

Auteur correspondant : severine.herve@anses.fr

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Virologie immunologie porcines, Laboratoire national de référence Influenza porcine, Ploufragan, France

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Génétique virale et biosécurité, Ploufragan, France

(3) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Epidémiologie, Santé et Bien Etre, Ploufragan, France

(4) Ceva Santé Animale, Libourne, France

(5) La Coopération Agricole, Paris, France

(6) Plateforme d'Epidémiosurveillance Santé Animale

Mots clés : grippe, porc, H1N2 / Keywords: influenza, pig, H1N2



La surveillance événementielle des virus influenza A porcins (swIAVs) menée en France depuis le début des années 2000 montrait, jusqu'en 2018, une prédominance des virus de sous-types H1<sub>av</sub>N1 et H1<sub>hu</sub>N2, lesquels comptaient en moyenne pour environ 65 % et 20-25 % des virus identifiés chaque année (Chastagner *et al.*, 2020). En 2019, le nombre de cas de grippe dus à des souches H1<sub>hu</sub>N2 a diminué, mais le nombre de virus H1<sub>av</sub>N2 a augmenté, ce qui a conduit à une légère modification des proportions des divers sous-types viraux (Figure 1). En 2020, le nombre total d'épisodes grippaux investigués par le réseau national Résavip, par Ceva Santé Animale ou par l'Anses (lors d'audits spécifiques) a nettement augmenté, conduisant à l'identification

de 219 souches virales entre janvier et mi-novembre 2020, presque deux fois plus qu'en 2019 sur douze mois (119 souches) ou que les années précédentes (139 en 2018 et 110 en 2017). Les proportions des différents lignages de swIAVs, dont l'hémagglutinine (HA) et la neuraminidase (NA) ont été caractérisées par sous-typage moléculaire, apparaissent fortement modifiées puisque parmi eux on décompte 133/219 H1<sub>av</sub>N2 mais seulement 63/219 H1<sub>av</sub>N1 et 12/219 H1<sub>hu</sub>N2 (Figure 1). La proportion de H1N1pdm (9/219) a également diminué, en dépit d'un nombre stable de foyers d'infection par ce virus comparativement à 2019, et deux souches réassortantes H1<sub>pdm</sub>N2 ont été identifiées.

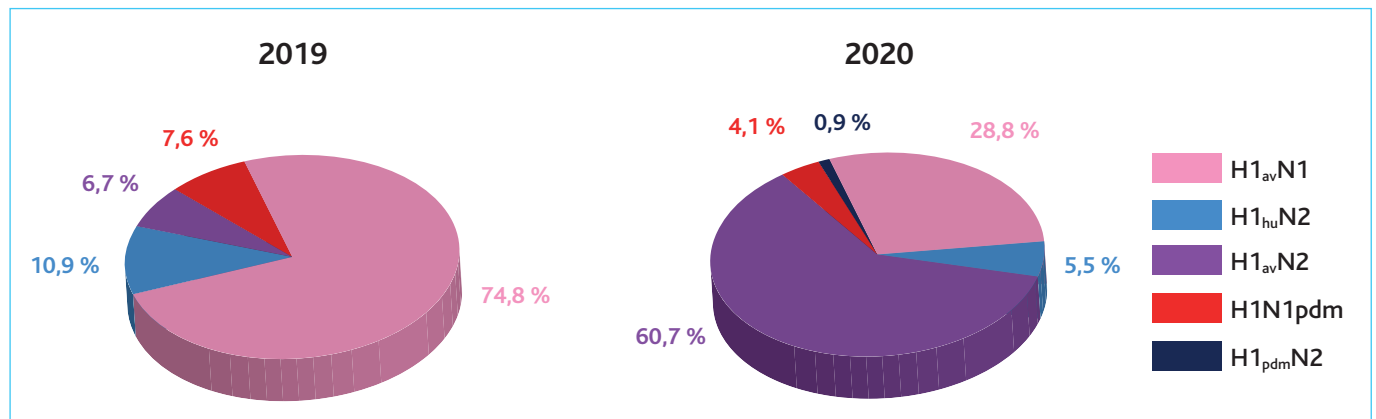


Figure 1. Proportions des sous-types de virus influenza A porcins identifiés en France en 2019 (n = 119 souches) et en 2020 (janvier à mi-novembre, n = 219 souches)

Parmi les 133 souches H1<sub>av</sub>N2 détectées entre janvier et mi-novembre 2020, 104 ont, à la date de rédaction de cet article, fait l'objet d'un séquençage de leur génome (8 segments d'ARN). Ces analyses ont révélé la présence de trois génotypes (Figures 2 et 3). Le génotype #A, issu de réassortiment entre virus H1<sub>av</sub>N1 (HA de clade 1C.2.1) et H1<sub>hu</sub>N2 enzootiques en France, a été détecté deux fois en 2020, comme en 2019 (Hervé *et al.*, 2020). Le génotype #F (également appelé DK-pdm), comportant une HA-1C.2 et une NA d'origine danoise, ainsi que six gènes du virus H1N1pdm, a été identifié à cinq reprises en 2020 après avoir été détecté pour la première fois en Bretagne fin 2018 et cinq fois en 2019 (Hervé *et al.*, 2020). Mais c'est le génotype #E (également appelé DK-EA), comportant des gènes HA-1C.2 et NA proches de ceux

du génotype #F et six gènes du lignage « Eurasian avian-like » qui a surtout été détecté en 2020 (97/104). Deux souches similaires avaient été isolées dans le Sud-Ouest en 2015 mais n'avaient plus été repérées sur le territoire depuis (Bonin *et al.*, 2016).

En 2020, le premier cas d'infection par un H1<sub>av</sub>N2 #E a été rapporté dans le Morbihan au mois de février, suivi de cas en Ille-et-Vilaine et dans les Côtes d'Armor aux mois de mars-avril. Ce virus s'est propagé rapidement dans la population porcine puisqu'il a ensuite été responsable de nombreux foyers d'infections, le nombre mensuel maximal de cas ayant été enregistré au mois de juillet (Figure 2). Ainsi, entre février et mi-novembre 2020, le H1<sub>av</sub>N2 #E a été identifié dans neuf départements du nord-ouest de la France (Figure 3).

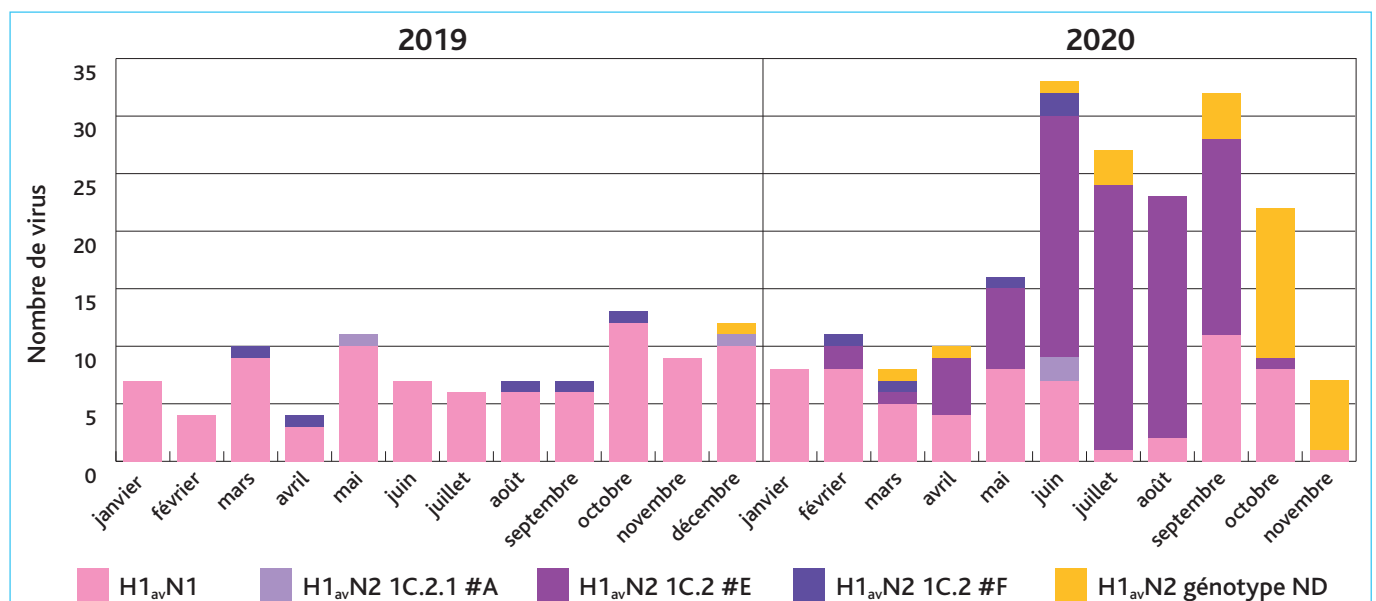
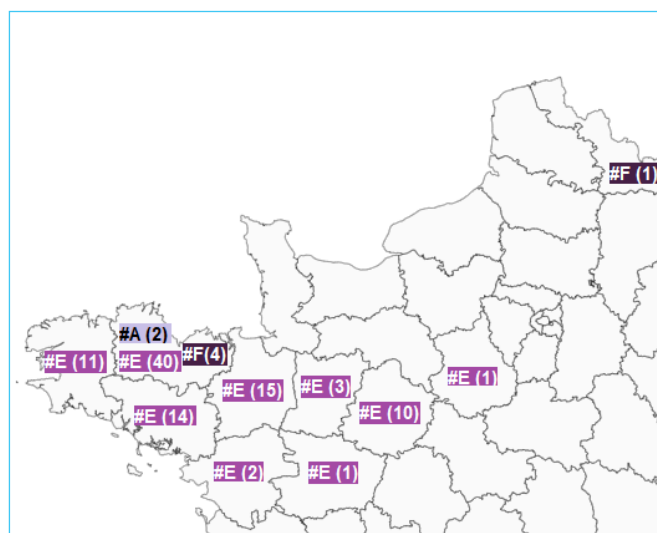


Figure 2. Répartition mensuelle des nombres de souches virales de sous-types H1<sub>av</sub>N1 (tous génotypes) et H1<sub>av</sub>N2 de génotypes #A, #E, #F ou ND (non déterminé/en cours d'analyse) détectées en 2019 et 2020 (jusqu'à mi-novembre) en France





**Figure 3.** Répartition géographique (à l'échelle du département) des élevages trouvés infectés par les virus H1<sub>av</sub>N2 de génotypes #A, #E et #F entre janvier et mi-novembre 2020 (nombres de cas entre parenthèses)

Parmi les souches de 2020 qui ont été séquencées, dix-huit souches H1<sub>av</sub>N2 de génotype #E, sept souches H1<sub>av</sub>N1 et une souche H1<sub>av</sub>N2 #A ont été isolées en culture cellulaire puis confrontées à six sérums hyperimmuns (SHI) de référence et à un sérum post-vaccinal (SPV) issu d'une truie vaccinée (vaccin trivalent RespiPorcFlu3®) dans des tests d'inhibition de l'hémagglutination (IHA), ceci afin d'évaluer leur proximité antigénique avec des HA de différents lignages (Tableau 1). Le titre IHA moyen obtenu après réaction des souches H1<sub>av</sub>N2 #E avec des anticorps anti-H1<sub>av</sub> du clade 1C.2 est apparu trois à huit fois plus élevé que ceux obtenus après réaction avec des anticorps anti-H1<sub>av</sub> du clade 1C.2.1. Inversement, les souches portant une HA-1C.2.1 ont obtenu un titre IHA moyen quatre à huit fois moins élevé vis-à-vis du SHI anti-HA-1C.2 que des deux SHI anti-HA-1C.2.1. Une distance antigénique est donc observée entre le virus H1<sub>av</sub>N2 #E et les virus H1<sub>av</sub>N1 et H1<sub>av</sub>N2 #A. Par ailleurs, les souches H1<sub>av</sub>N2 #E ont obtenu des titres IHA moyens en dessous du seuil de positivité (<20) vis-à-vis des sérums anti-H1N1pdm, H1<sub>hu</sub>N2 et H3N2, même si quelques titres individuels ont été trouvés supérieurs à 20. Enfin, les souches H1<sub>av</sub>N2 #E ont montré une plus faible réaction avec le SPV (titre IHA moyen <20) que les souches portant une HA-1C.2.1, révélant une plus grande distance antigénique avec l'antigène H1<sub>av</sub>N1 contenu dans le vaccin, lequel porte une HA de clade 1C.2.2.

**Tableau 1.** Tests d'inhibition de l'hémagglutination (IHA) confrontant virus H1<sub>av</sub>N1 et H1<sub>av</sub>N2 isolés en France en 2020 à des sérums hyperimmuns (SHI) de référence et à un sérum post-vaccinal (SPV). La moyenne des titres IHA obtenus pour les virus testés est indiquée en gras, l'étendue des titres IHA entre crochets et le nombre de virus testés entre parenthèses. Les six premières lignes présentent les résultats des tests réalisés avec les antigènes de référence (nt = non testé)

Sous-type	Clade H1	Souche de référence	Titre IHA obtenu vis-à-vis des SHI ou SPV produits contre les virus :						
			H1 <sub>av</sub> N1 CA/0388/09	H1 <sub>av</sub> N2 CA/0186/10	H1 <sub>av</sub> N2 Fr/65- 150242/15	H1N1pdm Sarthe/ 0255/10	H1 <sub>hu</sub> N2 Scot/ 410440/94	H3N2 Fl/1/98	Antigènes RespiPorcFlu3 H1 <sub>av</sub> N1, H1 <sub>hu</sub> N2, H3N2
			1C.2.1	1C.2.1	1C.2	1A.3.3.2	1B.1	-	1C.2.2 1B.1.2.1
H1 <sub>av</sub> N1	1C.2.1	A/Sw/Cotes d'Armor/0388/09	640	320	20	<10	<10	<10	320
H1 <sub>av</sub> N2	1C.2.1	A/Sw/Cotes d'Armor/0186/10	320	320	nt	nt	<10	<10	nt
H1 <sub>av</sub> N2	1C.2	A/Sw/ France/65-150242/15	80	<10	2560	<10	<10	<10	nt
H1N1pdm	1A.3.3.2	A/Sw/ France/57-140136/14	20	20	nt	1280	20	<10	20
H1 <sub>hu</sub> N2	1B.1	A/Sw/ Scotland/410440/94	<10	<10	<10	<10	1280	<10	320
H3N2	-	A/Sw/Flandres/1/98	<10	<10	nt	<10	<10	2560	160
Souches H1 <sub>av</sub> N1 et H1 <sub>av</sub> N2 #A (1C.2.1) 2020			<b>349</b> [160-640] (8)	<b>174</b> [80-320] (8)	<b>44</b> [10-80] (8)	<b>21</b> [<10-160] (8)	<b>8</b> [<10-40] (8)	<b>2</b> [<10-40] (8)	<b>61</b> [20-80] (5)
Souches H1 <sub>av</sub> N2 #E (1C.2) 2020			<b>41</b> [<10-160] (18)	<b>16</b> [10-40] (18)	<b>127</b> [40-320] (18)	<b>3</b> [<10-20] (18)	<b>7</b> [<10-20] (18)	<b>9</b> [<10-40] (18)	<b>19</b> [10-40] (18)

Le virus H1<sub>av</sub>N2 #E a été détecté dans tous les types d'élevages, excepté des exploitations uniquement dédiées au post-sevrage lesquelles sont peu fréquentes en France, et principalement dans des élevages naisseur-engraisseur (70,1 %) et post-sevreur-engraisseur (13,4 %). Dans 57,0 % des cas, les éleveurs ont déclaré que des reproducteurs avaient été vaccinés (vaccination du pré-troupeau ou vaccination de l'intégralité du troupeau reproducteur). Le virus a touché des porcs en croissance (80,2 %) et des reproducteurs (19,8 %). La majorité des porcs charcutiers infectés (64,4 %) avait moins de 10 semaines de vie, et l'âge médian à l'infection était de 7,5 semaines. L'intensité du

syndrome grippal a été jugée « normale » dans 36 élevages, mais « élevée » dans 45 autres (16 cas non renseignés). Cette proportion de cas de grippe sévères (55,6 %) est supérieure à celle précédemment rapportée annuellement par Résavip, laquelle est de 25 % environ quel que soit le sous-type viral impliqué (Hervé *et al.*, 2019). Enfin, les vétérinaires ont déclaré une grippe de forme « classique » dans trois quarts des cas concernés et de forme « récurrente » dans seulement 25,3 % d'entre-deux, alors que la grippe récurrente concernait environ 40 % des élevages positifs (tous sous-types confondus) les années précédentes (Hervé *et al.*, 2019).

En conclusion, il apparaît que le virus H1<sub>av</sub>N2 de génotype #E a été responsable d'un phénomène épizootique de grippe dans les élevages de porcs du nord-ouest de la France en 2020, supplantant les cas d'infections par le virus H1<sub>av</sub>N1 qui circule dans la région depuis plus de 40 ans. A ce stade, l'origine du H1<sub>av</sub>N2 #E et sa date d'introduction en Bretagne ne sont pas déterminées mais les reconstructions phylogénétiques en cours permettront peut-être d'émettre des hypothèses quant à son historique sur le sol français. Sa capacité de transmission inter-élevage et sa diffusion dans une zone géographique de forte densité porcine pourraient avoir été facilitées par une absence d'immunité de population efficace, en lien avec la distance antigénique observée vis-à-vis des virus à H1<sub>av</sub> de clade 1C.2.1 identifiés en France. La sévérité des syndromes respiratoires aigus associés aux infections pourrait également être liée à une absence d'immunité préalable et/ou à d'autres propriétés virales qu'il conviendra d'étudier afin d'évaluer l'impact de cette émergence d'un point de vue de la santé animale mais aussi de la santé humaine, les swIAVs étant par ailleurs zoonotiques.

Quoi qu'il en soit, cet évènement questionne sur les voies d'introduction des virus grippaux dans les élevages intensifs confinés et invite à appliquer des mesures de biosécurité adéquates pour empêcher les infections par des virus à transmission aéroportée comme les virus influenza. Le virus H1<sub>av</sub>N2 #E pourrait continuer de se propager sur le territoire national et acquérir un caractère enzootique à plus ou moins long terme. La circulation d'un génotype viral supplémentaire dans les élevages augmente les risques d'infections simultanées par plusieurs virus influenza A différents, lesquelles peuvent elles-mêmes conduire à l'émergence de nouveaux virus réassortants (Chastagner *et al.*, 2019), toujours plus nombreux et dont l'impact ne peut être prédit.

## Remerciements

Les auteurs remercient les acteurs des dispositifs de surveillance des virus influenza A chez le porc, notamment les éleveurs, les vétérinaires, les membres du réseau national Résavip, la firme Ceva Santé Animale, LABOCEA, ainsi que le personnel de l'Unité EPISABE de l'Anses. Ils remercient également les collaborateurs de la plateforme NGS de l'Anses pour leur contribution.

## Références bibliographiques

- Bonin E., Hervé S., Quéguiner S., Barbier N., Gorin S., Garin E., Wendling S., Simon G. 2016. "Distinction of several subpopulations of H1avN2 swine influenza viruses in France." *Bulletin Epidémiologique Santé Animale et Alimentation*, 75 :11.
- Chastagner A, Hervé S, Quéguiner S, Hirchaud E, Lucas P, Gorin S, Béven V, Barbier N, Deblanc C, Blanchard Y, Simon G. 2020. « Genetic and antigenic evolution of European swine influenza A viruses of HA-1C (avian-like) and HA-1B (human-like) lineages in France from 2000 to 2018". *Viruses*, 12, 1304.
- Chastagner A., Bonin E., Fablet C., Quéguiner S., Hirchaud E., Lucas P., Gorin S., Barbier N., Béven V., Garin E., Blanchard Y., Rose N., Hervé S., Simon G. (2019) Virus persistence in pig herds led to successive reassortment events between swine and human influenza A viruses, resulting in the emergence of a novel triple-reassortant swine influenza virus. *Veterinary Research*, 50(1):77
- Hervé S., Chastagner A., Quéguiner S., Barbier N., Gorin S., Blanchard Y., Jardin A., Dommergues L., Rose N., Simon G. (2020) Identification d'un nouveau virus influenza porcin H1avN2 dans plusieurs élevages en Bretagne. *Bulletin Epidémiologique Santé Animale et Alimentation*, 89 (4).
- Hervé S., Garin E., Lecarpentier L., Ngwa- Mbot D., Poliak S., Wendling S., Rose N., Simon G. 2019. "Virological and epidemiological patterns of swine influenza A virus infections in France: cumulative data from the RESAVIP surveillance network, 2011–2018". *Veterinary Microbiology*, 239, 108477.

Directeur de publication : Roger Genet  
 Directeur associé : Bruno Ferreira  
 Directrice de rédaction : Emilie Gay  
 Rédacteur en chef : Julien Cauchard  
 Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard  
 Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljar  
 Responsable d'édition : Fabrice Coutureau

Assistante d'édition : Elsa Vidal  
 Anses - www.anses.fr  
 14 rue Pierre et Marie Curie  
 94701 Maisons-Alfort Cedex  
 Courriel : bulletin.epidemio@anses.fr  
 Conception et réalisation : Parimage  
 Crédits photos : AdobeStock



**MINISTÈRE  
 DE L'AGRICULTURE  
 ET DE L'ALIMENTATION**

*Liberté  
 Égalité  
 Fraternité*



**anses**  
 AGENCE NATIONALE DE SÉCURITÉ SANITAIRE  
 de l'alimentation, de l'environnement et du travail

# Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

2021

## Revue des facteurs de risque spatialisés de transmission du virus de l'influenza aviaire hautement pathogène H5N8 en France en 2016-2017

Claire Guinat<sup>(1)</sup>, Benoit Durand<sup>(2)</sup>, Jean Artois<sup>(3)</sup>, Marius Gilbert<sup>(3,4)</sup>, Anne Bronner<sup>(5)</sup>, Tifen Corre<sup>(6)</sup>, Séverine Rautureau<sup>(5)</sup>, Nathalie Rouchy<sup>(6)</sup>, Floriane Camy<sup>(6)</sup>, Axelle Scoizec<sup>(7)</sup>, Sophie Le Bouquin-Leneveu<sup>(7)</sup>, Timothée Vergne<sup>(1)</sup>, Jean-Luc Guérin<sup>(1)</sup>, Mathilde Paul<sup>(1)</sup>  
Auteur correspondant : claire.guinat@envt.fr

- (1) Université de Toulouse, INRAE, ENVT, Toulouse, France  
(2) Université Paris-Est, Agence Nationale de Sécurité Sanitaire de l'Alimentation, Maisons-Alfort, France  
(3) Université Libre de Bruxelles, Bruxelles, Belgique  
(4) Fonds National de la Recherche Scientifique, Bruxelles, Belgique  
(5) Direction régionale de l'alimentation, de l'agriculture et de la forêt (DRAAF), Dijon, France  
(6) US-ODR, INRAE, Castanet Tolosan, France  
(7) Météo-France, Toulouse, France  
(8) Agence Nationale de Sécurité Sanitaire de l'Alimentation de l'Environnement et du Travail (Anses), Ploufragan, France

### Résumé

Avec un total de 484 foyers en élevages de volailles sur une période de quatre mois, la France a été le pays européen le plus sévèrement touché par l'épizootie d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N8 de l'hiver 2016-2017. Les foyers ont été principalement reportés dans des élevages de canards à foie gras (81,6 %) situés dans le sud-ouest de la France. Alors que le virus aurait été introduit dans le pays via des oiseaux migrateurs infectés en provenance du nord de l'Eurasie, les premiers foyers apparus par la suite seraient probablement associés aux mouvements de lots de canards infectés avant la mise en place de mesures de contrôles sur les mouvements par les autorités françaises. Les oiseaux sauvages et la voie aéroportée sembleraient avoir joué un rôle mineur dans la dissémination du virus entre élevages. De manière plus générale, la propagation spatiale de la maladie serait majoritairement expliquée par des événements locaux de transmission d'un élevage à un autre au début de l'épizootie, puis par des sauts de transmission à longue distance vers la fin de l'épizootie. L'épizootie a finalement été contenue à la fin du mois de mars 2017 après l'application de mesures de contrôle très strictes, incluant un abattage préventif et des restrictions de mouvements de lots afin d'endiguer la propagation du virus H5N8.

### Mots clés :

Influenza aviaire hautement pathogène, H5N8, facteurs de risque, France

### Abstract

#### **Review of spatial risk factors for transmission of highly pathogenic avian influenza H5N8 virus in France in 2016-2017**

*With a total of 484 poultry outbreaks within a 4-month period, France was the most severely affected European country. Outbreaks were mainly reported in duck flocks (81.6%) and located in south-west France. H5N8 incursion into the country was attributed to long-distance flights of infected migratory birds from northern Eurasia. Then, the first subsequent outbreaks were likely associated with the movement of infected ducks prior to the implementation of movement controls. Most of the geographic spread was then linked to local farm-to-farm transmission events followed by long-range jumps in the disease dispersal towards the end, which was likely explained by the reinforcement of control measures. Wild birds and wind-borne route appeared to have played a minor role in the spread of H5N8. The epidemic was finally contained by end of March 2017 in the country, through the application of severe control measures, including pre-emptive culling and stringent movement restrictions that ultimately led to the eradication of H5N8.*

### Keywords:

*Highly pathogenic avian influenza, H5N8, France, risk factors*

Les données contenues dans cet article sont disponibles depuis 2018-2020 et ont été mises à disposition afin d'alimenter les réflexions sur les suites à donner aux crises précédentes. La publication de cet article, en pleine crise 2020-2021, permettra de partager des éléments d'analyse. Les conditions et explications de survenue de la crise actuelle feront l'objet d'une étude en cours de mise en œuvre.

En 2016-2017, la France a été durement touchée par une vague de foyers d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) A(H5N8) sans précédent, ayant de lourdes conséquences socio-économiques pour la filière volaille. Au total, 484 foyers d'IAHP H5N8 ont été détectés en élevage par le dispositif de surveillance, la plupart dans des élevages de canards à foie gras localisés dans le sud-ouest de la France (Guinat et al. 2018). Après une succession de deux phases épidémiologiques distinctes (la première basée sur une diffusion de proche en proche, et la deuxième sur une propagation accélérée via des sauts à longue distance) (Guinat et al. 2018, 2017), l'épidémiologie a été contenue en France à la fin du mois de mars 2017, grâce à la mise en place rapide de mesures de contrôle après la détection des premiers foyers, en accord avec la législation de l'Union Européenne (DGAL 2008, 2017b). Ces mesures comprenaient le dépeuplement et l'assainissement de l'élevage infecté, la mise en place

d'une zone de protection de trois km et d'une zone de surveillance de dix km autour de l'élevage infecté. Elles ont été accompagnées de restrictions sur les mouvements entrants et sortants, de tests avant mouvements ainsi qu'un renforcement des mesures de biosécurité pour les élevages situés dans ces zones, notamment vis-à-vis du risque lié à l'avifaune (claustration des volailles dans les zones à risque élevé, restrictions relatives aux événements de rassemblements d'oiseaux et mouvements de gibier à plumes, renforcement de la surveillance dans l'avifaune) (Van De Wiele et al. 2017; Bronner et al. 2017). Compte tenu de la forte densité d'élevages et de forts niveaux d'excrétion, des mesures d'abattage préventif ont été mises en place autour des foyers à partir de février 2017, dans le but de diminuer la pression d'infection et de stopper la propagation virale. A partir d'avril 2017, un vide sanitaire a été organisé dans les cinq départements du sud-ouest les plus affectés par l'épidémiologie jusqu'en mai 2017. Plusieurs hypothèses ont été avancées pour expliquer les caractéristiques de l'épidémiologie observée : mouvements de personnes de véhicules ou d'animaux, survenue d'un événement climatique exceptionnel, avifaune, diffusion aéroportée (Bronner et al. 2017).

Cet article dresse la synthèse d'une série de travaux conduits récemment afin d'identifier, de hiérarchiser et de quantifier l'effet

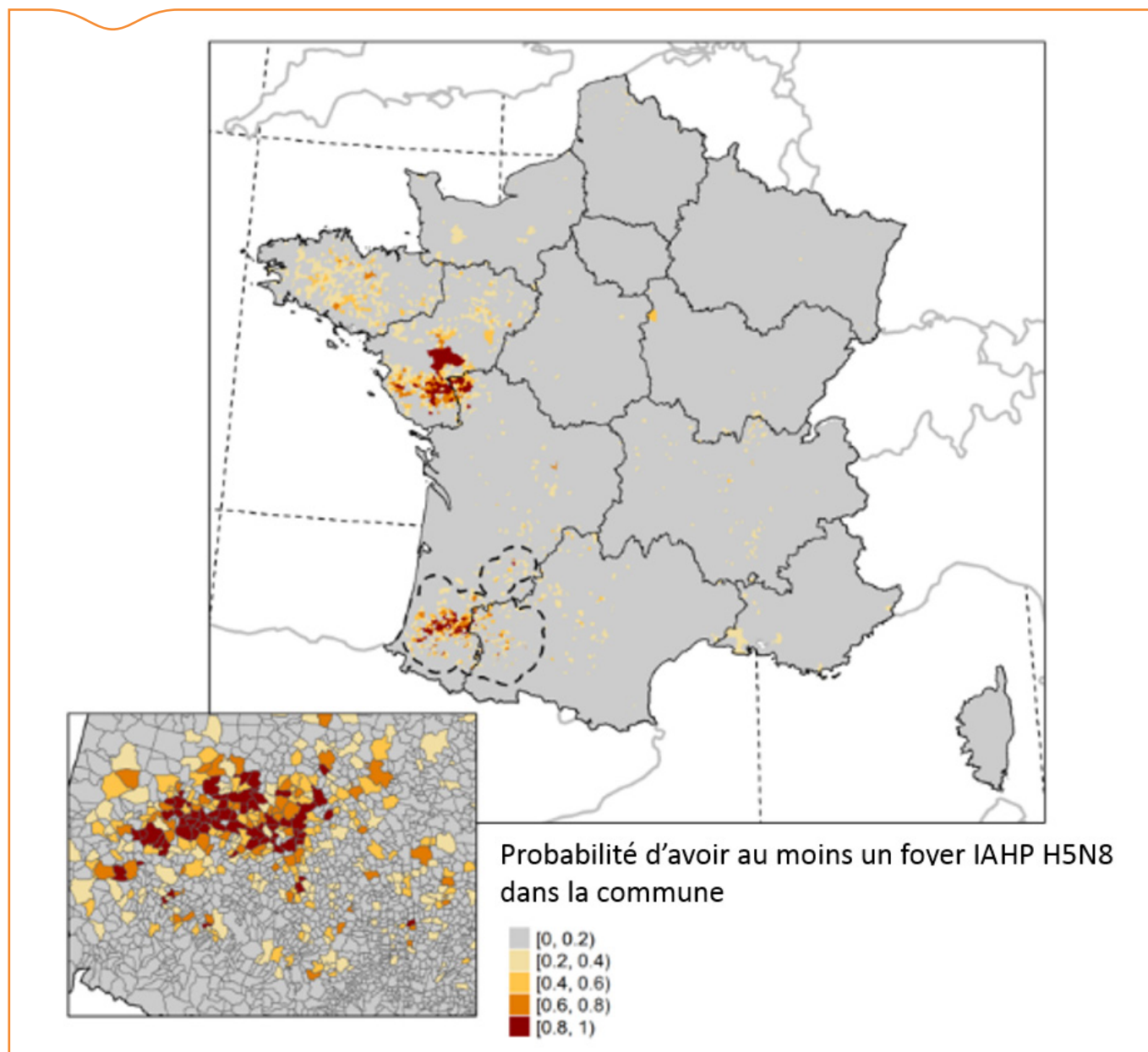


Figure 1. Probabilité d'avoir au moins un foyer IAHP H5N8 dans la commune prédite par le modèle BRT final.

de déterminants spatialisés du risque influençant le patron spatio-temporel de l'épizootie à virus IAHP H5N8 en France et de générer des cartes de risque.

## Cartographie du risque d'infection IAHP H5N8

Une étude a tout d'abord été conduite dans le but de générer des cartes de risque pour l'IAHP H5N8 à l'échelle de la commune, et de quantifier l'effet de différents prédicteurs spatialisés associés à la répartition des foyers. Pour cela, des modèles de type Boosted Regression Trees (BRT) (Elith, Leathwick, and Hastie 2008) ont été développés et appliqués à une liste de douze variables spatialisées. Les sources de données ainsi que la méthode employée sont décrites en détails dans une publication récente (Guinat et al. 2019). Une comparaison des performances des différents modèles de BRT a été utilisée pour réduire le nombre total de variables prédictives et traiter la multicollinéarité entre les variables prédictives.

Les résultats montrent que les modèles BRT expliquant le mieux la distribution des foyers d'IAHP H5N8 étaient des modèles contenant les variables de « densité de population humaine », ainsi que les variables liées à la production avicole, c'est à dire « densité d'élevages de poulets », « densité d'élevages de canards » et « densité de mouvements de lots de canards » par commune. Par la suite, ces variables ont été conservées dans le modèle BRT final afin de produire une carte de risque pour l'IAHP H5N8 à l'échelle nationale (Figure 1). Il est important de noter que les résultats (principaux facteurs de risque et cartes de risque) pourraient être influencés par l'évolution entre les données du recensement des exploitations avicoles utilisées dans cette étude et le nombre d'exploitations actives au moment d'une future épizootie.

Cette carte montre une forte probabilité d'infection dans le sud-ouest de la France ainsi qu'une probabilité modérée dans le nord-ouest de la France. La variable « densité de mouvements de lots de canards » a été identifiée comme une des quatre variables contribuant fortement à la distribution spatiale des foyers d'IAHP H5N8 lors de l'épizootie 2016-2017 en France. Ceci pourrait confirmer le rôle des nombreux mouvements de lots de canards s'opérant entre les différentes unités de production, caractéristiques de la filière canards à foie gras, dans l'épizootie 2016-2017 (Encadré 1).

La variable « densité d'élevages de poulets » a été identifiée par le modèle BRT final comme associée négativement à la proportion d'élevages infectés, ce qui pourrait s'expliquer par le fait que le virus de l'IAHP H5N8 serait moins adapté aux poulets qu'aux canards (Bertran et al. 2016). Alors que la variable « densité de population humaine » a souvent été identifiée comme l'un des principaux prédicteurs spatiaux de l'infection par d'autres virus IAHP de sous-type H5, et

### Encadré 1. Filière foie gras et mouvements de lots

La filière de production de canards à foie gras est organisée en structure pyramidale. Après éclosion au couvoir, les canetons d'un jour sont groupés en lot de plusieurs milliers de canetons et élevés pendant une période pouvant aller jusqu'à douze semaines dans des ateliers dits de « prêts-à-gaver ». Ces lots sont ensuite divisés en plus petits lots de plusieurs centaines de canards pour être déplacés vers des ateliers de gavage où ils resteront pendant près de douze jours. Ainsi, la filière est caractérisée par un cycle de production court et spécialisé, facilitant les contacts directs et indirects entre les lots de canards à certaines étapes clés de la production. La conduite en bande multiple (système qui consiste à mettre en place un nouveau lot sur l'élevage, avant que le précédent ne soit sorti) par unité de production a été interdite depuis 2016 pour des raisons sanitaires. Seule la conduite en bande unique est autorisée (système « tout plein-tout vide »).

notamment H5N1, (Gilbert and Pfeiffer 2012), cette variable était ici associée négativement à la proportion d'exploitations infectées et ne contribuerait que faiblement à expliquer la distribution spatiale des foyers. Ces résultats illustreraient le fait que le virus H5N8 se soit propagé dans le sud-ouest de la France, zone avec une démographie humaine relativement faible comparée à d'autres zones de France. Enfin, la variable « densité des cours d'eau » a été utilisée dans le modèle comme un indicateur des habitats favorables aux oiseaux sauvages. Cette variable n'a pas été identifiée comme très informative dans la distribution spatiale des foyers par les modèles BRT, suggérant un rôle limité de l'avifaune dans la transmission du virus entre élevages de volailles lors de l'épizootie de 2016-2017 en France. Il est néanmoins important de noter que l'avifaune aurait joué un rôle majeur dans l'introduction du virus en France, via les oiseaux migrateurs infectés en provenance d'Asie (Van de Wiele et al. 2017).

Au-delà de la valence cartographie du risque, cette première étude nous a permis d'identifier « la densité de mouvements de lots de canards » comme variable d'intérêt sur laquelle l'étude suivante portera spécifiquement.

## Réseau de mouvements de lots de canard et risque d'infection

Suite à ces premiers résultats, une étude (Guinat et al. 2020) a été mise en place afin de mieux quantifier le rôle des mouvements de canards à foie gras entre élevages dans la distribution des foyers d'IAHP H5N8 observés dans cette même espèce. Cette étude s'est basée sur les outils d'analyse des réseaux, souvent utilisés pour décrire les mouvements d'animaux entre élevages (Magalhaes et al. 2012, Poolkhet et al. 2020, Rautureau et al. 2012, Relun et al. 2016, Salines et al. 2017), et plus particulièrement une approche basée sur des tests de permutation (Soares Magalhães et al. 2010; Bouchez-Zacria, Courcou, and Durand 2018). Ces outils ont été appliqués à un jeu de données combinant des informations relatives à la distribution des foyers (localisation de l'élevage, date d'infection) et d'autres relatives aux mouvements de lots de canards à foie gras opérés entre élevages. Comme les restrictions de mouvements ont été renforcées à partir du 2 février 2017, nous n'avons retenu pour cette analyse que les données entre le début de l'épizootie (début novembre 2016) et le 2 février 2017.

L'hypothèse à tester était que si les foyers résultaient d'une propagation du virus via le réseau de mouvements, le nombre moyen d'élevages infectés en contact avec un élevage infecté dans le réseau de mouvements serait beaucoup plus élevé que celui attendu si les élevages infectés étaient répartis de manière aléatoire dans le réseau. Dans cette analyse, nous avons défini un mouvement à risque d'infection comme un mouvement de lot de canards provenant d'un élevage infecté (l'expéditeur) dans les quatorze jours précédant sa date de suspicion et dirigé vers un élevage infecté (le destinataire) dans les quatorze jours précédant sa date de suspicion. Nous avons ensuite comparé le nombre moyen de mouvements à risque par élevage infecté avec la distribution du nombre de mouvements attendus sous l'hypothèse nulle, c'est-à-dire si les dates de suspicion étaient réparties aléatoirement entre les élevages infectés du réseau de mouvements.

Afin d'évaluer le rôle du réseau de proximité spatio-temporelle, nous avons adapté ce test en calculant la statistique suivante : le nombre moyen d'élevages de canards infectés à des dates proches dans le temps (différences de dates de suspicion de moins de quatorze jours) et qui sont proches dans l'espace (tous deux situés dans un rayon de dix km (Guinat et al. 2018)) par élevage infecté. Grâce à ces deux analyses nous avons identifié les origines probables des infections des élevages en calculant la proportion d'élevages de canards infectés identifiés comme destinataires dans la liste des mouvements à risque dans le réseau de mouvements et la proportion d'élevages de canards infectés pour lesquels au moins un élevage infecté proche dans le temps et

l'espace d'un autre élevage infecté a été identifié dans le réseau de proximité.

L'analyse a permis de décrire un total de 6 521 mouvements de lots de canards à foie gras, opérés entre 1 988 élevages (ce qui représente près de 94,8% des élevages de canard à foie gras ayant envoyé ou reçu au moins un lot au cours de l'épizootie), dont 104 élevages infectés, sur la période du 1<sup>er</sup> novembre 2016 au 2 février 2017. Parmi l'ensemble de ces mouvements, seulement seize (0,2 %) ont été identifiés comme étant à risque (Figure 2).

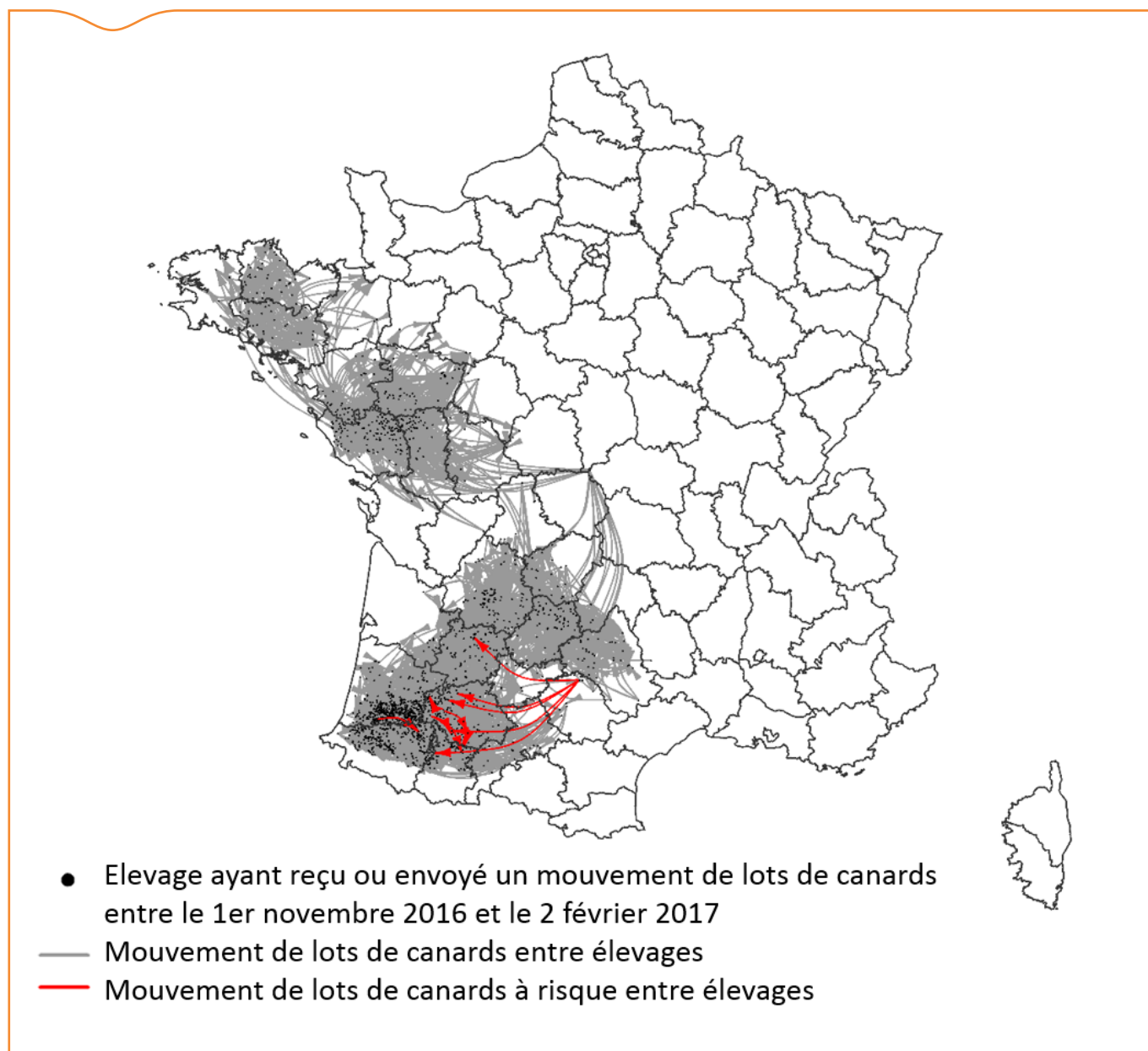
Ces mouvements ont essentiellement eu lieu d'ateliers de prêt-à-gaver vers des ateliers de gavage, au tout début de l'épizootie (fin novembre 2016), avant que les restrictions de mouvements de lots ne soient mises en place. La plupart de ces mouvements à risque provenaient du cas index reporté au début de l'épizootie (fin novembre 2016). Malgré leur faible nombre, ces mouvements pourraient donc avoir joué un rôle crucial dans le déclenchement et la propagation de l'épizootie dans différents départements du sud-ouest de la France dans sa phase initiale (Figure 2). Au total, les résultats montrent que seuls 14,4 % (15/104) des élevages infectés avant le 2 février 2017 seraient

**Tableau 1.** Contribution des réseaux de mouvements de lots de canards à foie gras et de proximité dans les événements de transmission du virus IAHP H5N8 entre élevages, France, 1<sup>er</sup> novembre 2016-2 février 2017

Origine probable d'infection	Nombre d'élevage infecté (%)
Réseau de mouvements	11 (10,6)
Réseau de proximité	65 (62,5)
Réseaux de mouvements et proximité	4 (3,8)
Autre	24 (23,1)

imputables aux mouvements de palmipèdes vivants opérés au sein du réseau alors que 66,3 % (69/104) seraient imputables à la proximité spatio-temporelle (Tableau 1).

Cette faible contribution du réseau de mouvements dans la propagation du virus pourrait s'expliquer par la mise en place rapide de stratégies de contrôle et de restrictions de mouvements après la détection des premiers foyers (DGAL 2017a, 2017b). Ces résultats viennent appuyer les mesures mises en place par les autorités françaises en collaboration



**Figure 2.** Distribution spatiale des mouvements de lots de canards à risque, c'est à dire identifiés comme potentiellement responsables des événements de transmission du virus IAHP H5N8 entre élevages *via* le réseau de mouvements de lots de canards, France, 1<sup>er</sup> novembre 2016 - 2 février 2017

avec les organisations de production afin de renforcer la biosécurité pendant le transport des canards suite aux vagues successives de foyers d'IAHP (DGAL 2017c). Une proportion plus élevée d'exploitations (66,3 %) aurait été infectée via le réseau de proximité (c'est-à-dire situées à moins de dix km d'un élevage infecté), ce qui corrobore les résultats de travaux de recherche antérieurs qui avaient identifié la propagation locale comme une voie de transmission prédominante au début de l'épizootie, c'est-à-dire avant février 2017 (Guinat et al. 2017). Les facteurs épidémiologiques sous-jacents (parmi lesquels le partage des équipements, l'équarrissage, les livraisons de gaz et d'aliments, les mouvements des équipes d'attrapage, etc.) aux transmissions de proximité spatio-temporelle ou en relation avec les 23,1% des élevages pour lesquels l'origine de l'infection a été attribuée à des voies autres que les réseaux de mouvements ou de proximité restent difficiles à élucider.

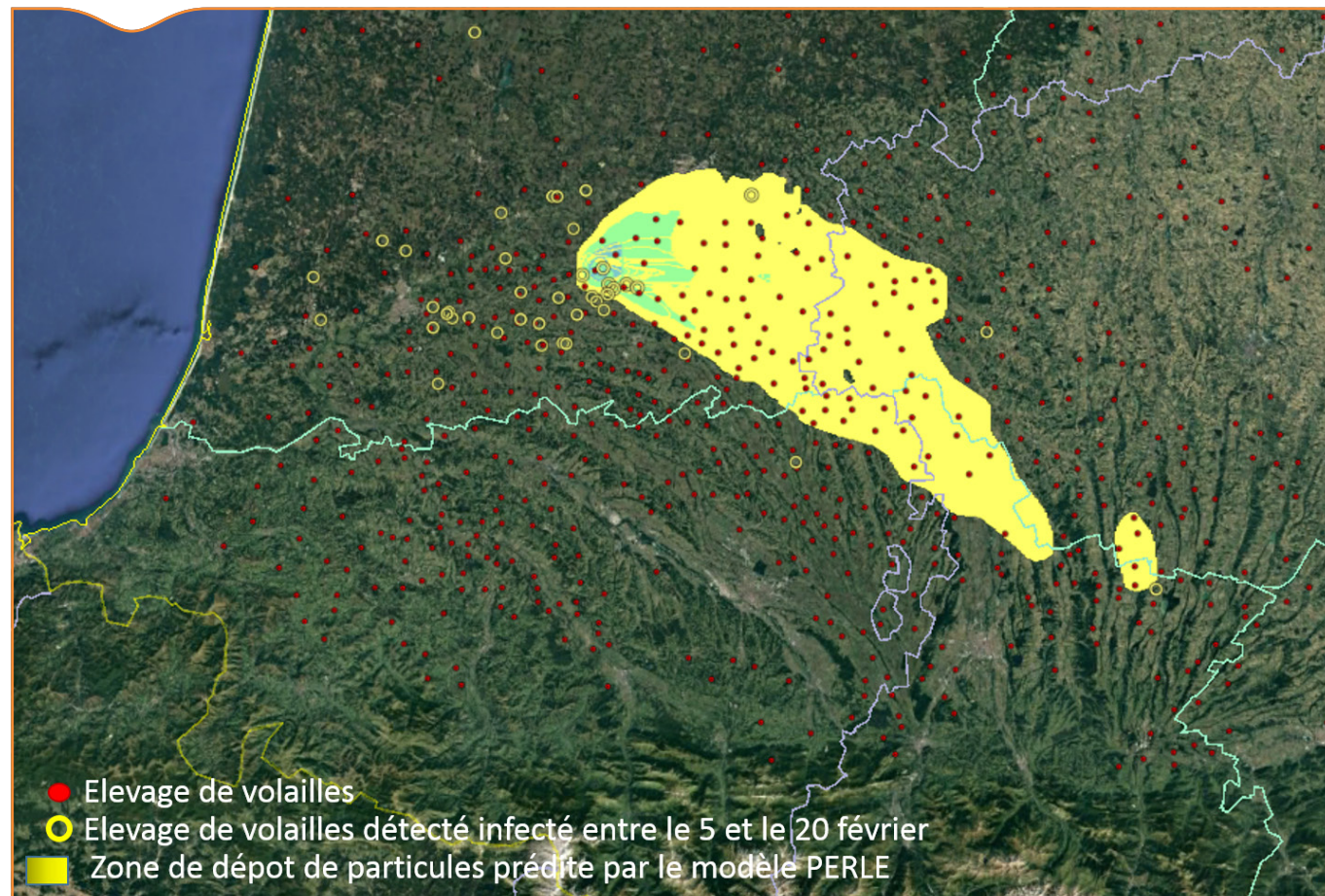
## Dispersion aérienne du virus IAHP H5N8 et risque d'infection

De précédents travaux ont mis en évidence une accélération très nette de la vitesse de propagation du virus lors des semaines du 13 et 20 février 2017 (Guinat et al. 2018). Le rôle d'événements météorologiques (tempêtes Leiv, Kurt et Marcel) survenus entre le 3 et 5 février 2017 dans le département de Landes a souvent été évoqué par les acteurs de terrain comme potentiel facteur de diffusion du virus à cette période. Afin de tester cette hypothèse, et d'affiner les connaissances relatives aux différentes voies de diffusion du virus, une collaboration a été mise en place avec Météo-France, l'agence météorologique française. L'objectif était d'étudier la dispersion aérienne potentielle du virus de l'IAHP H5N8 entre les élevages de volailles du sud-ouest de la

France pendant une période à risque. Le modèle PERLE ([http://www.meteorologie.eu.org/CMC/web\\_CMC\\_extranet\\_fixe/fr\\_doc\\_perle.html](http://www.meteorologie.eu.org/CMC/web_CMC_extranet_fixe/fr_doc_perle.html)), un modèle de dispersion atmosphérique développé par Météo-France, a été utilisé pour générer la zone d'infection prédite d'infection à partir d'un point source, défini par un élevage de volailles infecté entre le 3 et le 5 février 2017. L'hypothèse était que le virus de l'IAHP se dispersait dans l'air à partir d'un point source via des particules de poussière vectrices du virus (Zhao et al. 2014). Le modèle PERLE a été exécuté le 5 février 2017, jour où les vents les plus forts ont été observés, libérant des particules de poussière de 10µm à une hauteur de 0-10m au-dessus du sol à partir du point source avec un débit constant de 1g/h (Jonges et al. 2015; Schofield et al. 2005; Ssematimba, Hagenaaers, and Jong 2012). La zone à risque d'infection prédite par le modèle a ensuite été comparée avec les emplacements géographiques des élevages de volailles infectés qui ont été reportés au cours des deux semaines suivantes (du 5 au 20 février 2017).

Les résultats montrent que la distribution spatiale des particules de virus d'IAHP H5N8 prédite par le modèle était orientée est-sud-est en fonction de la direction du vent (Figure 3).

Cela contraste avec la distribution spatiale des foyers d'IAHP H5N8 reportés du 5 au 20 février 2017, qui se sont propagés vers l'ouest. Ces observations suggèrent que, bien que la présence d'ARN viral ait pu être détectée dans des échantillons d'air situés à proximité immédiate de bâtiments de volailles (Scoizec et al. 2018), suggérant l'hypothèse d'une contamination de proche en proche possible par voie aérienne, la voie aérienne n'était pas suffisante pour expliquer la distribution spatiale des foyers sur de grandes distances dans le sud-ouest de la France au début du mois de février 2017. Bien que l'analyse de sensibilité ait montré que la variation des valeurs des paramètres du modèle n'affecte pas la distribution spatiale de la zone prédite par le modèle,



**Figure 3.** Distribution spatiale des particules de virus d'IAHP H5N8 (gradient de couleur) prédite par le modèle PERLE à partir d'un point source et distribution spatiale des foyers (cercles jaunes) reportés du 5 au 20 février 2017. Les points rouges représentent les élevages de volailles susceptibles pendant l'épizootie de 2016-2017

ces résultats doivent être néanmoins considérés comme indicatifs, étant donné le niveau d'incertitude lié aux paramètres d'entrée du modèle et aux données épidémiologiques des enquêtes sur les foyers.

## Conclusion

Les épizooties d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP), ayant successivement frappé la France lors des hivers 2015-2016 et 2016-2017 ont fortement affecté les filières avicoles.

Les travaux conduits jusqu'ici éclairent certaines facettes de l'épizootie due au virus H5N8 survenue lors de l'hiver 2016-2017. Les travaux de cartographie du risque ont permis une première évaluation spatialisée du risque influenza en France pour cette période ; bien que ces travaux restent informatifs au regard de la situation actuelle, une mise à jour – intégrant les dernières données de distribution des élevages – serait nécessaire afin d'affiner et actualiser l'évaluation des niveaux de risque. Les résultats suggèrent aussi que certaines voies de transmission (voie aéroportée et interface avifaune / zones humides) ont probablement joué un rôle limité dans la propagation du virus sur le territoire. Les résultats montrent aussi que les mouvements de palmipèdes ont, quant à eux, joué un rôle clé principalement au moment du déclenchement de l'épizootie, dans sa phase initiale. Il convient cependant de souligner qu'une proportion importante des événements de transmission reste à ce jour expliquée par la simple proximité spatiale entre élevages. Il est donc nécessaire de poursuivre les recherches sur l'évaluation des facteurs de risque de transmission entre les exploitations. L'intégration des données génétiques et épidémiologiques via des outils phylogénétiques apparaît à ce jour prometteuse pour aider à mieux comprendre les modes de transmission de l'IAHP et reconstruire les chaînes de transmission. Les résultats viennent appuyer les mesures de prévention prises dans les élevages pour éviter l'introduction du virus en période de risque élevé (i.e. la claustration des élevages de plein-air) et la propagation du virus via le renforcement des mesures de biosécurité, en élevage et lors des transports (notamment le nettoyage et la désinfection des caisses de transport et des véhicules). Dans ce contexte, la collaboration entre les professionnels de l'élevage et les services de l'Etat revêt une importance cruciale pour la prévention et la maîtrise des risques associés aux virus de l'influenza aviaire.

## Remerciements

Les auteurs remercient la Direction Générale de l'Alimentation (DGAL, France) du Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation (MAA) et le Comité Interprofessionnel des Palmipèdes à Foie Gras (CIFOG, France) pour le partage des données. Ce travail a été conduit dans le cadre de la Chaire de biosécurité aviaire de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse (ENVT, France), financée par le MAA. Cette étude a été financée par le People Programme (Marie Curie Actions) du European Union's Seventh Framework Programme (FP7/2007-2013) dans le cadre de la convention de subvention REA n. PCOFUND-GA-2013-609102, à travers le programme PRESTIGE coordonné par Campus France ainsi que par le projet FEDER/Région Occitanie Recherche et Sociétés 2018 – AI – TRACK.

## Références bibliographiques

Bertran K., Swayne D.E., Pantin-Jackwood M.A., Kapczynski D. A.; Spackman E., and Suarez D. L. 2016. "Lack of Chicken Adaptation of Newly Emergent Eurasian H5N8 and Reassortant H5N2 High Pathogenicity Avian Influenza Viruses in the US Is Consistent with Restricted Poultry Outbreaks in the Pacific Flyway during 2014–2015." *Virology* 494: 190–97.

Bouchez-Zacria M., Courcoul A., Durand B. 2018. "The Distribution of Bovine Tuberculosis in Cattle Farms Is Linked to Cattle Trade and Badger-Mediated Contact Networks in South-Western France, 2007–2015." *Frontiers in Veterinary Science* 5 (July). <https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00173>.

Bronner A., Niqueux E., Schmitz A., Le Bouquin S., Huneau-Salaün A., Guinat C., Paul M., Courcoul A., Durand B. 2017. "Description de l'épisode d'influenza aviaire hautement pathogène en France en 2016-2017." *Bulletin Épidémiologique, Santé Animale et Alimentation*, no. 79: 13–17.

DGAL. 2008. "Arrêté Du 18 Janvier 2008 Fixant Des Mesures Techniques et Administratives Relatives À La Lutte Contre L'influenza Aviaire [Available at: <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000017958300> [Accessed in December 2019]]."

———. 2017a. "Arrêté Du 4 Janvier 2017 Définissant Les Zones Géographiques Dans Lesquelles Un Abattage Préventif Est Ordonné En Application De L'arrêté Du 4 Janvier 2017 Relatif Aux Mesures Complémentaires Techniques et Financières Pour La Maîtrise De L'épizootie D'influenza Aviaire Due Au Virus H5N8 Dans Certains Départements . [Available at: <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000033793904&fastPos=32&fastReqId=1447282691&categorieLien=cid&oldAction=rechTexte> (Accessed in May 2019)]."

———. 2017b. "Arrêté Du 31 Mars 2017 Déterminant Des Dispositions de Prévention, de Surveillance et Lutte Complémentaires Contre L'influenza Aviaire Hautement Pathogène Dans Certaines Parties Du Territoire. [Available at: <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000034330812&fastPos=17&fastReqId=1447282691&categorieLien=id&oldAction=rechTexte> (Accessed in May 2019)]."

———. 2017c. "Le Pacte de Lutte Contre L'influenza Aviaire et de Relance de La Filière Foie Gras [Available at: <http://agriculture.gouv.fr/Le-Pacte-de-Lutte-Contre-Linfluenza-Aviaire-et-de-Relance-de-La-Filiere-Foie-Gras> (Accessed in May 2017)]." 2017.

Elith J., Leathwick J.R., Hastie T. 2008. "A Working Guide to Boosted Regression Trees." *Journal of Animal Ecology* 77: 802–13. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2008.01390.x>.

Gilbert M., Pfeiffer D. U. 2012. "Risk Factor Modelling of the Spatio-Temporal Patterns of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAIV) H5N1: A Review." *Spatial and Spatio-Temporal Epidemiology* 3 (3): 173–83. <https://doi.org/10.1016/j.sste.2012.01.002>.

Guinat C., Artois J., Bronner A., Guérin J.L., Gilbert M., Paul M.C. 2019. "Duck Production Systems and Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 in France, 2016–2017." *Scientific Reports* 9 (1): 6177.

Guinat C., Durand B., Corre T., Rautureau S., Scoizec A., Lebouquin-Leneveu S., Guérin J.L., Paul M.C.. 2020. "Role of Live-Duck Movement Networks in Transmission of Avian Influenza, France, 2016–2017." *Emerg Infect Dis.* 26 (3). <https://doi.org/https://doi.org/10.3201/eid2603.190412>.

Guinat C., Nicolas G., Vergne T., Bronner A., Durand B., Courcoul A., Gilbert M., Guérin J.L., and Paul M.C.. 2017. "Dynamique de Propagation Du Virus Influenza Aviaire Hautement Pathogène (IAHP) Sous-Type H5 (Clade 2.3.4.4) Chez Les Volailles Domestiques En France 2016-2017." *Bulletin Épidémiologique, Santé Animale et Alimentation*, no. 79.

———. 2018. "Spatio-Temporal Patterns of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus Subtype H5N8 Spread, France, 2016 to 2017." *Eurosurveillance* 23 (26). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.26.1700791>.

Jonges M., Van Leuken J., Wouters I., Koch G., Meijer A., Koopmans M. 2015. "Wind-Mediated Spread of Low-Pathogenic Avian Influenza Virus into the Environment during Outbreaks at Commercial Poultry Farms." *PLOS ONE* 10 (5): e0125401. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0125401>.

Magalhaes, Ricardo J. Soares, Xiaoyan Zhou, Beibei Jia, Fusheng Guo, Dirk U. Pfeiffer, et Vincent Martin. "Live poultry trade in Southern China provinces and HPAIV H5N1 infection in humans and poultry: the role of Chinese New Year festivities." *PLoS One* 7, no. 11 (2012): e49712.

Poolkhet, C., P. Chairatanayuth, S. Thongratsakul, N. Yatbantoong, S. Kasemsuan, D. Damchoey, and T. Rukkamsuk. "Social network analysis for assessment of avian influenza spread and trading patterns of backyard chickens in Nakhon Pathom, Suphan Buri and Ratchaburi, Thailand." *Zoonoses and public health* 60, no. 6 (2013): 448-455.

Rautureau S., Dufour B., Durand B.. 2012. "Structural Vulnerability of the French Swine Industry Trade Network to the Spread of Infectious Diseases." *Animal* 6 (7): 1152–62. <https://doi.org/10.1017/S1751731111002631>.

Relun A., Grosbois V., Sánchez-Vizcaíno J. M., Alexandrov T., Feliziani F., Waret-Szkuta A., Molia S., Etter E. M. C., Martínez-López B. 2016. "Spatial and Functional Organization of Pig Trade in Different European Production Systems: Implications for Disease Prevention and Control." *Frontiers in Veterinary Science* 3: 4.

Salines M., Andraud M., Rose N. 2017. "Pig Movements in France: Designing Network Models Fitting the Transmission Route of Pathogens." *PloS One* 12 (10).



- Schofield L., Ho J., Kournikakis B., Booth T. 2005. "Avian *Influenza* Aerosol Sampling Campaign in the British Columbia Fraser Valley, 9–19 April 2004." *National Microbiology Laboratory PaPHB, Health Canada*.
- Scoizec A., Niqueux E., Thomas R., Daniel P., Schmitz A., Le Bouquin S. 2018. "Airborne Detection of H5N8 Highly Pathogenic Avian *Influenza* Virus Genome in Poultry Farms, France." *Frontiers in Veterinary Science* 5. <https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00015>.
- Soares M., Ricardo J., Ortiz-Pelaez A., Lan Lai Thi K., Hoang Dinh Q., Otte J., Pfeiffer D. U. 2010. "Associations between Attributes of Live Poultry Trade and HPAI H5N1 Outbreaks: A Descriptive and Network Analysis Study in Northern Vietnam." *BMC Veterinary Research* 6 (1): 10. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-6-10>.
- Ssematimba A., Hagensars T. J., de Jong M. C. M. 2012. "Modelling the Wind-Borne Spread of Highly Pathogenic Avian *Influenza* Virus between Farms." *PLOS ONE* 7 (2): e31114. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0031114>.
- Van De Wiele A., Humeau A., Bronner A. C., Guillemain M., Le Loc'h, Guérin J. L., Cauchard J., Mercier A., Calavas D. 2017. "Episode H5N8 D'influenza Aviaire En France En 2016-2017: Quel Rôle Pour La Faune Sauvage?" *Bulletin Epidémiologique*, no. 79: 27–31.
- Zhao Y., Aarnink A. J. A., De Jong M. C. M., Groot P. W. G. Koerkamp. 2014. "Airborne Microorganisms From Livestock Production Systems and Their Relation to Dust." *Critical Reviews in Environmental Science and Technology* 44 (10): 1071–1128. <https://doi.org/10.1080/10643389.2012.746064>.





# Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

2021

La migration des anatidés : patron général, évolutions, et conséquences épidémiologiques.  
*Wildfowl migration, general pattern, changes, and epidemiological consequences.*

Matthieu Guillemain<sup>(1)\*</sup>, Betty Plaquin<sup>(1)</sup>, Alain Caizergues<sup>(2)</sup>, Léo Bacon<sup>(1)</sup>, Anne Van De Wiele<sup>(3)</sup>

Auteur correspondant : matthieu.guillemain@ofb.gouv.fr

(1) Office Français de la Biodiversité, Unité Avifaune Migratrice, Arles, France

(2) Office Français de la Biodiversité, Unité Avifaune Migratrice, Nantes, France

(3) Office Français de la Biodiversité, Unité Sanitaire Faune, Auffargis, France

\* Correspondance : OFB, La Tour du Valat, Le Sambuc, 13200 Arles, France

## Résumé

Les migrations sont un évènement clé du cycle annuel de nombreuses espèces d'oiseaux. Elles peuvent se heurter aux activités humaines (pollutions lumineuses, altérations des aires d'accueil des oiseaux). Certains oiseaux migrateurs sont les hôtes potentiels d'un certain nombre d'agents pathogènes pouvant potentiellement affecter la santé animale et humaine, et avoir des conséquences économiques majeures. Les anatidés (canards, oies et cygnes) sont connus pour véhiculer en particulier l'influenza aviaire, qui peut menacer les élevages avicoles. Leurs migrations ont été particulièrement étudiées, ce qui en fait un modèle épidémiologique intéressant pour comprendre le rôle des oiseaux en général dans la propagation des maladies. Cet article décrit l'immense étendue géographique fréquentée en Eurasie et en Afrique par les anatidés présents en France à un moment ou à un autre de leur cycle annuel. Il expose également les différents comportements migratoires et autres mouvements de ces oiseaux, ainsi que la manière selon laquelle le changement climatique affecte aujourd'hui ces déplacements, afin de mieux comprendre comment ce phénomène biologique majeur peut être impliqué dans la transmission de certaines maladies et l'exposition de la France à cet égard.

## Mots-clés :

migrations, agents pathogènes, hôtes, anatidés, Eurasie, Afrique

## Abstract

### **Wildfowl migration, general pattern, changes, and epidemiological consequences**

Migrations are a key event in the annual cycle of many bird species. Migrations can be affected by human activities (light pollution, habitat change at stopover sites), but migratory birds are also potential hosts of a number of pathogens that can potentially impact animal and human health, and economy. Wildfowl (ducks, geese and swans) are known carriers of avian influenza, in particular, which may be a threat to poultry farms. Wildfowl migrations have been studied in detail, so that they are good epidemiological models for the role of birds as propagators of diseases in general. This paper describes the immense geographic area used in Eurasia and Africa by the wildfowl present in France for a part of their annual cycle. It also explains the various migratory and non-migratory movements of these birds, and the way climate change is currently affecting these and their epidemiological consequences, in order to better understand how this major biological event can play a role in the transmission of some diseases, and the particular exposure of France.

## Keywords:

migrations, pathogens, hosts, wildfowl, Eurasia, Africa

## Introduction

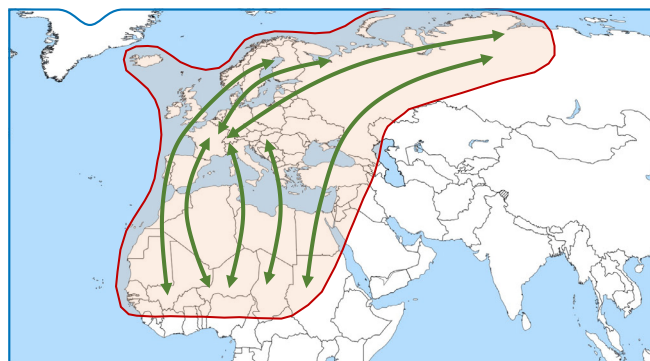
La migration est un processus largement répandu dans le monde vivant, qui a évolué sur le long terme en réponse aux changements de l'environnement quand les glaciations rendaient certaines zones inaccessibles, en particulier. On peut la définir comme le mécanisme conduisant tout ou partie des individus d'une population à se déplacer périodiquement et de manière assez prédictible entre des zones de reproduction et des zones d'hivernage distinctes (Newton 2010). Chez les oiseaux le phénomène de migration est particulièrement répandu et concerne un grand nombre d'espèces. Ainsi les laridés (sternes, mouettes, goélands) et certains petits passereaux sont connus pour effectuer des migrations extraordinaires : la sterne arctique (*Sterna parasaea*) est capable de parcourir deux fois par an 22 000 km entre l'hémisphère nord et l'hémisphère sud. Le présent article se focalise sur la migration et plus généralement sur les déplacements des anatidés (canards, oies et cygnes), parce qu'ils sont assez représentatifs de ce qu'on peut observer chez les oiseaux en général et qu'ils ont été particulièrement bien étudiés. La collecte de matériel biologique est aisée chez ces oiseaux car ils s'élèvent facilement en captivité, et parce que les individus sauvages sont régulièrement capturés vivants lors d'opérations de baguage ou sont prélevés à la chasse pour certaines espèces. Ainsi, leur rôle d'hôte a été démontré pour un certain nombre d'agents pathogènes tels que l'influenza aviaire, les virus West Nile et Usutu, ou certains coronavirus (Jourdain 2006, Olsen *et al.* 2006).

## Grandes aires de distribution des Anatidés présents en France

Une multitude de comportements migratoires existent chez les anatidés. Certains sont essentiellement résidents et migrent peu ou pas du tout (cas du cygne tuberculé *Cygnus olor*), d'autres sont dits migrateurs partiels et comprennent des individus (ou populations) sédentaires et d'autres migrateurs (cas du fuligule milouin *Aythya ferina* où certains individus sont migrateurs et d'autres pas). Chez la majorité des espèces l'ensemble des individus effectuent cependant la migration, on parle alors de migrateurs obligatoires. Chez les anatidés, les zones de reproduction et d'hivernage se chevauchent fréquemment. Autrement dit, une région du globe peut être utilisée comme zone d'hivernage par certains individus et comme zone de reproduction par d'autres individus de la même espèce, voire simplement comme halte migratoire entre les deux. Ceci est particulièrement le cas des zones géographiques situées à moyenne latitude. Chez les canards plongeurs (*Aythya* spp.) par exemple, la France est utilisée comme zone d'hivernage pour les individus provenant des zones de reproduction les plus nordiques et orientales, comme halte migratoire pour les individus provenant de zones intermédiaires, hivernant parfois jusqu'en Afrique, et comme zone de reproduction par certains individus.

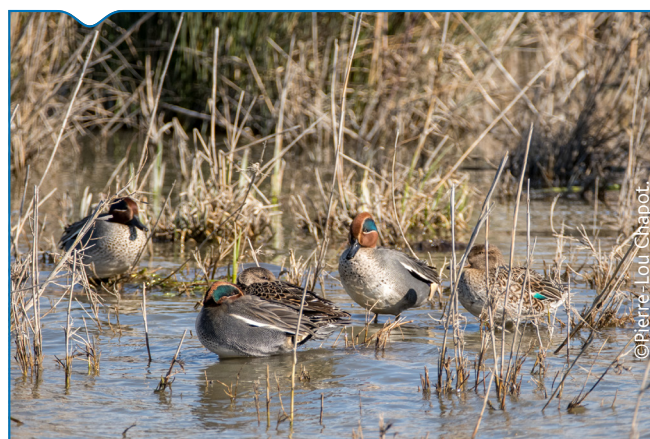
Enfin, les distances de migrations peuvent grandement varier selon les individus au sein d'une même population (en fonction des stratégies qu'ils adoptent), selon les populations au sein d'une même espèce (en fonction de leur origine géographique) et bien sûr selon les espèces (en fonction de leur patron de distribution géographique), allant de quelques dizaines à plusieurs milliers de kilomètres. Les anatidés ont été très étudiés depuis des dizaines d'années, en particulier par la pose de bagues, ce qui a permis de délimiter assez précisément les aires de distribution des différentes espèces (voir Scott & Rose 1996).

La combinaison des données disponibles montre que la zone géographique couverte par les anatidés présents en France à un moment ou l'autre du cycle biologique s'étend de l'Afrique subsaharienne au Nord de la Scandinavie et de l'Islande, jusqu'au-delà de l'Oural en Russie (Figure 1).



**Figure 1.** Zone géographique couverte par l'ensemble des aires de distribution des anatidés présents en France à un moment de l'année, de la reproduction à l'hivernage (toutes espèces confondues, d'après les cartes de Scott & Rose 1996). Les flèches indiquent schématiquement les types de déplacements entre les différentes zones.

Dans cette vaste zone, les oiseaux sont susceptibles d'avoir fréquenté à peu près tous les types de zones humides, à l'exception de celles situées à très haute altitude (voir pour la sarcelle d'hiver *Anas crecca* en Figures 2 et 3).



**Figure 2.** Sarcelles d'hiver *Anas crecca* (2 femelles et 3 mâles en plumage nuptial).

Ces caractéristiques relient entre elles au plan épidémiologique des zones géographiques très éloignées, directement ou de proche en proche, *via* des contacts entre individus de populations différentes qui se croiseraient sur les zones d'hivernage, de reproduction ou durant la migration. Des agents pathogènes peuvent potentiellement être transportés par les anatidés jusqu'à la France depuis à peu près n'importe quelle zone humide d'Europe, d'Afrique et d'Asie Centrale, et inversement (Figure 1). Dans l'extrême Est de cette zone les canards qui ont hiverné en Europe côtoient sans aucun doute possible pendant leur période de reproduction des individus hivernant en Inde, Chine et Asie du Sud-Est, avec la possibilité d'échanger des agents pathogènes.

En outre, les mouvements migratoires vers les zones d'hivernage favorisent la concentration des oiseaux. Ainsi, la sarcelle d'hiver passe d'une densité de 100 individus par hectare dans les meilleures zones de reproduction à 30 à 40 individus au mètre-carré (300 à 400 000 par hectare) dans les zones d'hivernage (Tamisier & Dehorter 1999). Cette promiscuité est susceptible de faciliter la transmission d'agents pathogènes. Les zones les plus favorables rassemblent en outre une large variété d'espèces, ce qui augmente aussi la probabilité de transmission interspécifique.

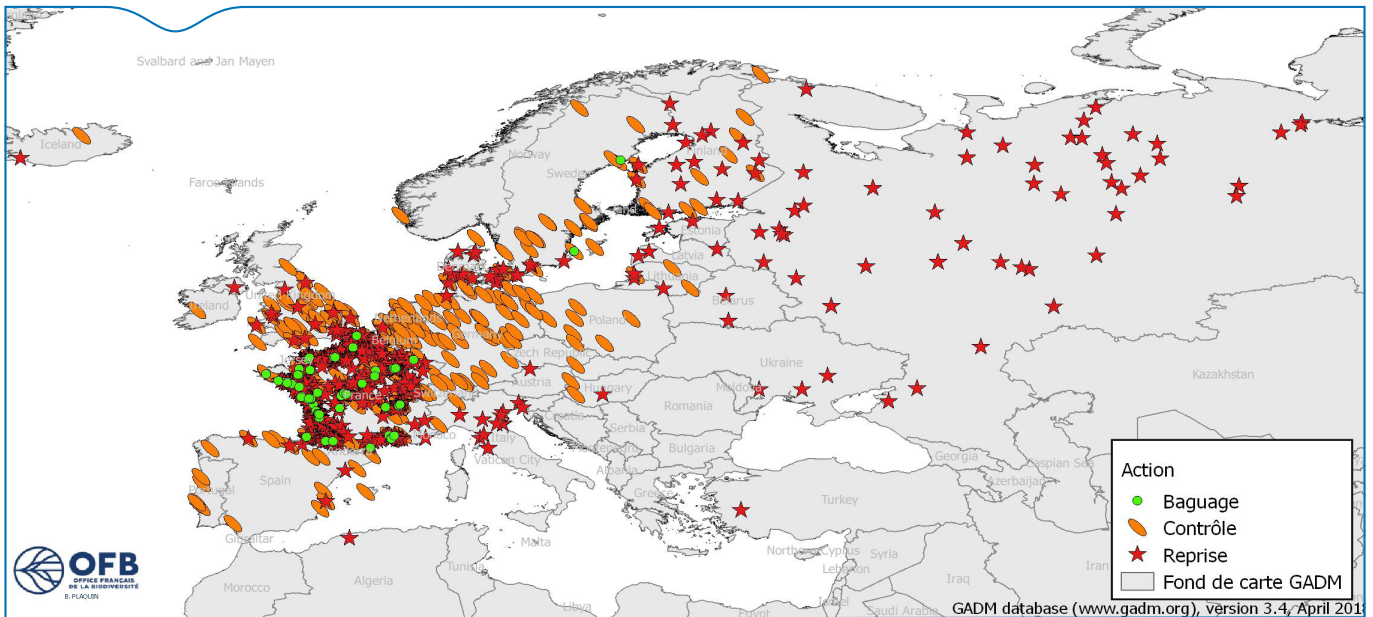


Figure 3. Répartition des sarcelles d'hiver (*Anas crecca*) marquées depuis 2003 dans le cadre du programme de baguage mené par l'OFB. Contrôle = recapture ou ré-observation d'un oiseau marqué vivant. Reprise = récupération mort d'un oiseau bagué ou marqué.

## Chronologie, directions et distances du processus migratoire

La migration des oiseaux est le plus souvent contrôlée par des processus endocriniens en lien avec la photopériode, de sorte que les mouvements migratoires d'une espèce donnée ont toujours lieu plus ou moins aux mêmes périodes de l'année. Le cœur de la migration postnuptiale des anatidés vers le sud ou le sud-ouest a lieu en automne durant une période centrée sur les mois de septembre à novembre, et la migration prénuptiale vers le nord ou le nord-est de février à avril. Certaines espèces migrent plus tôt que d'autres (détails à trouver dans l'*Atlas des migrateurs* à paraître, encadré ci-dessous). Au sein d'une même espèce une forte hétérogénéité peut exister entre individus. Les toutes premières sarcelles d'hiver venant hiverner en Camargue arrivent dès les mois de juillet ou d'août, alors que les dernières ne sont pas là avant fin novembre voire décembre (Guillemain & Elmberg 2014).

La migration permet de fuir les conditions hivernales défavorables dans les zones de reproduction septentrionales, pour y retourner ensuite se reproduire et profiter de l'abondance de nourriture en période

estivale. Selon leur taille corporelle, et suivant la loi de Bergmann (1847), toutes les espèces ne sont pas sensibles de la même manière aux baisses de température. Cela se traduit par des comportements migratoires différents : une grosse espèce telle que le canard colvert aura tendance à essayer de rester le plus près possible de l'isotherme zéro degré, et migrera plus ou moins loin en fonction des températures d'un hiver donné, par une succession de petits déplacements vers le sud. Au contraire la sarcelle d'hiver, qui est plus sensible aux baisses de températures du fait de sa petite taille, aura tendance à prendre une plus grande marge de sécurité et migrer directement et plus tôt à de plus grandes distances des zones qui deviendront froides en hiver (Dalby 2013). Les contraintes environnementales et physiologiques (échapper graduellement au froid, tenter d'aller se reproduire dès que possible) font que la migration postnuptiale est en général plus lente pour chaque individu et étalée sur une période plus longue à l'échelle d'une population, alors que la migration prénuptiale sera plus rapide et concentrée sur une période plus courte (Guillemain et al. 2006, Figure 4).

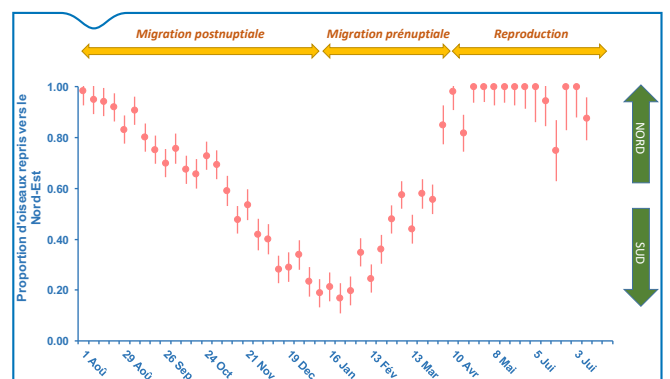


Figure 4. Phénologie de la migration des anatidés : l'exemple de la sarcelle d'hiver. La proportion d'oiseaux repris au nord-est de leur zone de baguage en France au cours de l'année illustre leurs mouvements migratoires. On notera qu'il y a presque toujours des oiseaux en mouvement (pas de période « plate ») entre deux saisons de reproduction, et que la migration prénuptiale au printemps est plus rapide (pente plus raide) que la migration postnuptiale à l'automne. D'après Guillemain et al. (2006).

### La bible de la migration à paraître en 2021

Fruit du travail de dizaines de chercheurs et d'ornithologues amateurs, piloté par la Ligue pour la protection des oiseaux, l'*Atlas des migrateurs* devrait paraître en 2021. Edité par le Muséum national d'histoire naturelle et Biotopie, avec le concours scientifique de l'Office français de la biodiversité, cet ouvrage de référence présentera dans des chapitres généraux le processus migratoire et les méthodes pour l'étudier, avant d'examiner en détail la migration de près de 330 espèces via des monographies dédiées. Il fera pour la première fois la synthèse de la totalité des connaissances acquises par le baguage, les balises satellites, les recensements et toutes les données de sciences participatives disponibles.

Les mouvements individuels peuvent être extrêmement rapides et sur de très grandes distances : ainsi une sarcelle d'hiver détectée grâce à son émetteur VHF au Danemark un soir a été reprise à la chasse le lendemain en France, à 1 300 km (Clausen *et al.* 2002). Certains oiseaux de cette espèce ont été repris à plus de 5000 km de leur lieu de baguage, par exemple entre la Russie et le Maroc (Guillemain & Elmberg 2014). En termes épidémiologiques, et selon l'impact du virus sur leurs capacités motrices, on peut donc supposer que ces oiseaux sont éventuellement capables de disperser les agents pathogènes sur de longues distances en peu de temps, pendant les périodes migratoires (Lebarbenchon *et al.* 2009).

Les anatidés étant très ubiquistes dans le choix de leurs habitats, ils peuvent potentiellement utiliser toutes les zones humides de leur aire de distribution. La migration se fait donc souvent le long d'un large front plutôt que *via* une ou quelques voies de migration très étroites. Cependant on observe chez plusieurs espèces une migration en boucle en Europe de l'Ouest. Au sein de ces larges fronts on peut noter une plus grande proportion d'oiseaux qui arrive à l'automne en suivant les côtes de la Baltique, de la Mer du Nord et de la Manche, et une plus grande proportion qui remonte au printemps par le Sud des Alpes et le centre de l'Europe (Calenge *et al.* 2010). Les volumes de migrants sont aussi très différents entre l'automne et le printemps, avec des individus à statut immunitaire variable : ainsi la présence de nombreux jeunes oiseaux immunologiquement naïfs durant la migration postnuptiale peut avoir des conséquences majeures sur les risques de transmission et d'importation de virus.

En complément de trajets migratoires usuels du nord-est (l'été) vers le sud-ouest (l'hiver), le marquage individuel a permis de démontrer certaines particularités de la migration des fuligules (*Aythya spp.*) qui nichent en France au printemps : certains individus migrent vers l'est pour rejoindre des zones de mue en Allemagne notamment (à partir du mois de juin), et vers le nord ou l'est (selon le lieu de reproduction) pour passer l'hiver sur les lacs périalpins, aux Pays-Bas et dans les îles Britanniques (Gourlay-Larour *et al.* 2012). De tels déplacements migratoires pourraient expliquer certains patrons de diffusion des virus influenza A, en particulier.

### Les anatidés et l'influenza aviaire

Les anatidés peuvent jouer différents rôles dans l'épidémiologie de l'influenza aviaire : révélateur ou sentinelles, réservoir, propagateurs. En fonction de l'espèce et de la souche virale, l'expression clinique chez une espèce et son rôle dans la propagation varient. Le portage sans manifestations cliniques rend difficile la compréhension de dynamique de propagation de ces virus. Les cygnes ont toujours joué un rôle très important de révélateurs de la maladie : même si le virus H5N1 tristement célèbre en Europe avait initialement été détecté chez des volailles en Chine du Sud en 1996, puis chez des oiseaux sauvages à Hong-Kong en 2002 et en Mongolie en 2004, c'est la découverte de fuligules milouins (*Aythya ferina*) et de cygnes tuberculés trouvés morts et testés positifs qui a signalé l'arrivée de la maladie en France à l'hiver 2006 et l'été 2007, respectivement. Mais en 2016 pour le nouvel épisode mondial, ce sont d'abord les fuligules morillons (*A. fuligula*) qui en ont pâti en Europe (mais pas en France), avant que le relais ne soit pris par les cygnes et les oies, particulièrement après la période hivernale de gel (Van De Wiele *et al.* 2017). La vague de virus H5N8 actuelle touche cette fois essentiellement des bernaches nonnettes (*Branta leucopsis*) et d'autres anatidés herbivores tels que des canards siffleurs (*Mareca penelope*) le long de la Baltique et de la Mer du Nord, avec quelques cas en France. En fonction de leurs mouvements, de leur sensibilité propre et des conditions environnementales du moment, et aussi des caractéristiques de la souche de virus influenza A incriminée, il n'est donc pas aisé d'identifier une espèce d'anatidés plutôt qu'une autre, comme hôte essentiel de l'influenza aviaire.

## Autres mouvements des anatidés

Dans une vision épidémiologique tous les mouvements comptent, et ceux des anatidés ne se limitent pas aux trajets migratoires. Ces oiseaux présentent en effet, en particulier durant l'hivernage, un mode d'utilisation de l'espace très particulier : les canards se regroupent la journée sur de grands plans d'eau appelés remises, à visibilité dégagée, où ils peuvent satisfaire en sécurité leurs besoins de repos, toilettage et activités sociales (pour la formation des couples) (Figure 5).



Figure 5. Les anatidés hivernants se regroupent la journée sur de grands plans d'eau appelés « remises ».

Les différentes espèces sont alors mélangées. Les individus se dispersent au contraire la nuit en petits groupes vers des zones humides peu profondes pour s'alimenter en fonction des besoins particuliers de chaque espèce, les gagnages. L'ensemble d'une remise et gagnages associés constitue l'*unité fonctionnelle* de ces oiseaux (Tamisier et Dehorter 1999). Chez les oies le processus est souvent inverse, les oiseaux se dispersant pour se nourrir la journée et se regroupant pour le repos la nuit. La distance entre remise et gagnages au sein d'une unité fonctionnelle d'anatidés est très variable selon les espèces et les périodes de la saison, de zéro à quelques dizaines de kilomètres (Johnson *et al.* 2014).

De manière générale, les anatidés changent graduellement de gagnages au cours de l'hiver en fonction de la disponibilité en ressources alimentaires, mais sont fidèles à leur remise sur laquelle ils reviennent chaque jour (Tamisier et Dehorter 1999). Le baguage et le marquage nasal des canards ont récemment permis d'affiner ces connaissances, et de réaliser que tous les individus ne partagent pas nécessairement ce comportement très casanier : si les oiseaux présents dans un quartier d'hivernage donné sont effectivement fidèles à leur remise, on voit aussi que chaque semaine une proportion importante des individus (1/3 des individus chaque semaine pour la sarcelle d'hiver en Camargue) disparaissent d'une remise donnée et sont remplacés par de nouveaux arrivants (Guillemain *et al.* 2010, Caizergues *et al.* 2011). Une partie de ces oiseaux disparus meurent probablement à la chasse ou d'autres causes. Toutefois, une proportion importante d'entre eux est observée dans d'autres régions, illustrant le fait que les populations d'anatidés hivernantes sont traversées en permanence par des flux de migrants, parfois dans toutes les directions (cas des fuligules milouins et morillons se déplaçant vers le nord parfois même au cœur de l'hiver, Gourlay-Larour *et al.* 2012). Il n'est pas facile d'évaluer le volume d'anatidés traversant la France durant une saison d'hivernage, mais chez la sarcelle d'hiver le marquage des oiseaux a permis de démontrer que ce flux d'individus était de l'ordre de deux à trois fois plus important que le nombre d'oiseaux recensés en janvier (Caizergues *et al.* 2011). En considérant que ce ratio soit le même chez toutes les espèces, et qu'environ 900 000 de ces oiseaux hivernent annuellement en France (Schmaltz *et al.* 2019), on pourrait estimer à près de deux millions le nombre d'anatidés qui transitent ou hivernent dans notre pays durant la mauvaise saison.

En dehors des mouvements migratoires le long de directions assez prédictibles selon les saisons, les anatidés sont donc aussi susceptibles de transporter des agents pathogènes à travers l'ensemble de leur aire d'hivernage, dans toutes les directions, pendant la période s'étendant d'octobre à mars.

Outre ces stratégies individuelles, de grands mouvements d'anatidés ont lieu à l'échelle populationnelle lorsque les conditions l'obligent. C'est le cas lors des grosses vagues de froid, qui peuvent conduire à des déplacements massifs vers le sud, l'ouest ou le sud-ouest de dizaines ou centaines de milliers d'oiseaux, désertant les zones gelées et faisant irruption en masse sur les quelques zones qui restent non gelées (voir par exemple Ridgill & Fox 1990). De tels mouvements massifs peuvent être à l'origine de l'introduction d'agents pathogènes dans notre pays, et la concentration des différentes espèces sur quelques sites est de nature à augmenter leur transmission. Ainsi, on considère que ce sont des fuligules milouins fuyant une vague de froid en Europe centrale qui auraient été responsables de la crise d'influenza aviaire en France en 2006 (Hars *et al.* 2008).

## Comment la migration des anatidés évolue

Les lignes qui précèdent illustrent déjà la variété des mouvements entrepris par les anatidés durant un cycle annuel, ainsi que la variabilité pouvant exister entre les individus. Le changement climatique est en outre en train de rebattre les cartes dans un certain nombre de domaines. Ce sont pour beaucoup les conditions climatiques, en particulier le froid, qui sont responsables des déplacements des anatidés (pour fuir le gel ou pour entreprendre des migrations). Le réchauffement des températures réduit graduellement ce besoin, de sorte que les anatidés ont tendance à peu à peu réduire la distance de leurs trajets migratoires (« *short-stopping* », Elmberg *et al.* 2014). Une conséquence importante pour la France est la réduction graduelle du nombre de migrants du nord venant hiverner dans le pays. Chez le canard colvert en Camargue, par exemple, seuls semblent persister aujourd'hui les individus résidents locaux, alors que par le passé cette région accueillait aussi en hiver un grand nombre de colverts migrants issus de toute l'Europe, dont la Russie (Guillemain *et al.* 2014). Épidémiologiquement, le risque serait donc moindre pour ce qui est de la probabilité d'introduction de virus depuis le Nord de l'Europe par les migrants. De même, le changement climatique rend de plus en plus rares les grosses vagues de froid, et le risque associé d'importation d'agents pathogènes *via* les mouvements massifs d'individus durant l'hiver. Enfin, le changement climatique amène à un changement des dates de migration chez certaines espèces, un avancement des dates de migration prénuptiale (au début du printemps) étant souvent le plus évident (voir Fouquet *et al.* 2009 pour l'oie cendrée *Anser anser*, Figure 6). De tels changements doivent être pris en compte pour organiser les réseaux de surveillance épidémiologique des anatidés.

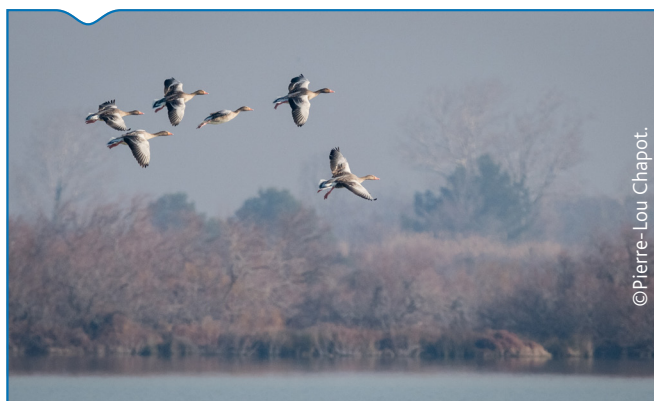


Figure 6. Oies cendrées *Anser anser*.

## Conclusion

Les anatidés sont de gros oiseaux, à capacité de déplacements rapides sur de longues distances, qui présentent des mouvements incessants à différentes échelles géographiques durant l'hivernage, et viennent ou traversent en nombre notre pays. Ils sont donc de bons hôtes pour assurer la dissémination de certains agents pathogènes. Leur proximité phylogénétique avec un certain nombre d'animaux d'élevage, et leur fréquentation parfois assidue d'habitats proches des activités humaines, peuvent entraîner des risques de transmission plus élevés de maladies à fort impact économique. En conséquence, un processus de surveillance assidue de ces espèces est assuré, avec analyse des individus trouvés morts (surveillance événementielle), voire une recherche d'agents pathogènes chez les oiseaux vivants au baguage ou juste prélevés à la chasse (surveillance programmée) lorsque cela est pertinent. L'Office National de la Chasse (devenu ONCFS puis OFB en 2020) a mis en place depuis 1986 un réseau appelé « SAGIR » de surveillance des mortalités des animaux sauvages avec les chasseurs (Fédération nationale des chasseurs et fédérations départementales des chasseurs). Il s'appuie sur un réseau d'observateurs répartis sur l'ensemble de la France. Très réactif, il est souvent mobilisé en période de crise (influenza aviaire pour les oiseaux, mais aussi peste porcine africaine ou tuberculose bovine chez les mammifères, etc.). Il permet d'apporter au laboratoire les oiseaux trouvés morts afin de réaliser les analyses nécessaires. Dans quelques cas précis, l'introduction de pathologies sur le territoire national ou européen a clairement été attribuée aux anatidés migrants (EFSA 2017), et ne doit pas être éludée. Il ne faut pas non plus négliger la responsabilité humaine des propagations de certains agents pathogènes liées dans de nombreux cas aux activités commerciales et économiques (Gauthier-Clerc *et al.* 2007, Le Bouquin *et al.* 2016). En conclusion, il ne faut pas accuser trop rapidement les anatidés, ni s'inquiéter de leur présence régulière dans notre pays en hivernage, en halte migratoire ou durant la reproduction. En lien avec leur présence et pour se prémunir de tout autre mode de contamination, il est essentiel de mettre en place les mesures de biosécurité en élevage adaptées au niveau de risque (protection des aires d'alimentation et d'abreuvement des volailles domestiques, par exemple). Ainsi les différentes populations pourront coexister, en préservant à la fois la biodiversité et les activités d'élevage en lien avec l'alimentation humaine.

## Remerciements

Nous remercions Jean Hars et les nombreux autres relecteurs qui ont permis d'améliorer le texte de cet article par leurs commentaires et suggestions pertinentes. Nous sommes également très reconnaissants envers les collègues collectant les données ou participant à la surveillance sanitaire, ainsi qu'envers les chasseurs et les ornithologues nous renvoyant les observations d'oiseaux marqués ou les reprises de bagues.

## Références bibliographiques

- Bergmann, C., 1847. Über die Verhältnisse der Wärmeökonomie der Thiere zu ihrer Grösse. Göttinger Studien, 3(1) : 595–570.
- Caizergues, A., Guillemain, M., Arzel, C., Devineau, O., Leray, G., Pilvin, D., Lepley, M., Massez, G., Schricke, V., 2011. Emigration rates and population turnover of Teal (*Anas crecca*) in two major wetlands of Western Europe. *Wildlife Biology*, 17: 373-382.
- Calenge, C., Guillemain, M., Gauthier-Clerc, M., Simon, G., 2010. A new exploratory approach to the study of the spatio-temporal distribution of ring recoveries - the example of Teal (*Anas crecca*) ringed in Camargue, Southern France. *Journal of Ornithology* 151: 945-950.
- Clausen, P., Nolet, B. A., Fox, A., D., Klaassen, M., 2002. Long-distance endozoochorous dispersal of submerged macrophyte seeds by migratory waterbirds in northern Europe – a critical review of possibilities and limitations. *Acta Oecologica* 23: 191-203.
- Dalby, L., 2013. Waterfowl, duck distributions and a changing climate. Thèse de doctorat (Université d'Aarhus, Danemark).

- EFSA AHAW Panel (EFSA Panel on Animal Health and Welfare), More, S., Bicut, D., Bøtner, A., Butterworth, A., Calistri, P., Depner, K., Edwards, S., Garin-Bastuji, B., Good, M., Gortazar Schmidt, C., Michel, V., Miranda, M., A., Nielsen, S., S., Raj, M., Sihvonen, L., Spooler, H., Thulke, H.H., Velarde, A., Willeberg, P., Winckler, C., Breed, A., Brouwer, A., Guillemain, M., Harder, T., Monne, I., Roberts, H., Baldinelli, F., Barrucci, F., Fabris, C., Martino, L., Mosbach-Schulz, O., Verdonck, F., Morgado, J., Stegeman, J.A., 2017. Scientific opinion on avian *influenza*. *EFSA Journal* 15(10):4991, 233 pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2017.4991>
- Elmberg, J., Hessel, R., Fox, A. D., Dalby, L., 2014. Interpreting seasonal range shifts in migratory birds: A critical assessment of 'short-stopping' and a suggested terminology. *Journal of Ornithology* 155: 571-579.
- Fouquet, M., Schricke, V., Fouque, C., 2009. Greylag Geese Anser anser depart earlier in spring: an analysis of goose migration from western France over the years 1980–2005. *Wildfowl* 59: 143-151.
- Gauthier-Clerc, M., Lebarbenchon, C., Thomas, F., 2007. Recent expansion of highly pathogenic avian *influenza* H5N1: a critical review. *Ibis* 149: 202-214.
- Gourlay-Larour, M.L., Schricke, V., Sorin, C., L'Hostis, M., Caizergues, A., 2012. Movements of wintering diving ducks: new insights from nasal saddled individuals. *Bird Study* 59: 266-278.
- Guillemain, M., Elmberg, J., 2014. The Teal. Londres: Poyser.
- Guillemain, M., Arzel, C., Mondain-Monval, J.Y., Schricke, V., Johnson, A.R., Simon, G., 2006. Spring migration dates of teal *Anas crecca* ringed in the Camargue, southern France. *Wildlife Biology* 12: 163-169.
- Guillemain, M., Devineau, O., Brochet, A.L., Fuster, J., Fritz, H., Green, A.J., Gauthier-Clerc, M., 2010. What is the spatial unit for a wintering Teal *Anas crecca*? weekly day-roost fidelity inferred from nasal saddles in the Camargue, Southern France. *Wildlife Biology* 16: 215-220.
- Guillemain, M., Champagnon, J., Massez, G., Pernellet, C.A., George, T., Momerency, A., Simon, G., 2015. Becoming more sedentary? Changes in recovery positions of Mallard *Anas platyrhynchos* ringed in the Camargue, France, over the last 50 years. *Wildfowl* 65: 51–63.
- Hars, J., Ruette, S., Benmergui, M., Fouque, C., Fournier, J.Y., Legouge, A., Cherbonnel, M., Baroux, D., Dupuy, C., Jestin, V., 2008. The epidemiology of the highly pathogenic H5N1 avian *influenza* in Mute swan (*Cygnus olor*) and other Anatidae in the Dombes region (France), 2006. *Journal of Wildlife Diseases* 44: 811-823.
- Johnson, W.P., Schmidt, P.M. Taylor, D.P. 2014. Foraging flight distances of wintering ducks and geese: a review. *Avian Conservation and Ecology* 9(2): 2. <http://dx.doi.org/10.5751/ACE-00683-090202>
- Jourdain, E., 2006. Oiseaux sauvages et virus West Nile : étude éco-épidémiologique en Camargue. Thèse de Doctorat (Université J. Fourier, Grenoble)
- Lebarbenchon, C., Albespy, F., Brochet, A.L., Grandhomme, V., Renaud, F., Fritz, H., Green, A.J., Thomas, F., van der Werf, S., Aubry, P., Guillemain, M., Gauthier-Clerc, M., 2009. Spread of avian *influenza* viruses by Common Teal (*Anas crecca*) in Europe. *PLoS ONE* 4(10): e7289. doi:10.1371/journal.pone.0007289
- Le Bouquin, S., Huneau-Salaün, A., Hamon, M., Moisson, M.C., Scoizec, A., Niqueux, E., Shmitz, A., Briand, F.X., Van De Wiele, A., Bronner, A., 2016. L'épisode d'*influenza* aviaire en France en 2015-2016 – Situation épidémiologique au 30 juin 2016. *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 75 : 2-8.
- Newton, I., 2010. Bird Migration. Glasgow: Collins.
- Olsen, B., Munster, V.J., Wallensten, A., Waldenström, J., Osterhaus, A. D.M.E. Fouchier, R.A.M., 2006. Global patterns of *influenza* A virus in wild birds. *Science* 312: 384-388.
- Ridgill, S.C., Fox, A.D. 1990. Cold weather movements of waterfowl in Western Europe. IWRB Special Publication 13. Slimbridge: IWRB.
- Schmaltz, L., Quaintenne, G., Gaudard C., Dalloyau, S., 2019. Comptage des Oiseaux d'eau à la mi-janvier en France. Résultats 2019 du comptage Wetlands International. Rochefort : LPO BirdLife France - Service Connaissance, Wetlands International, Ministère de la Transition écologique et solidaire.
- Scott, D.A., R., Paul M., 1996. Atlas of Anatidae populations in Africa and Western Eurasia. Wageningen, The Netherlands: Wetlands International.
- Tamisier, A., Dehorter, O., 1999. Camargue, canards et foulques – fonctionnement et devenir d'un prestigieux quartier d'hiver. Nîmes : Centre Ornithologique du Gard.
- Van De Wiele, A., Humeau, A., Bronner, A., Guillemain, M., Le Loc'h, G., Guérin, J.L., Cauchard, J., Mercier, A., Calavas, D., 2017. Episode H5N8 d'*influenza* aviaire en France en 2016-2017 : quel rôle pour la faune sauvage ? *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 79 : 27-31.

Directeur de publication : Roger Genet  
 Directeur associé : Bruno Ferreira  
 Directrice de rédaction : Emilie Gay  
 Rédacteur en chef : Julien Cauchard  
 Rédacteurs adjoints : Héléne Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard  
 Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubjar  
 Responsable d'édition : Fabrice Coutureau

Assistante d'édition : Elsa Vidal  
 Anses - [www.anses.fr](http://www.anses.fr)  
 14 rue Pierre et Marie Curie  
 94701 Maisons-Alfort Cedex  
 Courriel : [bulletin.epidemio@anses.fr](mailto:bulletin.epidemio@anses.fr)  
 Conception et réalisation : Parimage  
 Crédits photos : AdobeStock



MINISTÈRE  
 DE L'AGRICULTURE  
 ET DE L'ALIMENTATION

Liberté  
 Égalité  
 Fraternité



anses  
 AGENCE NATIONALE DE SÉCURITÉ SANITAIRE  
 de l'alimentation, de l'environnement et du travail



## Diarrhée épidémique porcine : éléments d'épidémiologie descriptive et analytique à l'étranger et en France depuis sa ré-émergence en 2014

Nicolas Rose<sup>1</sup>, Roxane Rossel<sup>2</sup>, Christelle Fablet<sup>1</sup>, Béatrice Grasland<sup>1</sup>, Maud Contrant<sup>1</sup>

Auteur correspondant : [nicolas.rose@anses.fr](mailto:nicolas.rose@anses.fr)

<sup>1</sup> Anses- laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, LPPN, Ploufragan, France

<sup>2</sup> Association Nationale Sanitaire Porcine (ANSP), Paris, France

### Résumé

La diarrhée épidémique porcine (DEP) apparue en Europe à la fin des années 1970 est due à un alpha-coronavirus appelé virus de la diarrhée épidémique porcine (vDEP). Une ré-émergence du virus conduisant à des épizooties sévères a été rapportée en Asie à partir de 2010, puis en Amérique à partir de 2013. Deux génotypes de souches de vDEP, se différenciant par des insertions/délétions dans le gène S, ont été isolés et circulent toujours actuellement dans ces régions. Ils regroupent d'une part les souches « S-InDel » moyennement virulentes présentes sur tous les continents, notamment en Europe y compris la France, et d'autre part les souches « S-non-InDel » hautement virulentes qui circulent en Asie et sur le continent américain uniquement. Les porcs infectés par le vDEP sont sujets à d'importantes diarrhées aqueuses ainsi qu'à des vomissements parfois accompagnés de signes de déshydratation. Les conséquences de la maladie sont particulièrement importantes en cas d'infection par une souche « S-non-InDel », la mortalité pouvant atteindre 100 % chez les porcelets sous la mère. La maladie sous sa forme hautement virulente était à l'origine un danger sanitaire de catégorie 1 (DS1) en France, alors que sous sa forme moyennement virulente il s'agissait d'un DS2 nécessitant une déclaration obligatoire et la mise en place de mesures de gestion par les professionnels. Aujourd'hui avec la nouvelle LSA, la DEP est déréglémentée avec une gestion exclusive par les professionnels. Une surveillance événementielle est mise en place depuis 2014 pour la détection des événements sanitaires pouvant être en lien avec le vDEP. Depuis 2014, la France a été confrontée à un nombre limité de foyers déclarés (7) qui étaient tous liés à des virus moyennement virulents « S-InDel ». Ils ont été assainis par des mesures de compartimentation, d'hygiène renforcée et de biosécurité, sauf pour un foyer qui a fait l'objet d'un dépeuplement. Par ailleurs, la situation

### Abstract

**Epidemiology of Porcine Epidemic Diarrhea: descriptive and analytical epidemiological information for both France and abroad since re-emergence of the disease in 2014**

Porcine Epidemic diarrhoea (PED), which first appeared in Europe in the late 1970s, is caused by an alpha-coronavirus called Porcine epidemic diarrhoea virus (PEDV). Re-emergence of the virus, leading to severe epizootics, has been reported in Asia from 2010 and in North America from 2013. Two PEDV strain genotypes, differentiated by insertions/deletions in the S gene, have been isolated and are still circulating in these regions. They include, on the one hand, the "S-InDel" strains present on all continents, particularly in Europe, and including France, and on the other hand, the highly virulent "S-non-InDel" strains which are only circulating in Asia and North America. Pigs infected with PEDV are prone to severe watery diarrhoea and vomiting, sometimes accompanied by signs of dehydration. The consequences of the disease are all the more severe when there is infection by an "S-non-InDel" strain, which has a mortality rate of up to 100% in suckling piglets. The highly virulent form of the disease was considered a Category 1 Health Hazard (HH) in France, whereas the moderately virulent form was a Category 2 HH, and required mandatory declaration as well as management measures by professionals. Today, with the new AHL, PED is no more regulated in France and control only relies on professional operators. An event-based monitoring system has been in operation since 2014 for the detection of health events that may be related to PEDV. Since 2014, France has only had to deal with a small number of outbreaks (n=7), all of which were linked to moderately virulent "S-InDel" viruses and which were made disease-free through compartmentalization and reinforced hygiene and

épidémiologique sur le territoire français semble favorable au regard des résultats des enquêtes de séroprévalence nationales réalisées aux étages production et sélection-multiplication en 2018. Les souches hautement virulentes continuent de circuler en Asie et en Amérique du Nord et la vigilance doit être maintenue à l'égard de ces souches qui ont un potentiel de propagation considérable et auraient un impact économique très important sur la filière.

Mots-clés

Diarrhée épidémique porcine, DEP, Epidémiologie

biosecurity measures, except for one outbreak where slaughter had to be used. Furthermore, in light of the results of a national seroprevalence survey conducted in 2018, the epidemiological situation in France is encouraging. However, highly virulent strains continue to circulate in Asia and North America, and vigilance must be maintained with regard to these strains which have a very high potential for spread and would have a major impact on the industry's economy.

Keywords

Porcine Epidemic Diarrhea, PED, Epidemiology

## Introduction

La diarrhée épidémique porcine (DEP) a été décrite pour la première fois en Angleterre en 1971 (Oldman, 1972). Cette maladie infectieuse est due à un alpha-coronavirus appelé virus de la DEP (vDEP). Elle se traduit par des diarrhées aqueuses très profuses et des vomissements chez les très jeunes porcelets ; elle atteint également les animaux en engraissement voire les porcs adultes. Lorsque des porcelets nouveaux-nés sont atteints, une forte mortalité peut être observée (Gallien et al., 2016). En 2013, quarante ans après le premier foyer en Europe, la DEP a émergé aux États-Unis, dans l'État de l'Iowa, alors que le pays avait toujours été indemne de cette maladie. Le virus s'est rapidement propagé dans tout le pays entraînant un impact majeur sur la production porcine. En effet, après une période épidémique d'un an, le pays avait déjà subi une perte de 10 % de sa production totale de porcs soit environ sept millions de porcelets. Deux types de souches pour ce virus ont été identifiés : des souches hautement virulentes « S-non InDel » et des souches dites « S-InDel » associées à des cas cliniques moins sévères. Actuellement, les virus de la DEP circulent toujours aux USA et se sont aussi propagés dans d'autres pays d'Amérique tels que le Canada et le Mexique (Grasland et al., 2015; Jung and Saif, 2015). Les virus de type « S-InDel » sont aussi présents en Europe (Allemagne, Espagne, Pays-Bas, Italie notamment) et ont occasionné de nombreux foyers dans ces pays depuis 2014. En l'absence de surveillance spécifique, il est difficile de quantifier le niveau d'atteinte de la filière de ces pays mais il semblerait que le virus soit présent de manière quasi enzootique. En revanche, hormis en Ukraine en

2014, aucun foyer européen de DEP n'a été attribué à des souches hautement virulentes de type « S-non-InDel ». Depuis 2014, seuls quelques foyers ont été détectés en France : un élevage naisseur-engraisseur dans le Nord en novembre 2014, trois foyers (Finistère, Yonne et Landes) en 2017, et trois foyers également (Somme et Pas-de-Calais) en 2019. Après une première catégorisation temporaire pendant trois ans de la maladie en danger sanitaire (DS) de catégorie 1b au titre de l'émergence, la DEP a été catégorisée en mai 2017 en DS de catégorie 1 pour sa forme hautement virulente liée aux souches « S-non-InDel », et en DS de catégorie 2 pour sa forme moyennement virulente liée aux souches de type « S-InDel » (Arrêté du 4 mai 2017). Aujourd'hui avec la nouvelle Loi de Santé Animale, la DEP n'est plus classée dans les dangers sanitaires réglementés et est donc gérée par les professionnels exclusivement quelle que soit la forme.

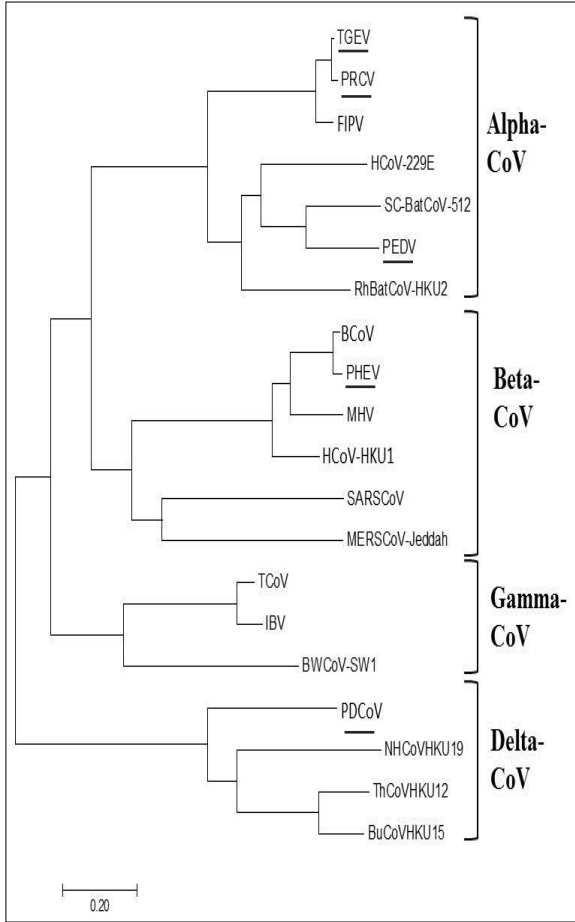
### Agent étiologique : le coronavirus vDEP

Le vDEP est un pathogène entérique appartenant à l'ordre des *Nidovirales* et à la famille des *Coronaviridae* (Masters, 2006). Les coronavirus sont divisés en deux sous-familles, les *Letovirinae* et les *Orthocoronavirinae*. La sous-famille des *Orthocoronavirinae* est, elle-même, divisée en quatre genres : les *Alphacoronavirus*, les *Betacoronavirus*, les *Gammacoronavirus* et les *Deltacoronavirus*. Chez le porc, six coronavirus ont été identifiés dont quatre *Alphacoronavirus* : le virus de la gastroentérite transmissible (TGEV), le coronavirus respiratoire porcin (PRCV) qui est un mutant du TGEV, le virus de la diarrhée épidémique porcine (vDEP, PEDV) et le coronavirus du syndrome aigu de diarrhée (SADS-CoV) ; un

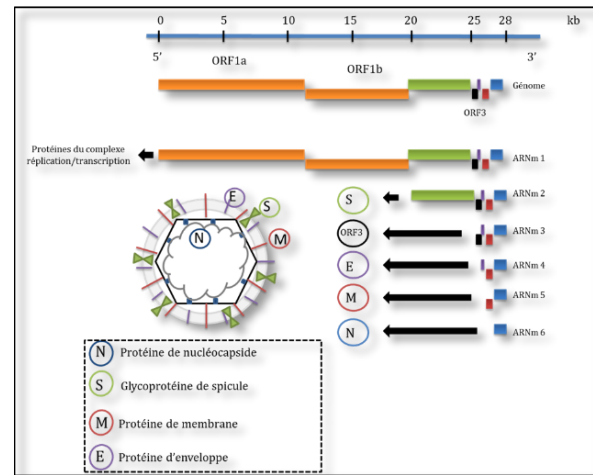
<sup>1</sup>[https://www.legifrance.gouv.fr/eli/arrete/2017/5/4/AGRG1713651\\_A/jo/texte](https://www.legifrance.gouv.fr/eli/arrete/2017/5/4/AGRG1713651_A/jo/texte). La classification des maladies des animaux sera revue en application de la réglementation communautaire (loi santé animale) et plus particulièrement le RÈGLEMENT D'EXÉCUTION (UE) 2018/1882 DE LA COMMISSION du 3 décembre 2018 sur l'application de certaines dispositions en matière de prévention et

de lutte contre les maladies à des catégories de maladies répertoriées et établissant une liste des espèces et des groupes d'espèces qui présentent un risque considérable du point de vue de la propagation de ces maladies répertoriées

*Betacoronavirus* : le virus hémagglutinant de l'encéphalomyélite porcine ou virus de la maladie du vomissement et du dépérissement (PHEV) et un *Deltacoronavirus* : le deltacoronavirus porcine (PDCoV) (Laude et al., 1998; Li et al., 2014a; Marthaler et al., 2014; Marthaler et al., 2013; Stevenson et al., 2013; Zhou et al., 2018) (figure 1).



**Figure 1.** Analyse phylogénétique de coronavirus montrant la répartition en quatre genres : Alpha (Alpha-CoV), Beta (Beta-CoV), Gamma (Gamma-CoV) et Delta (Delta-CoV) coronavirus. Les Coronavirus porcins sont soulignés. Les alignements des séquences ont été réalisés par le programme Muscle et les arbres phylogénétiques en utilisant la méthode du maximum de vraisemblance à l'aide du logiciel MEGA7. Les noms et identifiants Genbank (GB) des coronavirus utilisés pour construire l'arbre sont indiqués ci-après : Alphacoronavirus : Porcine epidemic diarrhea virus (PEDV, GB : NC\_003436.1), Feline infectious peritonitis virus (FIPV, GB : AY994055), Scotophilus bat coronavirus 512 (Sc-BatCoV-512, GB : NC\_009657.1), Porcine respiratory coronavirus (PRCV, GB : DQ811787), Rhinolophus bat coronavirus HKU2 (RhBatCoV-HKU2, GB : EF203064), Human coronavirus-229E (HCoV-229E, GB : NC\_002645), Porcine transmissible gastro-enteritis virus (TGEV, GB : DQ811789) (Gallien et al., 2016).



**Figure 2.** Représentation schématique de l'organisation génomique et structurale du vDEP (Gallien et al., 2016)

Le vDEP est un virus enveloppé d'un diamètre compris entre 95 et 190 nm et possède un génome à ARN positif simple brin d'environ 28 kb (Grasland et al., 2015). Le génome comprend une région non traduite (UTR pour UnTranslated Region) en 5' et en 3' et 7 ORF (Open Reading Frame ou cadre ouvert de lecture) qui codent pour les quatre protéines structurales, les protéines S, E, M, et N, et 16 protéines non structurales (nsp) du complexe de réplication/transcription codées par l'ORF1a/b (nsp 1 à nsp 16) et l'ORF3 codant une unique protéine accessoire dont la fonction pourrait être un canal ionique favorisant l'export de nouveaux virions formés (Figure 2). La protéine S ou protéine de spicule, permet la régulation des interactions avec les récepteurs glycoprotéiques des cellules hôtes spécifiques du vDEP présents sur les entérocytes, permettant ainsi l'entrée du virus dans ces cellules (Jung and Saif, 2015; Song and Park, 2012; Wang et al., 2012). Cette protéine est aussi la cible des anticorps neutralisants; sa structure conditionne la croissance in vitro du vDEP ainsi qu'une atténuation éventuelle de la virulence du virus in vivo (Lawrence et al., 2014). La protéine M, protéine de membrane, joue un rôle important dans l'assemblage du vDEP en interagissant avec les protéines S et N. Elle induit aussi la production des anticorps qui neutralisent le virus en présence du complément et elle joue un rôle dans l'induction de l'interféron  $\alpha$  (IFN $\alpha$ ). La protéine de nucléocapside (N) lie l'ARN dans la nucléocapside. Les épitopes de cette protéine pourraient être importants pour stimuler l'immunité à médiation cellulaire (Jung and Saif, 2015; Song and Park, 2012; Wang et al., 2012). La protéine E est une petite protéine transmembranaire jouant un rôle central dans l'assemblage des virions (Fischer et al., 1998; Song and Park, 2012).

## La maladie : présentation clinique et lésionnelle

### Signes cliniques

Des différences cliniques en réponse à l'infection par le vDEP apparaissent en fonction de l'âge de l'animal et de la pathogénicité de la souche (Crawford et al., 2015). Dans une population naïve, les porcs sont atteints de fortes diarrhées aqueuses et de vomissements. Une perte d'appétit va apparaître quel que soit l'âge de l'animal et la morbidité peut atteindre les 100 % (Geiger and Connor, 2013). La diarrhée induite par le vDEP est une conséquence de la malabsorption due à une perte massive des entérocytes. Les porcelets sous la mère présentent les signes cliniques de la DEP dès 24 à 48 heures après l'infection, et ceux-ci persistent jusqu'à la mort de l'animal, soit 3 à 4 jours après l'infection (Grasland et al., 2015). La sévérité de la maladie est plus importante chez les porcelets nouveaux-nés puisque leur système immunitaire est encore immature et qu'ils sont plus vulnérables à la déshydratation et au déséquilibre hydro-électrolytique. Le remplacement des entérocytes villositaires est aussi plus lent chez les porcelets nouveaux-nés (7 à 10 jours) que chez les porcelets sevrés (2 à 4 jours) (Thomas et al., 2015). La mortalité chez ces porcelets peut atteindre les 100 % en cas de souche hautement virulente. Les porcs en atelier post-sevrage et engraissement, ainsi que les animaux du troupeau reproducteur (verrats, truies et cochettes), présentent généralement des diarrhées modérées avec ou sans vomissement (Crawford et al., 2015; Grasland et al., 2015). De plus, ils peuvent présenter des signes d'anorexie. Une forte morbidité est observée chez ces animaux mais la mortalité reste faible (1 à 3 %) (Geiger and Connor, 2013). Ils guérissent une semaine après l'apparition des symptômes (Grasland et al., 2015). Chez les truies et les cochettes, l'infection par le vDEP influence leurs performances de reproduction ultérieures (Olanratmanee et al., 2010). Les signes cliniques de la DEP peuvent être confondus avec ceux provoqués par de nombreux autres agents pathogènes viraux à tropisme digestif tels que le TGEV ou le rotavirus (Chasey and Cartwright, 1978; Li et al., 2014b; Pensaert and de Bouk, 1978).

### Lésions

Les lésions macroscopiques et microscopiques associées à l'infection par le vDEP sont similaires à celles entraînées lors de l'infection par le TGEV (Madson et al., 2014). De sévères atrophies des

muqueuses concentrées au niveau de l'intestin grêle sont observées. La paroi intestinale devient fine et transparente laissant apparaître un contenu luminal jaunâtre et aqueux (Figure 3) (Stevenson et al., 2013).



**Figure 3.** Macrolésions intestinales observées en cas d'infection par le Vdep. (photo Anses-Ploufragan)

### Contexte réglementaire

En 2014, au vu de la situation des Etats-Unis vis-à-vis de la DEP et de la diffusion de cette dernière au Canada et dans d'autres pays du monde, la France a mis en place un protocole de surveillance et de lutte contre le vDEP en cas d'émergence. En premier lieu, la DEP a été catégorisée en danger sanitaire de première catégorie au titre de l'émergence (1b) du fait de l'importance et de la rapidité de diffusion de la maladie (Ministère de l'agriculture, 2014a). Par la suite, son statut a évolué en danger sanitaire de première catégorie pour les souches « S-non-InDel » et en danger sanitaire de deuxième catégorie pour les souches « S-InDel » moyennement virulentes (Ministère de l'agriculture, 2017). Aujourd'hui, avec la nouvelle Loi sur la Santé animale, la DEP n'est plus classée en tant que danger sanitaire réglementée, sa surveillance et sa gestion sont confiées aux professionnels. Les acteurs professionnels doivent être sensibilisés aux critères d'inclusion des cas cliniques, afin d'éviter une sous-déclaration des cas suspects. Les mesures de gestion à mettre en œuvre dans les élevages concernés sont prises au cas par cas. Elles vont notamment dépendre de la densité des élevages porcins dans la région, de la suspicion, ainsi que du nombre de foyers de DEP répertoriés. A l'échelle européenne, le système de surveillance de la DEP est peu actif. Seuls quelques états membres ont rapporté des cas cliniques de DEP au moment de l'épizootie sévère aux Etats-Unis (EFSA, 2014). Depuis, la maladie est passée au second plan, surtout depuis l'arrivée de la Peste Porcine Africaine (PPA) en Europe.

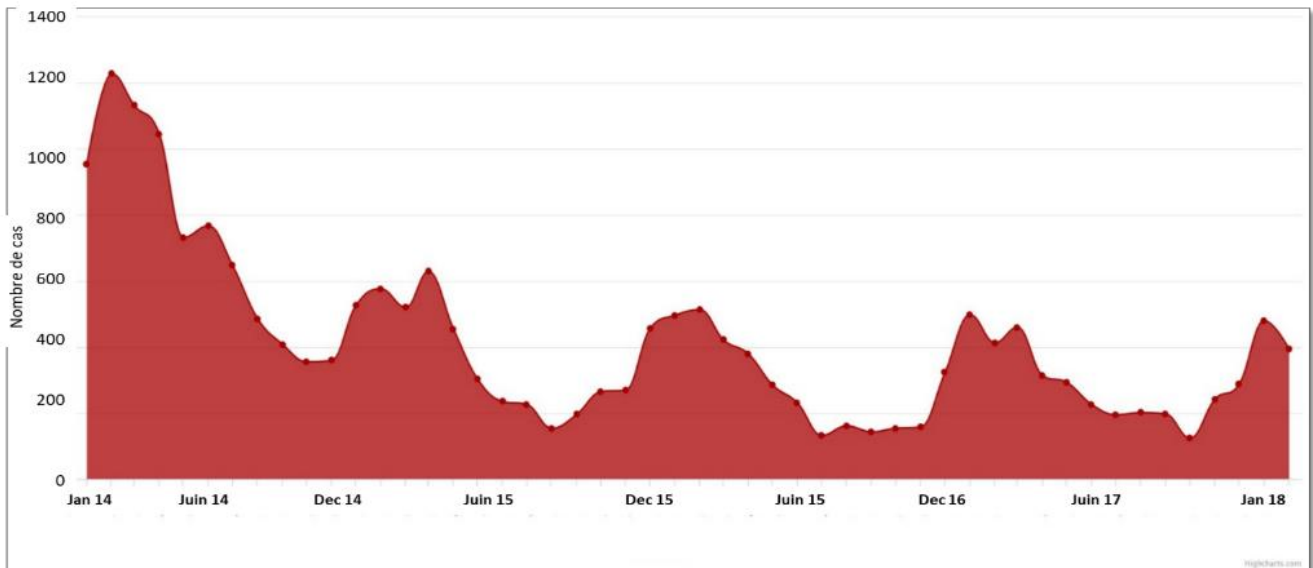


Figure 4. Nombre de cas de DEP aux États-Unis sur la période janvier 2014-février 2018<sup>1</sup>

## Situation épidémiologique dans le monde

### En Asie

Au début du mois d'octobre 2010, des foyers de DEP sont apparus en Chine. Dix régions chinoises ont été touchées entre 2010 et 2012, malgré l'utilisation fréquente de vaccins basés sur la souche CV777 de vDEP. Les foyers de DEP étaient caractérisés par une forte mortalité (80 à 100 %) et une morbidité de 100 % des porcelets sous la mère. Comme suite à cette épizootie, une perte de 1 000 000 porcelets et de sévères pertes économiques ont été enregistrées (Sun *et al.*, 2012). Deux types de souches de vDEP ont été identifiés comme responsables de ces foyers de DEP, les souches dites « S-non-InDel » et les souches dites « S-InDel » réputées moins virulentes (Jung and Saif, 2015). Actuellement, le vDEP est vraisemblablement toujours présent sur le territoire chinois, même si l'actualité sur ce virus a aujourd'hui été occultée par l'introduction du virus de la PPA en 2018.

Depuis 2010, des foyers de DEP ont aussi été rapportés dans le nord du Vietnam. Le virus s'est propagé rapidement ; des foyers récurrents et persistants ont été observés dans les troupeaux infectés. Les émergences de DEP ont été observées tout au long de l'année, alors qu'ils survenaient auparavant uniquement pendant la période froide. Actuellement, le vDEP est toujours présent au Vietnam où il continue de circuler largement. Il est devenu un enjeu majeur pour les éleveurs de porcs

(Diep *et al.*, 2018), même s'il est également passé au second plan depuis l'introduction de la PPA.

Au Japon, en octobre 2013, soit sept ans après le dernier foyer de DEP répertorié, le vDEP a de nouveau été détecté dans la préfecture d'Okinawa, puis il s'est propagé dans les préfectures d'Ibaraki, de Kagoshima et de Miyazaki. En avril 2014, 33 des 47 préfectures japonaises étaient affectées par la DEP, 418 foyers de DEP avaient été diagnostiqués et 83 000 porcelets sur une population de 333 000 animaux infectés avaient succombé à l'infection. La propagation de la maladie a eu lieu très rapidement dans cette population porcine naïve<sup>2</sup> (Sasaki *et al.*, 2017).

Des foyers de DEP ont aussi été observés à partir de 2014 aux Philippines. Les porcelets étaient affectés par d'importantes diarrhées aqueuses accompagnées de vomissements et de forts taux de mortalité (Kim *et al.*, 2016).

### En Amérique

Une épizootie sévère de DEP est apparue en 2013 aux États-Unis dans l'état de l'Iowa alors que le pays avait toujours été indemne de cette maladie. Le virus s'est rapidement propagé dans tout le pays (Figure 4). L'arrivée de cette maladie sur le territoire a eu un impact significatif sur la production de porcs. Une perte de 10 % de la population de porcs domestiques, soit environ sept millions de porcelets, a été enregistrée après seulement une période épizootique d'un an (Jung and Saif, 2015). Le virus de la DEP s'est, par la suite, rapidement propagé dans d'autres pays de l'Amérique du Nord

<sup>2</sup> Ambassade de France au Japon Service économique régional. Note situation PEDV au Japon, 2014. <http://www.tresor.economie.gouv.fr/pays/japon,1-3>.

et du Sud tels que le Canada, le Mexique et la Colombie (Grasland *et al.*, 2015; Jung and Saif, 2015; Trujillo-Ortega *et al.*, 2016). Aujourd'hui, la maladie est enzootique aux États-Unis, avec une augmentation du nombre de foyers tous les hivers

Dans une étude réalisée au Canada, le temps médian d'assainissement des élevages a été estimé entre 25 et 43 semaines selon le type d'élevage et la saison (les temps les plus longs ont été observés pour les naisseurs-post-sevrage et pour les infections détectées en hiver) (Perri *et al.*, 2019). Cette durée d'assainissement est globalement plus élevée que ce qui a été observé en France avec les souches « S-InDel ». Les facteurs associés au délai d'élimination incluent probablement la complexité des pratiques de lutte dans des troupeaux dont la démographie et la structure de population sont différentes.

### En Europe (hors France)

A partir de 2014, de nouveaux foyers de DEP ont été répertoriés en Europe. Des foyers ont été décrits en Espagne, en Italie, aux Pays-Bas, en Allemagne, en Belgique, en Autriche et en Slovénie (EFSA, 2016).

En mai 2014, des foyers de DEP chez des porcs de tout âge ont été rapportés dans un élevage engraisseur du sud de l'Allemagne. Les premiers cas ont été observés après l'introduction de nouveaux porcs charcutiers provenant d'un élevage naisseur de grande taille. Les signes cliniques étaient présents depuis une semaine lorsqu'environ vingt porcs sont morts de l'infection (Hanke *et al.*, 2015). A la même période, des foyers de DEP se sont déclarés en Slovénie (Toplak *et al.*, 2016).

Des foyers de DEP ont aussi été enregistrés en 2014 aux Pays-Bas. Le premier foyer de DEP a été identifié en novembre 2014, le virus s'est ensuite propagé au cours de l'année 2015. Au total, 75 foyers de DEP ont été répertoriés entre novembre 2014 et la fin de l'année 2015 (Dortmans *et al.*, 2018). De même, une émergence de DEP a été observée pendant l'été et l'automne 2014 dans le centre de l'Ukraine entraînant la mort de 30 000 porcelets. La souche de vDEP isolée dans les foyers ukrainiens (S-non-InDel) n'était pas du même génotype que celles isolées dans les autres pays européens (Carr *et al.*, 2015).

En janvier 2015, de nouveaux foyers de DEP ont été enregistrés en Belgique et dans le sud du Portugal puis la maladie s'est par la suite propagée dans le nord du pays (Christiaens *et al.*, 2015; Mesquita *et al.*, 2015).

## Situation épidémiologique en France

### Modalités de la surveillance

La vigilance à l'égard de la DEP s'est accrue suite à l'épizootie massive subie par les États-Unis à partir 2013. Une surveillance événementielle a été mise en place spécifiquement dans ce cadre et telle que décrite ci-dessous.

La surveillance de cette affection est mise en place par la DGAL et sa stratégie est élaborée en lien avec l'ensemble des partenaires de la Plateforme de surveillance épidémiologique en santé animale. Une surveillance événementielle est mise en place ; elle repose sur la définition suivante d'un troupeau suspect : « troupeau porcin dont un ou plusieurs groupes d'âge est(sont) atteint(s) d'une diarrhée sévère, contagieuse et aqueuse et dont le taux de morbidité chez les porcs en croissance (porcelets, post-sevrage, engraissement) est supérieur à 80 % et/ou le taux de mortalité chez les porcelets sous la mère est supérieur à 30 % ».

Par morbidité, on entend :

- Chez les porcelets sous la mère : vomissements, diarrhée aqueuse profuse, sans mucus et non hémorragique de couleur jaunâtre pouvant contenir des flocculats de lait non digéré, perte d'appétit, déshydratation, acidose métabolique suivie de mortalité.
- Chez les porcs en croissance : expression clinique variable allant de l'infection inapparente à la diarrhée, l'anorexie, la dépression. La mortalité dans ces groupes d'âge est faible (1 à 3 %) lorsqu'elle est présente.

Pour toute suspicion d'infection par le virus, une fiche de renseignement est complétée par un vétérinaire sanitaire. Le troupeau visé par la suspicion fait l'objet de prélèvements :

- trois pools de fèces de cinq animaux présentant des signes cliniques de DEP,
- si apparition des signes cliniques datant de moins de 24h, prélèvement d'un morceau de jejunum de 5 à 10 cm maximum sur trois animaux ayant des signes cliniques déclarés dans les 24h.

Le transport des prélèvements doit être réalisé à +4°C vers un laboratoire d'analyse vétérinaire ou directement vers l'Anses qui réalise des analyses virologiques (RT-PCRq DEP), avec livraison dans les 24-48h.

## Historique des foyers de DEP en France depuis 2014

### Détection et chronologie des foyers

Il est impossible d'exclure la survenue de foyers sporadiques avant la mise en place de la surveillance ciblée décrite ci-dessus.

À partir de 2014, seuls quelques foyers très circonscrits ont été détectés en France :

- un foyer en 2014 dans le département du Nord,
- trois foyers en 2017, respectivement dans le Finistère, l'Yonne et les Landes,
- trois foyers en 2019 dans la Somme et le Pas-De-Calais.

Suite à un tableau clinique de diarrhée collective d'allure contagieuse, tous les foyers répertoriés en France ont fait l'objet d'une détection événementielle par l'éleveur puis par le vétérinaire. Dans les trois élevages naisseurs-engraisseurs (Nord 2014, Yonne 2017 et Somme 2019), ce sont surtout l'apparition de symptômes chez les jeunes porcelets en maternité avec 100 % d'atteinte et une surmortalité sur cette catégorie d'animaux qui ont déclenché la suspicion. Dans les autres élevages de porcs en croissance (Finistère 2017, Landes 2017, Somme 2019 et Pas-De-Calais 2019) le signe d'appel a aussi été un syndrome digestif collectif atteignant ponctuellement près de 50 % de la population. Ce syndrome avait une allure très contagieuse, se propageant de salle en salle, plus ou moins rapidement, selon le niveau de biosécurité interne de l'élevage. Les signes cliniques ne sont cependant pas systématiques dans toutes les catégories d'âge. La circulation du virus chez les porcs en engraissement est passée inaperçue dans un des foyers recensés.

Dans le Nord en 2014, le virus identifié était une souche de type « S-InDel » sensiblement différente des souches de 2017 et qui présentait une très forte homologie avec les souches séquencées en Allemagne à la même époque. Les foyers de 2019 dans la Somme et le Pas-De-Calais étaient tous en lien épidémiologique. Ils partageaient le même virus de type « S-InDel », présentant une forte homologie avec une souche Hongroise de 2016 (HUN/5031/2016). Les trois foyers de 2017 (Finistère, Yonne, Landes) sont liés à un virus de type « S-InDel », moyennement virulent. Il n'y avait aucun lien épidémiologique direct entre les élevages. Les trois souches ont un tel degré d'homologie qu'une source commune du virus est cependant l'hypothèse la plus vraisemblable.

Dans tous les foyers, le signe d'appel fut une anorexie marquée suivie d'une diarrhée profuse, aqueuse de couleur jaune avec des flocculats dans

les tous premiers jours. Ensuite cette diarrhée a généralement évolué vers une allure évoquant la diarrhée grise. Les symptômes pouvaient être intermittents chez certains animaux. Après la phase de diarrhée, une constipation a parfois pu être observée. La morbidité était toujours élevée : environ 50 % chez les porcs en croissance et les adultes, 100 % chez les porcelets de moins de dix jours. La mortalité, généralement faible avec ce type de souche, était surtout élevée chez les porcelets de moins de dix jours d'âge (surmortalité de 10 % en moyenne). Les vomissements n'étaient pas systématiques, survenant essentiellement chez les très jeunes porcelets. Après la phase aiguë, les animaux étaient déshydratés. Les lots de porcelets présentaient parfois une hétérogénéité importante.

### Voies suspectées d'introduction du vDEP

L'introduction de la maladie dans chacun des élevages met en cause dans au moins trois foyers sur les sept répertoriés une introduction d'animaux de l'étranger (Allemagne, Pays-Bas) et/ou un camion de transport mal nettoyé et désinfecté provenant de ces pays. Compte tenu du délai entre l'arrivée des animaux importés dans l'élevage et le début des symptômes, il est possible que les animaux ne soient pas infectés au chargement mais qu'ils se soient plutôt contaminés pendant le transport dans un véhicule mal désinfecté. La forte homologie entre trois virus retrouvés en 2017 suggère aussi une origine commune. Elle correspond au virus circulant dans ces pays sur la même période, avec un nombre de foyers beaucoup plus important que ce que nous avons pu avoir en France. La diffusion au sein de l'élevage démontre une allure typique épidémique. Elle donne son nom à la maladie avec des caractéristiques de diffusion qui soulignent une très forte contagiosité de proximité (au sein d'une même salle) et une faculté à être transportée par les bottes, une très faible quantité de matière fécale suffisant à transmettre la maladie. En revanche, dans les élevages à haut niveau de biosécurité interne, le processus de transmission inter-salle peut être considérablement freiné car ce type de souche diffuse très mal par voie aérienne (Gallien et al., 2018a). Les données de suivi ont montré que les animaux infectés excrètent en moyenne une vingtaine de jours et que l'excrétion virale se poursuit même après l'arrêt des symptômes (Gallien et al., 2018b). Les mesures de gestion appliquées à certains des élevages touchés, basées sur le renforcement de la biosécurité interne, la sectorisation de l'élevage et le nettoyage et la désinfection approfondis des locaux contaminés, permettent d'assainir l'élevage au bout d'une durée parfois assez longue (6-7 mois) selon la taille de l'élevage et les difficultés rencontrées. Pour chacun des foyers répertoriés, aucune diffusion à un

élevage secondaire n'a été observée, hormis en 2019 où les trois élevages infectés étaient en lien épidémiologique direct ou indirect. Par ailleurs, ces trois foyers illustrent le rôle des transports dans la diffusion de cette maladie entre les élevages. En effet, l'introduction dans l'élevage naisseur-engraisseur de la Somme était vraisemblablement due à un camion de transport mal désinfecté. Celui du Pas-De-Calais a été infecté *via* des porcelets issus d'un troupeau indemne mais transportés dans le camion non décontaminé, ayant contenu précédemment des porcelets infectés issus de l'élevage naisseur de la Somme.

### Moyens de gestion et de lutte mis en place

Différents choix de gestion ont été mis en œuvre selon les foyers. Seul l'élevage du Finistère a fait l'objet d'un dépeuplement total sur place en raison de la zone de forte densité porcine et du risque de diffusion à d'autres élevages. Pour les autres élevages touchés, la gestion a consisté à assainir l'élevage en éliminant progressivement les animaux infectés vers l'abattoir dans des conditions strictes de transport (camions pleins dédiés, procédures drastiques de nettoyage et désinfection des camions, pas de croisement à l'abattoir). Dans plusieurs foyers (Landes, Somme), au démarrage des opérations d'assainissement, une contamination volontaire de tout le troupeau a été réalisée afin de synchroniser le début d'excrétion dans tous les compartiments qui n'avaient éventuellement pas encore été atteints par le virus. En effet, cette synchronisation initiale a permis de dater le début d'excrétion dans tous les compartiments et donc d'estimer la fin de l'excrétion en vue de la sectorisation de l'élevage en zones 'contaminée' et 'assainie'. La zone assainie évoluait progressivement à mesure que les bâtiments étaient vidés (départ des animaux non excréteurs à l'abattoir) puis décontaminés. Pour assurer une absence de relance dans l'élevage, un arrêt temporaire de nouvelle introduction a pu être mis en place dans les Landes, dans l'Yonne et dans la Somme. Dans les Landes, il a été décidé de sectoriser l'élevage pour progressivement constituer une zone assainie et indépendante afin de reprendre les introductions. Les mesures de nettoyage et désinfection poussées des bâtiments ont permis de se débarrasser du virus et de prévenir de nouvelles infections (Nord 2014, Landes 2017, dans une moindre mesure Yonne 2017, Somme et Pas-De-Calais 2019). Dans tous les foyers, si des règles de biosécurité strictes étaient mises en place, les chances de succès et la rapidité d'obtention ont pu être augmentées. Pour certains élevages (Yonne 2017, Landes 2017, Somme 2019) il a été nécessaire de faire un vide temporaire du post-sevrage pour permettre l'assainissement. Dans le cas du naisseur-

engraisseur de la Somme, le vide complet du post-sevrage n'a pas pu être réalisé, mais l'assainissement a cependant été obtenu en rallongeant le vide sanitaire du post-sevrage par rapport au temps habituel et en augmentant la biosécurité interne. Un des points critiques rencontrés a été le traitement des effluents (lisier/fumier). La gestion de ces foyers a permis d'établir que pour augmenter la sécurité, l'élévation du pH du lisier, par apport de chaux vive, à au moins 9 voire 12, permettait de l'assainir moyennant un temps de stockage post-traitement minimal d'au moins sept jours (Gallien *et al.*, 2018b). Cependant les conditions pratiques de réalisation de ce traitement et le coût occasionné ne sont pas à négliger; ils doivent être réfléchis pour chaque situation rencontrée. Pour les foyers situés en zone de faible densité porcine, le lisier n'a pas été traité mais épandu de manière raisonnée, c'est à dire après un stockage de plusieurs semaines, à distance de tout site porcin, sans projection et avec un enfouissement immédiat.

### Enquête sérologique nationale

Une enquête sérologique nationale a été mise en place en 2018 pour faire suite aux foyers sporadiques observés en 2014 et en 2017, causés par une introduction *via* des animaux ou un véhicule de transport provenant de l'étranger. Son but était d'évaluer la prévalence du vDEP afin de déterminer si des souches du vDEP avaient circulé sans que des signes cliniques aient été observés chez les animaux des troupeaux. Cette enquête sérologique nationale a été réalisée par l'ANSP (Association Nationale Sanitaire Porcine) à la demande des organisations professionnelles et vétérinaires porcines (Corrégé *et al.*, 2019).

Des échantillons de sang ont été prélevés dans 540 exploitations représentatives de la production porcine française (tirage au sort des exploitations dans la base de données BDPORC, et de dix animaux par exploitation). Elles ont été stratifiées par type d'exploitation et par région, tout en incluant des élevages ayant réalisé des introductions d'animaux, depuis l'étranger par le passé. Dans chaque troupeau, aucun signe clinique typique de DEP n'avait été signalé au moment du prélèvement par les vétérinaires. Chaque sérum a été analysé à l'aide du kit « ELISA IDScreen PEDV spike competition kit » (PEDV Elisa) (spécificité : 99,4 %, sensibilité : 90 %). Les sérums testés ELISA positifs ont été analysés une seconde fois avec le même kit (répétition Elisa vDEP) et par un test d'IPMA (immuno-peroxydase monolayer assay) pour la recherche d'anticorps dirigés contre le vDEP.



Trente-sept sérums (0,7 %) sur les 5 399 analysés se sont révélés positifs. Trente-deux exploitations sur 540 – soit 5,9 % - avaient un ou plusieurs sérums positifs en ELISA vDEP (au maximum trois sérums pour deux troupeaux). Dans tous ces cas, soit un seul sérum par exploitation était positif ou les résultats obtenus en parallèle à d'autres tests (répétition de l'ELISA vDEP et IPMA) ne permettaient pas de conclure à la positivité (résultats discordants ou proches du seuil de positivité du test).

La nature des résultats et les connaissances sur l'épidémiologie de la maladie (forte contagiosité) permettent de conclure que les résultats positifs sont des faux positifs inhérents aux méthodes d'analyse et à la très faible prévalence du vDEP sur le territoire. Compte-tenu de la puissance du dispositif, cette enquête a montré que la prévalence du vDEP en France est inférieure à 0,6 % et confirme l'hypothèse d'introductions sporadiques pour les foyers détectés sans diffusion massive au sein de la filière.

A l'étage sélection-multiplication, une enquête nationale a également été conduite sur 212 élevages. Un très faible taux de sérums positifs a été obtenu (0,56% sur 2 177 sérums) compatible avec le défaut de spécificité du test (99,4%), permettant de conclure au statut très favorable de l'étage sélection-multiplication en France (Corrége et al., 2020).

## Epidémiologie analytique

### **Voies, modes de propagation et facteurs de risque d'introduction**

La voie principale de transmission du virus est la voie féco-orale, c'est-à-dire, les contacts directs entre congénères infectés ou avec leurs fèces contaminés (Jung and Saif, 2015). La taille de l'élevage est considérée comme un facteur de risque dans la propagation du vDEP notamment par voie oro-fécale (Sasaki et al., 2016).

Le génome du vDEP (souche hautement virulente S-non-Indel) a été détecté dans des échantillons d'air collectés dans une salle où des porcs avaient été infectés expérimentalement par le vDEP, laissant suspecter une potentielle transmission par voie aérienne. Des porcs inoculés avec ces échantillons d'air positifs pour le vDEP ont développé les signes cliniques de la maladie. Le vDEP a aussi été détecté dans leurs fèces et dans les tissus digestifs prélevés au moment des abattages démontrant ainsi que le vDEP présent dans l'air était bien infectieux. Cependant des prélèvements positifs d'air à distance des élevages contaminés n'ont pas permis de reproduire l'infection (Alonso et al., 2014).

Plus récemment, il a été montré que cette diffusion aérienne est possible sur de courtes distances pour les souches hautement virulentes « S-non-Indel » en raison des charges excrétées et vraisemblablement de l'aérosolisation des particules virales émises. La diffusion aérienne est cependant très peu probable pour les souches de type « S-Indel » dont le mode de transmission reste la voie féco-orale (Gallien et al., 2018a).

Le vDEP peut aussi être transmis dans un élevage naïf via le personnel portant des équipements contaminés, l'utilisation de matériel contaminé ou les mouvements de véhicules de transports d'animaux contaminés (Boniotto et al., 2018; Geiger and Connor, 2013). Après l'arrivée de la DEP aux USA, les potentielles voies d'introduction du virus et de contamination des élevages dans le pays ont été explorées. Des analyses sur des véhicules ayant servi à transporter des porcs ont été pratiquées et ont révélé que le vDEP était présent dans 5,2 % des véhicules « propres » de transport d'animaux arrivant dans les élevages. Ces résultats ont mis en évidence que le transport des animaux entre élevages ou vers les abattoirs était source de transmission si des mesures d'hygiène adéquates n'étaient pas mises en place (Lowe et al., 2014).

Une étude descriptive des pratiques et des mesures de biosécurité en place lors de l'incursion de la diarrhée épidémique porcine dans les troupeaux de porcs canadiens en 2014 a mis en évidence que les élevages « cas » étaient de plus grande taille que les troupeaux « témoins » et qu'ils avaient généralement plus de mouvements d'animaux et de mouvements d'intervenants extérieurs au site (Perri et al., 2020).

Une étude investiguant les facteurs épidémiologiques associés à la propagation du vDEP au Japon a confirmé l'importance des véhicules dans le risque d'introduction du vDEP dans les élevages indemnes de la maladie. Le nombre de camions d'alimentation visitant les exploitations au cours des deux semaines précédant l'apparition de la DEP s'est révélé être un facteur de risque d'introduction du vDEP dans les exploitations situées à distance des élevages infectés (Sasaki et al., 2016). Une autre étude rétrospective également conduite au Japon a identifié les élevages de type naisseur-engraisseur et les troupeaux de grande taille comme étant plus à risque (Toyomaki et al., 2018). Les auteurs considèrent que les exploitations de type naisseur-engraisseur sont à risque élevé en raison d'une présence dans ces élevages de tous les stades physiologiques: reproducteurs, porcelets sous la mère, porcs en croissance et porcs charcutiers prêts à partir pour l'abattoir. Les camions de

transport pour l'abattoir étant un vecteur de transmission très important, la contamination de ces élevages est possible au moment d'un chargement de charcutiers et le virus introduit dans l'élevage peut facilement atteindre les porcelets en maternité qui sont très sensibles. Le risque associé aux grandes exploitations et à la forte densité pourrait s'expliquer par une fréquentation importante des véhicules et des mesures biosécurité insuffisantes (Toyomaki *et al.*, 2018).

L'aliment utilisé en élevage porcin a aussi été considéré comme une source d'introduction du vDEP dans les élevages lors des émergences de 2013 aux USA et surtout au Canada. Le plasma de porc déshydraté (SDPP) peut être utilisé dans l'alimentation des porcelets après le sevrage afin d'améliorer leur croissance, leur prise alimentaire et pour réduire les diarrhées post-sevrage (rôle immunitaire protecteur) (Ferreira *et al.*, 2009). Une étude canadienne a montré que du SDPP contaminé avec du vDEP était infectieux pour les porcs ingérant du SDPP, alors que l'aliment complet fabriqué avec ce dernier n'était pas infectieux pour les porcs en conditions expérimentales (Pasick *et al.*, 2014). Le vDEP peut être présent dans des aliments exempts de SDPP (contaminations croisées lors des procédés de fabrication) et être transmis aux porcs par voie alimentaire. Des porcs indemnes de la maladie ont présenté des signes d'infection par le vDEP après consommation d'aliment ne contenant que des ingrédients végétaux mais néanmoins contaminés (Dee *et al.*, 2014). Dans une étude basée sur une analyse de réseau, Perri *et al.* (2019) ont identifié que la phase initiale de l'épizootie au Canada était plus liée au partage par les élevages touchés d'un même fournisseur d'aliment qu'à des mouvements d'animaux, au réseau de transport ou encore à la fourniture de semence de verrats (Perri *et al.*, 2019).

La transmission par la semence a cependant été suspectée dans un centre d'insémination artificielle (CIA) canadien lors d'une détection du génome viral du vDEP dans des semences de verrats infectés. Cette détection pouvait aussi bien être liée à la présence du vDEP dans la semence de verrats infectés, qu'à la contamination de la semence lors de la collecte (Dufresne and Robbins, 2014). Des infections expérimentales, ont depuis montré que cette excrétion était avérée pour les souches de type « S-non-InDel » hautement virulentes qui occasionnent une virémie plus importante que les souches « S-InDel » (Gallien *et al.*, 2018c; Gallien *et al.*, 2019).

### **Données quantitatives sur la transmission**

Les épizooties sévères de DEP apparues dans les années 2010-2012 sur le continent asiatique et en

2013 sur le continent américain sont toujours d'actualité. Au cours de ces épizooties, les deux types de souches de vDEP, « S-InDel » et « S-non-InDel », continuent de co-circuler sur ces territoires, motivant une vigilance élevée à l'égard de la DEP en Europe, où seules les souches « S-InDel » circulent actuellement. L'ampleur des épizooties sur les continents américain et asiatique contraste fortement avec les foyers sporadiques décrits en Europe, ce qui amène des questions sur les capacités de transmission et de propagation de ces différents types de souches. Une étude expérimentale a été conduite à l'Anses avec une souche « S-InDel » et une souche « S-non-InDel » (Gallien *et al.*, 2018a). Les porcs inoculés avec le PEDV et ceux en contact direct avec les porcs inoculés ont excrété du virus dans les fèces entre 1 et 53 jours post-inoculation (JPI) pour la souche « S-non-InDel », et entre 2 JPI et 49 JPI pour la souche « S-InDel ». Les porcs en contact indirect ont excrété le virus dans les fèces seulement dans le groupe « S-non-InDel ». Avec les deux souches, une durée d'excrétion moyenne de 26 jours a été estimée. Pour les deux types de souches virales, une virémie très transitoire et difficilement détectable a été notée pour quelques porcs après l'inoculation. Une séroconversion vis-à-vis du vDEP a été observée chez tous les porcs à l'exception des porcs en contact indirect pour la souche « S-InDel » et d'un porc en contact direct pour la souche « S-non-InDel ». Le génome du vDEP a été détecté dans l'air des quatre animaleries : de 1 à 71 JPI avec la souche « S-non-InDel », et de 2 à 35 JPI avec la souche « S-InDel ». L'estimation des paramètres de transmission a mis en évidence un taux de transmission directe deux fois plus important pour la souche « S-non-InDel »  $\beta_w = 2,95 \text{ j}^{-1}$  (1,33; 5,23) vs  $\beta_w = 1,36 \text{ j}^{-1}$  (0,6; 5,6) et un taux de latence beaucoup plus faible lors de l'infection par cette même souche  $1/\delta = 0,003 \text{ jours}$  (0,001; 0,15) vs  $1/\delta = 2,0 \text{ jours}$  (1,2; 3,6). La transmission indirecte est un facteur important de diffusion du virus pour la souche « S-non-InDel », avec un taux de transmission  $\beta_b$  estimé à  $0,5 \text{ j}^{-1}$  (0,1; 1,3).

Les résultats de cette étude mettent en évidence que la souche « S-InDel » se transmet moins efficacement que la souche « S-non-InDel ». Dans les conditions expérimentales testées, le contact direct est la voie principale de transmission pour la souche « S-InDel » alors que la souche « S-non-InDel » peut se transmettre à la fois par contact direct et par voie aérienne. La quantification de la transmission souligne un taux de propagation plus important avec la souche « S-non-InDel » qu'avec la souche « S-InDel », ce qui explique les difficultés rencontrées pour la gestion des foyers dans les pays où ces souches circulent. La transmission

exclusivement par contact oro-fécal et nécessitant un contact direct avec des matières fécales infectieuses est aussi cohérent avec les expériences de gestion des souches « InDel » dans les foyers français. En effet, le renforcement de la biosécurité interne et la sectorisation des élevages a permis l'assainissement à plus ou moins long terme.

## Conclusion

Les foyers de DEP détectés en France depuis 2014 étaient probablement liés à des introductions du virus depuis l'étranger, et ils suggèrent que la DEP a sévi de façon très sporadique en France jusqu'à présent. L'infection n'a pas diffusé largement à d'autres élevages, mais de manière très limitée, comme pour les derniers foyers de la Somme. Les enquêtes nationales de séroprévalence réalisées en 2018 n'ont pas non plus mis en évidence de circulation active du virus sur le territoire. Il s'agit cependant d'une maladie pour laquelle un risque d'introduction existe en raison d'une circulation virale plus active dans des pays voisins.

Actuellement, les souches hautement virulentes continuent de circuler en Asie et aux Etats-Unis. La vigilance vis-à-vis de l'introduction de telles souches est à maintenir. La gestion mise en œuvre dans les foyers français de DEP montre aussi qu'une situation liée aux souches de type « S-InDel » peut être assainie en mettant en place des mesures de confinement temporaire, de nettoyage et désinfection approfondies, associées à un renforcement de la biosécurité interne pour ne pas réaliser d'inter-contamination entre les unités. Ce type de virus diffuse essentiellement par contact ou par transport mécanique par les bottes. En coupant les voies de transmission indirectes par l'instauration de règles strictes de biosécurité, l'élimination des animaux infectés sous conditions strictes peut permettre de recouvrer un statut indemne, même dans un élevage de type naisseur-engraisseur.

## Références bibliographiques

Alonso, C., Goede, D.P., Morrison, R.B., Davies, P.R., Rovira, A., Marthaler, D.G., Torremorell, M., 2014. Evidence of infectivity of airborne porcine epidemic diarrhea virus and detection of airborne viral RNA at long distances from infected herds. *Vet. Res.* 45, 73.

Boniotti, M.B., Papetti, A., Bertasio, C., Giacomini, E., Lazzaro, M., Cerioli, M., Faccini, S., Bonilauri, P., Vezzoli, F., Lavazza, A., Alborali, G.L., 2018. Porcine Epidemic Diarrhoea Virus in Italy: Disease spread and the role of transportation. *Transbound. Emerg. Dis.* 65, 1935-1942.

Carr, J., Zakharchenko, Y., Chipenko, I., Besarab, J., Konovalov, I., Bekh, O., 2015. Clinical signs of Porcine Epidemic Diarrhoea in the Ukraine in 2014 associated with a Chinese/USA PED Virus. 8.

Chasey, D., Cartwright, S., 1978. Virus-like particles associated with porcine epidemic diarrhoea. *Res. Vet. Sci.* 25, 255-256.

Christiaens, I., Conceição-Neto, N., Theuns, S., Zeller, M., Desmarets, L., Roukaerts, I., Heylen, E., Nauwynch, H., 2015. Genetic characterization of porcine epidemic diarrhea virus strains isolated from novel outbreaks in the European Union, Belgium. In: Xth International Congress for Veterinary Virology-9th Annual Meeting of EPIZONE-Changing Virus in a Changing World, August 31st-September 3rd 2015, Montpellier, France.

Corrégé, I., Rossel, R., Grasland, B., Rose, N. 2019. Evaluation of Porcine Epidemic Diarrhea Virus (PEDV) seroprevalence in France in 2018. In: 11th European Symposium on Porcine Health Management, 22-24 May 2019, Utrecht, The Netherlands.

Corrégé, I., Bidanel, J., Bigault, L., Contrant, M. 2020. Evaluation de la séroprévalence vis-à-vis du virus de la Diarrhée Epidémique Porcine (DEP) dans les élevages de sélection et de multiplication en France en 2018. *Les Journées de la Recherche Porcine*, 52, 277-278.

Crawford, K., Lager, K., Miller, L., Opriessnig, T., Gerber, P., Hesse, R., 2015. Evaluation of porcine epidemic diarrhea virus transmission and the immune response in growing pigs. *Vet. Res.* 46, 49.

Dee, S., Clement, T., Schelkopf, A., Nerem, J., Knudsen, D., Christopher-Hennings, J., Nelson, E., 2014. An evaluation of contaminated complete feed as a vehicle for porcine epidemic diarrhea virus infection of naive pigs following consumption via natural feeding behavior: proof of concept. *BMC Vet. Res.* 10, 176.

Diep, N.V., Sueyoshi, M., Izzati, U., Fuke, N., Teh, A.P.P., Lan, N.T., Yamaguchi, R., 2018. Appearance of US-like porcine epidemic diarrhoea virus (PEDV) strains before US outbreaks and genetic heterogeneity of PEDVs collected in Northern Vietnam during 2012-2015. *Transbound. Emerg. Dis.* 65, e83-e93.

Dortmans, J.C.F.M., Li, W., van der Wolf, P.J., Buter, G.J., Franssen, P.J.M., van Schaik, G., Houben, M., Bosch, B.J., 2018. Porcine epidemic diarrhea virus (PEDV) introduction into a naive Dutch pig population in 2014. *Vet. Microbiol.* 221, 13-18.

Dufresne, L., Robbins, R., 2014. Field experience with porcine epidemic diarrhea. *American Association of Swine Veterinarians*, 613-616.

- EFSA, 2014. Scientific Opinion on porcine epidemic diarrhoea and emerging porcine deltacoronavirus. EFSA Journal 12, 3877.
- EFSA, 2016. Collection and review of updated scientific epidemiological data on porcine epidemic diarrhoea. EFSA Journal 14, 4375.
- Ferreira, A.S., Barbosa, F.F., Tokach, M.D., Santos, M., 2009. Spray dried plasma for pigs weaned at different ages. *Recent Pat. Food Nutr. Agric.* 1, 231-235.
- Fischer, F., Stegen, C.F., Masters, P.S., Samsonoff, W.A., 1998. Analysis of constructed E gene mutants of mouse hepatitis virus confirms a pivotal role for E protein in coronavirus assembly. *J. Virol.* 72, 7885-7894.
- Gallien, S., Andraud, M., Moro, A., Lediguerher, G., Morin, N., Gauger, P.C., Bigault, L., Paboeuf, F., Berri, M., Rose, N., Grasland, B., 2018a. Better horizontal transmission of a US non-InDel strain compared with a French InDel strain of porcine epidemic diarrhoea virus. *Transbound. Emerg. Dis.* 65, 1720-1732.
- Gallien, S., Fablet, C., Bigault, L., Bernard, C., Toulouse, O., Berri, M., Blanchard, Y., Rose, N., Grasland, B., 2018b. Lessons learnt from a porcine epidemic diarrhoea (PED) case in France in 2014: Descriptive epidemiology and control measures implemented. *Vet. Microbiol.* 226, 9-14.
- Gallien, S., Le Poder, S., Rose, N., Grasland, B., 2016. Diarrhée épidémique porcine : le retour d'une "ancienne" maladie. *Virologie* 20, 335-351.
- Gallien, S., Moro, A., Lediguerher, G., Catinot, V., Paboeuf, F., Bigault, L., Berri, M., Gauger, P.C., Pozzi, N., Authié, E., Rose, N., Grasland, B., 2018c. Evidence of porcine epidemic diarrhoea virus (PEDV) shedding in semen from infected specific pathogen-free boars. *Vet. Res.* 49.
- Gallien, S., Moro, A., Lediguerher, G., Catinot, V., Paboeuf, F., Bigault, L., Gauger, P.C., Pozzi, N., Berri, M., Authié, E., Rose, N., Grasland, B., 2019. Limited shedding of an S-InDel strain of porcine epidemic diarrhoea virus (PEDV) in semen and questions regarding the infectivity of the detected virus. *Vet. Microbiol.* 228, 20-25.
- Geiger, J., Connor, J., 2013. Porcine Epidemic Diarrhoea, Diagnosis, and Elimination. <http://www.aasv.org/aasv%20website/Resources/Diseases/PED/13-05-29PEDWhitePaper.pdf>. Accessed 25 November 2016.
- Grasland, B., Bigault, L., Bernard, C., Andraud, M., Blanchard, Y., Rose, N., 2015. La diarrhée épidémique porcine: quel risque en France? Comment s'y préparer? *Journées Recherche Porcine* 47, 259-264.
- Hanke, D., Jenckel, M., Petrov, A., Ritzmann, M., Stadler, J., Akimkin, V., Blome, S., Pohlmann, A., Schirrmeyer, H., Beer, M., Höper, D., 2015. Comparison of porcine epidemic diarrhoea viruses from Germany and the United States, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 21, 493-496.
- Jung, K., Saif, L.J., 2015. Porcine epidemic diarrhoea virus infection: Etiology, epidemiology, pathogenesis and immunoprophylaxis. *Vet. J.* 204, 134-143.
- Kim, Y.K., Cho, Y.Y., An, B.H., Lim, S.I., Lim, J.A., Cho, I.S., Le, V.P., An, D.J., 2016. Molecular characterization of the spike and ORF3 genes of porcine epidemic diarrhoea virus in the Philippines. *Arch. Virol.* 161, 1323-1328.
- Laude, H., Rasschaert, D., Delmas, B., Eleouët, J.F., 1998. Le coronavirus respiratoire porcin PRCV : un virus émergent pas comme les autres. *Virologie* 2, 305-316.
- Lawrence, P.K., Bumgardner, E., Bey, R.F., Stine, D., Bumgarner, R.E., 2014. Genome sequences of porcine epidemic diarrhoea virus: in vivo and in vitro phenotypes. *Genome announcements* 2 (3): e00503-14.
- Li, G., Chen, Q., Harmon, K.M., Yoon, K.J., Schwartz, K.J., Hoogland, M.J., Gauger, P.C., Main, R.G., Zhang, J., 2014a. Full-Length Genome Sequence of Porcine Deltacoronavirus Strain USA/IA/2014/8734. *Genome announcements* 2 (2): e00278-14.
- Li, R., Qiao, S., Yang, Y., Su, Y., Zhao, P., Zhou, E., Zhang, G., 2014b. Phylogenetic analysis of porcine epidemic diarrhoea virus (PEDV) field strains in central China based on the ORF3 gene and the main neutralization epitopes. *Arch. Virol.* 159, 1057-1065.
- Lowe, J., Gauger, P., Harmon, K., Zhang, J., Connor, J., Yeske, P., Loula, T., Levis, I., Dufresne, L., Main, R., 2014. Role of transportation in spread of porcine epidemic diarrhoea virus infection, United States. *Emerg. Infect. Dis.* 20, 872-874.
- Madson, D.M., Magstadt, D.R., Arruda, P.H., Hoang, H., Sun, D., Bower, L.P., Bhandari, M., Burrough, E.R., Gauger, P.C., Pillatzki, A.E., Stevenson, G.W., Wilberts, B.L., Brodie, J., Harmon, K.M., Wang, C., Main, R.G., Zhang, J., Yoon, K.J., 2014. Pathogenesis of porcine epidemic diarrhoea virus isolate (US/Iowa/18984/2013) in 3-week-old weaned pigs. *Vet. Microbiol.* 174, 60-68.
- Marthaler, D., Jiang, Y., Collins, J., Rossow, K., 2014. Complete Genome Sequence of Strain SDCV/USA/Illinois121/2014, a Porcine Deltacoronavirus from the United States. *Genome announcements* 2 (2):e00218-14.
- Marthaler, D., Jiang, Y., Otterson, T., Goyal, S., Rossow, K., Collins, J., 2013. Complete Genome Sequence of Porcine Epidemic Diarrhoea Virus Strain

- USA/Colorado/2013 from the United States. *Genome announcements* 1 (4):e00555-13.
- Masters, P.S., 2006. The molecular biology of coronaviruses. *Advances in virus research* 66, 193-292.
- Mesquita, J.R., Hakze-van der Honing, R., Almeida, A., Lourenço, M., van der Poel, W.H., Nascimento, M.S., 2015. Outbreak of Porcine Epidemic Diarrhea Virus in Portugal, 2015. *Transbound Emerg Dis*.
- Ministère de l'agriculture, 2014a. Arrêté du 12 mai 2014 modifiant l'arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales.
- Ministère de l'agriculture, 2014b. Note de service DGAL/SDSPA/2014-708.
- Ministère de l'agriculture, 2017. Arrêté du 4 mai 2017 modifiant l'arrêté ministériel du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires première et deuxième catégorie pour les espèces animales.
- Olanratmanee, E.O., Kunavongkrit, A., Tummaruk, P., 2010. Impact of porcine epidemic diarrhea virus infection at different periods of pregnancy on subsequent reproductive performance in gilts and sows. *Anim. Reprod. Sci.* 122, 42-51.
- Oldman, J., 1972. Letter to the editor. *Pig farming Supplement* Oct, 72-73.
- Pasick, J., Berhane, Y., Ojkic, D., Maxie, G., Embury-Hyatt, C., Swekla, K., Handel, K., Fairles, J., Alexandersen, S., 2014. Investigation into the role of potentially contaminated feed as a source of the first-detected outbreaks of porcine epidemic diarrhea in Canada. *Transbound. Emerg. Dis.* 61, 397-410.
- Pensaert, M.B., de Bouk, P., 1978. A new coronavirus-like particule associated with diarrhea in swine. *Arch. Virol.* 58.
- Perri, A.M., Poljak, Z., Dewey, C., Harding, J.C.S., O'Sullivan, T.L., 2019. Factors associated with time to elimination of porcine epidemic diarrhea virus in individual Ontario swine herds based on surveillance data. *Front. Vet. Science*, 6: 139.
- Perri, A.M., Poljak, Z., Dewey, C., Harding, J.C.S., O'Sullivan, T.L., 2020. A descriptive study of on-farm biosecurity and management practices during the incursion of porcine epidemic diarrhea into Canadian swine herds, 2014. *J. Vet. Sci.* 21 (2):e25.
- Sasaki, Y., Alvarez, J., Sekiguchi, S., Sueyoshi, M., Otake, S., Perez, A., 2016. Epidemiological factors associated to spread of porcine epidemic diarrhea in Japan. *Prev. Vet. Med.* 123, 161-167.
- Sasaki, Y., Toyomaki, H., Sekiguchi, S., Sueyoshi, M., Makita, K., Otake, S., Perez, A., Alvarez, J., 2017. Spatial dynamics of porcine epidemic diarrhea (PED) spread in the southern Kyushu, Japan. *Prev. Vet. Med.* 144, 81-88.
- Song, D., Park, B., 2012. Porcine epidemic diarrhoea virus: a comprehensive review of molecular epidemiology, diagnosis, and vaccines. *Virus Genes* 44, 167-175.
- Stevenson, G.W., Hoang, H., Schwartz, K.J., Burrough, E.R., Sun, D., Madson, D., Cooper, V.L., Pillatzki, A., Gauger, P., Schmitt, B.J., Koster, L.G., Killian, M.L., Yoon, K.J., 2013. Emergence of Porcine epidemic diarrhea virus in the United States: clinical signs, lesions, and viral genomic sequences. *J. Vet. Diagn. Invest.* 25, 649-654.
- Sun, R.Q., Cai, R.J., Chen, Y.Q., Liang, P.S., Chen, D.K., Song, C.X., 2012. Outbreak of porcine epidemic diarrhea in suckling piglets, China. *Emerg. Infect. Dis.* 18, 161-163.
- Thomas, J.T., Chen, Q., Gauger, P.C., Giménez-Lirola, L.G., Sinha, A., Harmon, K.M., Madson, D.M., Burrough, E.R., Magstadt, D.R., Salzbrenner, H.M., Welch, M.W., Yoon, K.J., Zimmerman, J.J., Zhang, J., 2015. Effect of Porcine Epidemic Diarrhea Virus Infectious Doses on Infection Outcomes in Naïve Conventional Neonatal and Weaned Pigs. *PLoS One* 10, e0139266.
- Toplak, I., Ipavec, M., Kuhar, U., Kusar, D., Papic, B., Koren, S., Toplak, N., 2016. Complete Genome Sequence of the Porcine Epidemic Diarrhea Virus Strain SLO/JH-11/2015. *Genome announcements* 4: e01725-15, DOI: 10.1128/genomeA.01725-15.
- Toyomaki, H., Sekiguchi, S., Sasaki, Y., Sueyoshi, M., Makita, K., 2018. Factors associated with farm-level infection of porcine epidemic diarrhea during the early phase of the epidemic in Japan in 2013 and 2014. *Prev. Vet. Med.* 150, 77-85.
- Trujillo-Ortega, M.E., Beltran-Figueroa, R., Garcia-Hernandez, M.E., Juarez-Ramirez, M., Sotomayor-Gonzalez, A., Hernandez-Villegas, E.N., Becerra-Hernandez, J.F., Sarmiento-Silva, R.E., 2016. Isolation and characterization of porcine epidemic diarrhea virus associated with the 2014 disease outbreak in Mexico: case report. *BMC Vet. Res.* 12, 132.
- Wang, K., Lu, W., Chen, J., Xie, S., Shi, H., Hsu, H., Yu, W., Xu, K., Bian, C., Fischer, W.B., Schwarz, W., Feng, L., Sun, B., 2012. PEDV ORF3 encodes an ion channel protein and regulates virus production. *FEBS Lett.* 586, 384-391.
- Zhou, P., Fan, H., Lan, T., Yang, X.L., Shi, W.F., Zhang, W., Zhu, Y., Zhang, Y.W., Xie, Q.M., Mani, S., Zheng, X.S., Li, B., Li, J.M., Guo, H., Pei, G.Q., An, X.P., Chen, J.W., Zhou, L., Mai, K.J., Wu, Z.X., Li, D., Anderson, D.E., Zhang, L.B., Li, S.Y., Mi, Z.Q., He, T.T., Cong, F., Guo, P.J., Huang, R., Luo, Y., Liu, X.L., Chen, J., Huang, Y., Sun, Q., Zhang, X.L., Wang, Y.Y., Xing, S.Z., Chen, Y.S., Sun, Y., Li, J., Daszak, P., Wang, L.F.,

Shi, Z.L., Tong, Y.G., Ma, J.Y., 2018. Fatal swine acute diarrhoea syndrome caused by an HKU2-related coronavirus of bat origin. Nature 556, 255-258.

**Pour citer cet article :**

Rose N., Rossel R., Fablet C., Grasland B., Contrant M. 2021. « Diarrhée épidémique porcine : éléments d'épidémiologie descriptive et analytique à l'étranger et en France depuis sa ré-émergence en 2014 » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 92(5) : 1-14.

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

**Directeur de publication :** Roger Genet

**Directeur associé :** Bruno Ferreira

**Directrice de rédaction :** Emilie Gay

**Rédacteur en chef :** Julien Cauchard

**Rédacteurs adjoints :** Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

**Comité de rédaction :** Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard

**Secrétaire de rédaction :** Isabelle Stubljär

**Responsable d'édition :**

Fabrice Coutureau Vicaire

**Anses -** [www.anses.fr](http://www.anses.fr)

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

**Courriel :** [bulletin.epidemiologie@anses.fr](mailto:bulletin.epidemiologie@anses.fr)

**Dépôt légal :** parution/ISSN 1769-7166

# Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

2020

## Un cas de pullorose dans un élevage de cailles de chair en 2019

Sophie Le Bouquin<sup>(1)</sup>, Laetitia Bonifait<sup>(2)</sup>, Thomas Ledein<sup>(3)</sup>, François Guillon<sup>(4)</sup>,

Sandra Rouxel<sup>(2)</sup>, Rozenn Souillard<sup>(1)</sup>, Marianne Chemaly<sup>(2)</sup>

Auteur correspondant : sophie.lebouquin-leneveu@anses.fr

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Épidémiologie, santé et bien-être (EPISABE), Ploufragan, France

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Hygiène et Qualité des Produits Avicoles et Porcins (HQPAP), Ploufragan, France

(3) SELARL AMI-VET, Janzé, France

(4) DGAL, SDSPA/BSA, Paris France

### Résumé

En juillet 2019, un foyer de pullorose a été signalé dans un élevage de cailles de l'Ouest de la France. Un premier épisode avait été détecté sur ce même site quelques mois plus tôt. Compte tenu de son caractère exceptionnel et de l'importance des conséquences économiques potentielles de la pullorose, des investigations épidémiologiques et microbiologiques ont été menées en collaboration étroite avec le vétérinaire sanitaire, les services de l'état et l'éleveur. *Salmonella Gallinarum* et *Salmonella Infantis* ont été isolées à partir d'échantillons prélevés sur des oiseaux du site infecté. *S. Infantis* a aussi été isolée dans les prélèvements d'environnement avant et après les opérations de nettoyage et désinfection, ainsi que sur des ténébrions isolés dans le bâtiment à l'issue des opérations de décontamination. Une résurgence du premier épisode par transmission horizontale de *S. Gallinarum* est l'hypothèse la plus probable, confortée par la comparaison des souches isolées au cours des deux épisodes. La politique d'éradication drastique mise en place dans les années 1970 a permis d'éliminer cette maladie, cependant elle peut encore réapparaître de manière très sporadique dans les élevages de volailles. La vigilance de tous les acteurs des filières avicoles reste de mise et une sensibilisation à sa détection apparaît nécessaire.

### Mots-clés:

Investigation épidémiologique, Pullorose, *Salmonella*, caille

### Abstract

#### **An outbreak of *Salmonella Gallinarum* in a broiler quail farm**

In July 2019, an outbreak of pullorum disease was reported in a broiler quail farm in Western France. It occurred following a case that has been reported several months earlier in the same farm. Given the exceptional nature of this episode and the importance of the potential economic consequences of the disease, in-depth epidemiological and microbiological investigations were carried out in close collaboration with the veterinarian, the veterinary officer and the farmer. *Salmonella Gallinarum* and *Salmonella Infantis* were both isolated from samples taken from birds at the infected site. *S. Infantis* was also isolated from environmental swabs taken before and after cleaning and disinfection, and from dark beetles isolated from the building after decontamination. A recurrence of the first episode by horizontal transmission of *S. Gallinarum* is the most likely hypothesis, supported by the comparison of strains isolated during the two episodes. The drastic eradication policy implemented in the 1970s has eliminated the disease, but it can still reappear very sporadically in poultry farms. Vigilance of all those involved in the poultry industry is still required and awareness of the detection of the disease appears to be necessary.

### Keywords:

Epidemiological investigation, Pullorum disease, *Salmonella*, quail

La pullorose est une maladie bactérienne septicémique due à *Salmonella enterica* sp. *enterica* serovar Gallinarum biovar Pullorum touchant différentes espèces aviaires (OIE, 2018). Les poules et les dindes sont tout particulièrement touchées, mais d'autres espèces telles que les cailles, les canards, les faisans, les perdrix et les pintades ne sont pas exclues (Shivaprasad, 2000, Shivaprasad *et al.*, 2016). La pullorose affecte tout particulièrement les jeunes animaux, chez qui elle est responsable d'une atteinte générale grave associée à une mortalité pouvant être très élevée (50 % à 100 %). Elle est distincte de la typhose aviaire, maladie septicémique des volailles adultes causée par *Salmonella enterica* sp. *enterica* serovar Gallinarum biovar Gallinarum. Elle ne présente pas d'incidence significative en santé publique et son importance est essentiellement liée aux mortalités en élevage et aux restrictions à la commercialisation engendrées (Shivaprasad, 2000). La transmission verticale via la contamination des œufs représente le mode de transmission le plus important mais la transmission horizontale est aussi possible (Shivaprasad, 2000, Shivaprasad *et al.*, 2016).

La pullorose sévit de manière endémique dans de nombreuses régions du monde (Moyen-Orient, Afrique, Asie, Amérique Centrale et du Sud), où elle cause encore des pertes économiques considérables (Teferi *et al.*, 2016, Barrow *et al.*, 2011). Elle a été éliminée des filières de productions avicoles organisées en Europe et en Amérique du Nord. En France, la mise en place d'une politique d'éradication draconienne, menée dans les années 1970, a permis de s'en débarrasser. Elle peut toutefois rester inféodée aux élevages familiaux et refaire son apparition dans les élevages professionnels de manière sporadique. Les risques de contamination à la faveur des échanges internationaux et la nécessité de préserver le caractère indemne de la France ont justifié l'inscription de la pullorose dans la liste des dangers sanitaires de catégorie 2, notamment afin d'avoir les moyens réglementaires de contrôler une éventuelle résurgence (encadré 1). Les derniers foyers observés en France remontent à 1984 et 1985 sur des poules pondeuses, 2003 et 2004 sur des pintades et plus récemment en 2011 en filières *Gallus gallus* chair et ponte. Trois foyers de pullorose (*S. Gallinarum*) avaient alors été identifiés dans des filières de productions différentes du nord-ouest de la France (El Hassimiou Dia *et al.*, 2012). L'origine de la contamination n'avait pas pu être identifiée formellement mais un lien épidémiologique entre ces élevages avait pu être montré, confirmé par les profils moléculaires des souches de *S. Gallinarum* isolées selon la méthode d'électrophorèse en champ pulsée (PFGE).

En juillet 2019 un nouveau foyer a été signalé dans un élevage de cailles de chair de l'ouest de la France. Il faisait suite à un cas survenu huit mois plus tôt dans ce même élevage, sur le même site mais dans un autre bâtiment de cailles. Au regard du caractère exceptionnel de cet épisode et de l'importance des conséquences économiques et commerciales potentielles, des investigations épidémiologiques approfondies ont été conduites par l'Anses, en étroite collaboration avec les services de l'état (DGAL, DDCSPP), le vétérinaire sanitaire

### Encadré 1. Que dit la réglementation

Typhose aviaire et pullorose sont des maladies figurant sur la liste des maladies notifiables auprès de l'OIE (Code terrestre de l'OIE, 2019). Les risques de contaminations à la faveur des échanges internationaux et la nécessité de préserver le caractère indemne de la France avaient justifié leur inscription sur la liste des maladies réputées contagieuses en 2006, notamment afin d'avoir les moyens réglementaires de contrôler une éventuelle résurgence. Depuis 2013, la Pullorose-Typhose est classée comme danger sanitaire de 2<sup>ème</sup> catégorie (Arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales), mais reste néanmoins réglementée. Elle est soumise à des mesures de police sanitaire et sa déclaration au préfet est obligatoire (AM du 29 mars 2011 fixant les mesures techniques et administratives relatives à la lutte contre la pullorose).

et l'éleveur. Cet élevage se situant en plein cœur d'une zone de production de volailles label, il s'agissait de tenter d'identifier l'origine du foyer et le lien possible avec le foyer initial afin de prévenir les risques de diffusion aux élevages voisins et de proposer des mesures d'assainissement efficaces. Suite à cet épisode, l'élevage a été dépeuplé puis assaini.

Cet élevage a fait l'objet d'un suivi rapproché et d'analyses bactériologiques complémentaires sur les animaux et leur environnement en s'appuyant sur les outils de séquençage moléculaire les plus récents. L'article décrit les investigations qui ont pu être réalisées, identifie des pratiques sanitaires à risque et propose des recommandations pour lutter contre cette maladie des volailles devenue rare en France.

## Matériels et méthodes

### Description du cas

Le cas s'est déclaré dans un élevage de cailles de chair de l'ouest de la France en juillet 2019. L'exploitation est constituée de quatre sites d'élevage distants de plusieurs centaines de mètres, de productions différentes (cailles reproductrices, cailles de chair, poulets de chair démarrés, volailles d'ornement, faisans et perdrix). L'éleveur est indépendant et possède son propre couvoir de cailles et un abattoir lui permettant d'écouler sa propre production de poulets et de cailles. L'essentiel de la production est commercialisé en circuit court, à la ferme et sur les marchés, à l'exception du gibier qui est commercialisé à l'export par une organisation de production.

Le cas s'est déclaré sur l'un des quatre sites, équipé de deux bâtiments contenant exclusivement des cailles de chair. Chaque bâtiment est séparé en deux salles d'une capacité de 12 000 animaux de même âge chacune. Un seul des deux bâtiments a été touché. La mortalité a démarré dans une des salles sur des animaux âgés de huit jours (mortalité cumulée de 16 % sur deux semaines). Les animaux présents dans l'autre salle sont légèrement plus âgés (quinze jours) et ont aussi été touchés, mais plus tardivement et dans une moindre mesure.

À l'autopsie, des lésions de septicémie ont été mises en évidence par le vétérinaire sanitaire et des organes ont été prélevés pour analyses bactériologiques. Des prélèvements de sang ont aussi été réalisés pour analyses sérologiques. Un traitement antibiotique (TMP sulfaméthoprime) a été immédiatement mis en place. Dans le même temps, une déclaration de suspicion à la DDPP a été réalisée et l'élevage a été mis sous Arrêté portant déclaration d'infection (APDI).

Compte tenu du caractère exceptionnel de cet épisode et de la complexité de la situation épidémiologique, la DGAL a sollicité l'assistance de l'Anses (LNR *Salmonella*). Un premier foyer de pullorose à *Salmonella* Gallinarum (biovar Pullorum) avait été découvert sur ce même site huit mois auparavant (novembre 2018), mais dans le second bâtiment.

### Investigations épidémiologiques

L'élevage a fait l'objet d'une enquête épidémiologique approfondie conjointe (Anses, DDPP, vétérinaire sanitaire, éleveur) à l'aide d'un questionnaire portant sur la description du cas, les pratiques d'élevage, la biosécurité, les mouvements d'animaux et les éventuels contacts entre fermes. L'historique de la première infection de l'élevage à *Salmonella* Gallinarum (biovar Pullorum) a été retracé.

Une dizaine de sites d'élevage de volailles et quelques basse-cours ont été recensés dans un périmètre de trois kilomètres et ont fait l'objet d'un suivi clinique par leur vétérinaire sanitaire comme précisé dans la réglementation nationale (AM du 29 mars 2011)<sup>(1)</sup>. Parmi ceux-ci, deux

(1) AM du 29 mars 2011 fixant les mesures techniques et administratives relatives à la lutte contre la pullorose, NOR AGRG1108929A <https://www.legifrance.gouv.fr/eli/arrrete/2011/3/29/AGRG1108929A/jo/texte>



## Encadré 2. Diagnostic de la pullorose

Le diagnostic de certitude repose sur la mise en culture, l'isolement et l'identification de SGP à partir des organes des animaux malades ou morts n'ayant pas été traités avec des antibiotiques. L'isolement à partir de prélèvements tissulaires est nettement plus performant qu'à partir d'écouvillons cloacaux ou de fientes. De plus, l'identification de *S. Gallinarum* chez des oiseaux porteurs asymptomatiques et dans l'environnement s'avère généralement difficile. C'est pourquoi, la sérologie est souvent effectuée en complément ; l'agglutination rapide sur lame (ARL) étant le test le plus couramment utilisé. Le dépistage sérologique nécessite de collecter un nombre important d'échantillons individuels pour diagnostiquer l'infection au sein d'un troupeau et son interprétation requiert une grande prudence en raison d'un taux élevé de faux positifs. Il n'existe à l'heure actuelle aucun kit ELISA commercial disponible sur le marché (Code terrestre de l'OIE, 2018).

sites d'élevage (un élevage de poules pondeuses plein air et un élevage de poulets labels) et deux basse-cours situés à proximité immédiate de l'élevage infecté ont fait l'objet d'une attention particulière.

Le site d'élevage de cailles infecté a fait l'objet d'un dépeuplement dans les jours qui ont suivi la prise de l'APDI. Les animaux des deux bâtiments touchés ont été euthanasiés sur site. Un suivi rapproché des opérations de nettoyage et de désinfection et un contrôle de leur efficacité a été réalisé avant la reprise de l'activité d'élevage sur le site.

### Prélèvements

Des prélèvements ont été réalisés par le vétérinaire sanitaire et la DDPP aux trois étapes clés du suivi : (1) au moment de la suspicion clinique sur les animaux atteints, (2) dans le cadre de l'enquête épidémiologique et (3) dans le cadre des opérations de nettoyage et de désinfection. Ils ont été effectués à différents endroits d'intérêt : sur le site infecté pour confirmer le diagnostic clinique, sur les autres sites de l'élevage pour contrôler le statut sanitaire des autres animaux présents sur l'élevage (notamment les cailles reproductrices et les gibiers) et dans les élevages en lien épidémiologique pour rechercher une éventuelle dissémination à d'autres sites. Plusieurs types de prélèvements (encadré 2) ont été envoyés au laboratoire pour analyse : des organes d'animaux morts (cœurs, foies, moelles osseuses) pour recherche bactériologique, du sang pour recherche d'anticorps spécifiques par agglutination rapide sur lame (ARL), des chiffonnettes d'environnement et des ténébrions. Le tableau 1 recense l'ensemble des prélèvements réalisés.

### Analyses

La recherche d'anticorps spécifiques de *Salmonella* a été réalisée selon la Norme NF U47-034 (Méthodes d'analyse en santé animale - Recherche d'anticorps spécifiques de *Salmonella Pullorum Gallinarum* dans le sérum par agglutination rapide sur lame). Les échantillons d'organes ont été analysés au laboratoire selon la Norme NF U47-101

(Méthodes d'analyse en santé animale - Isolement et identification de tout sérovar ou de sérovar(s) spécifié(s) de salmonelles chez les oiseaux). La comparaison génotypique des deux souches a été réalisée après séquençage du génome entier (WGS), en utilisant le schéma de cgMSLT disponible sur la plateforme de base de données Enterobase pour *Salmonella* (<http://enterobase.warwick.ac.uk/>).

## Résultats

### Investigations épidémiologiques et suivi de l'efficacité du nettoyage et de la désinfection

La présence simultanée sur le même élevage de nombreuses espèces de volailles et de plusieurs âges sur le même site (élevage multi-âge et multi espèces) ont été identifiées comme des pratiques à risques majeures de maintien de l'infection sur l'élevage. Dans ces conditions, les croisements de circuits (animaux, matériel, personnel) sont inévitables.

L'enquête épidémiologique a par ailleurs permis de recueillir des informations sur l'historique du premier foyer, notamment la gestion des opérations de nettoyage et désinfection qui avaient suivi l'abattage des animaux. Le contrôle de ces opérations s'étant avéré favorable et la reprise de l'activité d'élevage sur le site avait été autorisée début 2019. Le fumier issu de ce premier foyer avait été chaulé, sorti et stocké en tas à proximité des deux bâtiments de cailles pendant plusieurs mois. L'éleveur n'avait pas observé de combustion de ce tas. Le fumier avait ensuite été repris par un transporteur pour épandage au début du printemps 2019.

Concernant l'investigation des liens épidémiologiques, la production de cailles étant conduite en autarcie, les liens commerciaux amont et aval sont très limités. Aucun lien n'a été considéré comme intéressant à investiguer sur la période concernée. L'investigation des liens de voisinage et des élevages géographiquement proches n'a pas permis de détecter de cas clinique. Toutes les analyses bactériologiques et sérologiques effectuées dans le cadre des enquêtes des élevages en lien géographique avec le foyer se sont révélées négatives.

Dès l'élimination du troupeau infecté effectuée, le site a été soumis à un protocole de nettoyage et désinfection approfondi. Un contrôle de l'efficacité a été réalisé à leur issue. Visuellement, les bâtiments ont été jugés propres mais la persistance de ténébrions, notamment dans le sas d'élevage a été relevée lors de la visite. L'éleveur a déclaré être particulièrement soumis à des problèmes récurrents de ténébrions dans ses bâtiments d'élevage.

### Analyses

Le diagnostic de pullorose a été établi suite à l'isolement de *Salmonella Gallinarum* (*Salmonella enterica* sp. *enterica* serovar *Gallinarum*) à partir des prélèvements réalisés sur les animaux morts du site suspect.

Tableau 1. Synthèse des prélèvements effectués et des résultats sérologiques et bactériologiques obtenus

Localisation	Nature des prélèvements	Résultats obtenus
Site suspect - Sur les cailles cliniquement suspectes	Autopsies Bactériologie (cœur, foie, moelle osseuse)  Sérologies (60 prises de sang/bâtiment)	Septicémie <i>Salmonella</i> Infantis <i>Salmonella</i> Gallinarum 55 ARL négatif, 5 ARL positif
Autres volailles présentes sur l'élevage - cailles reproductrices	Autopsies Sérologies (2X60 prises de sang prélevées à 10 jours d'intervalle)	ARL négatif
Élevages de volailles dans le voisinage - basse-cours - élevage de pondeuses - élevage de poulets plein air	Sérologies (4 à 60 prises de sang/bat)	ARL négatif
Sur le site suspect après les opérations de nettoyage et désinfection	Environnement/Chiffonnettes Ténébrions	<i>Salmonella</i> Infantis <i>Salmonella</i> Infantis

De nouveaux prélèvements ont été envoyés au LNR *Salmonella* confirmant l'infection. *Salmonella* Infantis, une salmonelle résidente sur l'élevage depuis plusieurs années et précédemment identifiée a aussi été détectée. La recherche d'anticorps spécifiques de *Salmonella* Gallinarum par agglutination rapide sur lame (ARL) a permis d'identifier cinq sérums positifs (5/60) sur les cailleaux du bâtiment touché.

Toutes les analyses bactériologiques et sérologiques réalisées sur les animaux des autres productions de l'élevage se sont révélées négatives. Les prélèvements d'environnement réalisés sur le site infecté ont permis de mettre en évidence *S. Infantis*, mais tous se sont révélés négatifs à *S. Gallinarum*.

Les chiffonnettes d'environnement réalisées à la suite du nettoyage désinfection des bâtiments ont permis de retrouver la présence de *S. Infantis* sur le sol et les murs. *S. Infantis* a aussi été mis en évidence sur des ténébrions encore présents dans le bâtiment. *S. Gallinarum* n'a pas été retrouvée. Une synthèse des résultats d'analyses est présentée dans le [tableau 1](#).

Pour comparer les deux souches de *S. Gallinarum* après séquençage du génome entier, l'approche de « core-genome MLST » disponible dans la base de données Enterobase a été utilisée. Les souches ont présenté chacune un numéro de profil allélique différent (séquence type (ST) 199405 et ST 199407) mais, elles sont regroupées dans un même cluster lorsqu'une tolérance de dix variations alléliques de bases nucléiques. Ici les souches présentent 6 gènes de différence (ST 199405), tolérance acceptée entre deux souches présentant un lien épidémiologique par le laboratoire européen de référence pour *Salmonella* (LRUE) lorsque la méthode d'analyse des génomes est appliquée.

## Discussion

L'enquête épidémiologique n'a pas permis d'identifier a posteriori l'origine de la contamination survenue en novembre 2018. Dans le cas présent, une des questions posées visait à connaître s'il s'agissait d'une nouvelle introduction ou d'une résurgence de la maladie. La résurgence se définit comme la réapparition de la maladie dans un troupeau antérieurement atteint, puis assaini, sans nouvelle introduction de l'agent pathogène (Toma *et al.*, 2001). Plusieurs éléments épidémiologiques plaident en faveur de cette hypothèse.

La première piste porte sur le maintien sur le site d'élevage du tas de fumier contaminé lors du premier foyer, qui a pu représenter une source de persistance de l'infection sur le site. Bien que l'ayant traité à la chaux, l'éleveur n'a pas constaté de réduction de volume de son tas de fumier, ni de véritable combustion. La résistance de *Salmonella* Gallinarum (biovar Pullorum) est comparable à celle des autres salmonelles et une incinération ou un compostage assurant une montée en température à 65 °C à cœur (55 °C en surface) pendant plusieurs jours sont nécessaires pour obtenir leur destruction et sécuriser les effluents (Anses – Saisine n° 2011-SA-0059). Probablement insuffisamment humidifié, le fumier ne serait pas monté suffisamment en température pour permettre son assainissement. Ainsi, le ruissellement au cours de la période hivernale, tout comme l'opération d'enlèvement du tas de fumier contaminé au début du printemps 2019, ont pu être à l'origine d'une dissémination des salmonelles encore présentes.

La présence habituelle d'une quantité importante de ténébrions dans cet élevage a été relevée. L'observation de ténébrions dans le bâtiment et dans le sas après les opérations de désinsectisation, dératissage, nettoyage et désinfection a alerté le vétérinaire sanitaire. L'hypothèse d'une persistance de l'infection via les ténébrions a été renforcée par les résultats des prélèvements d'environnement réalisés après nettoyage et désinfection sur lesquels *S. Infantis* a été détectée en des endroits habituellement aisés à décontaminer (murs et sol du bâtiment). Les ténébrions prélevés ont eux aussi été détectés positifs à *S. Infantis*.

Si *S. Gallinarum* n'a pu être isolée directement, la présence de *S. Infantis* représente un bon indicateur du maintien d'une contamination salmonelle dans ce bâtiment. Au vu de ces résultats, les bâtiments ont fait l'objet d'une étape de nettoyage et désinfection supplémentaire. Un protocole de désinsectisation renforcé a aussi été entrepris. Les ténébrions sont connus pour être des réservoirs et des vecteurs mécaniques de nombreux pathogènes parmi lesquels des agents zoonotiques dont les salmonelles (Crippen *et al.*, 2018). Dans des conditions expérimentales, il est possible de détecter des salmonelles dans les larves de ténébrions pendant une durée de sept jours à partir d'un substrat contaminé (Wynants *et al.*, 2019). Dans ce cas, la transmission de l'infection par ingestion est la voie la plus probable. D'autres vecteurs passifs sont connus pour transmettre *S. Gallinarum*, notamment les poux rouges (OIE, 2018) et les rongeurs. (Anderson *et al.*, 2006) ont ainsi pu mettre en évidence la présence de *Salmonella* Pullorum sur l'intestin d'un rat piégé sur un foyer, présentant une similitude parfaite avec la souche identifiée sur les volailles.

Finalement l'utilisation d'outils de caractérisation moléculaire des souches de salmonelles comme le WGS, a permis de mettre en évidence un lien épidémiologique entre les souches de *S. Gallinarum* isolées lors des deux épisodes (formation d'un même cluster) et de confirmer l'hypothèse du maintien de l'infection sur le site. Ces outils viennent en appui aux enquêtes épidémiologiques pour identifier les souches liées entre elles, et ainsi confirmer ou infirmer l'existence d'un lien épidémiologique entre les foyers.

Des investigations approfondies ont été menées sur les cailles reproductrices élevées sur un des autres sites de l'élevage. La transmission de la pullorose peut en effet résulter d'une contamination verticale ou horizontale, mais la transmission verticale par les œufs due à une contamination des ovules représente le mode de transmission le plus important (Shivaprasad, 2000) ou indirectement, d'une transmission par contact de poussin à poussin dans l'éclosoir. La transmission horizontale directe ou indirecte semble épidémiologiquement moins importante mais elle est aussi décrite notamment entre fermes en lien épidémiologiques, via les litières, l'eau ou les aliments, les mouvements d'animaux (Eriksson *et al.*, 2018) et les rongeurs (Anderson *et al.*, 2006). Dans le cas présent, l'ensemble des prélèvements effectués sur les reproducteurs se sont révélés négatifs. La piste d'une contamination horizontale est privilégiée ; le fumier et les ténébrions ayant pu jouer le rôle de réservoir et assurer le maintien et la dissémination des bactéries sur le site.

Les observations faites dans les pays où la maladie demeure enzootique montrent que les élevages multi-âges représentent un réservoir important qui favorise la persistance et la diffusion de la maladie. Parmi ceux-ci, les élevages non commerciaux sont souvent cités comme susceptibles d'être des réservoirs de la maladie (Anderson *et al.*, 2006, Erbeck *et al.*, 1993). Peu suivis d'un point de vue sanitaire, ils peuvent représenter un risque d'autant plus important que les salmonelles y évoluent souvent à bas bruit, sans qu'aucun signe clinique ne soit décelé sur les animaux. Selon certains auteurs, la prévalence de la pullorose est de ce fait certainement sous-estimée (Barrow *et al.*, 2011, Eriksson *et al.*, 2018). Il est donc important de détecter et d'éliminer la pullorose des basse-cours afin de prévenir son introduction dans les élevages commerciaux. À ce titre, les basse-cours recensées à proximité du site atteint ont fait l'objet de visites cliniques et de prélèvements sanguins sur les animaux afin de s'assurer de leur statut et d'écarter leur rôle de réservoir éventuel.

*S. Gallinarum* n'a été isolée à partir d'aucun des prélèvements réalisés dans l'environnement. Contrairement aux salmonelles classiques (mobiles) dont la mise en évidence dans l'environnement à partir de chiffonnettes ou de prélèvements de poussières ou de fientes reste la méthode de choix, il est ainsi très difficile de détecter *S. Gallinarum* (Shivaprasad, 2015). La méthode d'enrichissement au sélénite-cystine à 37 °C, utilisable pour la recherche de *S. Gallinarum* est peu sensible et faiblement sélective pour des prélèvements d'environnement. L'identification de *S. Infantis* de manière récurrente depuis plusieurs

années et lors du contrôle réalisé suite au nettoyage et désinfection est toutefois un bon indicateur du maintien possible de pathogènes de type salmonellique sur l'élevage. La persistance de *S. infantis* malgré la réalisation des mesures de nettoyage et désinfection justifie pleinement la mise en œuvre d'une étape de décontamination supplémentaire et d'un protocole renforcé de lutte contre les ténérions.

La détection d'un épisode de pullorose dans un élevage commercial est un évènement devenu aujourd'hui exceptionnel en France. Les cas observés sont rares et anciens. Toutefois, le développement d'élevages plein air et la multiplication d'élevages familiaux pour l'autoconsommation, sont susceptibles d'entraîner une ré-émergence de la pullorose, au même titre que d'autres maladies considérées aujourd'hui comme « anciennes ». Compte tenu des conséquences économiques et commerciales susceptibles d'être engendrées par cette maladie, il est indispensable de maintenir une sensibilisation de l'ensemble des acteurs des filières avicoles (éleveur, encadrement sanitaire et technique, laboratoires de diagnostic vétérinaire) pour être en mesure de la détecter rapidement. La maladie pouvant évoluer à bas bruit et se répandre largement dans les élevages non commerciaux avant d'être détectée, il est aussi primordial de maintenir des barrières sanitaires efficaces pour éviter la transmission entre les deux populations co-existantes de volailles commerciales et non commerciales.

## Remerciements

Les auteurs remercient l'éleveur ainsi que les agents de la Direction départementale en charge de la protection des populations d'Ille-et-Vilaine qui nous ont accompagnés dans nos investigations.

## Références bibliographiques

- Anderson, L. A., D. A. Miller, and D. W. Trampel. 2006. "Epidemiological investigation, cleanup, and eradication of pullorum disease in adult chickens and ducks in two small-farm flocks." *Avian Dis* 50 (1):142-7. doi: 10.1637/7397-062105R.1.
- Anses – Saisine n° 2011-SA-0059. « AVIS de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation de l'environnement et du travail relatif à la gestion sanitaire d'un foyer de pullorose. » 1-10.
- Barrow, P. A., and O. C. Freitas Neto. 2011. "Pullorum disease and fowl typhoid--new thoughts on old diseases: a review." *Avian Pathol* 40 (1):1-13. doi: 10.1080/03079457.2010.542575.
- Crippen, T. L., C. L. Sheffield, R. C. Beier, and D. J. Nisbet. 2018. "The horizontal transfer of *Salmonella* between the lesser mealworm (*Alphitobius diaperinus*) and poultry manure." *Zoonoses Public Health* 65 (1):e23-e33. doi: 10.1111/zph.12404.
- El Hassimiou Dia, M., S. Le Bouquin, M.L. Vignaud, E. Bonin, H. Sadonès, V. Michel, S. Granier, F. Moury, and A. Brisabois. 2012. « Investigations épidémiologiques et microbiologiques de récents foyers de typhose et de pullorose chez les volailles en France. » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 48:10-13.
- Erbeck, D. H., B. G. McLaughlin, and S. N. Singh. 1993. "Pullorum disease with unusual signs in two backyard chicken flocks." *Avian Dis.* 37:895–897.
- Eriksson, H., R. Soderlund, L. Ernholm, L. Melin, and D. S. Jansson. 2018. "Diagnostics, epidemiological observations and genomic subtyping in an outbreak of pullorum disease in non-commercial chickens." *Vet Microbiol* 217:47-52. doi: 10.1016/j.vetmic.2018.02.025.
- OIE. 2018. "FOWL\_TYPHOID AND PULLORUM DISEASE." In *Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals*, edited by OIE.
- Shivaprasad, H.L. 2015. "Pullorose et typhose." In *Manuel de pathologie aviaire*, edited by J. Brugère-Picoux, J.P. Vaillancourt, H.L. Shivaprasad, D. Venne and M. Bouzouaia, 287-292.
- Shivaprasad, H.L., and P.A Barrow. 2016. "Pullorum disease and fowl typhoid." In *Diseases of Poultry*, edited by D.E. Swayne, Glisson, J.R., McDougald, L.R., Nolan, L.K., Suarez, D.L., Nair, V. , 678–693.
- Shivaprasad, HI. 2000. "Fowl typhoid and pullorum disease." *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* 19 (2):405-424.
- Teferi, M., and A. Nejash. 2016. "Epidemiology and Economic Importance of Pullorum Disease in Poultry: A Review." *Glob Vet* 17 (3):228-237. doi: 10.5829/idosi.gv.2016.17.03.103123.
- Toma, B, B Dufour, M Sanaa, J-J Bénét, A Shaw, F Moutou, and A Louza. 2001. *Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures*. AEEMA ed. 1 vols. Vol. 1. Maisons-Alfort, France.
- Wynants, E., L. Froominckx, S. Van Miert, A. Geeraerd, J. Claes, and L. Van Campenhout. 2019. "Risks related to the presence of *Salmonella* sp. during rearing of mealworms (*Tenebrio molitor*) for food or feed: Survival in the substrate and transmission to the larvae." *Food Control* 100:227-234. doi: 10.1016/j.foodcont.2019.01.026.





# Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

2021

Approche combinée d'analyses de séries temporelles et génomiques / exemple de la détection d'une augmentation de la présence de *Salmonella* Goldcoast en filière avicole.

*Combined approach of time series and genomic analyses: example of the detection of an increase in the occurrence of Salmonella Goldcoast in the French poultry sector*

Marie-Léone Vignaud<sup>(1)</sup>, Véronique Noel<sup>(1)</sup>, Mathilde Saussac<sup>(2)</sup>, Maria Pardos de Gandara<sup>(4)</sup>, Jean-Philippe Amat<sup>(2)</sup>, Frédérique Moury<sup>(1)</sup>, Vincent Leclerc<sup>(1)</sup>, Jean-Charles Leblanc<sup>(1)</sup>, Renaud Lailler<sup>(3)</sup>, Corinne Danan<sup>(1)</sup>

Auteur correspondant : marie-leone.vignaud@anses.fr

(1) Anses, Laboratoire de sécurité sanitaire des aliments, unité Salmonella et Listeria, Maisons-Alfort, France

(2) Anses, Laboratoire de Lyon, unité Epidémiologie et appui à la surveillance, Lyon, France

(3) Anses, Laboratoire de sécurité sanitaire des aliments, Mission de coordination de la référence et de la surveillance, Maisons-Alfort, France

(4) Centre National de référence des Escherichia coli, Shigella et Salmonella, Unité des Bactéries pathogènes entériques, Institut Pasteur, Paris, France

## Résumé

Les salmonelles, bactéries ubiquitaires, représentent la deuxième cause la plus fréquente de toxico-infections alimentaires bactériennes en France et en Europe. Dans ce contexte, l'Anses exerce une activité de surveillance de la chaîne alimentaire via le réseau *Salmonella* qui centralise, depuis plus de vingt ans, des résultats de sérotypage de salmonelles d'origine non humaine. Un outil statistique d'analyse de séries temporelles a été développé pour analyser ces données de surveillance. Il permet de détecter précocement des augmentations inhabituelles de la présence de certains sérovars aux niveaux national, régional ou encore dans une filière spécifique, susceptible de présenter un risque pour le consommateur. Le couplage de cette approche statistique et de l'analyse génomique des souches permet de caractériser finement ces événements inhabituels d'un point de vue épidémiologique. Cet article décrit un exemple de cette approche combinée déployée suite à l'augmentation inhabituelle de la détection de *Salmonella* Goldcoast au cours de la période 2018-2019 en France. Les analyses épidémiologiques et génomiques ont mis en évidence un cluster majoritaire lié à la filière avicole.

## Mots-clés :

*Salmonella*, génomique, statistiques, épidémiologie, évaluation du risque sanitaire

## Abstract

**Combined approach of time series and genomic analyses: example of the detection of an increase in the occurrence of Salmonella Goldcoast in the French poultry sector**  
*Salmonella, an ubiquitous bacteria, is the second-most frequent cause of bacterial food poisoning in France as well as in Europe. In this context, ANSES monitors the food chain via the Salmonella network, which has been centralizing serotyping results for non-human Salmonella for more than 20 years. A statistical tool for time series analysis has been developed for these data, enabling the early detection of unusual increases in specific serotypes at the national or regional level, or in a given sector. Coupling this statistical approach with the genomic analysis of strains makes it possible for these events to be characterized with a very high degree of precision. This article describes an example of this combined approach used for an unusual increase in Salmonella Goldcoast during the 2018-2019 period in France.*

## Keywords:

*Salmonella, genomics, statistics, epidemiology, risk assessment*

## Introduction

*Salmonella* est une bactérie pathogène pour l'homme. Ubiquitaire, elle peut être détectée chez l'homme, les animaux, les aliments destinés à l'homme ou aux animaux, dans les environnements de production et les écosystèmes. Cette bactérie est la deuxième cause de toxi-infections alimentaires collectives en France et la seconde en Europe, après *Campylobacter* (EFSA 2019, Réseau *Salmonella* 2020). Les cas d'infections humaines d'origine alimentaire résultent le plus souvent d'une perte de maîtrise de l'hygiène à un stade de la chaîne agro-alimentaire (pratiques d'élevage, transformation des aliments, préparation au stade de la consommation). Les salmonelles d'origine animale peuvent également se retrouver dans l'environnement naturel toujours difficile à maîtriser, et contaminer les filières de production alimentaire (David *et al.* 2011). De plus, 95 % des cas de salmonelloses humaines sont dus à une contamination alimentaire (Van Caueren *et al.* 2018).

L'impact des salmonelles dans les toxi-infections alimentaires collectives souligne la nécessité de renforcer les activités de surveillance et de vigilance, pour la détection de sérovars émergents, en identifiant le plus précocement possible, sur la chaîne alimentaire et dans l'environnement naturel (écosystème) et d'élevage, les situations présentant un risque pour le consommateur ou signifiant une perte de maîtrise sanitaire à un stade de la chaîne alimentaire.

Dans cette perspective, des outils statistiques d'analyses de séries temporelles pour la détection d'augmentation inhabituelle du nombre de souches de salmonelles ont été déployés sur les données de surveillance des salmonelles d'origine humaine et non humaine, pour une coordination de la surveillance nationale (Guillou *et al.* 2010 ; Danan *et al.* 2011).

Les données nationales du réseau *Salmonella* recensent de 2010 à 2017, de 3 à 20 souches chaque année de *Salmonella* Goldcoast (S. Goldcoast). Ce sérovar a déjà été identifié, au niveau européen, comme responsable de plusieurs toxi-infections alimentaires collectives liées notamment à la consommation de pâté, de salami ou encore de bulot (Inns *et al.* 2013, Scavia *et al.* 2013, Threlfall *et al.* 1986). En octobre 2018, une augmentation significative du nombre de souches reçues par le réseau a été observée en France. Cet évènement précède une alerte RASFF (Rapid Alert System for Food and Feed) notifiée par les autorités néerlandaises en lien avec de la viande fraîche de porc provenant de Belgique (AFSCA 01/12/2018). Cet article décrit l'ensemble de l'approche ayant permis de mettre en évidence et de caractériser cette augmentation inhabituelle du nombre de souches de S. Goldcoast détectées en France dans la filière avicole entre octobre 2018 et novembre 2019.

## Matériels et méthodes

### Dispositif de surveillance des salmonelles d'origine non humaine

Au niveau national, les salmonelles d'origine non-humaine sont surveillées dans le contexte d'une réglementation de santé publique vétérinaire (« Paquet Hygiène »), par les opérateurs de la chaîne alimentaire et les autorités compétentes, avec l'appui du Laboratoire National de Référence *Salmonella* (LNR Anses site de Ploufragan et LNR associé Anses LSAL site de Maisons-Alfort). La réglementation est fondée sur une analyse de risque qui privilégie une surveillance dès l'amont des filières présentant le plus de risques pour l'homme (filiale avicole en particulier). A cette surveillance sectorielle, s'ajoute un dispositif national de surveillance transversale, toutes filières confondues, animé par l'Anses depuis plus de vingt ans : le réseau *Salmonella* (David *et al.* 2011 ; Danan *et al.* 2012) (cf. encadré ci-dessous).

### Algorithmes statistiques pour la détection d'évènements inhabituels

Chaque semaine, les données du réseau *Salmonella* (souches analysées et métadonnées transmises) sont analysées par trois algorithmes d'analyses de séries temporelles: Farrington, RKI (algorithmes développés par le Robert Koch Institut) et Bayes (Bédubourg *et al.* 2017). Chacun des trois algorithmes réalise une prédiction du nombre de souches attendu d'un sérovar pour une semaine S en fonction du nombre de souches observé pour ce sérovar sur la même semaine S au cours des trois années précédentes (N-1, N-2, N-3). D'un point de vue statistique, cette approche permet de tenir compte de la possible saisonnalité de certains sérovars. Les prédictions et les effectifs réels sont alors comparés. Si les deux valeurs ont une différence significative (intervalle de prédiction  $\alpha \leq 0,01$ ), un signal est déclenché. Une alarme statistique est produite pour un sérovar, si au moins deux des trois algorithmes déclenchent un signal. La combinaison de ces trois algorithmes avec des spécificités et des sensibilités différentes permet une détection optimale d'augmentation inhabituelle du nombre de souches d'un sérovar donné.

Dans le cas où les algorithmes de Farrington, RKI et Bayes ne convergent pas (cas des sérovars rares), une méthode de calculs adaptée aux petits effectifs est utilisée. Cette analyse consiste à comparer le nombre de souches observé d'un sérovar en une semaine S de l'année N, avec le nombre de souches prévues à partir des observations des trois semaines (S, S-1, S-2) des deux années précédentes (N-1, N-2), permettant la mise en évidence de l'émergence de sérovars rares sur un pas de temps court. Une alarme statistique est générée si les effectifs réels dépassent la valeur maximale observée, pour la même semaine S, au cours des deux années précédentes.

### Le Réseau Salmonella :

Le réseau *Salmonella* est un dispositif de surveillance événementielle contribuant à caractériser la diversité et l'évolution spatio-temporelle des souches circulant dans les secteurs de la santé et production animales, l'alimentation humaine et animale, l'environnement des ateliers de production et l'écosystème naturel (eaux fluviales, eaux de réseau, boues, par exemple). Son fonctionnement repose sur le volontariat de 130 laboratoires publics ou privés, repartis sur l'ensemble du territoire (Leclerc *et al.* 2019). Il centralise l'ensemble des résultats de sérotypage effectués par le laboratoire de sécurité des aliments et les laboratoires partenaires. Ceux-ci transmettent leurs résultats à l'aide de tableaux récapitulatifs (« récapitulatifs ») rassemblant, par secteur, des informations (métadonnées) pour chaque souche sérotypées. Les métadonnées précisent, par exemple : date et lieu de prélèvement, origine (filiale) de la matrice de l'échantillon prélevé, laboratoire fournisseur, contexte des analyses (autocontrôle, alertes). Chaque année le réseau reçoit de ses laboratoires partenaires plus de 3 000 souches à analyser et environ 10 000 résultats de sérotypage et métadonnées liées à chacun des isolats (« récapitulatif ») (Réseau salmonella, inventaire 2018).

Les résultats (alarmes statistiques, courbe d'évolution temporelle sur dix ans, informations épidémiologiques associées aux sérovars à l'origine des alarmes) sont visualisés dans une interface Web R Shiny, consultable uniquement par les gestionnaires du réseau *Salmonella* en charge de l'interprétation des résultats.

### Répartition géographique

La répartition géographique des lieux d'isolement des souches est visualisée à l'aide du logiciel R à l'aide du package GADMtools.

### Sélection des souches

En cas de détection d'une alarme statistique sur un sérovar donné, l'ensemble des métadonnées associées aux souches incluses dans l'alarme est analysé. Cette analyse permet de s'assurer que l'alarme statistique observée n'est pas due à un artefact de fonctionnement suite à l'intégration de doublons ayant les mêmes dates de prélèvement, de matrices, de lieux de prélèvement et de contextes.

### Analyses génomiques des souches

L'analyse des métadonnées permet d'identifier et de sélectionner les souches à analyser par séquençage complet du génome. Les données de séquençage vont permettre une analyse du polymorphisme nucléotidique (SNP : single Nucleotide polymorphisme) des souches analysées par rapport à une souche de référence.

Ainsi, suite à l'alarme statistique liée à la détection d'une augmentation du nombre de souches *S. Goldcoast* déclenchée en octobre 2018, l'ensemble des souches de ce sérovar collectées par le réseau *Salmonella* sur la période de l'alarme (octobre 2018 à mars 2019) a été séquencé.

#### - Profil Multi-Locus Sequence Typing (MLST\*)

Une première caractérisation génotypique a été réalisée à partir des séquences de sept gènes de ménage\* (*aroC*, *dnaN*, *hemD*, *hisD*, *purE*, *sucA*, *etthA*) pour chaque souche en utilisant le service MLST du Center for Genomic Epidemiology (CGE : <https://cge.cbs.dtu.dk/services/MLST/>). Cette analyse permet de déterminer le profil MLST directement à partir des reads (non-assemblés) issus du séquençage complet du génome.

#### - Analyse Single Nucleotide Polymorphism (SNP\*)

L'analyse SNP permet une caractérisation génomique plus fine, fondée sur l'ensemble du génome des souches analysées. L'objectif de cette méthode est d'observer la variation nucléotidique des séquences des souches analysées par rapport à une souche de référence la plus proche possible des génomes analysés. Cette approche permet d'apprécier la proximité phylogénétique des souches étudiées.

Les séquences des génomes des souches de *S. Goldcoast* ont été comparées par une analyse SNP avec pour référence la souche humaine R18.0877 (Biosample SAMN11129919) isolée à Taiwan en 2018 (Sevellec *et al.* 2018). La visualisation de l'arbre phylogénétique a été obtenue à l'aide de la library phytools du logiciel R.

Les données de séquençage de quatre souches, deux appartenant au cluster majoritaire identifiées par la méthode SNP (2019LSAL00348, 2019LSAL00068), et deux souches n'appartenant pas à ce cluster (issues de prélèvements d'alimentation animale et de prélèvements d'alimentation humaine : lait) ont été intégrées dans la base de données EnteroBase. EnteroBase est une base de données génomiques internationale (Zhou *et al.* 2020) rassemblant aujourd'hui plus de 288 000 génomes de *Salmonella* isolées chez l'homme, l'environnement, l'alimentation ou l'animal. Afin de comparer les souches d'origine non-humaine avec les souches d'origine humaine, le Centre national de référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella* (CNR-ESS) a soumis sur EnteroBase l'ensemble des souches de *S. Goldcoast* de profil MLST 358 isolées en France sur la période étudiée (n = 15). Les modules d'analyse cg MLST et de visualisation graphique d'EnteroBase ont été utilisés pour réaliser la comparaison des données génomiques avec les séquences des souches humaines.

## Résultats

### Alarmes statistiques

Une augmentation significative du nombre de souches *S. Goldcoast* reçues par le réseau *Salmonella* a été observée en octobre 2018. Cette augmentation a été confirmée après intégration des récapitulatifs envoyés (cf. encart) par les laboratoires partenaires du réseau *Salmonella* (figure 1).

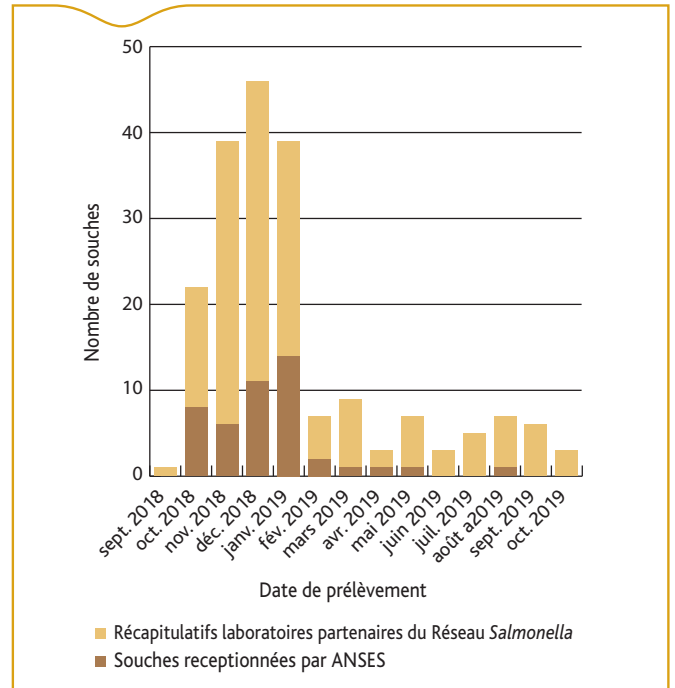
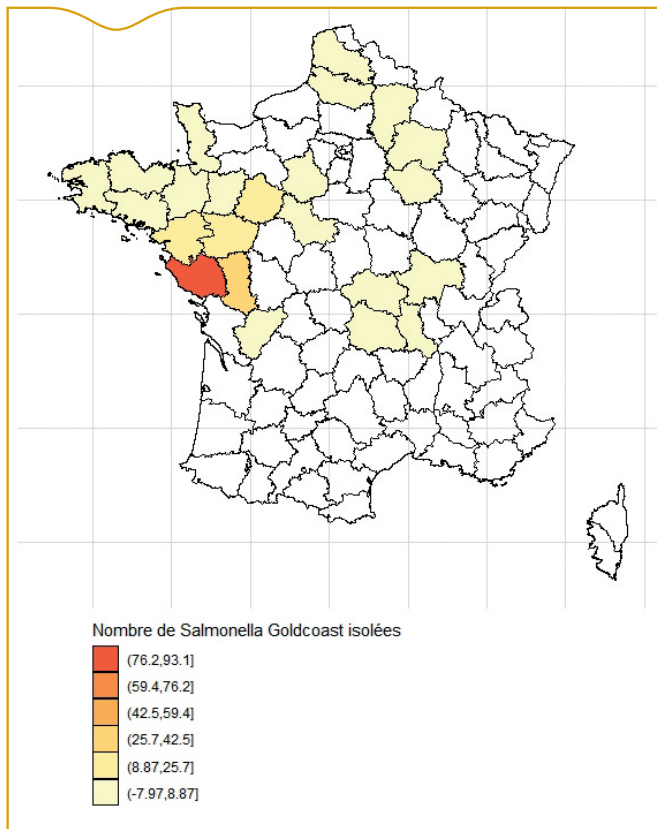


Figure 1. Évolution temporelle du nombre de souches et « récapitulatifs » de *Salmonella* Goldcoast collectés par le réseau *Salmonella*

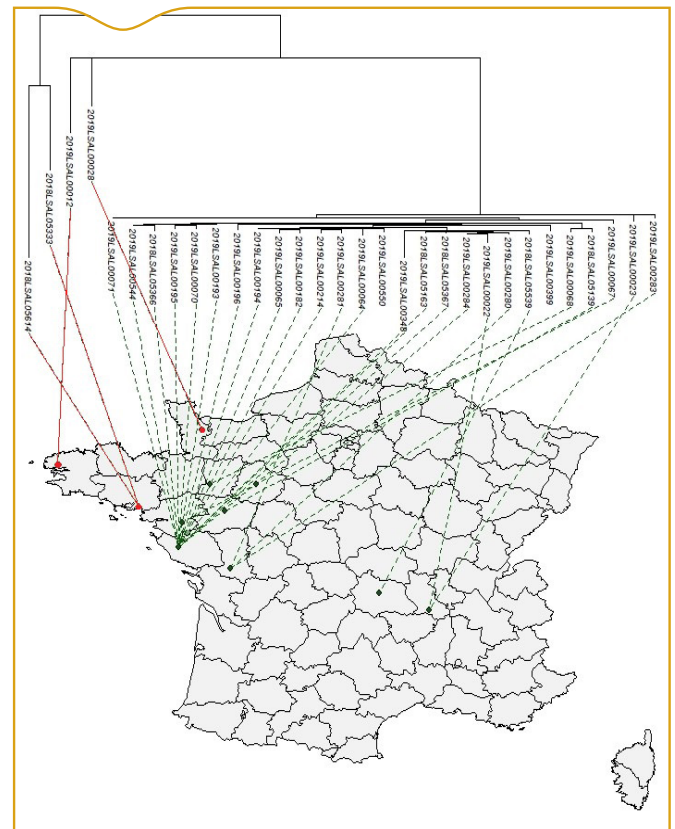
Le nombre de souches de *S. Goldcoast* recensées par le réseau *Salmonella* entre octobre 2018 et novembre 2019 a atteint un total de 197 (souches et récapitulatifs), contre sept l'année précédente durant la même période. Une majorité des souches (n= 172) est issue de prélèvements effectués dans la filière avicole. Les autres souches proviennent de la filière porcine (n=7), de prélèvements d'aliments pour animaux (n= 6), de la filière bovine (n=2), et du secteur de la santé animale mais sans précision de la filière (n=10). La répartition géographique indique que les prélèvements dans lesquels les souches de *S. Goldcoast* ont été isolées proviennent de 24 départements et huit régions principalement dans l'Ouest de la France (région Pays de la Loire et ses départements limitrophes) représentant 78 % des souches recensées (figure 2). Les données nationales du réseau *Salmonella*, recensent de 2010 à 2017, de 3 à 20 souches chaque année de *S. Goldcoast*. Jusqu'en 2015, 61 % de ces souches étaient isolées dans des aliments d'origine porcine. A partir de 2016, la proportion de souches isolées dans le secteur de la santé et production animales de la filière avicole devient majoritaire (64 %) (données non présentées ici).

### Analyses génomiques

La totalité des souches réceptionnées à l'Anses sur la période octobre 2018 à mars 2019 (n=31), période concentrant le maximum de souches de ce sérovar réceptionnées par le réseau *Salmonella*, a fait l'objet d'un séquençage complet du génome. Ces souches proviennent de onze départements, principalement des régions Bretagne et Pays de la Loire, 27 souches de la filière avicole, dont 24 sont issues de production primaire de volailles (*Gallus gallus*) et trois d'aliments destinés à l'homme (viande ou carcasse de poulet), deux souches d'alimentation animale et deux souches isolées de lait de vache.



**Figure 2.** Répartition géographique des souches et récapitulatifs de *Salmonella* Goldcoast collectés par le réseau *Salmonella* sur la période d'octobre 2018 à novembre 2019



**Figure 3.** Distribution phylogénétique des SNP du panel de souches de *Salmonella* Goldcoast corrélées au lieu et à la filière d'isolement (n=31). En rouge les souches isolées de prélèvement autre que la filière avicole (pointillés verts)

L'analyse MLST montre que l'ensemble des souches appartient au profil MLST 358 ; ce qui ne permet pas de distinguer les souches entre elles.

L'analyse SNP a permis de les discriminer, en mettant en évidence un cluster majoritaire (n= 27) constitué exclusivement de souches provenant de la filière avicole. Ce cluster est caractérisé par une variation nucléotidique inférieure à dix nucléotides (en vert dans la figure 3) ; ces souches peuvent donc être considérées proches génétiquement Pightling *et al.* (2018).

Les données épidémiologiques associées aux données génomiques, tendent à conforter l'hypothèse d'un lien entre ces souches. En effet les informations sur les lieux de prélèvement indiquent que la majorité des souches composant ce cluster a été isolée dans les régions Bretagne et Pays de la Loire (n=24). Par ailleurs, au sein de ce cluster, trois souches, ont été détectées en région Auvergne-Rhône-Alpes (Figure 3).

Aucun lien génomique n'a pu être mis en évidence entre ce cluster et les autres souches isolées de l'alimentation animale ou de lait (en rouge sur la figure 3).

### Comparaison avec les souches humaines

La comparaison des souches humaines et non-humaines sur la base de données EnteroBase a montré une variation allélique supérieure à 30 allèles. Cette importante différence n'est pas en faveur d'un lien génomique entre ces souches (Figure 4, page 5).

## Discussion - Conclusion

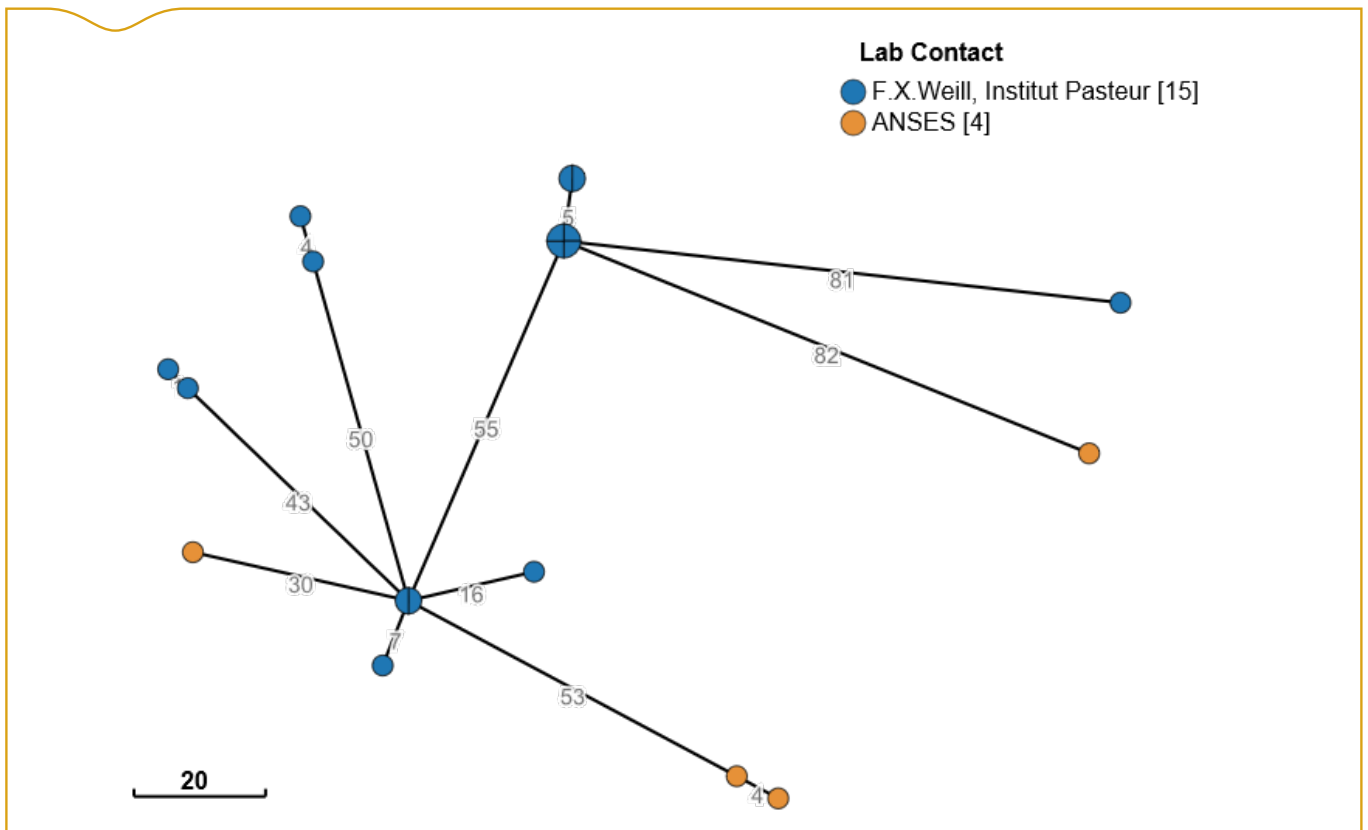
L'analyse statistique de séries temporelles utilisée dans cette étude a permis de détecter l'augmentation du sérovar Goldcoast à partir

des résultats de sérotypage des salmonelles d'origine non-humaine centralisés par le réseau *Salmonella*. Les données épidémiologiques ont mis en évidence que cette augmentation était liée à la filière avicole principalement dans les régions Pays de la Loire et dans le nord de la Nouvelle-Aquitaine, bassins de production avicole (ITAVI 2018). Au niveau international, ce sérovar est uniquement décrit en filière porcine (AFSCA 01/12/2018, Feng *et al.* 2019, Roschanski *et al.* 2019). De même, les cas de toxi-infections alimentaires rapportés à ce sérovar sont généralement dus à la consommation de produits issus de la filière porcine, comme en Allemagne en 2001 (Bremer *et al.* 2004) ou en Hongrie et Italie en 2009-2010 (Scavia *et al.* 2013). En France, bien que *S. Goldcoast* n'a jamais été décrit comme responsable de toxi-infection alimentaire, les données nationales du réseau *Salmonella* indiquent que ce sérovar était détecté préférentiellement dans la filière porcine jusqu'en 2015 avec une augmentation de son isolement en filière avicole à partir de 2016. Le lien entre les souches isolées des secteurs porcin et avicole pourrait être approfondi par l'analyse génomique des souches, afin d'explorer l'hypothèse d'une contamination intersectorielle.

La proximité phylogénétique des souches de la filière avicole des régions Bretagne, Pays de la Loire et Auvergne-Rhône-Alpes a été démontrée par l'analyse génomique. Ces observations soulèvent des questions, non explorées dans cette étude, sur les éventuels liens entre les élevages (origine commune de l'alimentation animale, liens commerciaux, etc.). Ce type de liens sont en effet des facteurs de risque connus de diffusion de la contamination entre les élevages au niveau national.

Les analyses génomiques n'ont pas mis en évidence de lien entre les souches nationales d'origine non-humaine et les souches humaines accessibles dans la base EnteroBase. A Taiwan, les récents résultats de surveillance de *S. Goldcoast* chez l'homme ont montré une augmentation significative de souches présentant une multi-





**Figure 4.** Arbre couvrant de poids minimal des souches d'origine humaine (Centre National de Référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella*: bleu) et non-humaine (ANSES: orange). Analyse effectuée par cgMLST. Le nombre d'allèle de différence entre les deux souches est indiqué sur la barre d'échelle et sur la branche. La visualisation a été réalisée grâce à l'option MSTree V2.

résistance aux antibiotiques (Liao *et al.* 2019) non observée sur les souches françaises étudiées (données non présentées ici). Bien que les données du réseau *Salmonella* indiquent un retour depuis novembre 2019, à des niveaux comparables aux années antérieures à 2018, une attention particulière sera maintenue sur ce serovar dans le cadre des activités de surveillance du réseau *Salmonella*. Ces informations sont également à partager en temps réel avec le CNR-ESS et les autorités sanitaires compétentes, afin d'optimiser la vigilance nationale et réduire, le cas échéant, l'exposition du consommateur.

Appliqué aux données du réseau *Salmonella*, le couplage des outils statistiques et du séquençage complet du génome des souches permet de caractériser finement des situations d'augmentation inhabituelle de souches possiblement reliées d'un point de vue épidémiologique et génomique, au niveau national, régional ou encore dans une filière spécifique.

## Glossaire

**Récapitulatifs** : résultats de sérotypage et métadonnées associées aux souches sérotypées par les laboratoires partenaires transmis au réseau *Salmonella*.

**Gène de ménage** : gène s'exprimant dans tous les types cellulaires et indispensable à la survie de la cellule.

**MLST** : Multi-Locus Sequence Typing : méthode consistant à séquencer un ensemble de fragments d'ADN, amplifiés par PCR, provenant d'autant de gènes de ménage. Pour chaque fragment, des séquences différentes représenteront des allèles différents.

**cg MLST** : core génome MLST : méthode reposant sur l'analyse de l'ensemble des gènes conservés au sein d'une même espèce. Pour chaque gène, des séquences différentes représenteront des allèles différents.

**SNP** : Single Nucleotide Polymorphism : polymorphisme de l'ADN dans lequel deux génomes diffèrent sur un segment donné par une seule paire de bases.

## Bibliographie

AFSCA, Agence fédérale pour la sécurité de la chaîne alimentaire : 01/12/2018. «Contamination possible par la bactérie *Salmonella* goldcoast d'un certain nombre de produits à base de viande, suite à la transformation de matières premières potentiellement contaminées : blocage de denrées alimentaires dans 2 entreprises et rappels de produits auprès des consommateurs.» doi: <http://www.afsca.be/professionnels/publications/presse/2018/2018-12-01.asp>.

Bédubourg, Gabriel, and Yann Le Strat. 2017. "Evaluation and comparison of statistical methods for early temporal detection of outbreaks: A simulation-based study." *PLoS one* 12 (7):e0181227-e0181227. doi: 10.1371/journal.pone.0181227.

Bremer, V., K. Leitmeyer, E. Jensen, U. Metzler, H. Meczulat, E. Weise, D. Werber, H. Tschaepel, L. Kreienbrock, S. Glaser, and A. Ammon. 2004. "Outbreak of *Salmonella* Goldcoast infections linked to consumption of fermented sausage, Germany 2001." *Epidemiol Infect* 132 (5):881-7. doi: 10.1017/S0950268804002699.

Danan, C., T. Delespierre, F. Moury, N. Jourdan-da Silva, A. Brisabois, and Y. Le Strat. 2011. "Automated early warning system for the surveillance of *Salmonella* isolated in the agro-food chain in France." *Epidemiol Infect* 139:736-41. doi: 10.1017/S0950268810001469.

Danan, D., Agbessi, A., Cabassut, G., Moury, F., Guyot, M., Talleu, L., Salah, S., Chemaly, M. 2012. «Surveillance des salmonelles isolées de la chaîne alimentaire en France.» *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* no 50 (Spécial Risques alimentaires microbiologiques).

David, J.-M., C. Danan, C. Chauvin, M. Chazal, R. Souillard, A. Brisabois, F.X. Weill, N. Jourdan Da Silva, M. Picherot, D. Guillemot, and P. Sanders. 2011. "Structure of the French farm-to-table surveillance system for *Salmonella*." *Revue Méd. Vét.* 162 (10):489-500, <https://hal-anses.archives-ouvertes.fr/hal-00653472>.

EFSA, European Food Safety Authority. 2019. "The European Union One Health 2018 Zoonoses Report." *EFSA Journal* 17 (12). doi: 10.2903/j.efsa.2019.5926.

Feng, Y., Y. J. Chang, S. H. Fang, L. H. Su, H. C. Li, H. P. Yang, M. J. Yu, and C. H. Chiu. 2019. "Emergence and Evolution of High-Level Cephalosporin-Resistant *Salmonella* Goldcoast in Northern Taiwan." *Open Forum Infect Dis* 6 (12):ofz447. doi: 10.1093/ofid/ofz447.

Guillou, A., and M Fau Kratz, Le Strat, Y. 2012. "An extreme value theory approach for the early detection of time clusters. A simulation-based assessment and an illustration to the surveillance of *Salmonella*." *Statist. Med.* (1097-0258 ). doi: DOI: 10.1002/sim.6275.

Inns, T, G Beasley, C Lane, V Hopps, T Peters, K Pathak, R Perez-Moreno, G K Adak, A G Shankar, and on behalf of the Outbreak Control Team. 2013. "Outbreak of *Salmonella* enterica Goldcoast infection associated with wheel consumption, England, June to October 2013." *Euro Surveill* 18 (49):20654. doi: doi:https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2013.18.49.20654.

ITAVI. 2018. Les chiffres clés, URL : <https://www.volaille-francaise.fr/wp-content/uploads/rapport2018chiffres-cles.pdf>.

Liao, Y. S., B. H. Chen, Y. P. Hong, R. H. Teng, Y. W. Wang, S. Y. Liang, Y. Y. Liu, Y. H. Tu, Y. S. Chen, J. H. Chang, C. S. Tsao, and C. S. Chiou. 2019. "Emergence of Multidrug-Resistant *Salmonella* enterica Serovar Goldcoast Strains in Taiwan and International Spread of the ST358 Clone." *Antimicrob Agents Chemother* 63 (10). doi: 10.1128/AAC.01122-19.

Pightling, Arthur W., James B. Pettengill, Yan Luo, Joseph D. Baugher, Hugh Rand, and Errol Strain. 2018. "Interpreting Whole-Genome Sequence Analyses of Foodborne Bacteria for Regulatory Applications and Outbreak Investigations." *Front Microbiol* 9 (1482). doi: 10.3389/fmicb.2018.01482.

Réseau *Salmonella*. 2020. «Inventaire des *Salmonella* d'origine non humaine 2018 URL :<https://sitesv2.anses.fr/fr/minisite/salmonella/inventaires-2010-2018.>»

Roschanski, N., S. Hadziabdic, M. Borowiak, B. Malorny, B. A. Tenhagen, M. Projahn, A. Kaesbohrer, S. Guenther, I. Szabo, U. Roesler, and J. Fischer. 2019. "Detection of VIM-1-Producing *Enterobacter cloacae* and *Salmonella* enterica Serovars Infantis and Goldcoast at a Breeding Pig Farm in Germany in 2017 and Their Molecular Relationship to Former VIM-1-Producing *S. Infantis* Isolates in German Livestock Production." *mSphere* 4 (3). doi: 10.1128/mSphere.00089-19.

Scavia, G, G Ciaravino, I Luzzi, A Lenglet, A Ricci, L Barco, A Pavan, F Zaffanella, and A M Dionisi. 2013. "A multistate epidemic outbreak of *Salmonella* Goldcoast infection in humans, June 2009 to March 2010: the investigation in Italy." *Euro Surveill* 18 (11):20424. doi: <https://doi.org/10.2807/ese.18.11.20424-en>.

Sevellec, Y., M. L. Vignaud, S. A. Granier, R. Lailier, C. Feurer, S. Le Hello, M. Y. Mistou, and S. Cadel-Six. 2018. "Polyphyletic Nature of *Salmonella* enterica Serotype Derby and Lineage-Specific Host-Association Revealed by Genome-Wide Analysis." *Front Microbiol* 9:891. doi: 10.3389/fmicb.2018.00891.

Threlfall, E. J., M. L. Hall, and B. Rowe. 1986. "*Salmonella* gold-coast from outbreaks of food-poisoning in the British Isles can be differentiated by plasmid profiles." *J Hyg (Lond)* 97 (1):115-122. doi: 10.1017/s0022172400064408.

Van Cauteren D, Le Strat Y, Sommen C, Bruyand M, Tourdjman M, Jourdan-Da Silva N, et al. . 2018. «Estimation de la morbidité et de la mortalité liées aux infections d'origine alimentaire en France métropolitaine, 2008-2013.» *Bull Epidémiol Hebd.* 2018 2018;(1):2-10, [http://invs.santepubliquefrance.fr/beh/2018/1/2018\\_1\\_1.html](http://invs.santepubliquefrance.fr/beh/2018/1/2018_1_1.html).

Zhou, Zheming, Nabil-Fareed Alikhan, Khaled Mohamed, Yulei Fan, Group Agama Study, and Mark Achtman. 2020. "The Enterobase user's guide, with case studies on *Salmonella* transmissions, *Yersinia pestis* phylogeny, and *Escherichia* core genomic diversity." *Genome Res* 30 (1):138-152. doi: 10.1101/gr.251678.119.

Directeur de publication : Roger Genet  
Directeur associé : Bruno Ferreira  
Directrice de rédaction : Emilie Gay  
Rédacteur en chef : Julien Cauchard  
Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Françoise Gauchard, Viviane Hénaux, Renaud Lailier, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit Durand, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard  
Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljär  
Responsable d'édition : Fabrice Coutureau

Assistante d'édition : Elsa Vidal  
Anses - [www.anses.fr](http://www.anses.fr)  
14 rue Pierre et Marie Curie  
94701 Maisons-Alfort Cedex  
Courriel : [bulletin.epidemio@anses.fr](mailto:bulletin.epidemio@anses.fr)  
Conception et réalisation : Parimage  
Crédits photos : AdobeStock



**MINISTÈRE  
DE L'AGRICULTURE  
ET DE L'ALIMENTATION**

*Liberté  
Égalité  
Fraternité*



**anses**  
AGENCE NATIONALE DE SÉCURITÉ SANITAIRE  
de l'alimentation, de l'environnement et du travail

## Evaluation OASIS du dispositif de surveillance des salmonelles en alimentation animale (association OQUALIM)

Renaud Lailler<sup>1</sup>, Céline Ravel<sup>2</sup>, Blandine Markwitz<sup>2</sup>

Auteur correspondant : [renaud.lailler@anses.fr](mailto:renaud.lailler@anses.fr)

<sup>1</sup>Anses, Laboratoire de sécurité des aliments, Mission Coordination de la référence et de la surveillance, Maisons-Alfort, France

<sup>2</sup>Oqualim, Paris, France

### Résumé

L'évaluation régulière d'un système de surveillance permet de s'assurer qu'il fournit des informations de qualité, utiles pour l'expertise et la prise de décision. Elle permet également au système évalué de se positionner dans une démarche de progrès continue et volontaire. L'évaluation permet de vérifier l'atteinte des objectifs définis en amont, d'identifier les forces et faiblesses du système, de proposer des améliorations et d'en évaluer l'impact.

L'association Oqualim s'est portée volontaire pour que soit évalué son dispositif de surveillance des salmonelles en alimentation animale. Cette évaluation semi-quantitative a été réalisée à l'aide de l'outil Oasis, dans le cadre des travaux du groupe de travail pour l'optimisation nationale des dispositifs d'épidémiologie des *Salmonella* (Ondes). Ce groupe de travail émane des deux plateformes nationales dédiées à l'épidémiologie en santé animale et à la surveillance de la chaîne alimentaire.

L'évaluation réalisée confirme le bon fonctionnement du dispositif par rapport aux objectifs initialement fixés au niveau du secteur professionnel. Elle en souligne les points forts tels que sa stabilité, sa couverture de surveillance et son taux élevé de réalisation.

Les principaux axes d'amélioration identifiés s'inscrivent dans une stratégie de contribution à l'optimisation du système français de surveillance des salmonelles tout au long de la chaîne alimentaire. La mise en place d'un comité scientifique et technique mobilisant des compétences externes en épidémiologie, d'une procédure de vérification des données, d'un suivi des méthodes mises en œuvre dans les laboratoires contribuerait à ces améliorations.

### Mots-clés

Alimentation animale, surveillance, *Salmonella*, sécurité sanitaire

### Abstract

**Title: Oasis evaluation of the salmonella surveillance system in animal feeding (Oqualim association)**

Regular evaluation of a surveillance system helps ensure that it provides quality information, coupled with expertise and effective decision-making. It also allows the evaluated system to position itself in a process of continuous and voluntary progress. The evaluation makes it possible to verify the achievement of the objectives defined upstream, to identify the strengths and weaknesses of the system, to propose improvements and to assess their impact.

The OQUALIM association has volunteered to have its system for monitoring *Salmonella* in animal feed evaluated. This semi-quantitative assessment was carried out using the OASIS tool, in the framework of the working group for the national optimization of epidemiological surveillance systems for *Salmonella* (ONDES). This working group emanates from the two national platforms dedicated to the animal health epidemiological surveillance and the food chain surveillance.

The assessment carried out confirms the proper functioning of the system in relation to the objectives initially set at the level of the professional sector. It highlights its strengths such as its stability, its surveillance coverage and its high rate of achievement. The main areas identified for improvement are part of a strategy for optimization of the French system for monitoring *Salmonella* throughout the food chain. The establishment of a scientific and technical committee mobilizing external expertise in epidemiology, a procedure for data verification, a monitoring of the methods implemented in the laboratories would contribute to these improvements.

### Keywords

Feed, surveillance, *Salmonella*, zoonosis

## Introduction

Les plateformes d'épidémiologie en santé animale (ESA) et de surveillance de la chaîne alimentaire (SCA) ont animé conjointement, depuis octobre 2018, un groupe de travail (GT) pour l'Optimisation Nationale des Dispositifs d'Epidémiologie des *Salmonella* (Ondes) (Bordier, 2020). Le premier axe de travail de ce groupe a été de décrire et d'évaluer le système français de surveillance des salmonelles tout au long de la chaîne alimentaire, et particulièrement en filières de production aviaire, bovine et porcine. Dans ce contexte, l'association Oqualim (**Encadré 1**), membre du GT Ondes, s'est portée volontaire pour que soit évalué le dispositif de surveillance des salmonelles en alimentation animale qu'elle coordonne. La demande a été formalisée, par courrier, auprès de l'Anses en août 2019.

L'évaluation d'un dispositif de surveillance a pour but d'analyser son fonctionnement de manière approfondie pour souligner les points forts et identifier les évolutions à apporter. Réalisée régulièrement, cette démarche facilite la production de données de qualité et la mise en œuvre de modalités de surveillance adaptées pour atteindre les objectifs fixés.

L'initiative de l'association Oqualim, présentée ci-après, constitue l'une des premières évaluations par méthode standardisée d'un dispositif de surveillance du secteur privé, dans le domaine de la sécurité sanitaire des aliments.

## Matériel et méthode

### **Dispositif Oqualim de surveillance des salmonelles en alimentation animale**

Les modalités de surveillance des salmonelles s'inscrivent, aujourd'hui, très fortement en lien avec le cadre réglementaire imposé par le Règlement (CE) N°2160/2003 du 17 novembre 2003<sup>1</sup> sur le contrôle des salmonelles et d'autres agents zoonotiques spécifiques présents dans la chaîne alimentaire.

L'arrêté ministériel du 11 juillet 2018<sup>2</sup>, modifiant l'arrêté du 29 juillet 2013, définit six sérotypes comme « Danger Sanitaire de première catégorie » (DS1) en santé animale, responsables de

salmonelloses aviaires chez les espèces *Gallus gallus* (poulets de chair et poules pondeuses) et *Meleagris gallopavo* (dindes).

Depuis 2008, l'association Oqualim met en place des plans de surveillance mutualisés sur la base d'une analyse de risques multi-contaminants. Cette analyse prend en compte les volumes de production d'aliments composés déclarés par les entreprises adhérentes au dispositif et les résultats obtenus les années précédentes.

Les analyses réparties entre les participants sont prises en charge et intégrées dans le plan de maîtrise sanitaire par chaque opérateur. Des laboratoires, préalablement référencés par Oqualim, recherchent *Salmonella* dans les échantillons adressés à cet effet, par mise en œuvre de méthodes normalisées ou méthodes internes. Les résultats obtenus sont enregistrés dans une base de données centralisée, administrée par l'association Qualimat.

Une application interfacée-web permet d'interroger cette base à distance, selon des droits d'accès préétablis. Elle facilite le suivi de la réalisation du plan de surveillance annuel et la gestion individuelle et collective d'une éventuelle contamination d'un lot de matières premières ou d'aliments composés. Au vu du contexte réglementaire, trois types de résultats sont distingués : la détection de sérotypes réglementés, la détection de sérotypes non réglementés, la non-détection de salmonelles.

En moyenne, 1 300 analyses de salmonelles sur matières premières et 3 300 sur aliments composés sont compilées annuellement dans le cadre des plans Oqualim avec une attention particulière portée aux aliments pour volailles.

Oqualim participe aux dispositifs de surveillance des filières céréalières et oléoprotéagineuses en fournissant des données et en participant aux comités de pilotage des plans de surveillance Hyperion (Observatoire de la qualité sanitaire des céréales et des produits céréaliers) et PSO (Plan de Surveillance des Oléoprotéagineux).

<sup>1</sup> Règlement (CE) N°2160/2003 du parlement européen et du conseil du 17 novembre 2003 sur le contrôle des salmonelles et d'autres agents zoonotiques spécifiques présents dans la chaîne alimentaire. URL <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/TXT/PDF/?uri=CELEX:32003R2160&from=FR> (consulté le 27 avril 2020).

<sup>2</sup> Arrêté du 11 juillet 2018 modifiant l'arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales. Legifrance. URL <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000037202945&categorieLien=id> (consulté le 27 avril 2020).

### Encadré 1. Le dispositif de surveillance des salmonelles géré par Oqualim

Oqualim est une association à but non lucratif dont l'objectif est d'apporter des solutions pour répondre aux enjeux de sécurité sanitaire et de qualité des aliments pour animaux. L'association coordonne les démarches collectives de la nutrition animale française sur ces sujets. Au regard du caractère ubiquitaire de *Salmonella*, ses actions portent sur toutes les filières de production animales consommatrices, avec un focus particulier sur les filières avicoles réglementées (Règlement (CE) N°2160/2003).

Pour suivre la qualité et le niveau de sécurité sanitaire des aliments pour animaux, Oqualim met en place depuis plus de dix ans une démarche de mutualisation des résultats d'analyses de plan d'autocontrôles. La détermination du nombre significatif d'analyses à fournir se fait sur la base d'une analyse de risque pour des contaminants d'intérêt dont *Salmonella* sur matières premières et aliments composés. Les objectifs spécifiques poursuivis sont d'améliorer collectivement, par la mutualisation des analyses, la sécurité sanitaire de ces aliments pour animaux et au-delà la sécurité sanitaire des aliments destinés à l'homme.

Le fonctionnement du dispositif repose sur une cellule d'animation, un comité de pilotage du plan « Aliment » en lien avec des groupes de travail dédiés aux aspects analytiques et d'échantillonnage. Toute évolution est validée par le conseil d'administration de l'association.

Les modalités d'analyse sont définies par et pour l'ensemble des professionnels du secteur, ce qui a engendré une forte adhésion et acceptation des modalités de fonctionnement du dispositif par les fabricants d'aliments. En 2018, 83 entreprises étaient adhérentes au dispositif. Elles représentaient 197 sites de production, soit plus de 90 % des sites français (dont 100 % des sites de production d'aliments destinés aux porcs et volailles) et 86 % du volume de production nationale d'aliments pour animaux.

#### Méthode d'évaluation

Pour réaliser cette première évaluation externe du dispositif, la méthode Oasis, développée par l'Anses en 2010 (Hendrikx, 2011), a été utilisée dans sa version « flash ». Par comparaison à la version complète, la version « flash » offre l'avantage d'établir un premier niveau de diagnostic sur le fonctionnement du dispositif évalué, avec des

modalités allégées à l'étape de recueil des données<sup>3</sup>. Cette version allégée a déjà été appliquée pour évaluer plusieurs dispositifs de surveillance en France, dans le domaine de la santé animale (Collineau, 2016 ; Dominguez, 2014) et en surveillance de la chaîne alimentaire (Leclerc, 2017).

Un questionnaire détaillé et standardisé permet de collecter les informations utiles à la description du fonctionnement du dispositif et de ses résultats opérationnels. Une équipe d'évaluation constituée de trois personnes (co-auteurs de cet article) a ensuite renseigné les 78 critères qui composent la grille d'évaluation. Une première notation de chaque critère (0 à 3 ou « sans objet ») a été réalisée selon le guide de notation de la méthode. Puis, cette grille a été discutée au cours d'une journée de notation réunissant l'équipe d'évaluation ainsi qu'un panel d'acteurs impliqués, représentatifs à la fois des différentes contributions techniques apportées au dispositif et des différentes parties prenantes qui le constitue (gestionnaire de la base de données, fabricants impliqués dans la définition des plans de surveillance, syndicat professionnel, représentant de la filière céréalière, laboratoire). Enfin, l'équipe d'évaluation a finalisé la grille de notation, les recommandations et la rédaction d'un rapport pour aboutir à une version validée par l'ensemble des participants.

Les résultats de l'évaluation sont présentés par trois sorties graphiques, selon (i) les dix sections fonctionnelles d'un système de surveillance, (ii) sept points critiques et (iii) dix attributs des systèmes de surveillance. Chaque résultat représente un niveau de satisfaction mesuré par un pourcentage (rapport entre le score obtenu et le score maximum possible).

## Résultats

Les documents collectés ont permis de souligner les principaux points forts suivants :

- Des modalités de surveillance axées sur l'exploitation des résultats d'autocontrôles sur matières premières et produits finis réalisés par les entreprises, dans un cadre mutualisé et de recherche permanente d'efficience ;
- Des objectifs clairs et des modalités de surveillance qui s'appuient sur un bon niveau de formalisation des règles et procédures de surveillance ;
- De très bons niveaux de réalisation de la surveillance, qui montrent l'adhésion et

<sup>3</sup> <https://www.plateforme-esa.fr/outils-et-methodes-methodes-oasis>, consulté le 27 avril 2020.

l'acceptation fortes des professionnels au dispositif et son fonctionnement ;

- Un historique de plus de dix ans de fonctionnement, qui repose sur des relations stables (conventionnées) entre les partenaires ;
- Une bonne couverture de la surveillance (en 2018, 83 entreprises adhérentes représentant plus de 90 % des sites français et 86 % du volume de production nationale d'aliments composés pour animaux) ;
- Une implication clé des laboratoires dans le dispositif, qui repose sur un conventionnement et des exigences documentées (dossiers de référencement) ;
- Une base de données centralisée, aux accès sécurisés, administrée par Qualimat, qui permet à chaque entreprise adhérente un suivi de ces résultats ;
- Un système de notification à destination des participants en cas de détection d'un sérotype de salmonelle correspondant à un danger sanitaire de première catégorie ;
- Une communication interne au dispositif dynamique, avec diffusion de bilans réguliers sur le fonctionnement et les prévalences estimées par filières animales de destination.

### Analyse par section fonctionnelle du dispositif de surveillance

Cette représentation graphique permet de fournir une visualisation synthétique des principaux points forts et points à améliorer sur le plan fonctionnel (Figure 1).










Les forts taux de satisfaction observés en synthèse pour les différentes sections révèlent une bonne qualité globale de fonctionnement du dispositif. Chaque section a présenté un taux de satisfaction supérieur à 50 %.

- **Section 1 « Objectifs et champ de la surveillance » :**

Elle atteint le pourcentage le plus fort (83 %). La définition et formalisation des objectifs du dispositif répondent pleinement aux attentes des professionnels, adhérents au plan « Aliment » d'Oqualim.

Cependant, dans le contexte national actuel visant à promouvoir une démarche opérationnelle du concept « One Health » (une seule santé), une première piste d'amélioration serait d'élargir les objectifs de surveillance pour répondre plus largement aux attentes d'autres bénéficiaires du dispositif de surveillance, au-delà des fabricants, que pourraient être les autorités sanitaires, les

évaluateurs de risques, les instituts de recherche et les opérateurs aval de la chaîne alimentaire. Il faudrait alors interroger ces éventuels bénéficiaires pour définir ensemble leurs attentes et impact sur l'objectif. Par exemple, l'intégration de la surveillance de la contamination des environnements de production et la caractérisation moléculaire approfondie des salmonelles isolées pourrait intéresser certains d'entre eux. Dans cette perspective, la reconnaissance mutuelle des données pourra être renforcée au bénéfice des professionnels du secteur de l'alimentation animale et plus largement de l'ensemble des opérateurs de la chaîne alimentaire.

<b>Section 1 : Objectifs et champ de la surveillance</b>	<b>83 %</b>	
<b>Section 2 : Organisation institutionnelle centrale</b>	<b>72 %</b>	
<b>Section 3 : Organisation institutionnelle de terrain</b>	<b>Non applicable</b>	
<b>Section 4 : Laboratoire</b>	<b>69 %</b>	
<b>Section 5 : Outils de surveillance</b>	<b>72 %</b>	
<b>Section 6 : Modalités de surveillance</b>	<b>80 %</b>	
<b>Section 7 : Gestion des données</b>	<b>71 %</b>	
<b>Section 8 : Formation</b>	<b>73 %</b>	
<b>Section 9 : Communication</b>	<b>76 %</b>	
<b>Section 10 : Evaluation</b>	<b>56 %</b>	

**Figure 1.** Résultats de l'évaluation par la méthode Oasis flash du dispositif Oqualim de surveillance des salmonelles en alimentation animale en France, selon les dix sections fonctionnelles des systèmes de surveillance (représentation du taux de satisfaction de chaque section en foncé)

Une seconde piste d'amélioration serait d'actualiser le dispositif au regard du contexte actuel (surveillance de l'environnement de production, recherche de cause de contamination à l'aide des technologies de séquençage). L'intégration dans le dispositif des résultats d'autocontrôles, relatifs aux environnements de production, s'inscrirait parfaitement dans la logique des nouvelles

exigences réglementaires (Loi n°2018-938<sup>4</sup>). Les modalités de prise en compte resteraient à préciser collectivement.

• **Sections 2 « Organisation institutionnelle centrale » et 8 « Formation » :**

Ces sections ont donné lieu à des commentaires qui peuvent être regroupés ici. Elles présentent un score élevé (72 et 73 %) et s'appuient sur des acteurs clairement identifiés, aux liens contractualisés. Leurs rôles et tâches à accomplir sont détaillés dans une documentation étoffée. Cependant, le dispositif de surveillance étant réfléchi selon une approche "dangers multiples" par souci d'efficacité, il n'existe pas à ce jour de document de synthèse pour décrire le protocole détaillé spécifique à la surveillance de *Salmonella*, les acteurs impliqués, leurs rôles, et les activités menées. Dans le cadre d'un réseau national de surveillance *Salmonella*, un document de ce type améliorerait la visibilité, la cohérence collective et la valorisation de l'organisation transversale déployée.

Les fonctions du comité de pilotage telles que classiquement rencontrées dans les dispositifs de surveillance sont exercées par le conseil d'administration d'Oqualim qui est l'instance décisionnaire de l'évolution du dispositif. Les fonctions de comité scientifique et technique sont assurées par le comité de pilotage des plans. La fonction d'unité centrale est assurée par des personnes représentant Oqualim et Qualimat. L'appui scientifique et technique auprès du comité scientifique et technique est apporté par les groupes de travail « Plan » et « Labo ». Cet appui pourrait être renforcé, en particulier dans les domaines de l'épidémiologie et de la surveillance, à l'occasion de sollicitations ponctuelles de personnes externes ou par la mise en place plus formelle d'un comité scientifique et technique (CST).

• **Section 3 « Organisation institutionnelle de terrain » :**

Elle n'a pas pu être notée car non applicable au dispositif. Il n'existe pas d'unité dite « intermédiaire » et ce besoin n'existe pas pour ce dispositif, au regard des objectifs définis. Toutefois, à long terme, l'utilité d'une unité intermédiaire pourrait être évaluée au regard d'un élargissement des objectifs du dispositif, qui impliquerait par exemple de mener des enquêtes de terrain ou d'investigation transversale plus poussée, au-delà

de la simple remontée d'information de l'isolement d'un sérotype non réglementé en base de données.

• **Section 4 « Laboratoire » :**

Cette section a présenté l'un des deux plus faibles scores (69 %). Les laboratoires sont des acteurs prépondérants dans l'obtention de données de qualité. C'est pourquoi, la participation de chaque laboratoire dans le dispositif fait l'objet d'une convention spécifique avec Oqualim. Des recommandations ont été formulées pour consolider la fiabilité des données produites par le dispositif :

- Les méthodes de recherche et de sérotypage des salmonelles doivent être visées séparément dans le cadre des procédures de référencement et de suivi des laboratoires ;
- Le développement du recours aux analyses WGS devrait être pris en compte. L'anticipation de l'intégration de cette méthode analytique pourrait faciliter le cas échéant son déploiement dans le cadre du dispositif ;
- Des outils de pilotage complémentaires à ceux déjà existants pourraient également être développés pour faciliter le suivi des activités des laboratoires (indicateurs de suivi des délais analytiques et objectifs associés formalisés) ;
- Les modalités de vérification, procédures à l'appui, du processus de collecte des données pourraient être renforcées, incluant la réalisation des prélèvements (section « Outil »), l'obtention des résultats d'analyse et la saisie en base de la méthode mise en œuvre pour chaque prise d'essai (section « Laboratoire ») ou encore la correction éventuelle des données saisies (section « Gestion des données »).

• **Sections 5 et 6 « Outils et modalités de surveillance » :**

Les modalités de mutualisation basées sur une analyse des risques, l'adhésion forte des entreprises françaises au dispositif et le taux élevé de réalisation des prélèvements programmés sont des facteurs clés pour réduire l'incertitude associée aux estimations de prévalence. Cependant, la précision attendue sur ces estimations devrait être objectivée. Une plus grande transparence des critères utilisés pour définir le plan d'échantillonnage nourrirait également la confiance apportée au dispositif par les interlocuteurs externes.

<sup>4</sup> Loi n° 2018-938 du 30 octobre 2018 pour l'équilibre des relations commerciales dans le secteur agricole et alimentaire et une alimentation saine, durable et accessible à tous. Legifrance.

URL <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000037547946&categorieLien=id> (consulté le 27 avril 2020).

- **Section 7 « Gestion des données » :**

Comme pour les salmonelles DS1 détectées dans des aliments composés, l'exploitation des données de détection sur matières premières d'un sérotype de salmonelle non réglementé en filière aviaire pourrait être approfondie.

En cas de détection de salmonelles DS1 sur matières premières, une notification est adressée à tous les participants du plan pour que chacun puisse évaluer sa situation propre. Dans cette situation et tout particulièrement en cas de détections répétées d'un même sérotype et rapprochées dans le temps et/ou l'espace, des investigations microbiologiques complémentaires plus approfondies pourraient être menées, avec l'appui de personnes ressources et de compétences multidisciplinaires. De plus, la composition en matières premières des lots de produits finis détectés contaminés est une information précieuse qui pourrait être saisie *a posteriori*, à des fins d'analyse de risque ultérieure pour la programmation des futurs plans.

- **Section 9 « Communication » :**

La restitution directe des résultats au niveau local, les bilans établis au niveau national ainsi que les actions de communication orale réunissant toutes les parties prenantes (assemblée générale annuelle) apportent satisfaction. Les données produites par le dispositif de surveillance d'Oqualim ont déjà montré leur intérêt auprès des évaluateurs de risques. Elles pourraient cependant être davantage exploitées et valorisées dans des publications scientifiques de portée internationale.

- **Section 10 « Evaluation de la surveillance » :**

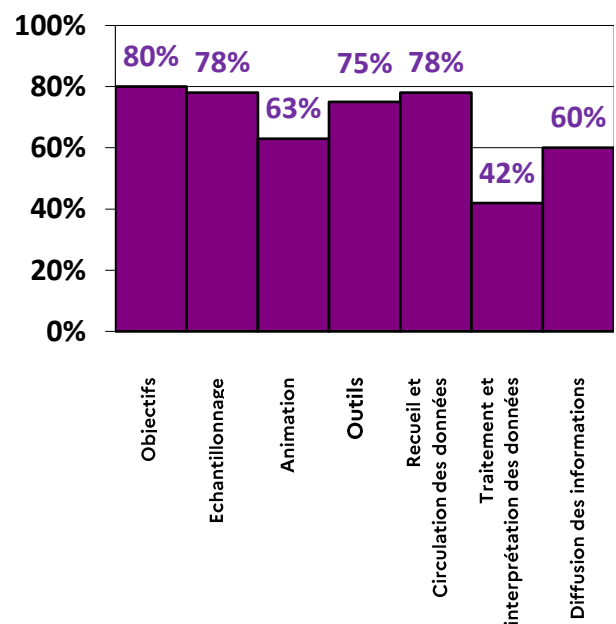
Le calcul de la note globale (56 % de satisfaction) a principalement été impacté par l'absence d'évaluation externe du dispositif réalisée précédemment à celle-ci, ce qui souligne l'apport de la présente démarche. Le dispositif en place bénéficie d'un système d'indicateurs de fonctionnement qui pourra être complété au regard des recommandations formulées.

### Analyse par points critiques du dispositif de surveillance

L'analyse par points critiques (Figure 2) permet de compléter l'analyse effectuée précédemment et de mettre en évidence les priorités d'amélioration.

Les points critiques qui présentent la plus grande marge de progression sont le traitement et l'interprétation des données (taux de satisfaction = 42 %), l'animation (63 %) et la diffusion des informations (60 %). Le traitement et l'interprétation des données pourraient être améliorés par une vérification et une validation des données appliquées à l'ensemble des sérovars et

pas uniquement aux cas de détection de sérotypes réglementés. Il faut toutefois s'interroger sur le coût en termes de temps et d'acceptation par les participants par rapport au gain pour la qualité des données. Dans la perspective d'un élargissement du périmètre de la surveillance, les compétences du personnel dédié à l'animation et à la coordination du dispositif seraient à renforcer (épidémiologie, surveillance, modalités proposées dans l'analyse précédente). Enfin, la diffusion des informations pourrait être améliorée par la publication de rapports et articles scientifiques relatifs aux résultats de surveillance produits par le dispositif.



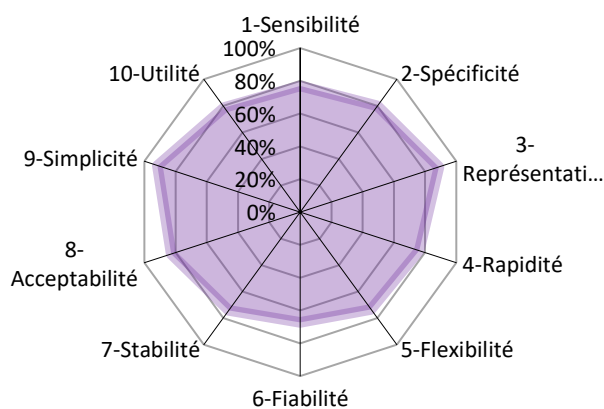
**Figure 2.** Résultats de l'évaluation par la méthode Oasis flash de la surveillance des salmonelles en alimentation animale en France gérée par Oqualim, selon les sept points critiques des systèmes de surveillance (représentation du taux de satisfaction de chaque point critique)

Il est également proposé à l'association, d'amplifier la recherche de cause(s) de contamination et l'estimation des impacts économique et sanitaire de ces agents pathogènes. Pour cela, il est recommandé de hiérarchiser tous les sérotypes de *Salmonella* détectés et pas uniquement les sérotypes réglementés en filière avicole. Le déclenchement d'une surveillance renforcée lors d'augmentation inhabituelle d'isolement d'un sérotype (réglementé ou non), associé à une caractérisation approfondie des isolats par séquençage de génome, fournirait des informations précieuses pour les gestionnaires. De plus, cette surveillance renforcée contribuerait à améliorer les connaissances scientifiques relatives à l'écologie microbienne des salmonelles dans ces milieux spécifiques au secteur de l'alimentation animale.



## Analyse par attributs du dispositif de surveillance

Cette analyse permet d'estimer la qualité globale du dispositif. La figure 3 montre une grande homogénéité dans les scores obtenus par chacun des attributs. La plupart des critères obtiennent un résultat de très bonne qualité (au-delà de 80 %) ce qui traduit l'impression générale des évaluateurs d'un dispositif fonctionnant bien et ne présentant pas de défaut majeur remettant en cause son efficacité et son utilité globale. La note dépasse nettement les 80 % pour la représentativité, la simplicité et l'acceptabilité du dispositif. Seuls les attributs de fiabilité, flexibilité, stabilité, rapidité et sensibilité ressortent avec une appréciation légèrement inférieure.



**Figure 3.** Résultats de l'évaluation par la méthode Oasis flash de la surveillance des salmonelles en alimentation animale en France gérée par Oqualim, selon dix attributs des systèmes de surveillance (représentation du pourcentage de satisfaction de chaque attribut)

La fiabilité est sans doute l'attribut à améliorer en priorité au regard des attentes exprimées par les partenaires et bénéficiaires du dispositif. Il le serait par un renforcement des procédures de vérification de la bonne réalisation des étapes du protocole et de la validation des données saisies en base et exploitées. Le renforcement des compétences dans les domaines de l'épidémiologie et de la surveillance ainsi qu'une optimisation de l'adéquation « nature des données collectées / objectif de surveillance fixés » ont également été recommandés.

La flexibilité de ce dispositif est un attribut qui pourrait être augmenté par la mise en place d'une équipe d'investigation de suivi des méthodes mises en œuvre dans les laboratoires (avec procédure de mobilisation / déploiement). La stabilité est très satisfaisante. Toutefois, l'édition régulière de

rapports et publications scientifiques sur les résultats de la surveillance renforcerait le score.

S'agissant de l'attribut de la rapidité, l'axe majeur d'amélioration identifié réside dans la mise en place d'indicateurs complémentaires. Cela permettrait de promouvoir une approche préventive dans le suivi et la détection d'éventuelles dérives des délais de réalisation des tâches.

Enfin la sensibilité du dispositif de surveillance est affaiblie par l'emploi de quelques rares méthodes internes mises en œuvre par certains laboratoires pour rechercher les salmonelles, et dont le contenu du dossier de référencement mériterait d'être complété. La liste des méthodes employées et sa mise à jour pourraient par ailleurs faire l'objet d'un suivi resserré.

## Discussion

La méthode Oasis, classique ou flash, est un outil précieux pour évaluer et améliorer le fonctionnement d'un dispositif de surveillance. Cette méthode a été déjà largement utilisée en santé animale. Elle représente également un outil utile pour l'amélioration du fonctionnement des dispositifs français de surveillance des salmonelles, tout au long de la chaîne alimentaire. La standardisation de la méthode permet son application à plusieurs dispositifs dans une démarche plus globale d'amélioration du fonctionnement d'un système de surveillance tel que celui des salmonelles en France. A titre d'exemple, Amat et collaborateurs ont appliqué cette méthode pour comparer les dispositifs français de surveillance de l'anémie infectieuse des équidés, de l'artérite virale équine et de la métrite contagieuse équine (Amat, 2015). L'évaluation comparative des trois dispositifs a permis de proposer des pistes d'améliorations communes et d'identifier des synergies à mettre en place. Cette première évaluation externe du dispositif Oqualim pose un premier jalon à l'orée d'une évolution du système national de surveillance des salmonelles, dans le cadre des activités des plateformes ESA et SCA. Oqualim participe activement aux réflexions menées au sein de la Plateforme nationale de surveillance de la chaîne alimentaire pour améliorer la surveillance des salmonelles. Cette forte implication est propice à la mise en cohérence des activités de surveillance menées dans le secteur de l'alimentation animale avec les autres secteurs et domaines d'activités, au niveau national.

Le dispositif Oqualim présente des performances élevées et équilibrées au regard des différents critères évalués par la méthode Oasis. Les travaux ont également permis d'identifier plusieurs pistes d'amélioration :

- Exploitation des données : partager l'information produite par le dispositif, au-delà des partenaires fabricants d'aliments pour animaux ; articuler les données du dispositif avec les données d'analyses officielles ; approfondir les résultats via des investigations complémentaires ; valoriser les résultats obtenus par des publications scientifiques.
- Qualité des données : consolider la fiabilité des données (vérification, transparence) ; améliorer le suivi des méthodes mises en œuvre (validation, saisie en base) ; différencier les exigences associées à la recherche de salmonelles et au sérotypage des souches détectées, dans les modalités de référencement des laboratoires ;
- Objectifs et champ de surveillance : intégrer la surveillance des environnements *usine* ; renforcer les compétences (principalement en épidémiologie) et le positionnement externe pour l'appui scientifique et technique ; exploiter l'approche par séquençage et définir les modalités de conservation des souches ; relier les données de détection aux données de composition des lots de produits finis ; disposer d'un document général, décrivant l'ensemble du dispositif ; poursuivre le développement d'indicateurs de fonctionnement du dispositif.

L'ordre des items de cette liste et leur nombre au sein de ces trois grandes thématiques ne préjugent pas des priorités à porter, qui demeurent de la responsabilité du gestionnaire du dispositif. La prise en compte des aspects économiques aurait été un plus dans l'évaluation menée, pour faciliter les gestionnaires du dispositif dans leur choix de priorisation. L'évolution de la méthode Oasis est en perspective dans ce domaine et sera sans doute disponible pour la prochaine évaluation externe.

En conclusion, Oqualim anime depuis plus de dix ans pour le secteur de l'alimentation animale, un dispositif de surveillance des salmonelles basé sur une analyse des risques et une mutualisation des autocontrôles à réaliser. Les données ainsi produites se sont avérées précieuses pour les gestionnaires privés et les évaluateurs des risques. Le dispositif, né d'une démarche innovante du secteur en 2008, fonctionne bien, il est utile et efficace pour les entreprises du secteur. Il pourrait renforcer son utilité par une mobilisation de ses ressources et de son fonctionnement plus forte sur les nouveaux enjeux, sur le déploiement des nouveaux moyens analytiques et de gestion des données. Le renforcement de la fiabilité des données produites par le dispositif, associé à une plus grande transparence sur les modalités d'établissement du plan de surveillance et à un

partage des informations produites renforceront le positionnement du dispositif Oqualim dans le système national de surveillance des salmonelles, actuellement en forte évolution au sein des plateformes nationales d'épidémiosurveillance.

## Remerciements

Cette évaluation a été réalisée dans le cadre des travaux collaboratifs et transversaux des plateformes nationales d'épidémiosurveillance en santé animale et de surveillance de la chaîne alimentaire (groupe de travail Ondes). L'ensemble des professionnels partenaires du dispositif géré par Oqualim est remercié pour sa mobilisation active chaque année et pour sa forte adhésion à ce dispositif de surveillance, essentiel pour le secteur de l'alimentation animale. Les auteurs remercient particulièrement les membres de l'équipe de notation qui ont permis la finalisation et la validation de ces travaux. La liste est trop longue pour la reproduire ici, mais elle est disponible dans le rapport d'évaluation.

## Références bibliographiques

- Amat, J. P., Hendrikx, P., Tapprest, J., Leblond, A. and Dufour, B. 2015. Comparative evaluation of three surveillance systems for infectious equine diseases in France and implications for future synergies. *Epidemiol Infect* 143 (14): 3122-33.
- Bordier, M., Collineau, L., Cuzzucoli, D., Ben Hmidene, G., Ghanem, S., Grisot, L., Dupuy, C., Lailler, R. 2020. ONDES : une démarche multi-partenaire pour une surveillance plus efficiente des salmonelles. *Bulletin GTV N°97*. Mars 2020.
- Bronner, A. and Calavas D. 2016. Analyse de quatre indicateurs indirects de survenue d'avortements chez les bovins : évaluation de leurs performances et perspectives d'utilisation. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 73 : 7-10.
- Collineau, L., Combes, B., Boue, F., Hendrikx, P., and Danan, C. 2016. Evaluation du dispositif de surveillance épidémiologique d'*Echinococcus multilocularis* chez le renard en France. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 74 (2016): 15-18.
- Dominguez, M., Marcé, C., Rautureau, S., Sadonès, H., Fediaevsky, A., Calavas, D. and Hendrikx, P. 2014. Vers un renforcement transversal des capacités nationales de surveillance des dangers sanitaires exotiques de première catégorie : proposition d'axes génériques de progression à partir de trois évaluations. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 65 : 12-16.
- Hendrikx, P., Gay, E., Chazel, M., Moutou, F., Danan, C., Richomme, C., Boue, F. Souillard, R., Gauchard, F. and Dufour, B. 2011. Oasis: an assessment tool of epidemiological surveillance systems in animal

health and food safety. Epidemiol Infect 139 (10) : 1486-96.

Leclerc, V., Moury, F., Noel, V., Berta-Vanrullen, I., Cadet-Six, S. and Lailier, R. 2017. Le réseau *Salmonella*, un dispositif de surveillance des

salmonelles sur la chaîne alimentaire : Bilan 2015. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 77 (2017): 75-81.

**Pour citer cet article :**

Lailier R., Ravel C., Markwitz B. 2021. « Evaluation OASIS du dispositif de surveillance des salmonelles en alimentation animale (association OQUALIM) » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 92 (8) : 1-9.

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

**Directeur de publication :** Roger Genet

**Directeur associé :** Bruno Ferreira

**Directrice de rédaction :** Emilie Gay

**Rédacteur en chef :** Julien Cauchard

**Rédacteurs adjoints :** Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier, Yves Lambert

**Comité de rédaction :** Anne Brisabois, Benoit

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooch, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,

Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain

Traynard

**Secrétaire de rédaction :** Isabelle Stubljär

**Responsable d'édition :**

Fabrice Coutureau Vicaire

**Anses -** [www.anses.fr](http://www.anses.fr)

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

**Courriel :** [bulletin.epidemiologie@anses.fr](mailto:bulletin.epidemiologie@anses.fr)

**Dépôt légal :** parution/ISSN 1769-7166



## Contextes sanitaire et économique en médecine vétérinaire et utilisation d'antibiotiques en France en 2020

Delphine Urban<sup>1</sup>, Anne Chevance<sup>1</sup>, Maryse Georgeais<sup>1</sup>, Jacques Bietrix<sup>1</sup>, Jacqueline Bastien<sup>2,3</sup>, Lionel Grisot<sup>2,4</sup>, Christophe Hugnet<sup>2,5</sup>, Olivier Salandre<sup>2,6</sup>, Xavier Sauzea<sup>2,7</sup>, Gérard Moulin<sup>1</sup>

Auteur correspondant : [delphine.urban@anses.fr](mailto:delphine.urban@anses.fr)

<sup>1</sup> Anses, Agence Nationale du Médicament Vétérinaire, Fougères, France

<sup>2</sup> Comité de suivi des médicaments vétérinaires de l'Anses-ANMV, France

<sup>3</sup> Clinique vétérinaire du Bassin, Brassac-les-Mines, France

<sup>4</sup> Clinique vétérinaire des Tourbières, Frasne, France

<sup>5</sup> Clinique vétérinaire des Lavandes, La Bégude-de-Mazenc, France

<sup>6</sup> Cabinet vétérinaire Chêne Vert, Châteaubourg, France

<sup>7</sup> Selas vétérinaire du Gouessant, Lamballe, France

### Résumé

Une enquête web a été mise en place auprès des praticiens vétérinaires en France. En se référant à leur propre pratique, les 467 vétérinaires ayant participé ont considéré l'évolution de leurs prescriptions d'antibiotiques en 2020 par rapport à 2019, ainsi que l'évolution de l'incidence de certaines maladies par espèce animale. Les prescriptions d'antibiotiques ont été majoritairement considérées comme stables ou en diminution, alors que les recours aux vaccins et aux alternatives aux antibiotiques ont été majoritairement perçus comme étant en augmentation ou stables. Plusieurs facteurs pouvant expliquer des évolutions d'usage des antibiotiques ont été identifiés : conditions météorologiques, épidémies, ruptures d'approvisionnement de médicaments, développement de cahiers des charges « Sans Antibiotique » ...

Les informations recueillies dans cette enquête permettront notamment de mieux interpréter certaines évolutions observées dans le suivi national des ventes de médicaments vétérinaires contenant des antibiotiques. Connaître les facteurs susceptibles d'influencer l'usage des antibiotiques prescrits par les vétérinaires dans les différentes filières animales en France apporte des éléments utiles dans la lutte contre l'antibiorésistance.

### Mots-clés

Antibiotiques, Prescription, Vaccins, Economie, Médecine vétérinaire, Enquête

### Abstract

**Title: Health and economic contexts in veterinary medicine and use of antibiotics in France in 2020**

A web survey was set up among veterinary practitioners in France. Referring to their own practice, the 467 veterinarians who participated considered the evolution of their antibiotic prescriptions in 2020 compared to 2019, as well as the evolution of the incidence of some diseases by animal species. Prescriptions for antibiotics were mostly seen as stable or decreasing, while use of vaccines and alternatives to antibiotics were mostly perceived as increasing or stable. Several factors that could explain changes in the use of antibiotics have been identified: weather conditions, epidemics, drug supply disruptions, development of "Antibiotic Free" specifications, etc.

The information gathered in this survey will in particular allow to a better interpretation of some changes observed in the national monitoring of sales of veterinary medicinal products containing antibiotics. Knowing the factors likely influencing the use of antibiotics prescribed by veterinarians in the animal sectors in France provides useful information in the fight against antimicrobial resistance.

### Keywords

Antibiotics, Prescription, Vaccines, Economy, Veterinary medicine, Survey

## Introduction

L'antibiorésistance est une menace mondiale qui a des conséquences sur la santé humaine, la santé animale et l'environnement. La surutilisation d'antibiotiques et leurs mauvais usages favorisent l'émergence des bactéries résistantes dans tous les écosystèmes et compromettent l'efficacité des traitements pour les humains et les animaux (Santé Publique France, 2019). Dans le cadre de la lutte contre l'antibiorésistance, la diminution de l'utilisation des antibiotiques en médecine humaine et médecine vétérinaire est une priorité de santé publique aux niveaux national, européen et international (Moulin, 2018). Dans le domaine de la santé animale, la France s'est engagée à préserver l'efficacité des antibiotiques par la mise en place de deux plans d'actions successifs, Ecoantibio et Ecoantibio2 (Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation, 2021). L'objectif de réduction de 25 % de l'usage des antibiotiques en 5 ans a été atteint et dépassé au cours du premier plan (baisse de 36,5 % en 5 ans). De forts changements dans l'utilisation des antibiotiques ont été observés depuis 2011, avec notamment une forte diminution de l'exposition animale aux antibiotiques d'importance critique et à la colistine (Urban, 2020).

L'évaluation de l'utilisation des antibiotiques et celle de la résistance sont des éléments essentiels de connaissance dans le cadre de la lutte contre l'antibiorésistance. Depuis 1999, l'Anses-ANMV collecte annuellement des données de ventes des

médicaments vétérinaires contenant des substances antibiotiques en France et publie chaque année un rapport. Le suivi national des ventes d'antibiotiques est un système simple permettant d'estimer le niveau d'exposition des animaux aux antibiotiques (cf. Encadré 1 ci-dessous).

Après une forte baisse de l'exposition globale des animaux entre 2011 et 2016, une relative stabilisation de l'exposition animale est observée sur les dernières années pour la majorité des familles d'antibiotiques (Anses, 2020). Depuis 2017, certaines évolutions d'une année sur l'autre sont parfois difficiles à interpréter. Les facteurs qui peuvent aider à expliquer les évolutions estimées dans le suivi national sont divers : le contexte épidémiologique en médecine vétérinaire, les contextes économiques des filières animales et du marché du médicament, l'évolution des pratiques médicales...

Suite à une réflexion menée en lien avec le Comité de suivi des médicaments vétérinaires (CSMV, 2021), l'Anses-ANMV a mis en place une enquête web pour mieux comprendre les relations entre les contextes sanitaire et économique en médecine vétérinaire et l'utilisation d'antibiotiques en France pour l'année 2020. Des données sur l'évolution des maladies animales et des traitements effectués ont été collectées.

### Encadré 1. Suivi des antibiotiques utilisés en médecine vétérinaire en France

L'Agence nationale du médicament vétérinaire, au sein de l'Anses, réalise depuis 1999 un suivi des ventes des médicaments vétérinaires contenant des antibiotiques en France. Ce suivi annuel est fondé sur les déclarations des titulaires d'autorisations de mise sur le marché, conformément aux dispositions de l'article L. 5141-14-1 du Code de la santé publique. Les laboratoires fournissent une estimation de la répartition des ventes de médicaments par espèce de destination (Chevance, 2018). Les informations recueillies permettent d'estimer les quantités d'antibiotiques vendues chaque année en France, ainsi que l'exposition des animaux aux antibiotiques. L'évolution de l'exposition est ainsi suivie chaque année, par espèce animale et par famille d'antibiotiques.

Ce suivi des antibiotiques en France sera amené à évoluer pour notamment répondre aux nouvelles exigences européennes (Chevance, 2020). En effet, le règlement (UE) 2019/6 relatif aux médicaments vétérinaires instaurera l'obligation pour les Etats Membres de transmettre des données d'utilisation des antibiotiques par espèce. Les premières données d'utilisation à transmettre avant le 28 janvier 2024 concernent les bovins, les porcs, les poulets et les dindes.

Pour répondre à ces futures exigences, la France devra développer un système de collecte exhaustive des données et pourra s'appuyer sur la Loi d'avenir agricole du 13 octobre 2014 rendant obligatoire la déclaration des cessions d'antibiotiques utilisés en médecine vétérinaire par les vétérinaires, les pharmaciens, les fabricants et distributeurs d'aliments médicamenteux.

## Matériels et méthodes

Le questionnaire a été élaboré par l'Anses-ANMV en concertation avec le Comité de Suivi du Médicament Vétérinaire et de plusieurs organisations professionnelles vétérinaires. Après une large diffusion du lien *via* différents médias et réseaux professionnels vétérinaires, l'enquête web a été réalisée en février et mars 2021 à l'aide de l'outil Sphinx Online. Les vétérinaires exerçant en France étaient invités à répondre aux questions en considérant l'antibiothérapie systémique et l'antibiothérapie locale dans le cadre de leur pratique sur l'année 2020. Les questions portaient sur les thèmes suivants: les prescriptions d'antibiotiques, l'incidence de certaines maladies,

le recours aux vaccins et alternatives aux antibiotiques, la disponibilité des médicaments, les conditions météorologiques, les aspects économiques et le Covid-19. Chaque vétérinaire pouvait répondre au questionnaire pour plusieurs espèces animales. Une analyse descriptive a ensuite été effectuée sur l'ensemble des données recueillies à l'aide des logiciels Excel et QGIS.

## Résultats

### Réponses au questionnaire

Le questionnaire a été renseigné par 467 vétérinaires. La Figure 1 présente la répartition des réponses par région et le Tableau 1 précise le nombre de réponses par espèce animale.

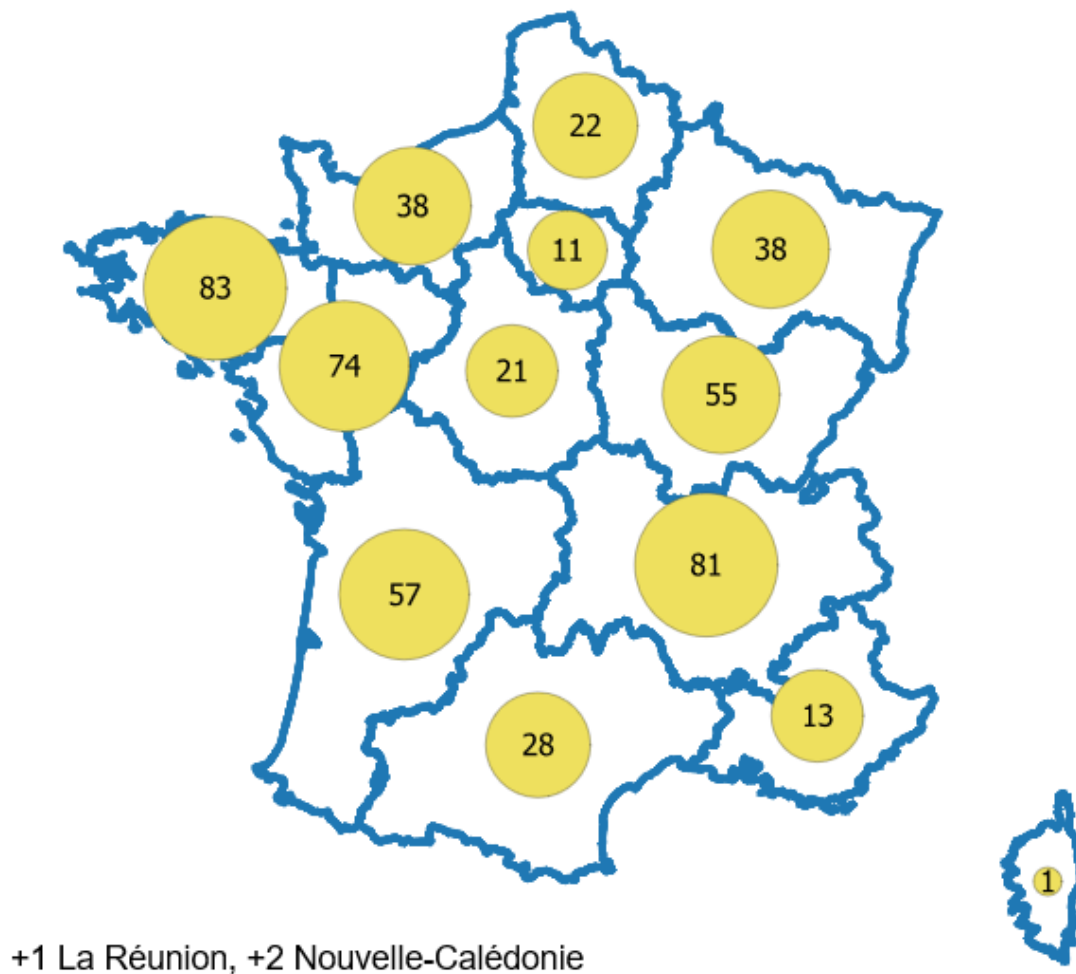


Figure 1. Nombre de vétérinaires ayant répondu à l'enquête par région

### Éléments sur l'évolution des prescriptions d'antibiotiques

Pour chaque espèce animale sélectionnée, les vétérinaires étaient interrogés sur l'évolution des prescriptions d'antibiotiques en 2020 par rapport à 2019 (Figure 2). Cette enquête ne permet pas d'estimer de manière fiable l'évolution globale de

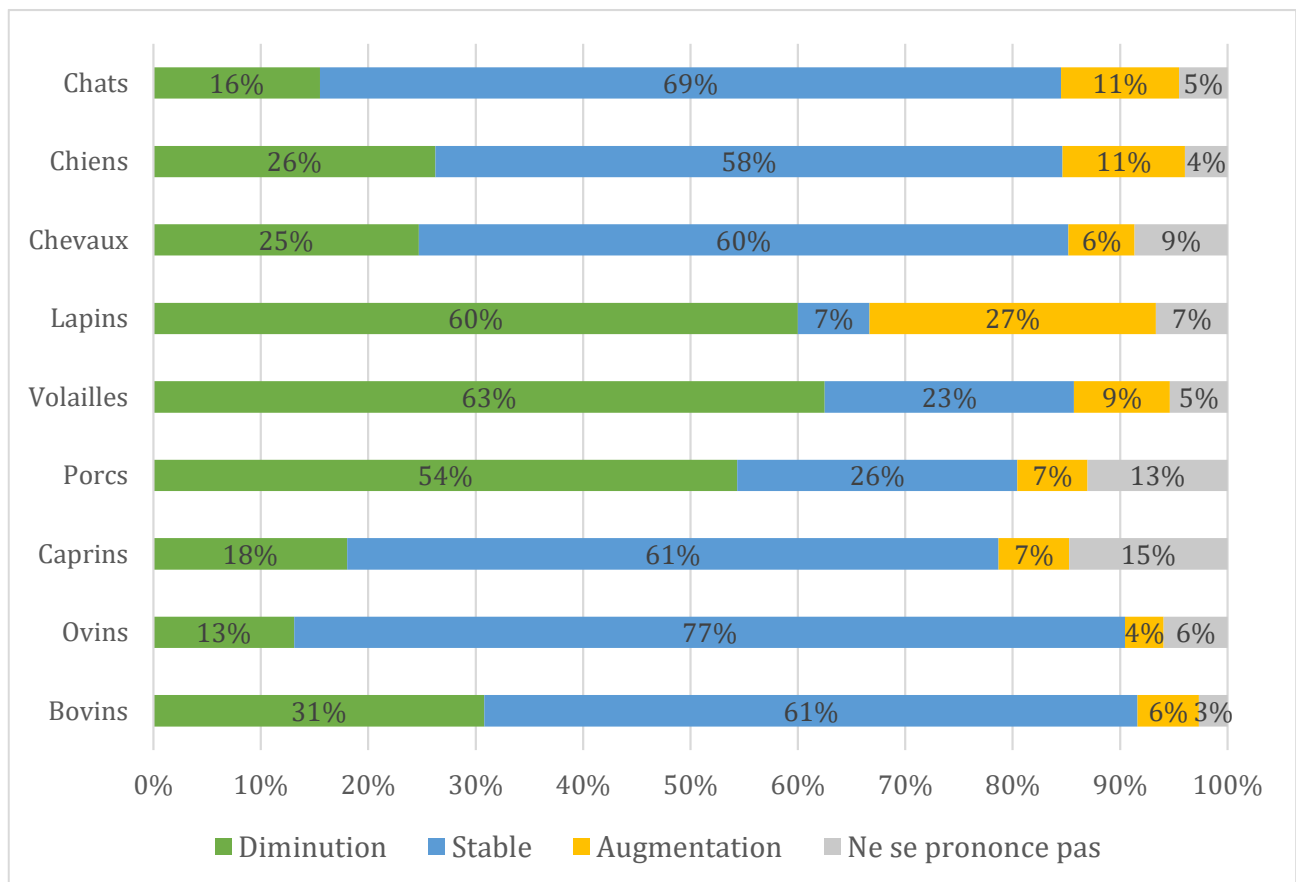
l'utilisation des antibiotiques entre 2019 et 2020 à l'échelle de la France. Des estimations seront disponibles dans le prochain rapport sur le Suivi des ventes qui sera publié en novembre 2021 sur le site de l'Anses. D'après cette enquête, la proportion de vétérinaires déclarant une diminution des prescriptions est plus élevée pour les filières de

rente Lapins, Volailles et Porcs. Ce sont les trois filières qui ont enregistré les plus fortes baisses d'exposition aux antibiotiques depuis 2011, année de référence du premier plan Ecoantibio. Cependant la plus forte proportion de praticiens

déclarant une augmentation des prescriptions a également été enregistrée pour la filière cunicole. Pour les autres espèces animales, les vétérinaires ont majoritairement indiqué que les prescriptions d'antibiotiques étaient stables entre 2019 et 2020.

**Tableau 1.** Nombre de réponses par espèce animale

	Nombre de réponses	Filières ou espèces représentées
<b>Bovins</b>	263	Filière allaitante (182), Bovins Laitiers adultes (186), Veaux de boucherie (17)
<b>Ovins</b>	84	
<b>Caprins</b>	61	
<b>Porcs</b>	46	
<b>Volailles</b>	56	Poulets de chairs (48), Dindes (39), Poules pondeuses (35), Canards (29), Pintades (4), Gibier (4), Cailles (1), Pigeons (1)
<b>Lapins</b>	15	Lapins d'élevage
<b>Chevaux</b>	81	Animaux de compagnie et Animaux producteurs de denrées
<b>Chiens</b>	202	
<b>Chats</b>	200	
<b>Poissons</b>	2	
<b>NAC</b>	38	Lapins de compagnie et rongeurs, Reptiles, Oiseaux, Poules de compagnie, Autres



**Figure 2.** Evolution des prescriptions d'antibiotiques en 2020 par rapport à 2019 (enquête web auprès de 467 vétérinaires)



Pour chaque espèce animale sélectionnée, les vétérinaires étaient interrogés sur l'évolution de l'incidence perçue de certaines maladies en 2020, par rapport à 2019. Pour chacune des maladies, des précisions pouvaient être apportées concernant les catégories d'animaux traités, la nature des pathogènes et des antibiotiques utilisés. Il est difficile de décrire dans cet article les nombreuses et riches informations recueillies dans ces parties du questionnaire. Il en ressort néanmoins que, de manière globale, l'incidence des maladies a été majoritairement qualifiée de stable par les vétérinaires. De plus, lorsque les vétérinaires ont indiqué que l'incidence de certaines maladies a augmenté en 2020, ils ont pour la plupart précisé qu'ils n'avaient pas davantage eu recours aux antibiotiques critiques que sont les Céphalosporines de dernières générations et les Fluoroquinolones. Par contre, une utilisation plus importante d'autres familles d'antibiotiques a parfois été rapportée. Les molécules citées par les vétérinaires font partie des informations d'intérêt pour l'interprétation des données du suivi des ventes en 2020.

### Éléments sur l'utilisation des vaccins et des alternatives aux antibiotiques

De la même manière que pour l'évolution des prescriptions d'antibiotiques, les vétérinaires ont été questionnés sur l'évolution entre 2019 et 2020 du recours aux vaccins et aux alternatives (Figures 3 et 4). Le recours aux vaccins a été majoritairement rapporté comme stable ou en augmentation. La plus forte proportion de praticiens déclarant une augmentation de l'utilisation des vaccins a été enregistrée pour la filière porcine (78 % des réponses). Le recours aux alternatives aux antibiotiques a lui aussi été décrit essentiellement comme stable ou en augmentation, l'augmentation étant rapportée de façon majoritaire chez les volailles (75 % des réponses), les lapins (60 %) et les porcs (59 %). Dans les nombreux commentaires, les vétérinaires mentionnent l'utilisation de la phytothérapie et de l'aromathérapie pour différentes espèces animales (ruminants, volailles, animaux de compagnie).

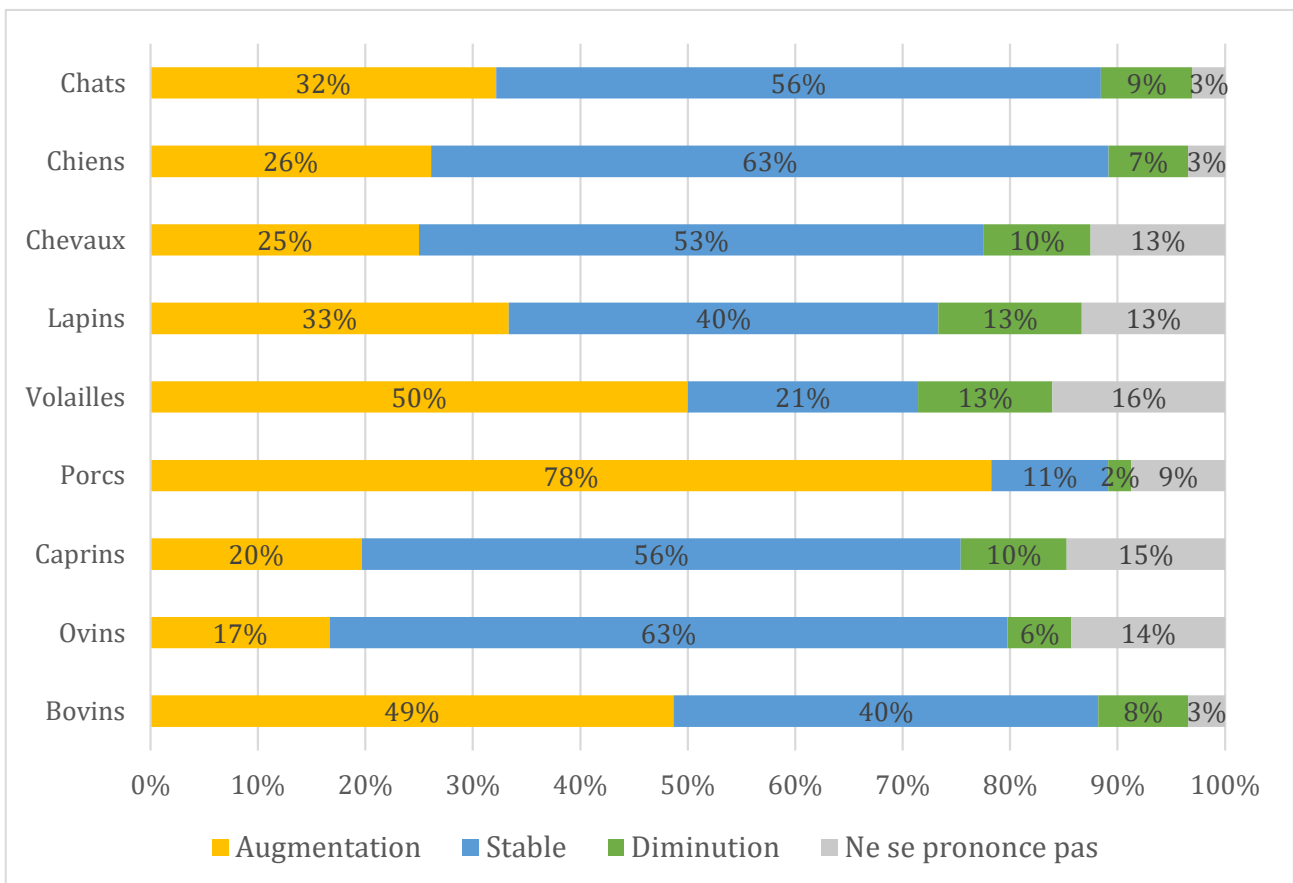
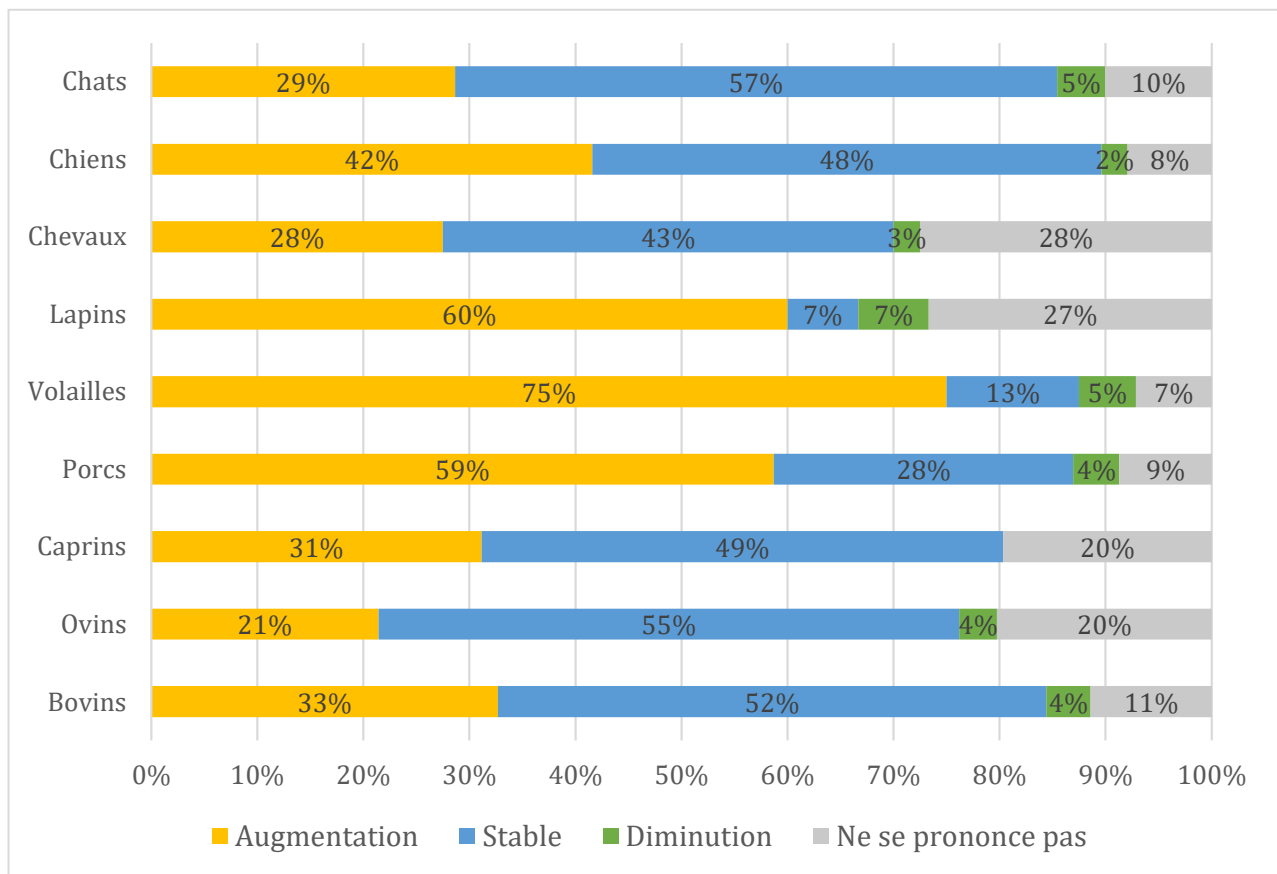


Figure 3. Evolution du recours aux vaccins entre 2019 et 2020 (enquête web auprès de 467 vétérinaires)



**Figure 4.** Evolution du recours aux alternatives aux antibiotiques entre 2019 et 2020 (enquête web auprès de 467 vétérinaires)

### **Autres facteurs pouvant expliquer les évolutions de prescriptions d'antibiotiques**

Près de 60 % des vétérinaires en filière bovine ont indiqué que les conditions météorologiques peuvent expliquer les évolutions de leurs prescriptions d'antibiotiques en 2020. Ce facteur météo a surtout une influence sur les maladies respiratoires et les mammites chez les ruminants.

Il a été mentionné à plusieurs reprises une diminution des mises en place de volailles qui aurait eu un impact sur les quantités d'antibiotiques utilisées. La filière des canards a particulièrement été concernée et impactée pendant l'épisode d'influenza aviaire en fin d'année 2020.

L'épidémie de Covid-19 a eu un impact économique en 2020 sur certaines filières animales telles que les volailles et les lapins, avec notamment un arrêt de la restauration hors domicile. Concernant les animaux de compagnie, de nombreux vétérinaires ont noté une activité en « dents de scie » due principalement à la première période de confinement en 2020.

Près de 40 % des vétérinaires en filière bovine ont indiqué que les ruptures d'approvisionnement des médicaments vétérinaires peuvent expliquer les évolutions de leurs prescriptions d'antibiotiques en 2020. Les ruptures ont concerné à la fois certains

vaccins et quelques antibiotiques (benzylpénicilline, amoxicilline).

Enfin, parmi les autres facteurs décrits par les vétérinaires comme ayant un impact sur les prescriptions d'antibiotiques en 2020, il y a le développement des cahiers des charges « Sans Antibiotique » dans les filières Volailles, Porcs et Lapins, ainsi que le passage des exploitations en Agriculture Biologique pour les Bovins et les Caprins.

## **Discussion - Conclusion**

Cette enquête web a identifié des facteurs sanitaires et économiques qui peuvent avoir eu une influence sur les utilisations d'antibiotiques en France. Ciblé sur l'année 2020, le questionnaire ne permettait pas d'étudier tous les facteurs qui influencent les usages d'antibiotiques. Par exemple, des aspects plus techniques tels que la biosécurité dans les élevages, ainsi que des facteurs sociologiques, n'ont pas été abordés dans cette enquête (Ducrot, 2019). Néanmoins, certaines données collectées permettront de mieux interpréter des évolutions observées dans le suivi national des ventes d'antibiotiques. Le questionnaire a permis de mieux connaître les pratiques vétérinaires pour certaines espèces animales qui sont regroupées dans le suivi annuel

(ovins-caprins, chats-chiens). De plus, les commentaires apportés par les vétérinaires ont permis de décrire certains usages dans différentes filières bovines et avicoles. Des enquêtes terrain ont été réalisées il y a plusieurs années dans ces filières (Chauvin, 2012 ; Jarrige, 2018 ; Mlala, 2018), mais les pratiques d'utilisation des antibiotiques ont fortement évolué ces dernières années en France.

Actuellement, au niveau européen, l'analyse des données de ventes est réalisée toutes espèces animales confondues (EMA, 2020). Avec l'application de la nouvelle réglementation européenne (cf. Encadré 1), des données d'utilisation d'antibiotiques par espèce animale seront transmises par les Etats membres à l'Agence européenne des médicaments. Cela permettra de connaître les usages par filière animale dans chaque pays européen et d'évaluer les effets des mesures mises en place. Des données plus précises contribueront à identifier des axes de progression pour un usage prudent et raisonné des antibiotiques en santé animale, que ce soit au niveau européen ou mondial (OIE, 2021). Le dernier rapport du JIACRA a démontré qu'il existe des liens entre l'utilisation d'antibiotiques et la résistance des bactéries aux antibiotiques aussi bien chez l'homme que chez l'animal (JIACRA, 2021). Toutefois, les résultats de ce rapport européen portant sur les années 2016 à 2018 suggèrent que les mesures prises au niveau des pays pour réduire l'utilisation des antibiotiques s'avèrent efficaces. Il est nécessaire de poursuivre les efforts en matière de bon usage des antibiotiques, tant en santé humaine qu'en santé animale, pour lutter contre l'antibiorésistance.

## Remerciements

Les auteurs remercient vivement tous les vétérinaires ayant participé à cette enquête. Nous remercions également les membres du comité de suivi du médicament vétérinaire, les différentes organisations professionnelles vétérinaires et associations de vétérinaires qui ont contribué à l'élaboration du questionnaire et à la diffusion de l'enquête.

## Références bibliographiques

Anses. 2020. "Suivi des ventes de médicaments vétérinaires contenant des antibiotiques en France en 2019. Rapport annuel." Anses-ANMV. <https://hal-anses.archives-ouvertes.fr/anses-03052433>

Chauvin, C., S. Le Bouquin, and P. Sanders. 2012. "Usage des antibiotiques en filières porcine, avicole et cunicole en France. Résultats d'enquêtes."

Bulletin épidémiologique: santé animale, alimentation, no. 53: 12.

Chevance, A., D. Méheust, and G. Moulin. 2018. "Bilan et perspectives du suivi des ventes d'antibiotiques." In *Journée Antibiothérapie, Antibiorésistance. Bilan et Perspectives En Médecine Vétérinaire*, 1–29. Nantes, France. <https://hal-anses.archives-ouvertes.fr/anses-01985101>.

Chevance, A., D. Urban, and G. Moulin. 2020. « Suivi des ventes et des utilisations d'antibiotiques en France: Pourquoi ? Quelles évolutions ? ». In *Journées nationales des groupements techniques vétérinaires (JNGTV)*, 427-432. Poitiers, France. <https://hal.archives-ouvertes.fr/anses-03337193/>.

CSMV. 2021 "Comité de suivi des médicaments vétérinaires (CSMV) | Anses - Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail". <https://www.anses.fr/fr/content/comit%C3%A9-de-suivi-des-m%C3%A9dicaments-v%C3%A9t%C3%A9rinaires-csmv>

Ducrot, C., C. Adam, F. Beaugrand, C. Belloc, J. Bluhm, C. Chauvin, M. Cholton, et al. 2019. "Apport de la sociologie à l'étude de la réduction d'usage des antibiotiques." *INRA Productions Animales* 31 (4): 307–24. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2018.31.4.2395>.

EMA. 2020. "Sales of veterinary antimicrobial agents in 31 European countries in 2018." European Medicines Agency, European Surveillance of Veterinary Antimicrobial Consumption (EMA/24309/2020). [https://www.ema.europa.eu/en/documents/report/sales-veterinary-antimicrobial-agents-31-european-countries-2018-trends-2010-2018-tenth-esvac-report\\_en.pdf](https://www.ema.europa.eu/en/documents/report/sales-veterinary-antimicrobial-agents-31-european-countries-2018-trends-2010-2018-tenth-esvac-report_en.pdf)

Jarrige, N., M. Chantepedrix, and E. Gay. 2018. "Exposition des veaux de boucherie aux antibiotiques." *Bulletin épidémiologique: santé animale, alimentation*, no. 82: 1–4.

JIACRA. 2021. "Third joint inter-agency report on integrated analysis of consumption of antimicrobial agents and occurrence of antimicrobial resistance in bacteria from humans and food-producing animals in the EU/EEA, JIACRA III. 2016–2018." European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC), European Food Safety Authority (EFSA) and European Medicines Agency (EMA). doi: [10.2900/056892](https://doi.org/10.2900/056892)

Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation. 2021. "Antibiorésistance : tout savoir sur le plan Écoantibio". Site officiel du ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation. <https://agriculture.gouv.fr/ecoantibio>.

Mlala, S., N. Jarrige, and E. Gay. 2018. "Estimation de l'utilisation des antibiotiques par les éleveurs de bovins laitiers et allaitants: Enquête de terrain basée sur les documents d'élevage." *Bulletin Epidémiologique Santé Animale–Alimentation* 84 (1): 1–5.

Moulin, G. 2018. "Lutte contre l'antibiorésistance: Quelles évolutions en France, en Europe et au plan international?" *Bulletin Des G.T.V.*, no. 92: 81–87.

OIE. 2021. "OIE Annual report on antimicrobial agents intended for use in animals. Better understanding of the global situation. Fifth report." World Organisation for Animal Health (OIE) [https://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Our\\_scie](https://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Our_scie)

[ntific\\_expertise/docs/pdf/AMR/A\\_Fifth\\_Annual\\_Report\\_AMR.pdf](https://www.santepubliquefrance.fr/import/antibiotiques-et-resistance-bacterienne-une-menace-mondiale-des-consequences-individuelles)

Santé Publique France. 2019. "Antibiotiques et résistance bactérienne: une menace mondiale, des conséquences individuelles." Santé Publique France.

<https://www.santepubliquefrance.fr/import/antibiotiques-et-resistance-bacterienne-une-menace-mondiale-des-consequences-individuelles>.

Urban, D., A. Chevance, and G. Moulin. 2020. "Impact des plans ÉcoAntibio sur l'usage des antibiotiques en pratique rurale." *Le point vétérinaire Rural*, no. 406: 60.

#### Pour citer cet article :

Urban D., Chevance A., Georgeais M., Biatrix J., Bastien J., Grisot L., Hugnet C., Salandre O., Sauzea X, Moulin G. 2021 « Contextes sanitaire et économique en médecine vétérinaire et utilisation d'antibiotiques en France en 2020 » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 92 (9) : 1-8

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

**Directeur de publication :** Roger Genet

**Directeur associé :** Bruno Ferreira

**Directrice de rédaction :** Emilie Gay

**Rédacteur en chef :** Julien Cauchard

**Rédacteurs adjoints :** Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier, Yves Lambert

**Comité de rédaction :** Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Sylvain Traynard

**Secrétaire de rédaction :** Isabelle Stubljär

**Responsable d'édition :**

Fabrice Coutureau Vicaire

**Anses -** [www.anses.fr](http://www.anses.fr)

14 rue Pierre et Marie Curie  
94701 Maisons-Alfort Cedex

**Courriel :** [bulletin.epidemiolo@anses.fr](mailto:bulletin.epidemiolo@anses.fr)

**Dépôt légal :** parution/ISSN 1769-7166

## Evolution du foyer de brucellose chez le bouquetin des Alpes dans le massif du Bargy, Haute Savoie, entre 2012 et 2020

Sophie Rossi<sup>1</sup>, Elodie Petit<sup>2</sup>, Pascal Marchand<sup>3</sup>, Carole Toïgo<sup>4</sup>, Clément Calenge<sup>5</sup>, Ariane Payne<sup>6</sup>, Jean-Yves Chollet<sup>7</sup>, Stéphane Anselme-Martin<sup>8</sup>, Benoît Guyonnaud<sup>8</sup>, Antoine Greiller<sup>9</sup>, Anne Thébaud<sup>9</sup>, Claire Ponsart<sup>10</sup>, Sébastien Lambert<sup>11</sup>, Gaël Reynaud<sup>12</sup>, Yvette Game<sup>12</sup>, Jean-Jacques Pasquier<sup>13</sup>, Aline Depecker<sup>14</sup>, Chantal Baudin<sup>14</sup>, Bruno Garin-Bastuji<sup>15</sup>, Jean Hars<sup>16</sup>, Emmanuelle Gilot-Fromont<sup>2</sup>

Auteur correspondant : [ariane.payne@ofb.gouv.fr](mailto:ariane.payne@ofb.gouv.fr)

<sup>1</sup> Office Français de la Biodiversité, Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique, Unité Sanitaire de la Faune, Gap, France

<sup>2</sup> Université de Lyon, VetAgro Sup, CNRS, Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive UMR 5558, Villeurbanne, France

<sup>3</sup> Office Français de la Biodiversité, Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique, Unité Ongulés Sauvages, Juvignac, France

<sup>4</sup> Office Français de la Biodiversité, Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique, Unité Ongulés Sauvages, Gières, France

<sup>5</sup> Office Français de la Biodiversité, Direction Surveillance, évaluation, données, Unité Données et Appui Méthodologique, Auffargis, France

<sup>6</sup> Office Français de la Biodiversité, Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique, Unité Sanitaire de la Faune, Orléans, France

<sup>7</sup> Office Français de la Biodiversité, Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique, Unité Sanitaire de la Faune, Auffargis, France

<sup>8</sup> Office Français de la Biodiversité, Service départemental de Haute-Savoie, Sévrier, France.

<sup>9</sup> Anses, Direction de l'Évaluation des Risques, Maisons-Alfort, France

<sup>10</sup> Anses/Université Paris-Est, Laboratoire de Santé Animale, Laboratoire de référence national, européen, OIE et FAO pour les brucelloses animales, Maisons-Alfort, France

<sup>11</sup> École nationale vétérinaire de Toulouse, UMR 1225 IHAP, Toulouse, France

<sup>12</sup> Laboratoire Départemental d'Analyses Vétérinaires de Savoie, Chambéry, France

<sup>13</sup> Fédération départementale des chasseurs de Haute Savoie, Villy-le-Pelloux, France

<sup>14</sup> Direction Départementale de la Protection des Populations de Haute-Savoie, Seynod, France

<sup>15</sup> Anses, Direction de la Stratégie et des Programmes, Maisons-Alfort, France

<sup>16</sup> Office Français de la Biodiversité, Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique, Unité Sanitaire de la Faune, Gières, France –Retraité

**Les auteurs souhaitent dédier ce travail à la mémoire du Dr Sophie Rossi, leur collègue et amie chère, qui est décédée durant la préparation de ce manuscrit. Elle a consacré sa carrière à l'étude des maladies des animaux sauvages et à l'amélioration de leur santé, et son travail passionné demeurera une inspiration pour nous tous.**

**Résumé**

Un foyer de brucellose à *Brucella melitensis* biovar 3 a été détecté en 2012 dans le massif du Bargy (Haute-Savoie) et concerne principalement la population de bouquetins des Alpes (*Capra ibex*), une espèce protégée. Depuis 2012, cette situation inédite a fait l'objet de mesures de surveillance et de lutte ainsi que de travaux de recherche basés sur des suivis démographiques et épidémiologiques de la population. Ces travaux ont montré que la dynamique de transmission est hétérogène, spatialement et entre classes démographiques : l'infection se concentre dans la zone cœur du massif et les femelles jouent un rôle prépondérant dans la transmission. Les résultats suggèrent en outre que la voie d'infection majoritaire est liée aux avortements et aux mises-bas brucelliques, la voie vénérienne jouant un rôle moindre. De 2012 à 2020, la séroprévalence de la brucellose chez les femelles en zone cœur a baissé de 50 % à moins de 15 %, et la force d'infection (taux auquel les individus sensibles s'infectent) a diminué. Une réduction de la taille de la population de bouquetins, liée notamment aux mesures de lutte, a été observée entre 2012 et 2016, avant une stabilisation autour de 370 individus. L'amélioration de la situation épidémiologique et l'accumulation des connaissances sur le fonctionnement de l'épidémie permettent d'envisager une stratégie de gestion adaptative pour gérer l'infection chez les bouquetins mais aussi pour les autres espèces sauvages et domestiques concernées ainsi que pour l'Homme.

**Mots-clés** brucellose, *Brucella melitensis*, Bouquetin des Alpes (*Capra ibex*), Chamois (*Rupicapra rupicapra*), gestion sanitaire adaptative

**Abstract**

**Title: Evolution of the brucellosis outbreak in Bargy massif, Haute Savoie, France between 2012 and 2020.**

A brucellosis outbreak, caused by *Brucella melitensis* biovar 3 was detected in 2012 in the Bargy massif (Haute-Savoie) involving mainly a protected species, the Alpine ibex (*Capra ibex*). Since 2012, surveillance and control measures, as well as research studies, based on demographic and epidemiological surveys have been implemented to manage this unprecedented situation. These studies showed that the transmission dynamic was heterogeneous, spatially and among demographic classes. Infection is concentrated within the core of the massif and females play a major role in its transmission. The results suggest that the main infection route is related to abortions and farrowing events whereas the venereal route is less important. From 2012 to 2020, the brucellosis seroprevalence in females in the core of the massif has dropped from 50% to less than 15%, and the force of infection (*i.e.* infection rate for susceptible individuals) has decreased. A reduction in the size of the ibex population, linked in particular to control measures, was observed between 2012 and 2016, before stabilising at around 370 individuals. The improvement of the epidemiological situation and the knowledge gathered about the functioning of the epidemic allow to consider an adaptive management strategy to manage the infection in ibex but also in other wild and domestic species as well as in humans.

**Keywords**

brucellosis, *Brucella melitensis*, Alpine ibex (*Capra ibex*), Chamois (*Rupicapra rupicapra*), adaptive management

Cet article est une synthèse des articles scientifiques, rapports et thèses produits entre 2012 et 2020 mettant en exergue l'évolution des connaissances, des mesures de gestion et de la situation épidémiologique. Tous ces documents sont cités dans le texte ci-dessous.

La découverte de la présence de brucellose dans le massif du Bargy (Haute-Savoie) en 2012, d'abord sous forme de deux cas humains puis dans un troupeau bovin, a constitué une situation inédite à plusieurs égards. L'origine du foyer bovin étant initialement inexplicée, des investigations menées dans les populations d'ongulés sauvages ont permis de découvrir que les bouquetins (*Capra ibex*) du massif du Bargy étaient largement infectés par une souche indifférenciable des souches découvertes dans les cas humains et bovins (Garin-Bastuji *et al.*, 2013, Mick *et al.*, 2014). La séroprévalence apparente dans la population de bouquetins atteignait 38 % en 2013 (Hars *et al.*, 2013 ; Hars *et al.*, 2015). Or, le dernier cas de brucellose recensé

localement avait été détecté en 1999 chez des ruminants domestiques et la France était considérée officiellement indemne de brucellose depuis 2005, sans foyer identifié depuis 2003. La population de bouquetins, issue d'animaux réintroduits dans les années 1970, a donc très probablement été infectée à la fin des années 1990 ou avant, et a constitué, depuis, un réservoir local de cette infection, resté longtemps inaperçu, alors qu'aucune population de cette espèce, ni aucune espèce de capriné sauvage n'avait joué ce rôle jusque-là (Anses 2015).

## Suivi des populations sauvages depuis 2012

Depuis cette découverte, la brucellose à *B. melitensis*, classée comme danger sanitaire de première catégorie en France<sup>1</sup>, fait, dans le massif du Bargy, l'objet de mesures de surveillance et de lutte coordonnées par le Ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation et plus particulièrement la Direction Générale de l'Alimentation (DGAL). Dès 2012, l'Office National de la Chasse et de la Faune Sauvage (ONCFS, devenu l'Office Français de la Biodiversité - OFB en 2020) a été chargé de la mise en œuvre d'un programme de surveillance épidémiologique et démographique des populations d'ongulés sauvages sur le massif du Bargy et les massifs adjacents. Ce programme incluait des prélèvements sur les chamois (*Rupicapra rupicapra*) et cervidés tirés à la chasse, coordonnés par la Fédération Départementale des Chasseurs de la Haute-Savoie, des opérations de surveillance clinique des groupes de bouquetins et de chamois (abandonnées ensuite en l'absence de signes cliniques observables à distance), et des captures de bouquetins pour des analyses sérologiques et bactériologiques. Ce suivi de terrain a aussi permis des travaux de recherche menés par l'OFB, l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation de l'environnement et du travail (Anses) et VetAgro Sup dans le but de mieux décrire les dynamiques populationnelle et épidémiologique, d'identifier les mécanismes expliquant la circulation de l'infection dans cette population, et d'étudier les scénarios de gestion envisageables. Enfin, l'Anses, sollicitée à de nombreuses reprises, a rendu plusieurs avis et rapports sur ce sujet, notamment en 2015, 2017 et 2019.

Depuis 2012, la population de bouquetins fait l'objet d'un dénombrement annuel par des observations visuelles sur des itinéraires pédestres définis, parcourus au moins quatre fois en été. Chaque année, des captures par téléanesthésie sont réalisées, permettant de recueillir à la fois des informations démographiques (par le marquage et des mesures biométriques sur les animaux), sur la structure socio-spatiale de la population et le comportement spatial des individus (à l'aide de colliers GPS), ainsi que des informations épidémiologiques sur la brucellose (Figure 1).



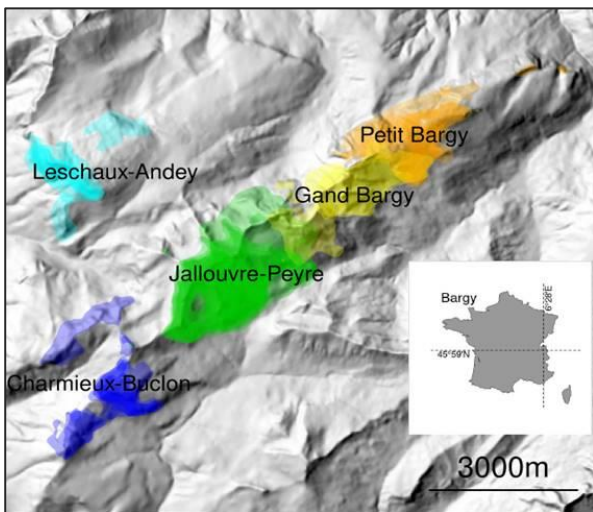
Figure 1. Prélèvement sanguin sur un bouquetin mâle du massif du Bargy anesthésié par fusil hypodermique lors d'une opération de capture réalisée par le SD74 de l'OFB © Élodie Petit

Les tests diagnostiques effectués à l'aide des prélèvements de sang permettent de connaître le statut sérologique de chaque bouquetin capturé vis-à-vis de la brucellose. Jusqu'en 2014, les tests étaient réalisés au laboratoire uniquement. Depuis 2015, ils sont effectués sur le terrain auprès de l'animal capturé, à l'aide d'un test rapide validé en 2014 par l'Anses (Anses, 2014), et vérifiés ensuite au laboratoire. Les animaux dont le résultat du test est négatif sont marqués, mesurés et relâchés. Lorsque le résultat est positif, l'animal est, depuis lors, euthanasié sur place avant son réveil (il était abattu par tir jusqu'en 2015 avant la disponibilité du test rapide). Entre 2012 et 2020, un total de 456 captures et recaptures ont été réalisées, le nombre d'animaux capturés ayant varié annuellement entre

<sup>1</sup> Le Règlement d'exécution (UE) 2018/1882 de la commission du 3 décembre 2018 sur l'application de certaines dispositions en matière de prévention et de lutte contre les maladies à des catégories de maladies répertoriées et établissant une liste des espèces et des

groupes d'espèces qui présentent un risque considérable du point de vue de la propagation de ces maladies répertoriées définit une nouvelle catégorisation depuis le 21/04/2021.

21 en 2020 et 125 en 2015. Parmi ces 456 animaux capturés, 121 bouquetins montrant des résultats positifs au test sérologique ont été euthanasiés. En parallèle des captures, 337 bouquetins ont été abattus par des tirs, sans connaissance préalable de leur statut sérologique, soit en raison de la présence de signes cliniques (4 animaux en 2013), soit dans le cadre d'opérations visant à diminuer le nombre d'animaux infectés dans la population. Ces opérations ont été surtout importantes au début de la période : de 2013 à 2015, 321 animaux ont été abattus sur trois ans. En 2013, les tirs ont ciblé les animaux de cinq ans et plus, car parmi les animaux capturés au printemps, la proportion d'animaux séropositifs avait alors été trouvée beaucoup plus forte chez les vieux individus que chez les jeunes (Hars *et al.*, 2013), laissant penser à l'époque que la voie de contamination principale était vénérienne. Depuis, ces opérations ont été plus restreintes géographiquement et ciblent désormais la zone cœur du massif (Figure 2) : entre 2017 et 2019, douze animaux ont ainsi été abattus, et aucun tir n'a été effectué en 2016 ni en 2020. Les animaux euthanasiés et les animaux abattus par tir depuis 2016 ont fait l'objet d'autopsies et de recherches bactériologiques, afin de mieux comprendre la transmission de la bactérie.



**Figure 2.** Sous-unités socio-spatiales des femelles de bouquetin dans le massif du Bargy, définies par les suivis par collier GPS (Marchand *et al.*, 2018). Leschaux-Andey (LA) et Charmieux-Buclon (CB) = zone périphérique ; Grand Bargy (GB), Petit Bargy (PB) et Jallouvre-Peyre (JP) = zone cœur.

Dans le but de détecter l'éventuelle dissémination de l'infection à d'autres massifs à proximité, des captures ont également été conduites en 2013 sur les bouquetins des massifs adjacents des Aravis (un résultat douteux pour 60 captures) et de Sous-Dine (30 captures d'animaux tous négatifs).

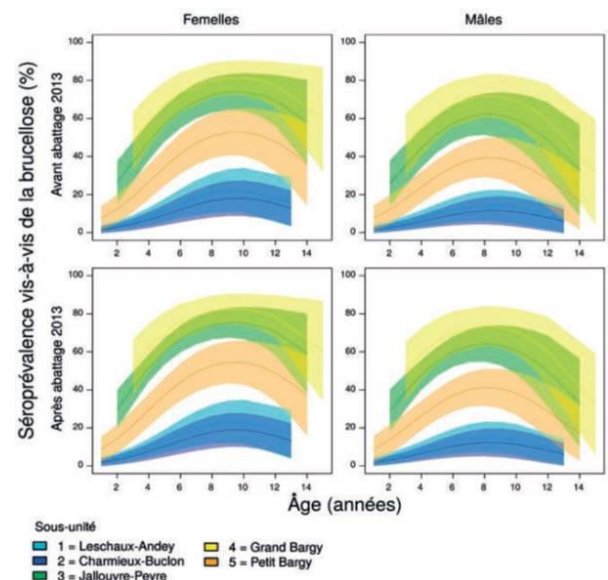
Enfin, les populations d'espèces chassées (chamois, cerf élaphe [*Cervus elaphus*] et chevreuil [*Capreolus*])

sur l'ensemble du massif du Bargy ont fait l'objet d'un suivi sérologique des animaux abattus à la chasse : de 2012 à 2020, 571 chamois, 145 chevreuils et 124 cerfs ont été testés pour la brucellose par l'envoi d'échantillons pour analyses en laboratoire. Aucun test n'a donné de résultat positif pour les chevreuils et les cerfs, tandis que les tests étaient positifs pour trois chamois du secteur du Petit Bargy (Figure 2) en 2012, 2013 et 2019. La surveillance clinique, exercée sur toutes les espèces sensibles dans le cadre du réseau SAGIR, a aussi permis de détecter un chamois en juillet 2020 dans le même secteur (encadré).

## De nouvelles connaissances écologiques et épidémiologiques pour mieux comprendre les patrons de transmission

### Structure socio-spatiale de la population de bouquetins

Les données issues du suivi de bouquetins équipés de colliers GPS et des observations visuelles ont permis de montrer que les bouquetins du Bargy présentent un comportement spatial différencié en fonction du sexe. Ainsi, les femelles sont organisées spatialement en cinq sous-unités (Figure 2, Marchand *et al.*, 2017). Elles se déplacent peu entre ces sous-unités, contrairement aux mâles qui se déplacent largement, notamment à la période du rut (novembre-décembre).



**Figure 3.** Séroprévalence estimée en fonction de l'âge chez les mâles et les femelles, en 2012-2013 (= avant abattage 2013) et en 2014-2015 (= après abattage 2013 ; Marchand *et al.* 2018)



Or, le niveau de séroprévalence est très différent en fonction de l'âge des bouquetins, mais aussi en fonction des secteurs occupés par chaque sous-unité, avec une zone cœur (Jallouvre-Peyre, Grand Bargy et Petit Bargy) présentant une séroprévalence nettement plus élevée que la zone périphérique (Charmieux-Buclon et Leschaux-Andey ; Figure 3, Marchand *et al.* 2017, 2018). Cette structure selon l'âge et le secteur n'a pas été modifiée à la suite des abattages de 233 individus en 2013 (Figure 3). Depuis 2016, les stratégies mises en œuvre sont donc différenciées en fonction de ces secteurs, avec un effort particulier mené sur la zone cœur.

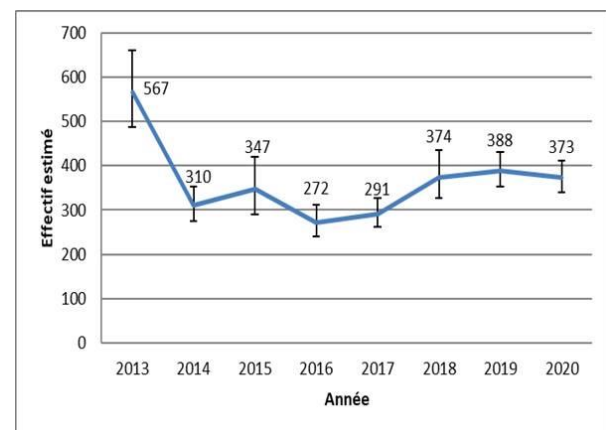
### Dynamique de la population de bouquetins

Le suivi de l'effectif de la population de bouquetins est essentiel pour comprendre la transmission de l'infection, qui en dépend fortement (Lambert *et al.*, 2020), mais aussi pour estimer l'impact de la brucellose et pour prévoir l'évolution future de cette dynamique en lien avec les mesures de gestion. L'effectif populationnel est estimé chaque année en été par la méthode « Mark-Resight » (McClintock & White 2012). Cette estimation est réalisée à partir des données collectées lors des itinéraires pédestres et tient compte de la probabilité de détection des individus marqués lors de ces itinéraires. Cet effectif estimé ne concerne donc que la population d'individus âgés d'un an et plus, les cabris n'étant pas marqués et les itinéraires pédestres se déroulant en partie pendant la période des mises bas.

Les estimations actuelles mettent en évidence une réduction de plus de la moitié de l'effectif entre 2013 et 2016, passant d'une taille estimée d'environ 570 en 2013 à 270 en 2016. Cette diminution est essentiellement liée aux abattages de 2013 et 2015 ainsi qu'à l'euthanasie d'un grand nombre d'animaux positifs entre 2012 et 2015. De 2016 à 2018, le nombre de bouquetins dans le massif du Bargy semble avoir légèrement ré-augmenté pour se stabiliser autour de 370 individus (estimation de 374 individus (IC 95 % : [326-435]) en 2018, 388 individus (IC 95 % : [352-430]) en 2019 et 373 bouquetins (IC 95 % : [340-412]) à la fin de l'été 2020) (Figure 4). Les résultats fournis ici sont toutefois à prendre avec précaution car la probabilité de détection des individus marqués a varié au cours du temps, ce qui a un impact direct sur l'estimation de l'effectif.

Le patron de reproduction des femelles est un élément clé pour comprendre l'effet de la brucellose sur la dynamique de population, connaître les paramètres démographiques influençant la dynamique de transmission et déterminer dans quelle phase démographique se trouve la population (densité-dépendance,

colonisation, reprise démographique...). Les indices de reproduction enregistrés ces dernières années sont tous caractéristiques d'une population en densité-dépendance (voir, par exemple, Toïgo *et al.* 2002 sur le bouquetin) : un âge de primiparité à trois ou quatre ans, 85% et 73% des femelles de cinq à douze ans séronégatives respectivement en activité ovarienne et gestantes, et un succès de reproduction de l'ordre de 60 % de femelles suitées depuis 2017 (Rossi *et al.*, 2019 ; Toïgo, com. pers.). En outre, le ratio cabris/femelles déterminé lors des itinéraires pédestres estivaux (qui inclut le succès de reproduction des femelles séropositives) est également bas ( $\leq 0,50$ ).



**Figure 4.** Evolution de l'estimation de l'effectif (et intervalle de confiance à 95 %) de la population de bouquetins du massif du Bargy (individus  $\geq 1$  an). L'effectif est estimé à partir de données issues d'itinéraires pédestres grâce à l'approche « mark-resight »

Par ailleurs, les dosages sanguins en progestérone et protéines associées à la gestation (PAGs) montrent que la brucellose a un effet négatif sur l'activité ovarienne et sur la probabilité de gestation des femelles adultes. En effet, chez les femelles de plus de cinq ans, les séropositives sont moins souvent actives sexuellement (65 % soit 24/37) et moins souvent gestantes (40 % soit 15/37) que les séronégatives (respectivement 85 % soit 44/52 et 73 % soit 38/52). Chez les jeunes femelles de deux à quatre ans, aucun effet n'a été détecté (56 séronégatives et 15 séropositives étudiées). La diminution de séroprévalence mise en évidence récemment ainsi que la diminution de la densité de population devraient se traduire par une amélioration des performances de reproduction. Or, les indices énoncés ci-dessus restent faibles et stables en 2020.

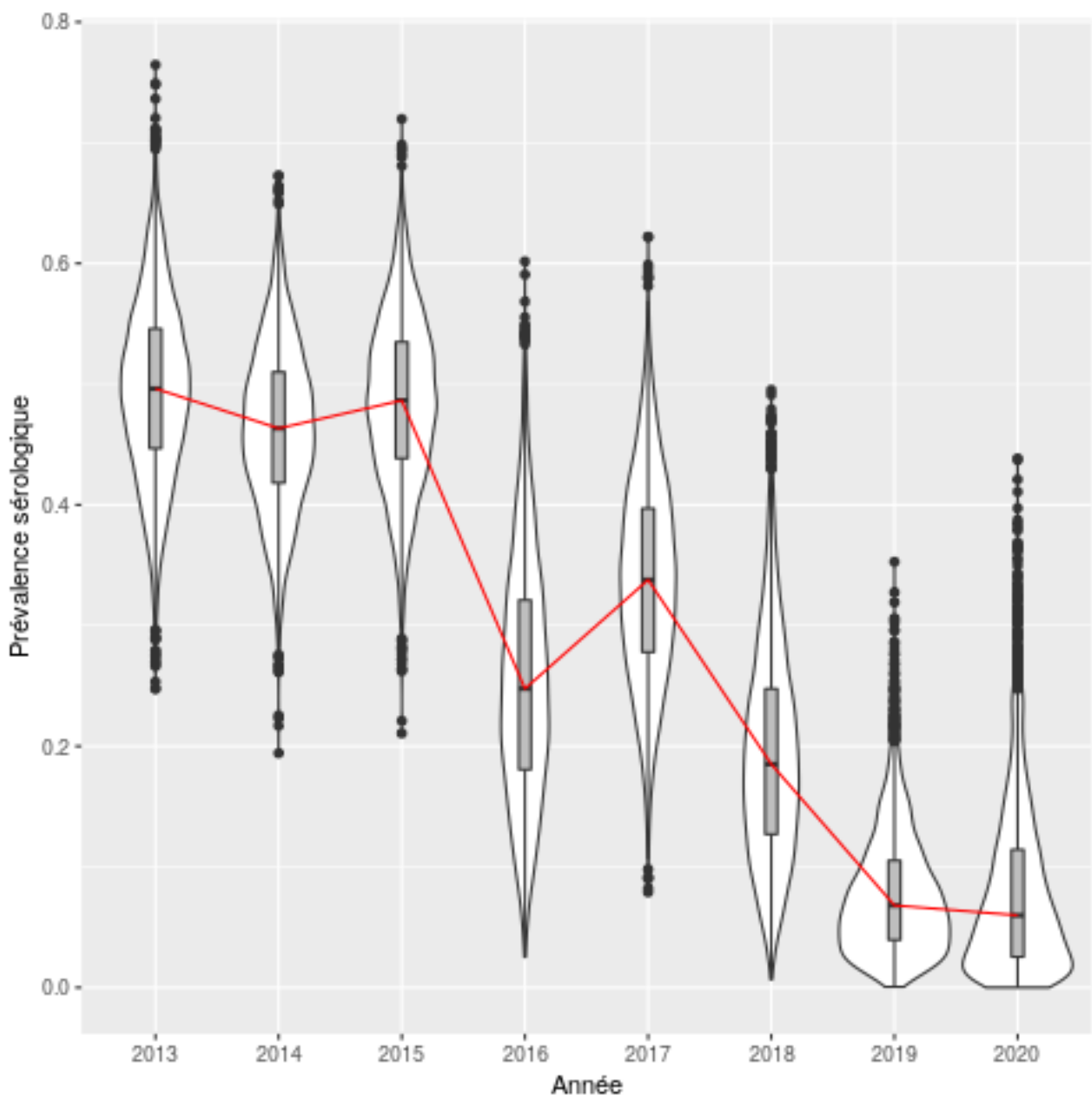
Ainsi, aucun indicateur lié à l'évolution de l'estimation de la taille de la population ou au patron de reproduction ne permet de mettre en évidence une reprise démographique de la population jusqu'en 2020. Il est à noter que les

processus de reprise démographique suite à une diminution de densité sont étroitement liés aux effets cohortes et dépendent du temps de génération de l'espèce (8 ans chez le bouquetin en moyenne ; Toïgo, données non publiées).

### Capacité d'excrétion des individus infectés par la brucellose

L'étude bactériologique de 88 bouquetins séropositifs euthanasiés a permis de mieux comprendre l'impact clinique et la capacité d'excrétion des animaux (Lambert *et al.* 2018). La majorité des animaux étudiés (51 bouquetins soit 58 % des animaux euthanasiés) présentaient au moins un organe pour lequel une culture bactérienne positive était observée. Chez la moitié d'entre eux environ (26 animaux), la bactérie a été

isolée à partir des organes génitaux, suggérant que ces animaux étaient à risque de l'excréter au moment de leur capture. Les organes atteints suggèrent que la transmission est possible par les quatre voies connues chez les espèces domestiques : voie vénérienne, transmission faisant suite à un avortement ou à une mise bas d'une femelle brucellique, voie verticale (transmission congénitale au fœtus) et voie pseudoverticale d'une femelle brucellique à son cabri via le lait maternel. Les jeunes femelles (< 5 ans) en particulier avaient un risque élevé de présenter une culture bactérienne positive, ce qui suggère qu'elles possèdent un potentiel d'excrétion accru. Cette étude laisse à penser que les femelles avortant au cours de leur première gestation pourraient contribuer de façon majeure au maintien local de



**Figure 5.** Prévalence sérologique corrigée pour la proportion d'animaux marqués des femelles en zone cœur entre 2013 et 2018 (mise à jour de Calenge *et al.*, 2021).

l'infection dans chaque sous-unité composant cette population, les mâles contribuant plutôt à son expansion spatiale lors de leurs déplacements entre sous-unités/secteurs (Marchand *et al.*, 2017 ; Lambert *et al.*, 2018).

### **Patrons de transmission**

Un travail de modélisation de l'évolution démographique et épidémiologique de la population a également permis de mieux comprendre la dynamique de transmission, sur la base des données collectées entre 2012 et 2018. Il montre que la transmission est un phénomène très hétérogène : environ 20 % des individus infectés sont à l'origine de toutes les nouvelles infections. De plus, 95 % des transmissions ont lieu à l'intérieur des secteurs géographiques, contre 5 % entre secteurs. En particulier, le modèle confirme que les secteurs de la zone cœur, à savoir Jallouvre-Peyre, Grand Bargy et Petit Bargy (Figure 2), sont ceux dans lesquels se produit la majorité (environ 85 %) des infections. Les secteurs de Jallouvre-Peyre et Grand Bargy sont aussi ceux qui sont à l'origine du plus grand nombre de nouveaux cas transmis vers les autres secteurs. Pour les transmissions intra-secteurs, la transmission liée aux avortements et aux mises-bas brucelliques est prédominante (58 % des cas), suivie de la transmission verticale et de la transmission vénérienne. Au contraire, pour les transmissions entre secteurs, c'est la voie vénérienne qui est majoritaire (75 % des nouveaux cas). Les femelles constituent la source de la majorité des nouvelles infections, en étant à l'origine d'environ 90 % des nouvelles infections intra-secteurs mais aussi de 60 % des transmissions entre secteurs. Les mâles, plus mobiles notamment au moment du rut, jouent surtout un rôle dans la transmission de la brucellose par voie vénérienne entre les secteurs (Marchand *et al.*, 2017 ; Lambert *et al.*, 2020). Enfin, les transmissions intra-secteurs concernent des animaux sensibles jeunes, tandis que les transmissions entre secteurs concernent des animaux sensibles plus âgés. L'identification des classes démographiques et spatiales à risque permet de proposer des mesures de gestions adaptées, en renforçant les mesures vers les secteurs ou les individus qui sont responsables de la majorité des nouvelles infections.

## **Evolution de la situation épidémiologique chez le bouquetin**

### **Evolution de la prévalence**

La séroprévalence représente un outil de suivi courant en épidémiologie. Cependant, ici,

l'estimation de la séroprévalence réelle dans la population doit tenir compte du fait que les captures d'animaux qui servent à cette estimation sont préférentiellement orientées vers les animaux non-marqués. En effet, les animaux marqués dans la population correspondent à des animaux ayant été capturés et testés récemment, puis ayant été relâchés car séronégatifs (les animaux séropositifs étant euthanasiés). Les captures se concentrent alors sur les animaux non encore marqués, dont le statut sérologique n'a encore jamais été contrôlé et qui ont plus de risque d'être séropositifs. Les animaux déjà capturés ont en effet une probabilité minimale de séroconvertir à la suite de leur première capture (Lambert 2019). Or la proportion d'animaux marqués dans la population augmente chaque année (atteignant près de la moitié de la population en 2020). La proportion d'animaux séropositifs parmi les animaux capturés – donc essentiellement non-marqués – sera donc plus importante que celle de la population. (Rossi *et al.*, 2019 ; Calenge *et al.*, 2021). Après correction, une diminution significative de la séroprévalence est observée entre les périodes 2013-2015 et 2016-2018 (Lambert 2019 ; Rossi *et al.*, 2019 ; Calenge *et al.*, 2021). La séroprévalence chez les femelles en zone cœur, groupe le plus important épidémiologiquement, est ainsi passée d'environ 50 % à moins de 15 % (Figure 5), tandis que la séroprévalence en zone périphérique est passée d'environ 10 % à moins de 5 %.

Au cours des années 2019-2020, les quatre individus séropositifs (sur 71 testés), parmi lesquels une jeune femelle de trois ans, présentaient des titres sérologiques élevés témoignant d'une infection probablement récente et du maintien d'une circulation active de la bactérie en zone cœur. La découverte de deux chamois séropositifs sur le secteur Petit Bargy au cours de cette même période est un indicateur supplémentaire qui suggère la persistance d'une infection active sur ce secteur où les captures de bouquetins sont difficiles et les contacts bouquetins – chamois fréquents (Petit *et al.*, 2018).

### **Evolution de la force d'infection**

La force d'infection, ou taux auquel les individus sensibles s'infectent, est un paramètre épidémiologique clé. Elle a été estimée chez les femelles à la fois à partir du suivi des animaux marqués et recapturés de 2012 à 2018, et à partir des informations sur l'âge des animaux capturés. L'analyse confirme que la force d'infection diffère suivant les secteurs et qu'elle a diminué à partir de début 2015. Ainsi, une diminution d'un facteur 10 a été observée alors que la prévalence diminuait d'un facteur 2 dans le même temps (Lambert 2019,

Lambert *et al.* soumis). Cette diminution est survenue après plusieurs années de mesures de gestion importantes, comprenant à la fois des captures et des tirs. Elle est probablement liée à l'effet de ces mesures, sans qu'il soit possible de définir laquelle a eu le plus d'effet.

## Stratégie de surveillance et de lutte

### Objectifs

Les objectifs généraux des mesures concernant la brucellose dans le département de Haute-Savoie sont de protéger la santé humaine en réduisant le risque de contamination, de conserver le statut officiellement indemne de la France en évitant une contamination des ruminants domestiques à partir du réservoir bouquetin et de ne pas remettre en cause le bon état de conservation de la population de bouquetins des Alpes du massif du Bargy.

L'objectif proposé par l'Anses (2019) est de placer la population de bouquetins dans une situation dans laquelle la probabilité d'extinction spontanée de l'infection soit maximale, et, pour cela, de diminuer autant que possible le nombre d'animaux atteints et excréteurs dans la population, par la réduction de la prévalence et/ou du nombre d'animaux infectés. Atteindre cet objectif permettrait aussi de diminuer la probabilité de contact direct et indirect des animaux domestiques et sauvages avec un bouquetin infecté (Anses, 2019). Pour remplir ces objectifs, plusieurs outils sont envisageables.

### La vaccination

La vaccination des bouquetins a été envisagée comme une mesure complémentaire aux captures et aux tirs. Le seul vaccin actuellement disponible, utilisant la souche vivante atténuée Rev.1 par voie conjonctivale, a fait l'objet d'un essai d'innocuité (Ponsart *et al.*, 2019). Le vaccin a été administré à des bouquetins et à des chèvres (9 à 10 vaccinés et 2 à 3 témoins pour chaque espèce). L'essai a montré que le bouquetin est plus sensible que la chèvre à la souche Rev.1, qui se multiplie davantage chez le premier, et pourrait persister longtemps mais surtout être excrétée par les bouquetins vaccinés, entraînant une possible séroconversion des individus contacts. Compte tenu de ces résultats, mais aussi des nombreuses incertitudes quant à l'efficacité de la vaccination, de la faible couverture vaccinale attendue eu égard aux difficultés d'accès de l'espèce (seuls 10 à 20 % des animaux pourraient être vaccinés annuellement), de l'impact négatif de la vaccination sur la surveillance (interférence avec les tests de dépistage), et sans préjuger des aspects

réglementaires relatifs à cette vaccination, celle-ci n'a pas été recommandée (Anses 2019).

### Mesures sanitaires de surveillance et de lutte dans la population de bouquetins

Les mesures sanitaires, comprenant les captures avec test sérologique et euthanasie des animaux séropositifs, et les tirs d'animaux non capturés, restent donc les seuls outils disponibles. Les scénarios de gestion modélisés (Lambert *et al.* 2021) indiquent que la probabilité d'atteindre l'extinction de l'infection est maximale lorsque les captures sont combinées avec des tirs dans la zone cœur, en particulier lorsque ces tirs ciblent des femelles jeunes.

Ces outils sont cependant limités en matière de faisabilité, d'impact sur la dynamique de la population et d'acceptabilité par le grand public. Le succès de capture (nombre de captures par journée de personnel de terrain) diminue d'année en année, et varie selon les secteurs, plus ou moins escarpés, et les distances de fuite des animaux. Il est particulièrement faible dans la zone du Grand et du Petit Bargy, limitant les possibilités d'obtenir des informations dans ces secteurs. Les tirs sont également limités en matière de faisabilité et, selon le nombre de tirs, peuvent faire diminuer l'effectif de la population. Ils sont aussi moins bien acceptés par le public que les captures.

Compte-tenu de l'importance de la reproduction dans la transmission de la brucellose, la surveillance épidémiologique doit être accompagnée d'un suivi populationnel pour connaître l'évolution des effectifs et des indices de reproduction, afin d'objectiver une éventuelle reprise démographique qui aurait un impact conséquent sur la dynamique de l'infection.

### Surveillance dans les autres populations d'ongulés sauvages

Parmi les autres espèces sensibles présentes dans le massif, le chamois est l'espèce la plus exposée et la seule trouvée infectée à plusieurs reprises sur la période (Encadré). La récente découverte de chamois atteints dans le massif du Bargy et les observations d'interactions interspécifiques entre chamois et bouquetins (Petit *et al.*, 2018) attestent d'une probabilité non négligeable de transmission de l'infection entre les deux espèces. La surveillance est donc essentielle pour cette espèce.

Les cervidés (cerfs et chevreuils) ont fait l'objet d'une surveillance de 2012 à 2018, mais compte-tenu de l'absence de cas découverts, des connaissances sur ces espèces et de leur répartition spatiale, ils ne semblent pas être de bonnes

sentinelles de l'infection brucellique. La surveillance n'a donc pas été maintenue sur ces espèces.

### **Surveillance et biosécurité dans les troupeaux domestiques**

Les troupeaux domestiques présents dans le massif (bovins, ovins et caprins) font l'objet d'une surveillance renforcée par rapport au reste du territoire national, coordonnée par la Direction Départementale de la Protection des Populations (DDPP) de Haute-Savoie. Cette surveillance inclut une vigilance accrue sur les avortements qui doivent être déclarés auprès d'un vétérinaire, des dépistages mensuels sur lait de mélange des cheptels bovins laitiers, un double dépistage individuel réalisé sur une fraction du troupeau pour les cheptels bovins allaitants et les cheptels de petits ruminants avant la montée en estive et après le retour d'estive, et le dépistage de la brucellose pour les bovins de plus de 24 mois vendus pour l'élevage.

Des mesures de biosécurité permettant de limiter les contacts entre la faune sauvage (en particulier les bouquetins) et les animaux domestiques ont été mises en œuvre depuis 2012, notamment en retirant le sel et les compléments alimentaires sur les alpages et en adaptant la conduite des troupeaux.

### **Conclusion et perspectives**

La stratégie de maîtrise de la brucellose dans le massif du Bargy a évolué au fil des nouvelles connaissances : depuis 2016, la gestion est essentiellement basée sur les captures avec euthanasie des animaux séropositifs et se focalise sur la zone cœur qui est la plus atteinte. Les incertitudes restent nombreuses, au plan des connaissances mais aussi de la situation elle-même : par exemple, une reprise démographique influencerait fortement la dynamique épidémique future, en augmentant le nombre de nouvelles infections. Dans ce cadre, le principe d'une gestion adaptative serait approprié (Anses, 2019). Cette méthode itérative consiste à élaborer, en concertation avec l'ensemble des parties prenantes, des objectifs et des scénarios de gestion. Leur mise en œuvre fait alors l'objet d'un suivi et d'une évaluation, qui permettent à la fois d'améliorer les connaissances et de réviser régulièrement les options de gestion au regard des objectifs et de l'évolution de la situation. Ce principe de gestion est donc approprié aux situations complexes, évolutives et incertaines.

Le bouquetin étant une espèce protégée et la brucellose une maladie zoonotique réglementée, les plans de gestion doivent prendre en compte à la fois les enjeux sanitaires pour l'élevage et la santé

publique et des enjeux de protection de l'espèce. Cette situation inédite, du fait du nombre d'interlocuteurs, demande une organisation nouvelle, mais qui servira possiblement de modèle à d'autres situations.

## **REMERCIEMENTS**

Les auteurs remercient toutes les personnes ayant participé au travail considérable sur le terrain, en particulier les agents de l'OFB, y compris les stagiaires, les personnels du Conservatoire d'Espaces Naturels de Haute-Savoie (Asters), les vétérinaires praticiens ; les personnes ayant contribué à la surveillance, en particulier les éleveurs, les chasseurs coordonnés par la Fédération Départementale des Chasseurs de Haute-Savoie ; les personnels des laboratoires (LIDAL de Haute-Savoie, Laboratoire Départemental d'Analyses de Savoie et Laboratoire National de Référence de l'Anses de Maisons-Alfort) ; les participants aux groupes de travail de l'Anses, en particulier Dominique Gauthier du LDAH des Hautes-Alpes ; les agents de la DDT et de la DDPP de Haute-Savoie ; les ministères en charge de l'écologie, de l'agriculture, de l'enseignement supérieur et de la recherche et l'Anses qui ont cofinancé les études citées.

### **Encadré. La brucellose chez le chamois**

En France, deux foyers de brucellose à *B. melitensis* biovar 3 ont été décrits chez le chamois dans les Alpes entre 1982 et 1993 puis entre 1995 et 2001. Ces chamois infectés présentaient un tableau clinique et lésionnel sévère (Garin-Bastuji *et al.*, 1990 ; Gauthier, 2005 ;). Les enquêtes épidémiologiques et le génotypage des souches ont conduit à poser l'hypothèse d'une source de contamination des chamois par la faune domestique (Gauthier, 2005 ; Mick *et al.*, 2014).

A la suite de la découverte du foyer de brucellose chez le bouquetin dans le massif du Bargy en 2012 (Figure 6), une surveillance active des chamois chassés sur le secteur (Bargy et massifs adjacents) a permis d'analyser 571 chamois entre 2012 et 2019. Trois ont été trouvés positifs à la brucellose (une femelle de 7 ans en 2012, une femelle de 6 ans en 2013 et un mâle de 5 ans en 2019). Sur la période 2018-2019, la séroprévalence apparente des chamois dans la zone cœur du massif du Bargy était alors de l'ordre de 4,3 % (un positif pour 23 chamois testés). En 2020, un chamois mâle de trois ans brucellique a été détecté par le réseau SAGIR sur ce même secteur. Parmi ces quatre chamois positifs, trois présentaient des signes cliniques de type orchite ou arthrite. Tous ces cas étaient localisés en zone cœur d'infection du foyer des bouquetins. Cette donnée, associée à l'âge des chamois trouvés

infectés en 2019 et 2020, suggèrent une contamination de ces chamois à partir des bouquetins, en particulier dans un secteur où les interactions entre ces deux espèces sont plus fréquentes que sur d'autres secteurs (Petit *et al.*, 2018 ; Rossi *et al.*, 2019). Ces cas récents révèlent en outre une circulation encore active de l'infection chez les bouquetins.

Le chamois est une espèce très sensible à la brucellose. L'état des connaissances actuelles laisse à penser que la transmission intraspécifique est peu fréquente, et que, sans source extérieure de contamination, l'extinction spontanée survient au bout de quelques années chez cette espèce (Godfroid *et al.*, 2013). Le chamois ne semble donc pas jouer de rôle majeur dans la circulation de la brucellose mais représente en revanche une bonne sentinelle. Il est donc important de maintenir une surveillance chez cette espèce dans les massifs du Bargy et alentours.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Anses 2014. Note d'appui scientifique et technique de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif au « dépistage des bouquetins infectés de brucellose sur le terrain ». <https://www.anses.fr/fr/system/files/LABO2014sa0241.pdf>.

Anses 2015. « Mesures de maîtrise de la brucellose chez les bouquetins du Bargy ». Rapport d'expertise collective relatif à la saisine 2014-SA-0218. <https://www.anses.fr/fr/system/files/SANT2014sa0218Ra.pdf>

Anses 2017. Avis de l'ANSES relatif à « l'évaluation approfondie et réactualisée de mesures de maîtrise du foyer de brucellose chez les bouquetins du Bargy ». <https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2016SA0229.pdf>

Anses 2019. Avis et rapport de l'Anses relatif à la pertinence de la vaccination des bouquetins du Bargy contre la brucellose. <https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2018SA0017Ra.pdf>

Calenge, C., Lambert, S., Petit, E., Thébault, A., Gilot-Fromont, E., Toïgo, C., Rossi, S. 2021. "Estimating disease prevalence and temporal dynamics using biased capture serological data in a wildlife reservoir: the example of brucellosis in Alpine ibex (*Capra ibex* L.)". Preventive Veterinary Medicine, 187: 105239. <https://doi.org/10.1016/j.pvetmed.2020.105239>

Garin-Bastuji, B., Hars, J., Drapeau, A., Cherfa, M.A., Game, Y., Le Horgne, J.M., Rautureau, S., Maucci, E., Pasquier, J.J., Jay, M., Mick, V. 2014 "Reemergence of *Brucella melitensis* in wildlife, France". Emerging Infectious Disease, 20:1570–1571. [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/20/9/13-1517\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/20/9/13-1517_article)

Garin-Bastuji, B., Oudar, J., Richard, Y., Gastellu, J. 1990. "Isolation of *Brucella melitensis* Biovar 3 from a Chamois (*Rupicapra rupicapra*) in the Southern French Alps". Journal of Wildlife Diseases, 26:116-118.



**Figure 6.** Chamois dans le massif du Bargy © Pascal Marchand

Gauthier, D. 2005. « La brucellose chez le chamois ». Congrès du GEEFSM, Bardonecchia, Italie, 2005.

Godfroid, J., Garin-Bastuji, B., Saegerman, C., Blasco, J.M., 2013. "Brucellosis in terrestrial wildlife. Brucellosis: recent developments in diagnosis and epidemiology towards 'One Health' concept." OIE Scientific and Technical Review, 32(1):27-42.

Hars, J., Rautureau, S., Jaÿ, M., Game, Y., Gauthier, D., Herbaux, J-P., Le Horgne, J-M., Maucci, E., Pasquier, J-J., Vaniscotte, A., Mick, V., Garin-Bastuji, B. 2013. « Un foyer de brucellose chez les ongulés sauvages du massif du Bargy en Haute-Savoie ». Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation, 60:2-7. [https://be.anses.fr/fr/issue/60Bulletin épidémiologique](https://be.anses.fr/fr/issue/60Bulletin%20%C3%A9pid%C3%A9miologique)

Hars, J., Rautureau, S., Vaniscotte, A., Herbaux, J-P., Pasquier, D., Depecker, A., Le Bourg, V., Game, Y., Toïgo, C., Mick, V., Garin-Bastuji, B. 2015 « La brucellose des bouquetins du massif du Bargy

(Haute-Savoie) : où en est-on en 2015 ? ». Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation, 70:14–18. <https://be.anses.fr/fr/issue/70> Bulletin épidémiologique

Lambert, S., Gilot-Fromont, E., Freycon, P., Thébault, A., Game, Y., Toïgo, C., Petit, E., Barthe, M.N., Reynaud, G., Jaý, M., Garin-Bastuji, B., Ponsart, C., Hars, J., Rossi, S. 2018. « *High shedding potential and significant individual heterogeneity in naturally-infected Alpine ibex (Capra ibex) with Brucella melitensis* ». *Frontiers in Microbiology*, 9: 1065. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01065>

Lambert, S. 2019. "Transmission and management of brucellosis in a heterogeneous wild population of Alpine ibex (*Capra ibex*)". Thèse de doctorat. Université Claude Bernard Lyon 1. <http://www.theses.fr/2019LYSE1278>

Lambert, S., Gilot-Fromont, E., Toïgo, C., Marchand, P., Petit, E., Garin-Bastuji, B., Gauthier, D., Gaillard, J.M., Rossi, S., Thébault, A. 2020. "An individual-based model to assess the spatial and individual heterogeneity of *Brucella melitensis* transmission in Alpine ibex". *Ecological Modelling*, 425:109009. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2020.109009>

Lambert, S., Thébault, A., Rossi, S., Marchand, P., Petit, E., Toïgo, C., Gilot-Fromont, E., 2021. "Targeted strategies for the management of wildlife diseases: the case of brucellosis in Alpine ibex". *Veterinary Research*. <https://doi.org/10.1186/s13567-021-00984-0>, sous presse.

Lambert, S., Gilot-Fromont, E., Toïgo, C., Marchand, P., Petit, E., Rossi, S., Thébault, A. "Combining serological and capture-mark-recapture data to estimate the force of infection of brucellosis in a managed population of Alpine ibex". En révision

Marchand, P., Freycon, P., Herbaux, J.P., Game, Y., Toïgo, C., Gilot-Fromont, E., Rossi, S., Hars, J. 2017. "Sociospatial structure explains marked variation in brucellosis seroprevalence in an Alpine ibex population". *Scientific Reports* 7:15592. <https://www.nature.com/articles/s41598-017-15803-w.pdf>

Marchand, P., Petit, E., Calenge, C., Toïgo, C., Anselme-Martin, S., Gilot-Fromont, E., Hars, J., Rossi, S. 2018. « *Brucellose des bouquetins du massif du Bargy : des secteurs plus ou moins impactés en lien*

*avec la structuration socio-spatiale des femelles* ». *Faune Sauvage*, 320:45-51.

McClintock, B.T., White, G.C. 2012. "From NOREMARK to MARK: software for estimating demographic parameters using mark-resight methodology". *Journal of Ornithology*, 152:641–650. DOI: [10.1007/s10336-010-0524-x](https://doi.org/10.1007/s10336-010-0524-x).

Mick, V., Le Carrou, G., Corde, Y., Game, Y., Jay, M., Garin-Bastuji, B. 2014. « *Brucella melitensis* in France: persistence in wildlife and probable spillover from Alpine ibex to domestic animals ». *PLoS One* 9:e94168.

Petit, E., Giguët, E., Beche, A., Pasquier, J.J., Emin, I., Gervasoni, E., Pinguet, O., Gauthier, D., Anselme-Martin, S., Maucci, E., Game, Y., Toïgo, C., Marchand, P., Rossi, S. 2018. « *La brucellose dans le massif du Bargy : pourquoi pas le chamois ?* ». Présentation orale, congrès du GEEFSM, Orлу, septembre 2018.

Ponsart, C., Riou, M., Locatelli, Y., Jacques, I., Fadeau, A., Jay, M., Simon, R., Perrot, L., Freddi, L., Breton, S., Chaumeil, T., Blanc, B., Ortiz, K., Vion, C., Rioult, D., Quéméré, E., Sarradin, P., Chollet, J.Y., Garin-Bastuji, B., Rossi, S. 2019. "Brucella melitensis Rev.1 vaccination generates a higher shedding risk of the vaccine strain in Alpine ibex (*Capra ibex*) compared to the domestic goat (*Capra hircus*)". *Veterinary Research* 50: 100. <https://doi.org/10.1186/s13567-019-0717-0>

Rossi, S. Petit, E., Toïgo, C., Marcand, P., Lambert, S., Gilot-Fromont, E., Calenge, C., Game, Y., Quéméré, E., Greiller, A., Guyonnaud, B., Chollet, J.Y., Anselme-Martin, S. 2019. Convention relative au suivi populationnel des bouquetins (*Capra ibex*) du massif du Bargy (Haute-Savoie), à la surveillance de la brucellose chez les espèces chassables du Bargy et des massifs adjacents durant la période 2016-2018. Rapport Final.

Toïgo, C., Gaillard, J.M., Gauthier, D., Girard, I., Martinot, J.P., Michallet, J. 2002. "Female reproductive success and costs in an alpine capital breeder under contrasting environments." *Ecoscience*, 9, 427-433. DOI: [10.1080/11956860.2002.11682730](https://doi.org/10.1080/11956860.2002.11682730)

**Pour citer cet article :**

Rossi .S, Petit E., Marchand P., Toïgo C, Payne A., Chollet J-Y., Anselme-Martin S., Guyonnaud B., Greiller A., Thébault A., Ponsart C., Lambert S., Reynaud G., Game Y., Pasquier J-J., Depecker A., Baudin C., Garin-Bastuji B., Hars J., Gilot-Fromont E. 2021. « Evolution du foyer de brucellose chez le bouquetin des Alpes dans le massif du Bargy, Haute Savoie, entre 2012 et 2020 » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 92 (10) : 1-12

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

**Directeur de publication :** Roger Genet

**Directeur associé :** Bruno Ferreira

**Directrice de rédaction :** Emilie Gay

**Rédacteur en chef :** Julien Cauchard

**Rédacteurs adjoints :** Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

**Comité de rédaction :** Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard

**Secrétaire de rédaction :** Isabelle Stubljar

**Responsable d'édition :**

Fabrice Coutureau Vicaire

**Anses -** [www.anses.fr](http://www.anses.fr)

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

**Courriel :** [bulletin.epidemi@anses.fr](mailto:bulletin.epidemi@anses.fr)

**Dépôt légal :** parution/ISSN 1769-7166



## Caméra thermique à infrarouge, un nouvel outil apicole pour détecter les mortalités hivernales ?

Mélodie Lettmann<sup>1</sup>, Christophe Roy<sup>2</sup>, Claire Beauvais<sup>2</sup>, Pascal Gilles<sup>2</sup>, Hélène Lemoine<sup>2</sup>, Philippe Noireterre<sup>2</sup>, Lydia Vilagines<sup>2</sup>, Matthieu Dacher<sup>3</sup>, Mathilde Saussac<sup>1</sup>, Pascal Hendrikx<sup>1</sup>, Marie-Pierre Chauzat<sup>1</sup>

Auteur correspondant : [Marie-pierre.CHAUZAT@anses.fr](mailto:Marie-pierre.CHAUZAT@anses.fr)

<sup>1</sup> Anses, Unité de Pathologie de l'Abeille de Sophia-Antipolis, Unité Epidémiologie de Lyon et DSP de Maisons-Alfort

<sup>2</sup> SNGTV, 5 rue Moufle, 75011 PARIS

<sup>3</sup> Sorbonne Université, INRA, CNRS, IRD, Université Paris Diderot, Université Paris Est Créteil - Institute for Ecology and Environmental Sciences of Paris (iEES Paris), Paris, France.

### Résumé

Au cours de l'hiver, les colonies sont capables de maintenir une température quasi-constante et relativement élevée au sein de l'essaim, ce qui leur permet de survivre pendant la saison froide. A cause des faibles températures extérieures, les apiculteurs n'ont pas la possibilité d'observer et de surveiller leurs abeilles car l'ouverture des ruches causerait un choc thermique important et dangereux. Les apiculteurs se trouvent alors contraints de constater les pertes hivernales uniquement au printemps, lors de la reprise d'activité des colonies. Afin d'améliorer la détection précoce de ces mortalités de façon non-intrusive, nous avons examiné le potentiel des caméras thermiques à infrarouges comme nouvel outil apicole. Les premiers résultats suggèrent qu'elles pourraient être utiles pour suivre la survie des colonies.

### Mots-clés

Apiculture, mortalités hivernales, colonies d'abeilles, thermographie infrarouge

### Abstract

**Can infrared thermal cameras be used as a new beekeeping tool to detect colony winter collapse?**

During winter, honeybee colonies maintain temperature in the hive at a stable level. This thermoregulation behavior allows the colony to survive until the following spring. Due to cold temperature during winter, beekeepers cannot visit the colonies by opening the hives as this would cause a dangerous thermal shock for the bees. Therefore, beekeepers have to wait until warmer days to assess winter losses. In order to improve the early detection of dead colonies during winter in a non-intrusive way, we studied the potential use of infra-red thermal cameras as a new beekeeping tool. The first results suggest they could be useful in monitoring survival of the colonies.

### Keywords

Beekeeping, winter mortality, bee colonies, infrared thermography

## Introduction

L'hiver est une période critique pour l'apiculteur et ses colonies d'abeilles. Cependant, et malgré le froid extérieur, une colonie composée d'abeilles en bonne santé et en quantité suffisante regroupées au sein de la « grappe hivernale » est capable de maintenir une température minimale (10°C) pour assurer la survie des abeilles pendant plusieurs mois. Pour ce faire, elles se nourrissent des réserves glucidiques composées du miel stocké les semaines et mois précédents, ou issues de l'apport artificiel de sucres réalisé par l'apiculteur. Elles peuvent ainsi produire de la chaleur grâce à la contraction des muscles thoraciques des ouvrières qui chacune œuvrent à un effort collectif. Outre la sévérité de l'hiver, la survie hivernale des colonies dépend de plusieurs paramètres sur lesquels l'apiculteur pourra en partie agir en amont *via* la conduite de son cheptel : gestion du parasite *Varroa destructor*, nourrissage artificiel des colonies, renouvellement régulier des reines, ruches adaptées pour limiter les pertes de chaleur. En revanche, l'apiculteur est généralement dans l'incapacité de détecter d'éventuelles mortalités au cours de l'hiver et de les dater : il prend acte de ces mortalités aux premières visites permises par le retour des beaux jours, généralement au printemps seulement. Il est en effet dangereux et coûteux en énergie pour la colonie d'ouvrir les ruches en hiver lorsque les températures extérieures sont trop faibles. En outre, l'activité à la planche d'envol les belles journées d'hiver n'est pas suffisante pour s'assurer de la réalité de la survie de la colonie.

Le développement d'outils non-intrusifs permettant la détection précoce des mortalités en hiver serait un atout intéressant pour les apiculteurs, leur permettant d'améliorer la gestion de leur rucher en hiver (des colonies mortes sont généralement pillées par leurs voisines, participant ainsi à la transmission de potentiels agents vivants pathogènes) et d'anticiper les tâches à effectuer au printemps. Dater les mortalités hivernales permettrait enfin d'une part d'améliorer le suivi épidémiologique des colonies (collecte de données plus précises sur la répartition chronologique de ces mortalités au cours de l'hiver) et d'autre part d'augmenter la valeur prédictive des examens cliniques. Ces outils apporteraient des informations complémentaires pour identifier les causes de la mort de la colonie.

En hiver, si l'on admet qu'une colonie d'abeilles en bonne santé dégage de la chaleur, la température à l'intérieur de la ruche et plus précisément au cœur de la grappe d'abeilles est un paramètre indirect mais fiable pour définir sa vitalité. Quelques techniques expérimentales permettent justement

d'évaluer et de suivre cette température au cœur de la grappe : les « thermocouples » utilisés autrefois, plus récemment les « thermistors » (Becher et Moritz, 2009) placés au cœur de la ruche et les thermomètres à infrarouges constituent des avancées intéressantes en mesurant des températures sans contact. Ces dernières décennies ils ont ainsi été utilisés par exemple pour des études relatives à la physiologie de la thermogénèse par les abeilles (Stabentheiner et al. 2003; Stabentheiner et Schmaranzer 1987). L'investissement financier représenté par ces outils, assez lourd, en limitait jusqu'ici l'usage à la recherche appliquée. Mais, depuis quelques années, le coût des outils thermographiques a nettement diminué et les caméras thermiques sont devenues accessibles. La filière apicole, comme d'autres filières, tente donc de développer des applications concrètes en vulgarisant leur utilisation : évaluation de la force des colonies, contrôle de la présence de couvain, dépistage des mortalités (Bromenshenk 2016; Magnini 2018; Mangum 2016; Shaw et al. 2011).

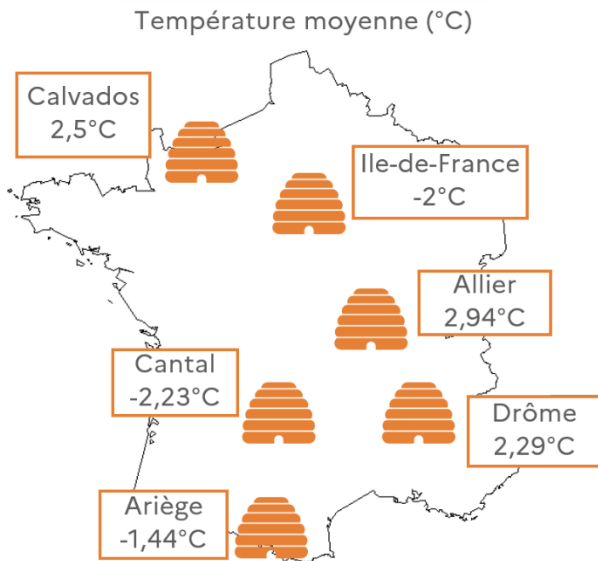
Il y a encore peu de publications relatives au dépistage des mortalités hivernales, et les effectifs testés étaient souvent faibles. Dans cette étude, nous avons donc examiné le potentiel des caméras infrarouges pour les apiculteurs sur le terrain en développant un nouveau protocole de mesure et d'analyse des images. Nous nous sommes efforcés d'avoir des effectifs suffisants et des situations diversifiées : les mesures ont été réalisées sur différents ruchers, avec différentes conduites apicoles et dans différents départements.

## Matériels & Méthodes

### Collecte des données

Des mesures à l'aide de caméras thermiques à infrarouges (modèle Flir C2®, résolution écran 80x60 pixels, sensibilité thermique 0,10 °C, prix d'achat d'environ 800 € HT, financement par la SNGTV) ont été effectuées sur plusieurs ruchers durant l'hiver 2016-2017 par des vétérinaires apicoles volontaires. Les ruchers étudiés se trouvaient dans différents départements français dont *a priori* la sévérité de l'hiver diffère (Allier, Ariège, Calvados, Cantal, Drôme/Isère, Ile de France ; **figure 1**). Les colonies se trouvaient dans des conditions normales d'élevage, les ruchers sélectionnés appartenant à des apiculteurs volontaires au sein des clientèles vétérinaires participantes. Des informations utiles à l'interprétation ultérieure des données ont été collectées : taille du contenant (ruche/ruchette, modèle), matériau de la ruche (bois/plastique/polystyrène), présence éventuelle de partitions internes isolantes, température et

hygrométrie extérieures, identification de la ruche, date et heure de début et de fin de la prise d'images.



**Figure 1.** Répartition géographique des sites d'investigation et température moyenne observée (°C) sur chaque site au cours des mesures pendant l'hiver

Nous avons exclu un jeu de données correspondant à l'Ile de France car l'investigateur a déclaré éprouver des difficultés à utiliser la caméra en respectant le protocole expérimental : les ruches et ruchettes étaient placées trop proches les unes des autres pour disposer d'une distance suffisante à la bonne prise des mesures, et les images obtenues ne permettaient pas d'isoler une seule colonie par image. Ces doutes ont été confirmés car les résultats se sont trouvés éloignés de ceux observés sur les cinq autres sites.

Les mesures consistaient à photographier à l'aide de la caméra thermique chacune des quatre faces accessibles de la ruche (face avant, face latérale droite, face arrière, face latérale gauche ; distance optimale de deux mètres entre l'objectif de la caméra et la ruche). Les investigateurs avaient pour consignes de visiter à plusieurs reprises les ruchers au cours de l'hiver 2016-2017, chaque ruche a été mesurée une à cinq fois. Pour améliorer la qualité des images obtenues et limiter les biais, les mesures ont toutes été réalisées avant le lever du soleil, lorsque la température extérieure est encore basse et que les premiers rayons du soleil n'ont pas encore pu réchauffer les parois des ruches. Chacune des images a ensuite reçu une note donnée par le vétérinaire investigateur, sur une échelle de 0 à 5 définie en amont du protocole expérimental pour limiter la subjectivité et l'effet investigateur (**Tableau 1**). La note variait en fonction de l'intensité de la température et donc avec les couleurs présentes sur l'image thermographique, du bleu le plus froid au jaune le plus chaud (0 = image

bleue -> pas de chaleur, 5 = image rouge/jaune -> forte chaleur). Enfin, lorsque la température externe le permettait et comme témoin, les investigateurs ont ouvert chaque ruche afin de déterminer visuellement l'état de vie ou de mort de la colonie.

### L'analyse statistique du jeu de données

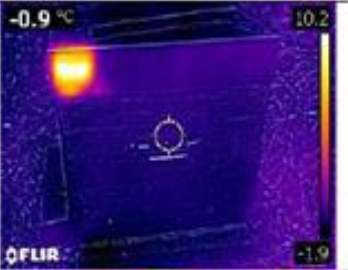

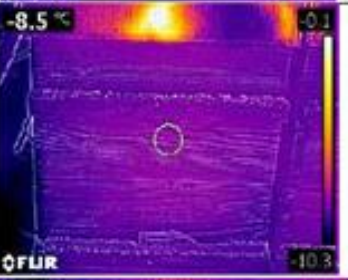
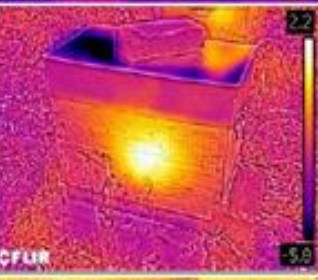
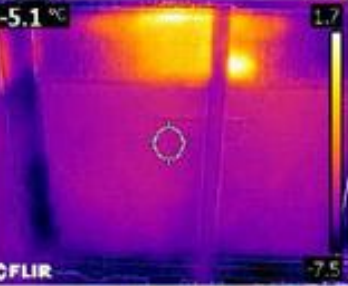
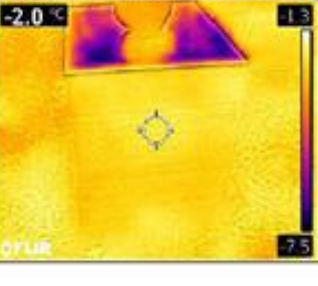
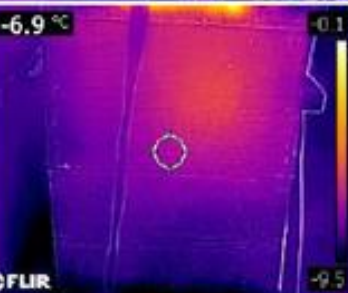

L'analyse du jeu de données a été faite grâce au logiciel R et au logiciel Graphpad Prism. La description statistique des données avait pour but de mettre en relation l'état de mort ou de vie de la colonie avec le score mesuré par caméra.

Les abeilles en grappe n'étant pas forcément placées de façon homogène autour du centre de la ruche, nous n'avons retenu que le score maximal parmi les quatre notes attribuées au cours d'une même investigation (c'est-à-dire la valeur la plus élevée mesurée sur l'une des quatre faces d'une même ruche, soit la face la plus chaude). Par conséquent les ruches sur lesquelles seulement un score avait été observé ont été éliminées du jeu de données.

Pour chaque ruche le lien entre le score maximal observé lors de la constatation visuelle de l'état de vie et de mort a été établi. Cette distribution a été analysée par  $\chi^2$  afin de témoigner d'une différence de répartition des scores entre les colonies vivantes et les colonies mortes. Sur les mêmes données un modèle linéaire généralisé (GLM, une régression logistique) a été utilisé pour déterminer la probabilité de survie des ruches en fonction du score reçu (valeur relevée sur la face la plus chaude de la ruche). De plus, afin de quantifier la fiabilité des diagnostics de la mesure infrarouge, nous avons calculé la sensibilité et la spécificité de cette méthode ; la sensibilité est la probabilité de diagnostiquer un essaim mort si celui-ci l'est effectivement (faculté d'éviter les faux négatifs) et la spécificité la probabilité de diagnostiquer un essaim vivant si celui-ci l'est effectivement (faculté d'éviter les faux positifs).

## Résultats et discussion

Un total de 317 ruches pour douze ruchers a été pris en compte dans l'étude, chaque ruche ayant été mesurée à plusieurs reprises nous basons donc notre analyse sur 1 029 visites de ruches. La répartition des scores maximaux mesurés par visite sur chaque ruche est significativement différente en fonction du critère de vie ou de mort de la colonie ( $p.value < 0.0001$ ). Cela signifie que les scores attribués varient en fonction de l'état de vie de la colonie. Par conséquent il semble possible de prédire son état en fonction du score maximum relevé. Au regard de la répartition des données (**Figure 2**), les colonies mortes sont peu

<p><b>Note 0</b></p>	<p>absence de chaleur <b>couleur bleu homogène</b> (image du témoin « ruche vide »)</p>		<p><b>Note 4</b></p>	<p>présence d'une source de chaleur d'intensité importante sur une aire supérieure à note 3 <b>couleur rouge/orangée</b></p>	
<p><b>Note 1</b></p>	<p>présence d'une faible source de chaleur <b>couleur violette non intense</b></p>		<p><b>Note 5</b></p>	<p>présence d'une source de chaleur marquée <b>couleur jaune soutenue au cœur de la source</b></p>	
<p><b>Note 2</b></p>	<p>présence d'une source de chaleur de moyenne intensité sur une aire supérieure à note 1 <b>couleur violette soutenue</b></p>		<p><b>Note NI (Non interprétable)</b></p>	<p>On ne peut pas donner de note (uniformité dans les tons « chauds » jaune entre la ruche et son environnement)</p>	
<p><b>Note 3</b></p>	<p>présence d'une source de chaleur d'intensité importante <b>couleur violette et présence de tons rouges/orangés</b></p>		<p><b>Note ND (Non disponible)</b></p>	<p>la mesure est impossible à prendre (accès à la face impossible, distance face de la ruche/camera insuffisante)</p>	

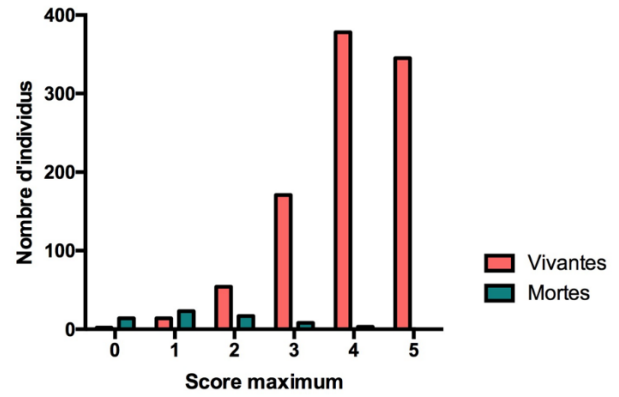
**Tableau 1.** Méthode de notation appliquée pour qualifier les images thermographiques obtenues. La note attribuée à l'image (de 0 à 5), est d'autant plus élevée que l'image présente des couleurs « chaudes » elles-mêmes associées aux températures les plus élevées. Les images uniformément colorées sont qualifiées de non interprétable (NI) et les images prises sans pouvoir respecter le protocole et/ou les préconisations matérielles (distance [objectif caméra – ruche] trop courtes) sont qualifiées de non disponible (ND).

représentées dans les scores élevés (score  $\geq 3$ ), en revanche le nombre de colonies vivantes ayant un score faible (score de 0 à 2) est comparable à celui des colonies mortes.

La régression logistique réalisée à partir du score maximal relevé lors de la première mesure de chaque ruche (n=270, nombre de ruches dans l'étude, minoré du nombre de ruches pour lesquelles seule une mesure était disponible) a permis de déterminer sur l'ensemble du jeu de données (n=1029) la probabilité que la colonie soit vivante en fonction du score mesuré (Tableau 2). Suite à ce calcul, une estimation de l'état de vie est établie arbitrairement : si la probabilité d'être en vie est inférieure à 0.5 la ruche est considérée comme morte (score mesuré de 0 ou de 1), si celle-ci est supérieure à 0.5 alors elle est considérée comme vivante (score mesuré au moins égal à 2). L'état déduit à partir des probabilités est mis en parallèle avec l'état réel constaté de la colonie, afin de calculer la sensibilité et la spécificité du test. Dans notre étude la sensibilité illustre le nombre de colonies physiquement mortes et considérées comme supposées mortes, par rapport au nombre de colonies totales réellement mortes. La spécificité témoigne du nombre de colonies physiquement vivantes et classées comme supposées vivantes, par rapport au nombre total de colonies réellement vivantes. La **sensibilité** du test est de **0.685 ± 0.028 (intervalle de confiance à 95%)** et sa **spécificité** de **0.983 ± 0.008**. La spécificité étant élevée, notre étude démontre donc qu'il est possible, grâce à cette caméra thermique, de supposer avec un niveau de certitude élevé qu'une colonie est vivante grâce à son score. Mais la spécificité faible observée témoigne elle du fait qu'il est plus incertain d'affirmer qu'une colonie est morte. En effet, comme l'indique le **tableau 2** et la **figure 2**, un score de 1 est ambigu.

Score maximum mesuré	Probabilité
0	0,089
1	0,371
2	0,779
3	0,955
4	0,992
5	0,998

**Tableau 2.** Probabilité que la colonie soit vivante en fonction du score le plus élevé, attribué à la face la plus chaude.



**Figure 2.** Répartition du nombre de colonies mortes ou vivantes en fonction du score maximum relevé (p.valeur  $\text{Chi}^2 < 0,0001$ ). En rouge le nombre de colonies vivantes par catégorie de score, et en vert le nombre de colonies mortes.

Ces probabilités permettent de replacer l'utilisation des caméras thermiques dans un contexte d'utilisation sur le terrain. Si l'on veut utiliser cette caméra thermique pour parvenir à ces résultats, il faut donc suivre le protocole expérimental et d'interprétation des images suivant : en hiver, l'expérimentateur mesure à l'aide de la caméra thermique chaque face de la ruche avant le lever du soleil, en s'appliquant à mesurer au moins deux faces (les ruches pour lesquelles trois ou quatre faces sont mesurées donneront des prédictions plus fiables), puis attribue un score de 0 à 5 pour chacune des faces mesurées, la face avec le score le plus élevé mesuré permettant de supposer si la colonie est vivante. Afin d'attribuer un score de façon rigoureuse et la plus objective possible, un support visuel illustrant les critères d'attribution des scores est fourni aux utilisateurs. **Si ce score est de 0 il y a alors 8,9 % de chance de la colonie soit vivante, si celui-ci est de 5 ce pourcentage s'élève à 99,8 %. On aura alors la quasi-certitude que celle-ci sera vivante.**

Afin de s'assurer de la pertinence du protocole décrit précédemment, les expérimentateurs devront, autant que possible, mesurer un maximum de faces par ruches. Il est important de noter également que toute étude statistique peut générer des faux positifs ou des faux négatifs. Ainsi la présence d'une autre source de chaleur dans la ruche, par exemple une souris, pourra induire l'apiculteur en erreur. De la même façon un essaim de petite taille positionné parfaitement au centre de la ruche, ne sera pas forcément détectable par la caméra thermique. Dans la mesure où il serait possible de mesurer les quatre faces d'une ruche, il pourrait être également intéressant à terme d'envisager un autre critère de détermination que le score maximum. Un score pondéré par le score

des quatre faces pourrait permettre par exemple d'améliorer la représentativité de la mesure thermique.

## Conclusion

Le potentiel de la caméra thermique à infrarouge en condition de terrain semble avoir été démontré de façon préliminaire au travers de cette étude. Cet outil pourrait permettre aux apiculteurs et aux vétérinaires d'améliorer le suivi hivernal des colonies. Ces analyses résultent toutefois d'observations préliminaires, de nouvelles sessions de mesures sont à prévoir afin de confirmer ces résultats. En outre les potentiels effets de différents facteurs sur la mesure thermographique obtenue (matériau, taille de la colonie, présence de partitions latérales, température et hygrométrie extérieures) n'ont pas été étudiés ici individuellement. Il est probable que certaines conditions soient plus ou moins favorables à cette prise de mesure ; par exemple, l'isolation de la ruche augmente probablement la survie des abeilles, mais empêche de détecter la chaleur émise. De même, la sensibilité du capteur de la caméra utilisée (et donc plus généralement le prix de l'outil) est un facteur clef de la qualité de l'image obtenue. Malgré la baisse de prix des caméras infrarouges et malgré nos résultats encourageants,

Stabentheiner A, Pressl H, Papst T, Hrassnigg N, Crailsheim K (2003) Endothermic heat production in honeybee winter clusters. *Journal of Experimental Biology* Stabentheiner A,

le rapport coût/bénéfice d'un tel outil pour l'apiculteur pose encore question.

Il serait concevable d'ajuster la méthode pour détecter non pas les essaims trop froids pour être en vie (en dessous de 10°C), mais ceux qui, actifs, ne sont toutefois pas en train d'élever du couvain (qui nécessite une température de 34°C, soit bien au-dessus de la température ambiante au printemps). Cela étendrait l'utilité de l'acquisition d'une caméra infrarouge.

## Références bibliographiques

Becher M, Moritz R (2009) A new device for continuous temperature measurement in brood cells of honeybees (*Apis mellifera*). *Apidologie* 40(5), 577-584.

Bromenshenk J. Should an Infrared camera be in your toolkit ? *Bee Culture*. Mars 2016, pp 48-50.

Magnini RM. Thermography. *Bee Culture* mai 2018, pp 57-59.

Mangum WA. Real time watching winter cluster. *Bee Culture*. Sept 2016, pp 29-33.

Shaw JA, Nugent PW, Johnson J, Bromenshenk J, Henderson CB, Debnam S. Long-wave infrared imaging for non-invasive beehive population assessment. *Optics express*. Jan 2011, 19(1):399-408.

Schmaranzer S (1987) Thermographic Determination of Body temperatures in Honey Bees and Hornets : Calibration and Applications. *Thermology* 2, 563-206(2), 353-358.

Lettmann M., Roy C., Beauvais C., Gilles P., Lemoine H., Noireterre P., Vilagines L., Dacher M., Saussac M., Hendriks P., Chauzat M-P. 2021. « Caméra thermique à infrarouge, un nouvel outil apicole pour détecter les mortalités hivernales ? » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 92 (11) : 1-6

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

**Directeur de publication :** Roger Genet

**Directeur associé :** Bruno Ferreira

**Directrice de rédaction :** Emilie Gay

**Rédacteur en chef :** Julien Cauchard

**Rédacteurs adjoints :** Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

**Comité de rédaction :** Anne Brisabois, Benoit

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,

Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain

Traynard

**Secrétaire de rédaction :** Isabelle Stubljär

**Responsable d'édition :**

Fabrice Coutureau Vicaire

**Anses** - [www.anses.fr](http://www.anses.fr)

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

**Courriel :** [bulletin.epidemiologie@anses.fr](mailto:bulletin.epidemiologie@anses.fr)

**Dépôt légal :** parution/ISSN 1769-7166



Directeur de publication : Roger Genet  
Directeur associé : Bruno Ferreira  
Directrice de rédaction : Emilie Gay  
Rédacteur en chef : Julien Cauchard  
Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat,  
Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier,  
Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois,  
Benoit Durand, Françoise Gauchard,  
Guillaume Gerbier, Marion Laurent,  
Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,  
Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard  
Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljar  
Responsable d'édition: Fabrice Coutureau Vicaire  
Assistants d'édition: Elsa Vidal, Flore Mathurin

Anses - [www.anses.fr](http://www.anses.fr)  
14 rue Pierre et Marie Curie  
94701 Maisons-Alfort Cedex  
Courriel : [bulletin.epidemie@anses.fr](mailto:bulletin.epidemie@anses.fr)  
Conception et réalisation: Parimage  
Crédits photos: Anses, AdobeStock  
Impression: Demaille - Groupe Sprint  
Dépôt légal : août 2022 / ISSN 1630-8018



**RÉPUBLIQUE  
FRANÇAISE**

*Liberté  
Égalité  
Fraternité*



**anses**