



Bulletin épidémiologique

Santé animale - alimentation

Septembre 2016 trimestriel/numéro 75

Page 2

L'épisode d'influenza aviaire en France en 2015-2016 – Situation épidémiologique au 30 juin 2016

Page 9

Infection par l'hantavirus Séoul chez un particulier éleveur de rats dans le Haut-Rhin

Page 11 - Brève

Distinction de plusieurs sous-populations de virus influenza porcins H1_{av}N2 en France

Page 12

Inventaire des actions de surveillance de la faune sauvage mises en œuvre en France entre 2000 et 2013

Page 16

Réseau national de surveillance des virus influenza A chez le Porc (Résavip) – Bilan de la surveillance menée en 2015

Page 20

Dermatose nodulaire contagieuse des bovins : état des connaissances et situation épidémiologique dans les Balkans au 31 juillet 2016

Page 25 - Brève

Quatre nouveaux foyers d'infestation par le petit coléoptère des ruches détectés en Calabre

ÉDITORIAL

Dans ce numéro, trois articles sont dédiés à la surveillance des virus influenza, chez les volailles et chez les porcins. Dans le premier cas, la surveillance est encadrée au niveau communautaire et international, avec pour objectif de détecter rapidement tout nouveau cas sur le territoire, compte tenu des enjeux sanitaires et économiques. C'est le cas de l'épisode d'influenza aviaire dans le Sud-Ouest de la France entre 2015 et 2016, au cours duquel différents protocoles de surveillance ont dû être déployés pour s'adapter à la situation sanitaire. Dans le second cas, la surveillance des virus influenza chez le Porc n'est pas encadrée au niveau international compte tenu de la symptomatologie fruste en cas d'infection et du fait que le risque direct pour l'Homme apparaît négligeable. Il s'agit dès lors d'améliorer les connaissances en matière de circulation des souches de virus influenza porcins, et en particulier les types de souches et leurs évolutions.

Depuis avril 2016, la dermatose nodulaire contagieuse des bovins (DNCB) circule activement dans les Balkans, et s'étend à différents pays. Cette maladie illustre parfaitement l'articulation entre veille sanitaire internationale (mobilisée dès le début pour suivre de manière rapprochée la dynamique de la situation sanitaire à l'étranger), l'évaluation du risque (l'Anses ayant été saisie sur le sujet) et la surveillance. En effet, au vu de cette situation sanitaire critique, des discussions ont été engagées au niveau national pour renforcer la surveillance événementielle.

Les investigations épidémiologiques participent également à l'amélioration des connaissances en matière de situation sanitaire, et mobilisent activement les acteurs de terrain. C'est ainsi qu'un hantavirus Séoul a été détecté chez des rats d'élevage, dans le cadre d'investigations menées à la suite de la découverte de l'infection chez un particulier éleveur de rats.

Enfin, un dernier article présente les résultats d'un inventaire des différentes actions de surveillance menées dans la faune sauvage depuis une dizaine d'années. Au-delà des résultats relatifs à la situation sanitaire, cette étude souligne l'importance de coordonner ces actions au niveau national et de proposer un appui méthodologique aux acteurs de terrain en la matière. La Plateforme ESA devrait pouvoir être mobilisée à ce titre, au-delà de ses activités d'appui à l'amélioration de protocoles de surveillance nationaux (cas des virus influenza aviaries et porcins, de la DNBC).

Bonne lecture et bonne rentrée,

Le comité de rédaction

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, de l'Agroalimentaire et de la Forêt.



L'épisode d'influenza aviaire en France en 2015-2016 – Situation épidémiologique au 30 juin 2016

Sophie Le Bouquin (1) (sophie.lebouquin-leneveu@anses.fr), Adeline Huneau-Salaün (1), Manon Hamon (2)*, Marie Cécile Moisson (2)*, Axelle Scoizec (1), Eric Niqueux (3), Audrey Schmitz (3), François-Xavier Briand (3), Anne Van De Wiele (4), Anne Bronner (2)*

(1) Anses, laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité d'épidémiologie et bien-être en aviculture et cuniculture, Ploufragan, France

(2) Direction générale de l'alimentation (DGAL), Paris, France

(3) Anses, laboratoire de Ploufragan-Plouzané, unité de virologie immunologie parasitologie avicoles et cunicoles, laboratoire national de référence pour l'influenza aviaire, Ploufragan, France

(4) Office national de la chasse et de la faune sauvage, Saint-Benoît, France

* membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA)

Résumé

L'influenza aviaire (IA) est une maladie touchant les oiseaux domestiques et sauvages classée danger sanitaire de première catégorie. Depuis novembre 2015, le Sud-Ouest de la France est touché par un épisode d'IA hautement pathogène (HP) de sous-type H5 avec 77 foyers identifiés, très majoritairement dans la filière palmipèdes gras. Cet épisode serait lié à la mutation début 2014 sous forme HP de virus IA faiblement pathogènes circulant chez les palmipèdes depuis plusieurs années. La création d'une zone de restriction étendue aux deux bassins de production affectés, en plus des zones de protection et de surveillance réglementaires autour des foyers, a permis l'application de mesures de gestion spécifiques et le renforcement de la surveillance programmée. L'expression clinique peu importante des virus H5 circulant chez les canards naturellement peu sensibles mais aussi les galliformes, rend la surveillance événementielle moins sensible. La surveillance programmée a permis d'identifier les deux tiers des cas grâce au dépistage des animaux avant mouvement, aux investigations dans les élevages en lien épidémiologique avec les foyers et aux programmes de dépistage spécifiques dans les populations aviaires à risque. Les résultats de la surveillance événementielle dans les élevages et l'avifaune sauvage, et de la surveillance programmée renforcée permettront d'évaluer l'efficacité des mesures de gestion des foyers et d'assainissement et de déterminer le statut de la filière palmipède vis-à-vis de l'IA.

Mots-clés

Influenza aviaire, palmipèdes, surveillance épidémiologique

Abstract

Avian Influenza outbreaks in France in 2015-2016 – Epidemiological status as of 30 June 2016

Avian Influenza (AI) is a category 1 regulated disease infecting poultry and wild birds. Since November 2015, an epizootic outbreak of highly pathogenic avian influenza (HPAI) subtype H5 is affecting southwestern France. Seventy-seven outbreaks have been detected, mostly in ducks and geese reared for foie-gras production. The origin of the outbreaks is likely to be a mutation from a low pathogenic to a highly pathogenic form of AI viruses circulating in these species for several years. A restricted area covering the two affected production basins has been created in addition to protection and surveillance areas around the infected farms, enabling specific control measures and reinforced active surveillance to be implemented. Clinical signs associated with the circulating H5 viruses are mild, both in ducks, which have low natural sensitivity, and in galliform poultry. As a result, clinical surveillance is less sensitive. Two thirds of the outbreaks were thus identified through active surveillance of birds before transport between farms, surveillance of farms showing an epidemiological link with an outbreak, and targeted screening programs of flocks at risk for AI. Clinical surveillance in poultry and wild birds and reinforcement of active surveillance are tools used to evaluate the control measures implemented, and to assess the epidemiological status of flocks in the area regarding AI infection.

Keywords

Avian Influenza, Duck, Surveillance

L'influenza aviaire (IA) est une maladie infectieuse très contagieuse commune à tous les oiseaux sauvages et domestiques. Elle est causée par des virus de la famille des *Orthomyxoviridae*, genre Influenza (type A) qui présentent la particularité d'être extrêmement variables. Les oiseaux sauvages aquatiques sont considérés comme leur principal réservoir naturel mais les oiseaux domestiques sont facilement infectés. Deux formes de la maladie sont classiquement distinguées: i) l'IA faiblement pathogène (IA FP), la plus répandue, s'exprime majoritairement par des formes cliniques frustes à modérées, ii) l'IA hautement pathogène (IA HP) qui peut être responsable d'épizooties meurtrières dans les élevages de volailles; seuls les sous-types viraux présentant les hémagglutinines H5 ou H7 (sur 16 possibles) peuvent être HP. Cette distinction clinique a mené à la définition réglementaire de deux formes d'IA, FP ou HP (directive européenne 92/40/CEE). Dans de rares cas, les virus de l'IA peuvent s'adapter aux mammifères et conduire à l'émergence sporadique de cas humains. Du fait de son importance économique et de son potentiel zoonotique, l'IA H5 et H7 a été classée comme danger sanitaire de première catégorie (arrêté ministériel du 29 juillet 2013). Depuis l'hiver 2015, la France est confrontée à un épisode d'IA H5 HP. Les palmipèdes (canards, oies) sont particulièrement concernés, notamment la filière des palmipèdes à foie gras dont la principale zone de production est localisée dans le Sud-Ouest. Le

dernier foyer d'IA HP signalé en France chez des volailles remontait à 2006. Un virus H5N1 avait alors été mis en évidence dans un élevage de dindes de chair en claustration dans l'Ain. Ce cas, dont l'origine était probablement liée à l'avifaune sauvage, était resté isolé. Entre le 24 novembre 2015 et le 30 juin 2016, 77 foyers d'IA H5 HP ont été recensés en France, soit l'épisode le plus important recensé en Europe de l'Ouest depuis les épizooties causées en Italie en 1999-2000 par un virus H7N1 (413 élevages infectés) et aux Pays-Bas en 2003 par un virus H7N7 (255 élevages concernés) (Capua et Alexander, 2013).

Chronologie des événements

Description des premiers foyers

Le premier foyer a été confirmé le 24 novembre 2015 dans un élevage non commercial de Dordogne, suite à la déclaration d'une suspicion clinique le 19 novembre. Sur les 32 oiseaux présents (*Gallus*), 22 sont morts brutalement sans signes cliniques préalables. Les prélèvements réalisés ont conduit à la mise en évidence d'un virus H5N1 HP par le laboratoire national de référence (LNR) de l'Anses à Ploufragan. Un arrêté préfectoral portant déclaration d'infection (APDI) a été immédiatement pris conduisant à un abattage des oiseaux restants

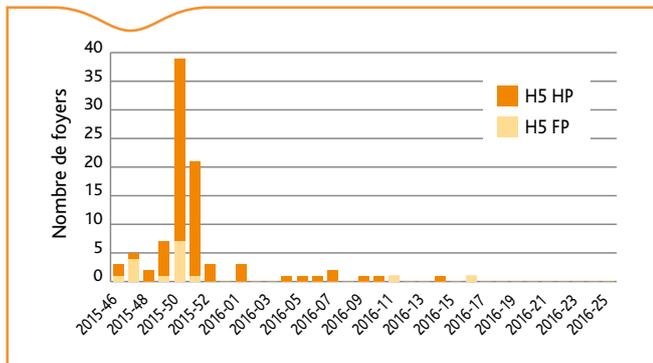


Figure 1. Distribution hebdomadaire du nombre de foyers d'IA H5 détectés entre le 10/11/2015 et le 30/06/2016 (93 foyers, France)

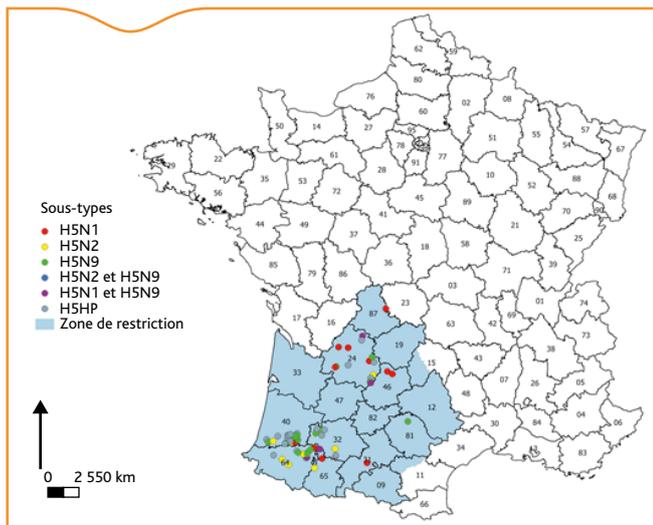


Figure 2. Localisation des foyers d'IA HP identifiés au 30 juin 2016 (N=77 foyers, France, 29/04/2016)

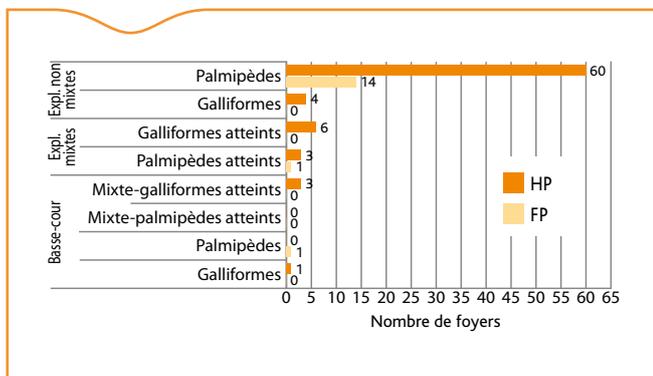


Figure 3. Nombre de foyers d'IA H5 HP et FP selon les productions présentes sur l'exploitation et l'espèce atteinte à l'origine de la déclaration (N=93 foyers, France, 30/06/2016)

et à la destruction de leurs cadavres. Des mesures sanitaires complémentaires ont été mises en place, notamment la délimitation des zones de protection (3 km) et de surveillance (10 km) autour du foyer, le renforcement de la surveillance clinique par des visites dans les élevages d'espèces sensibles et l'interdiction de l'introduction et des rassemblements d'oiseaux dans ces zones.

Dans les jours suivants, deux autres foyers ont été détectés en Dordogne. Le premier concernait un élevage de canards prêts à gaver (PAG) et gras du nord du département, dans lequel deux virus H5 hautement pathogènes différents, H5N1 et H5N9 ont été identifiés. Le second était localisé dans un élevage d'oies reproductrices et de canards à la limite du département du Lot, dans lequel un virus H5N2 HP a été identifié. Ces foyers ont été détectés dans le cadre de l'enquête sérologique annuelle européenne de l'IA (décision 2010/367/CE). Des prélèvements pour analyse virologique y avaient été réalisés

consécutivement à l'obtention de résultats sérologiques positifs. Ces trois foyers ont conduit à l'instauration début décembre de mesures de restriction complémentaires et de mesures limitant les mouvements entre zones réglementées et zone non réglementée.

Évolution temporelle du nombre de foyers détectés

Dans les semaines suivantes, le nombre de foyers détectés a augmenté très fortement pour atteindre 67 foyers déclarés au 7 janvier 2016, tous étant localisés dans le Sud-Ouest (Figure 1). Un pic a été observé en décembre 2015 (semaines 49 à 52), potentiellement lié à plusieurs facteurs: i) l'élargissement des zones de surveillance et de restriction, ii) le renforcement de la surveillance programmée jusque mi-décembre, avec un dépistage des animaux avant tout mouvement, et iii) le pic de production dans la filière canards gras observé lors des fêtes de fin d'année. À partir de janvier 2016, le nombre de foyers déclarés a baissé (entre 0 à 4 par semaine). Au 30 juin 2016, 93 foyers d'IA H5 ont été déclarés dont 77 d'IA H5 HP et 16 d'IA H5 FP.

Répartition géographique des foyers détectés

La découverte de foyers dans sept départements du Sud-Ouest a conduit les autorités sanitaires à définir mi-décembre, au-delà des zones de protection et de surveillance, une grande zone de restriction dans laquelle des mesures spécifiques de surveillance et de restriction des mouvements devaient être appliquées (arrêté ministériel du 9/2/2016). Cette zone englobait totalement ou partiellement dix-sept départements représentant plus des trois quarts de la production nationale des palmipèdes à foie gras (recensement de la Direction Générale de l'Alimentation). Neuf départements étaient concernés par des foyers: Dordogne, Landes, Pyrénées-Atlantiques, Hautes-Pyrénées, Gers, Haute-Vienne, Lot, Haute-Garonne et Tarn. Deux secteurs étaient tout particulièrement touchés, la Dordogne d'une part et la zone Landes/Gers/Pyrénées-Atlantiques d'autre part (Figure 2).

Quelques clés pour mieux comprendre cet épisode

Le rôle des palmipèdes

Si quelques foyers ont été observés dans des basses-cours et des élevages de galliformes (poulets et pintades), la majorité des foyers détectés concerne des élevages de palmipèdes ou des exploitations mixtes associant palmipèdes et galliformes (Figure 3). Neuf des quatorze foyers diagnostiqués chez des galliformes concernaient des sites ayant aussi des palmipèdes. Tous les foyers d'IA FP ont été détectés dans des troupeaux de palmipèdes à la suite de dépistages programmés. Pour les foyers d'IAHP, la filière palmipèdes gras est également la plus touchée avec 81 % des foyers (63/77). Au vu du faible nombre de foyers dans des élevages de galliformes, le virus circulant dans le Sud-Ouest semble particulièrement bien adaptés aux palmipèdes, et circuler de façon importante dans cette filière mais se transmettre rarement aux galliformes malgré une cohabitation fréquente entre ces différentes productions dans la zone. La cohabitation dans le même élevage de galliformes ne présentant pas de signes cliniques et de canards gras infectés a en effet été observée à quatre reprises.

Une expression clinique limitée

Toutes les espèces aviaires domestiques ou sauvages sont réceptives aux virus influenza, mais les palmipèdes y sont peu sensibles. Ils expriment donc peu la maladie, y compris pour les virus IA HP, contrairement aux galliformes qui peuvent présenter des signes cliniques associés à des taux de morbidité et de mortalité importants. Une infection dans un élevage de palmipèdes peut donc passer inaperçue.

L'IA présente une grande variété de formes évolutives et cliniques: les formes suraiguës et aiguës sont habituellement décrites dans les foyers d'IA HP avec une forte mortalité. Les autres formes sont généralement plus caractéristiques de l'IA FP. Contrairement à ces caractéristiques générales, une mortalité anormale n'a été signalée que dans 28 foyers,

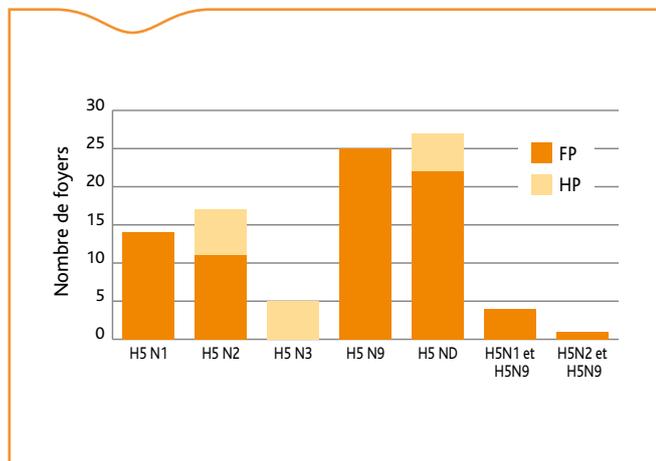


Figure 4. Nombre de foyers par sous-type viral et pathogénicité (n=93 foyers, France)
ND: sous-type N non déterminé

tous identifiés comme IA HP (soit 36 % des foyers IA HP). Les taux de mortalité observés sont très variables mais comme attendu, souvent plus élevés chez les galliformes que chez les palmipèdes. Des signes cliniques respiratoires, associés à des mortalités élevées ont néanmoins été observés dans six élevages de palmipèdes. Enfin, aucun lien n'a été mis en évidence entre le niveau de mortalité observé et les différents sous types HP identifiés, N1, N2 ou N9. Le taux de mortalité s'est avéré un indicateur épidémiologique très difficile à interpréter en l'absence de standardisation de son recueil dans les questionnaires épidémiologiques et de l'euthanasie plus ou moins rapide des animaux, empêchant de connaître l'évolution complète de la maladie.

Une circulation à bas bruit de plusieurs virus

Les virus influenza ont la particularité d'être très évolutifs. Ils présentent une grande variabilité génétique, secondaire à des mutations et/ou des réassortiments génétiques. Quatre sous-types de virus H5 différant au niveau de leur neuraminidase (N) ont été identifiés à ce jour dans la zone touchée, avec deux virus différents présents simultanément dans cinq élevages de canards gras (Figure 4). Leurs séquences H5 sont proches génétiquement, ce qui laisse penser qu'ils proviennent probablement d'un ancêtre commun.

La surveillance sérologique (ciblée sur les types H5 et H7) mise en place en France depuis 2003 (décision 2010/367/CE) a montré l'existence d'une circulation récurrente de virus H5 dans certains élevages de palmipèdes depuis 2004 (O'Connor *et al.*, 2006; Cherbonnel *et al.*, 2007). Cette situation n'est pas spécifique à la France et les résultats de la surveillance obtenus dans d'autres pays producteurs de canard gras, notamment la Bulgarie, font état de résultats comparables (Marinova-Petkova *et al.*, 2016).

L'hypothèse la plus probable sur l'origine des virus actuels serait la mutation initiale en virus HP d'un virus FP circulant dans les populations de palmipèdes domestiques du Sud-Ouest. Dans un second temps, ce virus H5 HP aurait, par réassortiments successifs, conduit à l'apparition des virus appartenant à au moins trois sous-types circulant actuellement ayant des neuraminidases différentes. L'analyse phylogénétique complète a permis d'établir que cette mutation remonterait probablement autour du premier semestre 2014 (Briand *et al.*, 2016).

Le séquençage complet des premiers virus isolés a montré que ceux-ci ne présentaient pas l'ensemble des déterminants connus comme étant favorables à la transmission à l'Homme. Les segments analysés sont de type aviaire, ce qui permet de considérer comme quasi-nul le risque de transmission à l'Homme (avis Anses du 14/12/2015). Il a aussi été démontré que, bien qu'appartenant au lignage eurasiatique, ces virus ne sont pas directement apparentés aux virus H5N1 HP de la lignée asiatique qui circule notamment en Asie et en Afrique (Briand *et al.*, 2016).

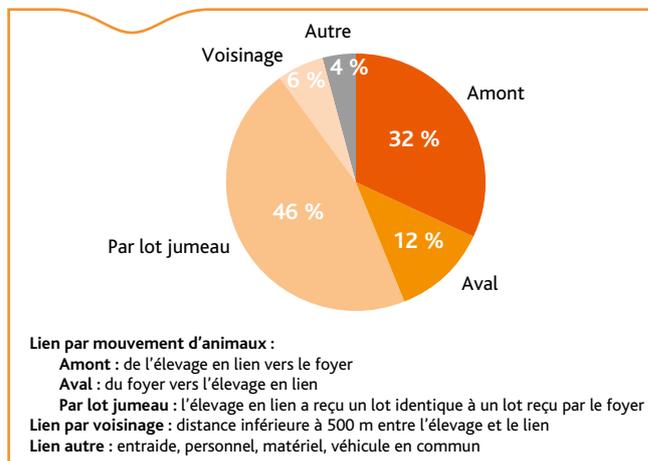


Figure 5. Type des 743 liens épidémiologiques distincts identifiés à partir de 77 foyers IAHP et 2 foyers IAFF (France, 2016)

Lien par mouvement d'animaux :

Amont : de l'élevage en lien vers le foyer

Aval : du foyer vers l'élevage en lien

Par lot jumeau : l'élevage en lien a reçu un lot identique à un lot reçu par le foyer

Lien par voisinage : distance inférieure à 500 m entre l'élevage et le lien

Lien autre : entraide, personnel, matériel, véhicule en commun

La filière canard gras, une filière complexe

Dans le Sud-Ouest de la France, l'organisation de la filière canard gras est complexe et relève d'un maillage territorial et socioéconomique dense dans lequel cohabitent des filières organisées et d'autres plus traditionnelles, constituées d'un réseau très important d'éleveurs indépendants. Les canetons d'un jour sont généralement placés dans des bâtiments clos pendant une période d'environ trois semaines avant d'être transférés en bâtiment de PAG avec accès à un parcours. À partir d'une douzaine de semaines d'âge, ils sont envoyés en gavage. Chaque lot de PAG peut être réparti dans plusieurs unités de gavage, contenant en moyenne 1000 animaux par salle. Ainsi un lot de PAG peut être divisé jusqu'à dix lots frères répartis dans dix salles de gavage; réciproquement, une salle de gavage peut accueillir des PAG de différentes origines. Les canards y resteront en moyenne onze à douze jours avant abattage pour la production organisée, parfois plus si le gavage est réalisé selon une méthode traditionnelle. En moyenne, trois lots de gavage se succèdent dans une salle en quarante jours. Ce mode de production en trois phases d'élevage est unique en production de volailles. L'association d'un cycle de production très court, d'unités de petite taille et d'approvisionnements multiples, rendent la traçabilité des lots complexe et conduisent à de très nombreux liens épidémiologiques entre les élevages. En moyenne, 9,4 (médiane 7) liens ont été identifiés par foyer d'IA, ce qui correspond à une moyenne de huit établissements en lien épidémiologique par foyer (médiane 6). Un établissement peut avoir plusieurs types de lien épidémiologique avec un même foyer. Ces liens (Figure 5) sont à la fois directs (mouvements d'animaux) et indirects (voisinage, véhicules, personnel et matériel en commun).

Pratiques d'élevage et biosécurité

La contamination d'un élevage peut être le fait d'une contagion à partir d'oiseaux sauvages ou être aussi consécutive à des échanges d'oiseaux, d'œufs, ou de matériels contaminés. En l'absence de mesures de biosécurité suffisantes, l'infection peut ensuite s'entretenir sur l'élevage voire diffuser entre élevages, d'autant plus facilement qu'elle est inapparente. La transmission est horizontale et essentiellement directe entre les animaux, mais aussi indirecte, notamment via les fientes d'animaux infectés ou le matériel souillé. La résistance du virus influenza est décrite comme moyenne et variable en fonction des substrats et des conditions climatiques; elle est suffisante pour maintenir un pouvoir infectant pendant plusieurs semaines en période hivernale (De Benedictis *et al.* 2007).

Lors des premières enquêtes épidémiologiques conduites dans les foyers de plusieurs départements du Sud-Ouest, des niveaux faibles et sans doute insuffisants de biosécurité ont été identifiés à différents maillons de la filière. La présence concomitante d'animaux de stade physiologique et de statut sanitaire différents a été régulièrement observée dans les élevages de PAG, avec une rotation ne permettant

pas la réalisation de vides sanitaires complets dans l'élevage. L'absence de sas sanitaire fonctionnel a aussi été remarquée en PAG et gavage. Des pratiques de nettoyage et de désinfection insuffisantes dans les salles de gavage ont été relevées, avec notamment des nettoyages incomplets et des vides sanitaires extrêmement courts. Enfin, des failles ont été observées dans le nettoyage des véhicules de transport d'animaux alors que les échanges de canards sont très intenses dans la filière. Ce constat ne serait pas spécifique à la France : des niveaux de biosécurité faibles ont aussi été constatés en Bulgarie, le second producteur européen de foie gras (Agreste, 2014), avec notamment la mise en évidence de failles dans le système de transport des animaux vivants (Marinova-Petkova *et al.*, 2016).

Stratégie et résultats de la surveillance mise en place

Pour avoir une bonne connaissance de la situation épidémiologique d'une maladie comme l'influenza qui ne s'exprime pas toujours cliniquement, il est indispensable d'associer plusieurs méthodes de surveillance. Le dispositif de surveillance de l'IA repose à la fois sur une surveillance événementielle et sur une surveillance programmée. Dans le contexte de l'épisode actuel, les objectifs de la surveillance sont de détecter les élevages infectés, de vérifier l'assainissement des foyers et de garantir le statut indemne des autres élevages (à l'échelle individuelle ou de la filière). Une problématique spécifique concerne l'avifaune sauvage, le but étant d'établir si elle a joué un rôle dans cet épisode et si elle représente un risque pour les élevages assainis et ceux hors ZR. La définition de ces modalités de surveillance, renforcées à la suite de cet épisode, ainsi que l'analyse et l'interprétation des résultats, sont discutées dans le cadre du groupe de suivi pestes aviaires de la Plateforme ESA.

Surveillance événementielle

Principe

Dans le cadre de la surveillance événementielle en élevage, éleveurs et vétérinaires doivent déclarer toute suspicion clinique d'IA sur la base de critères d'alerte réglementairement définis (arrêté du 18/01/2008). L'identification de suspicions cliniques sur l'ensemble du territoire est un élément clé de la sensibilité du système de surveillance. Afin d'améliorer la détection de foyer par ce moyen, une sensibilisation de l'ensemble des professionnels, notamment les détenteurs de volailles de plus de 250 animaux, a été mise en œuvre dans le cadre de la visite sanitaire avicole 2016. Une formation en ligne destinée aux vétérinaires sanitaires sur la thématique de l'IA HP est accessible depuis le 4 mai 2016 (<http://www.cooc-influenza.fr/>). Enfin, une grille d'inspection clinique a été élaborée par la SNGTV afin d'aider les praticiens à exclure la possibilité d'une infection par un virus IA lors de leurs visites. Pour la faune sauvage, un réseau commun entre l'Office national de la chasse et de la faune sauvage (ONCFS) et les fédérations de chasseurs (réseau Sagir) permet une surveillance permanente sur les territoires ouverts concernant les oiseaux sauvages retrouvés morts. Cette surveillance a été étendue aux espaces protégés (réserves naturelles).

Résultats

Les résultats de la surveillance événementielle de l'IA, hors faune sauvage libre, sont publiés deux fois par mois sur le site de la Plateforme ESA (<http://plateforme-esa.fr/>). Entre le 1^{er} janvier 2015 et le 30 juin 2016, 103 suspicions cliniques ont été déclarées en France. De début décembre 2015 au 15 janvier 2016, plus de cinq suspicions cliniques ont été émises par semaine contre zéro à deux suspicions mensuelles entre janvier et décembre 2015. À partir du 15 janvier 2016, les suspicions cliniques ont été moins nombreuses mais elles demeurent à un niveau supérieur à celui de début 2015 (2 par semaine en moyenne). Près d'un quart des suspicions cliniques ont été émises hors de la ZR. Depuis le début de la crise, le taux de confirmation des suspicions événementielles a varié de 25 à 50 % selon les semaines mais la majorité des alertes sont infirmées depuis le 15 janvier 2016

(30/32). Le taux global de confirmation s'établit donc à 30 % entre novembre 2015 et avril 2016. Il est à noter que les critères d'alerte retenus pour l'émission d'une suspicion clinique de peste aviaire ont été fixés à de faibles niveaux de mortalité afin d'augmenter la sensibilité de la surveillance, avec comme corollaire une diminution de la spécificité des suspicions.

Vingt-deux suspicions événementielles ont été émises sur des troupeaux de palmipèdes entre le 7 et le 20 décembre 2015 en ZR mais aucun signalement n'a plus été enregistré depuis le 11 janvier 2016. Ceci correspond au début de la phase de dépeuplement des palmipèdes en production dans la ZR, sachant que la mise en place de la ZR a peut-être aussi entraîné une moindre surveillance événementielle. Dans six des quinze foyers identifiés par surveillance événementielle chez les canards, des signes cliniques ont été relevés et la mortalité a dans ces cas varié de 9 à 19 %. La surveillance événementielle peut donc être aussi pertinente chez les palmipèdes vis-à-vis des virus HP. Dans les exploitations mixtes de palmipèdes et de galliformes, six des sept suspicions cliniques ont concerné des troupeaux de poulets et pintades, toutes confirmées. La proportion élevée de suspicions confirmées chez les galliformes d'exploitations mixtes démontre l'importance de la surveillance clinique dans ces élevages.

Pour la faune sauvage, aucune surmortalité n'a été observée. La surveillance permanente a permis d'analyser 67 oiseaux morts en 2015 ; sept provenaient de la ZR dont trois trouvés depuis novembre 2015. En 2016, 38 oiseaux ont été analysés jusqu'ici, comprenant sept espèces différentes et six spécimens trouvés en ZR (cinq tourterelles et une bécasse). Tous les résultats étaient négatifs pour l'IA en 2015 et 2016.

Surveillance programmée

Principe

La surveillance programmée des virus IA dans les troupeaux de volailles repose sur une enquête sérologique annuelle, conformément à la réglementation européenne (décision 2010/367). Jusqu'en 2015, elle tenait compte principalement du risque lié à la faune sauvage, mais son protocole a été revu en 2016 pour tenir compte de la situation épidémiologique actuelle et intégrer le risque lié à la filière palmipède. Des mesures complémentaires de surveillance ont été mises en place pour suivre les foyers identifiés (Tableau 1) et permettre le recouvrement du statut indemne des différentes zones réglementées (Tableau 2). La stratégie de surveillance varie selon les différentes actions menées, d'une surveillance exhaustive des troupeaux comme par exemple pour les reproducteurs palmipèdes en ZR à un sondage dans les élevages identifiés à risque (levée de ZR par exemple) ; l'unité surveillée peut être l'atelier ou le site de production, auquel cas un atelier du site répondant aux critères de sélection est échantillonné au hasard. Pour les enquêtes par sondage, le taux de prévalence inter-sites ou inter-atelier a été fixé au cas par cas en respectant a minima les critères définis pour l'enquête nationale annuelle. À l'échelle intra-troupeau, le taux de prévalence limite est fixé à 15 % pour les galliformes et à 8 % ou 5 % selon les situations pour les palmipèdes (risque α égal à 5 %).

Concernant l'avifaune sauvage, deux actions ont été menées en ZR :

- surveillance de la faune sauvage libre autour des foyers : 600 oiseaux commensaux ont été capturés dans 37 foyers, ainsi que 23 corneilles dans le cadre de la destruction des nuisibles. Dix rapaces diurnes ont été récupérés en centre de sauvegarde et trois héronnières en lien avec les foyers ont été suivies par des prélèvements de fientes (saisine n° 2016-SA-0059),
- surveillance des oiseaux captifs utilisés comme appelants pour la chasse au gibier d'eau : 131 oiseaux ont été testés suite à des contrôles de biosécurité chez 27 détenteurs.

Résultats

Deux tiers des foyers d'IA HP et FP ont été détectés par les actions de surveillance programmée. Les recherches virologiques pratiquées en décembre 2015 et janvier 2016 au laboratoire départemental des Landes qui couvre les cinq départements de cette zone de production ont

Tableau 1. Actions de surveillance programmée en lien avec la gestion des foyers d'IA H5 HP dans la zone de restriction (France, 2015-2016)

Programmes	Objectifs	Population ciblée	Critères d'inclusion	Échantillonnage inter-élevage	Visite	Programmé	Réalisé
Levée de ZP		Site de gallinacés commerciaux	Animaux les plus âgés	Exhaustif, 1 atelier/site	C	499	
		Site de palmipèdes reproducteurs	Animaux les plus âgés	Exhaustif, 1 atelier/site	C+V	17	
		Basses-cours	Sur sites de gallinacés ou palmipèdes reproducteurs	Exhaustif	C (+V)	Non déterminé	349
Levée de ZS		Sites de gallinacés en ZS	Situés sur une commune avec des palmipèdes	Sondage, 1 atelier/site, (TPL** : 1 %, $\alpha=1$ %)	C	405	
Levée de ZR	Garantie de l'absence de circulation virale	Sites de gallinacés en ZR	Situés sur une commune avec des palmipèdes	Sondage, 1 atelier/site, (TPL : 1 %, $\alpha=1$ %)	C	425	En cours
		Sites de canards élevés en ZP/ZS	Canards en élevage avant parcours	Sondage, 1 atelier/site, (TPL : 1 %, $\alpha=1$ %)	C + V	48	
		Sites de canards PAG en ZP/ZS	Canards PAG 21 j après transfert		C+V+S	30	
		Sites de canards PAG en ZP/ZS	Canards PAG en fin d'élevage		C+V+S	127	
		Lot canards gavés et abattus en ZP, ZS, ZR	Lots abattus abattoirs > 4000 t/an	Sondage (TPL : 1 %, $\alpha=1$ %)	S + V	360	
		Sites de canards élevés en ZR hors ZP/ZS	Canards en élevage avant parcours	Sondage, 1 atelier/site (TPL : 1 %, $\alpha=1$ %)	C + V	43	
		Sites de canards PAG en ZR hors ZP/ZS	Canards PAG 21 j après transfert		C+V+S	24	
		Sites canards PAG en ZR hors ZP/ZS	Canards PAG en fin d'élevage		C+V+S	148	
		Liens	Détection	Sites en relation avec un foyer	Lien par échanges et voisinage	Exhaustif	
Repeuplement de foyer	Garantie de l'absence de circulation virale	Volailles et palmipèdes introduits à 1 jour	Lot 21 j après mise en place	Exhaustif	C (+V)	En cours	
		Atelier fournisseurs oiseaux démarrés	Lot à introduire, 5 j avant transfert	Exhaustif	C + V		
		Atelier gavage	5 j avant abattage	Exhaustif	C + V		

* C : surveillance clinique, V : surveillance virologique, S : surveillance sérologique

** Taux de prévalence limite inter-élevage ou inter-atelier fixé au risque α . Le taux de prévalence limite intra-troupeau est précisé dans l'article.

ZP : Zone de protection, ZS : Zone de surveillance, ZR : Zone de restriction

Tableau 2. Actions de surveillance programmée renforcée de l'IA dans les troupeaux d'oiseaux domestiques en France (1^{er} semestre 2016)

Programmes	Objectifs	Population ciblée	Critères d'inclusion	Échantillonnage	Visite*	Programmé	Réalisé
Reproduction	Garantie statut indemne Estimation prévalence	Ateliers palmipèdes ZR		Exhaustif	C+V+S	235	206
		Ateliers <i>Gallus</i> et dindes en ZR		Exhaustif	C + S	127	86
		Gibier à plumes reproducteur ZR		Exhaustif	C+V+S	28	7
		Ateliers palmipèdes hors ZR		Exhaustif	C+V+S	595	436
		Site <i>Gallus</i> et dinde sélection hors ZR	Animaux les plus âgés par production et site	Exhaustif, 1 atelier/site et production	C + S	700	607
		Site <i>Gallus</i> et dinde multiplication hors ZR	Animaux les plus âgés par production et site	Sondage, 1 atelier/site et production, (TPL** : 1 %, $\alpha=5$ %)	C + S		
Gallinacés plein-air en ZR		Lots de poulets et pintades élevés et abattus en ZR	Lots abattus abattoirs > 4000 t/an	Sondage, (TPL : 5 %, $\alpha=1$ %)	S	143	128
Canards PAG		Lots PAG introduits en ZR	Lot moins de 7 jours avant transfert	Exhaustif	C + V	En cours	
Canards appelants en ZR	Garantie statut indemne	Canards appelants hors période de chasse		Sondage (TPL : 5 %, $\alpha=5$ %)	C (+ V)	124	En cours
Gibier lâché		Gibier galliforme destiné au lâcher hors ZP/ZS	Lot moins de 8 jours avant lâcher	Exhaustif	C	En cours	
		Gibier palmipède destiné au lâcher hors ZP/ZS	Lot moins de 8 jours avant lâcher	Exhaustif	C+V+S		
Colvert de repeuplement en ZR		Canetons démarrés sur site avec reproducteurs	Animaux de 5 à 9 semaines	Exhaustif, 1 atelier/site	C + S		

*C : surveillance clinique, V : surveillance virologique, S : surveillance sérologique

**Taux de prévalence limite inter-élevage ou inter-atelier fixé au risque α . Le taux de prévalence limite intra-troupeau est précisé dans l'article.

ZP : Zone de protection, ZS : Zone de surveillance, ZR : Zone de restriction, PAG : prêt à gaver

montré que 41 des 84 élevages de volailles (palmipèdes et galliformes) testés dans le cadre de la surveillance de zones réglementées étaient positifs IA H5. Par ailleurs, la surveillance des foyers ayant repeuplé avant la phase d'assainissement de la ZR a mené à la détection de trois nouveaux foyers, deux dans des élevages fournisseurs de canards en amont et un dans un ancien foyer suite au contrôle des canards gras avant abattage. Pour ce cas, il a été impossible de conclure s'il s'agissait d'une nouvelle introduction de virus *via* les PAG ou une résurgence de l'infection malgré la décontamination de l'élevage.

La surveillance des reproducteurs en sélection et multiplication de palmipèdes et galliformes est aussi terminée avec une réalisation supérieure à 90 % sauf pour les galliformes en ZR (80 %). Le taux de séropositivité H5 est nul pour les reproducteurs galliformes, ce qui permet de garantir que la prévalence au niveau des ateliers en ZR est inférieure à 3 % des ateliers en ZR et à 1 % des sites hors ZR (risque α fixé à 1 %). Chez les reproducteurs palmipèdes, le taux de séropositivité H5 varie de 4,4 % (19/435, Intervalle de confiance à 95 % (IC95%) [2,4-6,4]) pour les ateliers en zone non réglementée à 35,7 % (71/199, IC95% [33,0-38,4]) en ZR. Cette surveillance a mené à la détection de quatre foyers dans des élevages de reproducteurs palmipèdes en ZR. La surveillance des lots de galliformes plein-air élevés et abattus en ZR, réalisée à 98 %, a montré l'absence d'animaux séropositifs H5 sur 128 lots, ce qui confirme l'absence ou une circulation à une prévalence inférieure à 1 % (risque α fixé à 5 %) des virus IA H5; la diffusion de l'infection des palmipèdes vers les galliformes serait donc limitée même pour les populations potentiellement les plus exposées. La levée des zones ZP et ZS est effective l'ensemble des départements de la ZR grâce à 1 227 visites réalisées au 31 mai 2016, avec une issue favorable. Parmi ces visites, 349 ont été réalisées dans des basses-cours.

Les enquêtes épidémiologiques menées dans 77 foyers IA HP et deux foyers IA FP ont permis d'identifier 492 établissements en lien (Tableau 3). Quarante-six pourcents de ces élevages (230/492) ont fait l'objet d'une visite clinique avec (83/230) ou sans prélèvement (147/230) dans le cadre de la surveillance événementielle ou programmée. Seuls deux établissements étaient situés en dehors de la ZR et ont été l'objet de visites et de prélèvements favorables. Parmi les établissements en lien visités, 19 % (44/230) ont été détectés positifs (HP ou FP); la moitié (44/83, 53 %) des établissements en lien avec un foyer et ayant été prélevés ont été détectés viro-positifs. Une partie d'entre eux ont été testés du fait de la présence de signes cliniques, ce qui peut expliquer le taux important de positifs.

Toutes les analyses menées dans le cadre de la surveillance programmée de l'avifaune sauvage ont été négatives.

Conclusion

Contrairement aux épizooties d'IA généralement rencontrées, l'épisode de 2015-2016 en France s'est caractérisé par des cas d'infection avec de faibles morbidités et mortalités et une forte atteinte de la filière palmipèdes gras, rendant la surveillance événementielle moins sensible quoique nécessaire. Le rôle de l'avifaune sauvage dans cet épisode semble limité, l'IA circulant depuis plusieurs années dans les élevages de palmipèdes de la zone touchée; une mutation, survenue probablement en 2014, aurait conduit à l'émergence de forme HP des virus circulant. De ce fait, cet épisode revêt plus une forme enzootique

Encadré. Organisation de la surveillance de l'influenza aviaire en France

De nombreux acteurs contribuent à la surveillance de l'influenza aviaire dans les troupeaux de volailles. Il s'agit tout d'abord des éleveurs et de leurs vétérinaires sanitaires, chargés en première ligne des visites dans les élevages. Les DDecPP réalisent une partie des visites et des prélèvements en élevage, les enquêtes épidémiologiques dans les foyers et identifient les liens épidémiologiques. Les laboratoires agréés de criblage mènent les analyses de première intention. En cas de mise en évidence d'une hémagglutinine de type H5 ou H7, les échantillons sont envoyés au LNR pour caractérisation de la pathogénicité de la souche et identification de la neuraminidase.

Les données ont été au départ centralisées dans une base de données établie pour l'occasion, accessible uniquement aux DDecPP. À partir de janvier 2016, Sigal a permis la centralisation informatisée des données provenant à la fois des DDecPP et des laboratoires d'analyses.

L'exploitation des données collectées est réalisée dans le cadre de la Plateforme ESA, pour partie par la DGAL (Mission des urgences sanitaires, Bureau de la santé animale, service des actions sanitaires en production primaire) et pour partie par l'Anses (unité d'épidémiologie aviaire du laboratoire de Ploufragan-Plouzané). Depuis le 25 novembre, des points d'actualité sont régulièrement présentés dans son centre de ressources (<http://www.plateforme-esa.fr/>), à partir d'une analyse en temps réel des données de surveillance disponibles. Ces points d'actualité permettent ainsi de fournir régulièrement un état des lieux de la situation sanitaire au regard de l'IA en France à la DGAL, à la Commission européenne, aux États membres et pays tiers, aux administrations locales (DDecPP, DRAAF/Sral) ainsi qu'à tous les professionnels impliqués.

Pour la faune sauvage, les données de surveillance sont centralisées par l'ONCFS.

qu'épizootique. Un renforcement de la surveillance programmée, en complément de l'enquête sérologique annuelle et de la surveillance événementielle, a été instauré en France depuis 2016 afin d'évaluer les opérations de gestion des foyers et les mesures d'assainissement de la filière palmipèdes gras. Les enjeux sont désormais de deux ordres. Sur le court terme, la phase de repeuplement, en cours, est suivie de manière rapprochée par la réalisation de contrôles de nettoyage-désinfection, la mise en place d'une surveillance par sondage dans l'ensemble de la zone, et le suivi étroit des troupeaux reproducteurs séropositifs. L'ensemble de ces éléments devrait permettre, s'ils sont favorables, une levée de la zone de restriction en septembre 2016. Sur le moyen terme, il s'agira de maintenir une pression de surveillance suffisante pour détecter rapidement d'éventuels nouveaux foyers et de revoir les pratiques d'élevage telles que mentionnées dans l'arrêté du 8 février 2016.

Références bibliographiques

Agreste Conjoncture, 2014. Synthèse 2014/244. <http://agreste.agriculture.gouv.fr/IMG/pdf/conjsynt244201407avic.pdf>.

Arrêté du 18 janvier 2008 fixant des mesures techniques et administratives relatives à la lutte contre l'influenza aviaire.

Arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales.

Arrêté du 8 février 2016 relatif aux mesures de biosécurité applicables dans les exploitations de volailles et d'autres oiseaux captifs dans le cadre de la prévention contre l'influenza aviaire.

Tableau 3. Investigations menées dans les établissements identifiés en lien épidémiologique avec un foyer IA et résultats (synthèse au 15 juin 2016)

Zone de l'élevage en lien	Investigations et résultats			En attente d'information	Total
	Confirmé H5 HP ou H5 FP	Visite et prélèvements favorables	Visite favorable		
ZP ou ZS	43	19	127	95	284 (58 %)
ZR	1	18	20	167	206 (41 %)
Zone indemne		2			2 (0,4 %)
Total (%)	44 (9 %)	39 (8 %)	147 (30 %)	262 (53 %)	492

Arrêté du 9 février 2016 déterminant des dispositions de lutte complémentaires contre l'*influenza* aviaire hautement pathogène suite à la détection de la maladie sur le territoire français.

Capua, I., et Alexander, D., 2013. Chapitre 1. *Influenza* aviaire et maladie de Newcastle, un manuel de diagnostic de terrain et de laboratoire. In: Capua, I., Alexander, D. (Eds), *Ecologie, épidémiologie et implications sur la santé humaine des infections provoquées par le virus de l'influenza aviaire*, Springer-Verlag, Paris, 1-19.

Briand FX., Niqueux É., Schmitz A., Ogor K., Le Prioux A., Guillou-Cloarec C., Guillemoto C., Allée C., Le Bras MO., Hirschaud É., Touzain F., Quenault H., Cherbonnel-Pansart M., Lemaître É., Courtillon C., Gares H., Daniel P., Fediaevsky A., Blanchard Y., Etteradossi N., van der Werf S., Jestin V., 2016. Émergence de virus *influenza* aviaires hautement pathogènes en France, analyse des marqueurs de virulence et phylogénie. XVIII Journées francophones de virologie, Paris, 24-25 mars 2016. *Virologie* 20 (2): 127 (O42).

Cherbonnel, M., Lamandé, J., Allée, C. Schmitz, A., Ogor, K., Le Gall-Reculé, G., Le Bras, M.O., Guillemoto, C., Pierre, I., Picault, J.-P., Jestin, V., 2007. Virologic findings in selected free-range mule duck farms at high risk for avian *influenza* infection. *Avian Dis.*, 51(Suppl. 1), 408-413.

De Benedictis, P., Beato, M.S., Capua, I., 2007. Inactivation of Avian *Influenza* Viruses by Chemical Agents and Physical Conditions: A Review. *Zoon. Pub. Health*, 54, 51–68.

Décision 2010/367/CE du 25 juin 2010 concernant la réalisation par les États membres de programmes de surveillance de l'*influenza* aviaire chez les volailles et les oiseaux sauvages.

Directive 92/40/CEE du Conseil du 19 mai 1992 établissant des mesures communautaires de lutte contre l'*influenza* aviaire.

Marinova-Petkova, A., Georgiev, G., Petkov, T., Darnell, D., Franks, J., Kayali, G., Walker, D., Seiler, P., Danner, A., Graham, A., Mckenzie, P., Krauss, S., Webby, R.J., Webster, R.G., 2016. *Influenza* surveillance on 'foie gras' duck farms in Bulgaria, 2008-2012. *Influenza and other Respiratory Viruses*, 10, 98-108.

O'Connor J.L., Powell, F.L., Stewart, I., Brown, I.H., 2006. A report on surveys for Avian *Influenza* in poultry in Member States during 2005. SANCO/10558/2006-Rev.2-final.

Saisine n° 2016-SA-0059; Avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif au « risque de maintien de l'infection à *Influenza* aviaire hautement pathogène (IAHP) H5 par l'avifaune non migratrice, dans la zone réglementée du Sud-Ouest de la France » <https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2016SA0059.pdf>
<https://pro.anses.fr/bulletin-epidemiologique/Documents/BEP-mg-BE26-art1.pdf>

Infection par l'hantavirus Séoul chez un particulier éleveur de rats dans le Haut-Rhin

Guillaume Gerbier (1) (guillaume.gerbier@haut-rhin.gouv.fr), Christine Manson (2), Timothée Nussbaumer (3), Xavier Rosière (4), François Dumas (5), Jean-Marc Reynes (6)

(1) Direction départementale de la cohésion sociale et de la protection des populations du Haut-Rhin, Colmar, France

(2) Laboratoire vétérinaire départemental du Haut-Rhin, Colmar, France

(3) Service de néphrologie, hôpitaux civils de Colmar, Colmar, France

(4) Direction générale de l'Alimentation, Paris, France

(5) Direction départementale de la protection des populations de la Loire, Saint-Etienne, France

(6) Centre national de référence des Hantavirus, unité de biologie des infections virales émergentes, institut Pasteur, Centre international de recherche en infectiologie, Lyon, France

Résumé

En janvier 2016, un cas humain d'infection par l'hantavirus Séoul ayant pour origine un élevage de rats bruns (*Rattus norvegicus*) est survenu dans le département du Haut-Rhin. Contrairement à l'hantavirus Puumala, responsable en France sur les dix dernières années d'une centaine de cas en moyenne par an d'une forme plus atténuée de fièvre hémorragique à syndrome rénal (FHSR), le virus Séoul, plus pathogène, n'est détecté que dans des cas isolés dans le pays. L'enquête épidémiologique, les analyses et les mesures prises sont présentées. Ce cas est mis en perspective avec d'autres infections humaines survenues depuis 2013 en Europe chez des personnes en contact avec des rats d'élevage ou des rats de compagnie. Si des recommandations existent pour le suivi sanitaire des rats de laboratoire, il n'existe pas de réglementation concernant la vente de rongeurs pour un usage « domestique ». L'objectif de cet article est d'attirer l'attention sur ce risque de contamination par un pathogène considéré comme majeur dans un contexte d'augmentation globale des nouveaux animaux de compagnie (NAC).

Mots-clés

Hantavirus, *Rattus norvegicus*, Virus Séoul, France, zoonose

Abstract

Infection of an amateur rat breeder with Seoul Hantavirus in Haut-Rhin, Eastern France

*In January 2016, a human case of infection by Seoul hantavirus due to the breeding of brown rats (*Rattus norvegicus*) was reported in the Haut-Rhin département (France). Whereas Puumala hantavirus (PUUV) is responsible annually for an average of about one hundred cases of an attenuated form of haemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS), Seoul virus (SEOV), more pathogenic, is sporadically detected in France. The epidemiological investigation, laboratory analyses, and actions taken are presented. This case follows the detection of several SEOV human cases in Europe since 2013 in patients in close contact with either bred rats or pet rats. Although there are recommendations for health monitoring of laboratory rats, there is a lack of regulation for the sale of "domestic" rodents. The aim of this article is to raise awareness of the risk of contamination with this pathogen, in an overall context of increased numbers of exotic pets.*

Keywords

Hantavirus, Rattus norvegicus, Seoul virus, France, Zoonosis

Le 15 janvier 2016, un homme âgé de 32 ans habitant dans le Haut-Rhin se sentait un peu grippé. Deux jours plus tard, il était hospitalisé. Il sortait de l'hôpital deux semaines plus tard après avoir présenté une fièvre avec syndrome rénal sévère nécessitant plusieurs dialyses. Les examens biologiques mettront en évidence une infection par le virus Séoul (détection de l'ARN du virus Séoul, d'IgM et d'IgG anti-hantavirus dans le sérum). Cet article présente les investigations menées pour déterminer l'origine de l'infection par cet hantavirus ainsi que les mesures de contrôle mises en place.

Enquête épidémiologique

Le patient, par ailleurs passionné de reptiles, possédait un élevage de plusieurs centaines de rats bruns (*Rattus norvegicus*) pour nourrir ces reptiles. En tant qu'éleveur de faune sauvage captive, il était suivi par la direction départementale de la cohésion sociale et de la protection des populations (DDCSP) ce qui n'est pas le cas de tous les détenteurs de rongeurs. La transmission des hantavirus s'effectuant essentiellement par l'inhalation de particules d'excrétas (urine, fèces) ou de sécrétions (salive) contaminées de rongeurs, l'enquête épidémiologique a privilégié ce type d'exposition.

La fenêtre épidémiologique a été déterminée en fonction de la période d'incubation chez l'Homme (1 à 6 semaines). Cette fenêtre s'étalait du 1^{er} décembre 2015 au 7 janvier 2016. Pendant cette période, le patient a été en contact avec les rats de son élevage, mais aussi avec des rats bruns sauvages capturés dans son jardin. Il avait également nettoyé une vieille cabane située dans le jardin familial.

Si la définition d'une fenêtre épidémiologique est pertinente pour rechercher les sources de contamination du patient, la même méthodologie n'a pu être utilisée pour déterminer les sources de

contamination des animaux. En effet, l'infection chez les rongeurs est asymptomatique. De ce fait, pour l'enquête « amont », une période arbitraire démarrant au 1^{er} janvier 2015 a été choisie. Cette enquête a mis en évidence deux sources d'approvisionnement pour les rats présents dans l'élevage : un fournisseur en France (département de la Loire) et un autre plus ancien aux Pays-Bas (dernière livraison en février 2015). Une enquête a été réalisée par la direction départementale de la protection des populations (DDPP) de la Loire chez le fournisseur français. Ce fournisseur avait acheté ses reproducteurs auprès d'une société spécialisée dans l'élevage et la vente d'animaux de laboratoire effectuant annuellement un dépistage d'infection par hantavirus pour les rats élevés, conformément aux recommandations internationales dans ce domaine (Mähler *et al.* 2014).

Le 5 février 2016, dix rats bruns de l'élevage ont été sacrifiés par l'éleveur ainsi qu'un rat brun sauvage capturé le 8 février 2016 dans le jardin familial. Les cadavres ont été acheminés au laboratoire vétérinaire départemental du Haut-Rhin (LVD68) qui a réalisé les prélèvements (poumon, foie, rein) et les a envoyés au Centre national de référence (CNR) des Hantavirus. La détection d'hantavirus par RT-PCR nichée pan-hantavirus (Klempa *et al.* 2006) a été positive pour les pools d'organes des dix rats d'élevage, et négative pour le rat sauvage. L'analyse de la séquence des produits amplifiés a confirmé qu'il s'agissait du virus Séoul. Suite aux investigations réalisées par la DDPP de la Loire, le fournisseur français a sacrifié cinq rats le 8 mars 2016. Le résultat de la recherche du virus Séoul par RT-PCR temps réel effectuée dans un laboratoire privé a été négatif. Les organes de quatre rats achetés congelés auprès du fournisseur hollandais en février 2015 et conservés depuis dans un congélateur de l'éleveur ont été également analysés. Le résultat de la recherche d'Hantavirus *sp* par RT-PCR nichée (Klempa *et al.* 2006) a été négatif.

Mesures de contrôle

Le virus Séoul étant classé comme un agent pathogène « MOT », c'est à dire les micro-organismes et toxines hautement pathogènes⁽¹⁾, des mesures de contrôle drastiques ont été recommandées dans l'élevage afin de prévenir une nouvelle infection humaine. Les rongeurs restants ont été euthanasiés le 16 février 2016 et éliminés via la filière DASRI le 18 février 2016 (déchet d'activité de soins à risque infectieux) avec l'appui du LVD68, les litières usagées ainsi que les aliments encore présents dans les mangeoires ont été incinérés. Les locaux ont été nettoyés et désinfectés au Virkon® plusieurs fois avant de permettre l'introduction de nouveaux animaux. L'ensemble des prélèvements issus des animaux et du patient qui étaient conservés hors des locaux du CNR des Hantavirus ont été détruits afin de respecter la réglementation sur les MOT.

Le 11 mars 2016, une demande d'information a été adressée par la Direction générale de l'Alimentation aux autorités hollandaises afin de savoir si des cas semblables avaient été identifiés aux Pays-Bas et sur le suivi sanitaire des rats commercialisés par le négociant hollandais.

Discussion : hantavirus, FHSR et Séoul

Les hantavirus sont responsables en Europe d'une fièvre hémorragique à syndrome rénal (FHSR), la forme pulmonaire étant plutôt retrouvée sur le continent américain. D'après Vaheri *et al.* (2013), plus de 10 000 cas de FHSR sont diagnostiqués annuellement en Europe. Ce nombre qui constitue *a priori* une sous-estimation est en augmentation. L'énorme majorité de ces cas est liée au virus Puumala et à une contamination via un rongeur sauvage, le campagnol roussâtre (*Myodes glareolus*).

En France, une centaine de cas d'infection par hantavirus est détectée en moyenne annuellement, avec un pic de détection à la fin du printemps, et un nombre annuel de cas assez variable. Ces cas sont répartis majoritairement dans le Nord-Est du pays, avec une incidence faible de l'ordre de 0,5 cas pour 100 000 habitants. La plupart sont dus au virus Puumala. Les cas d'infection par le virus Séoul sont beaucoup plus rares. Si des traces sérologiques d'infection par ce virus ont été détectées en France dès 1987 (Le Guenno, 1997) et pour moins de dix cas humains, la première détection du virus est rapportée en 2004 chez le Rat brun (Heyman *et al.* 2004) et en 2012 chez une femme enceinte (Macé *et al.* 2013). Le virus a été ensuite détecté chez trois autres cas humains en 2014 et 2015, dont un cas dans la Meuse contaminé par son rat de compagnie, acheté dans une animalerie ayant pour fournisseur le même distributeur hollandais identifié dans le cas rapporté ci-dessus (CNR des Hantavirus, 2014 et 2015).

En 2013, un rat de compagnie, « pet rat » en anglais, a été mis en cause dans un cas humain d'infection par le virus Séoul au Royaume-Uni (Jameson *et al.* 2013), et un autre a été trouvé infecté en Suède (Lundkvist *et al.* 2013).

Conclusion

Le risque de contamination de l'Homme par le virus Puumala est connu et correctement médiatisé dans les zones à risque notamment auprès des professionnels de santé (médecins et vétérinaires). Mais, comme l'indiquent McElhinney *et al.* (2016), il est important de rappeler le rôle des rats d'élevage et maintenant de compagnie dans la contamination de l'Homme par le virus Séoul. Face à un syndrome fébrile associé à une insuffisance rénale aigue, l'existence d'un contact avec ces rongeurs « domestiques » doit être recherchée. Par ailleurs, des mesures d'hygiène générale telles que le port de gant lors de manipulation

(1) Cf. arrêté du 30 avril 2012 fixant la liste des micro-organismes et toxines prévue à l'article L.5139-1 du Code de la santé publique

Encadré. Hygiène & sécurité

Les rats (*Rattus spp.*) peuvent être porteurs d'hantavirus mais aussi de leptospires, de rickettsies, de bacille pestueux ou de salmonelles. Pour ce qui est des hantavirus, la contamination peut se produire via l'urine, la salive et les fèces. La transmission du rat à l'Homme s'effectue principalement par les aérosols et l'inhalation d'excrétas (Himsworth *et al.* 2013). Il est important de rappeler que la manipulation de rongeurs nécessite le port d'équipements de protection individuels. Dans le cas d'une simple manipulation, des gants mais aussi le port de masque et de lunettes de protection sont requis. Dans le cas de piégeages, ou au moment de la mise à mort, des mesures encore plus strictes doivent être prises car de l'urine et du sang peuvent être répandus. Par ailleurs, la contamination pouvant se produire par le biais d'aérosols, il faut éviter lors du nettoyage/désinfection d'utiliser des nettoyeurs haute-pression qui peuvent créer des aérosols.

des rongeurs ou de leur litière, un nettoyage et une désinfection systématiques sont recommandées (Encadré).

S'il existe des recommandations sanitaires pour les animaux de laboratoire (Mähler *et al.* 2014), il n'existe pas à l'heure actuelle de réglementation pour les rats vendus en dehors de ce secteur. La traçabilité de ces animaux vendus à l'état vivant mais aussi à l'état congelé par des grossistes, des animaleries, entre particuliers ou au cours de manifestations comme des bourses aux reptiles est faible. Compte tenu de la détection dans plusieurs pays européens de cas humains d'infection par le virus associés à ces rongeurs « domestiques », une réflexion sur un meilleur encadrement de cette filière serait souhaitable.

Références bibliographiques

- Centre National de Référence des Hantavirus. Extraits des rapports d'activité 2014 et 2015 (<http://www.pasteur.fr/fr/sante/centres-nationaux-referance/les-cnr/hantavirus/rapports-d-activite> (consulté en ligne le 4 avril 2016))
- Heyman, P., Plyusnina, A., Berny, P., Coche, C., Artois, M., Zizi, M., Pirnay, J.P., Plyusnin, A., 2004. Seoul hantavirus in Europe: first demonstration of the virus genome in wild *Rattus norvegicus* captured in France. *Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis.* 23, 711-7.
- Himsworth, C.G., Parsons, K.L., Jardine C., Patrick D.M., 2013. Rats, Cities, People, and Pathogens: A Systematic Review and Narrative Synthesis of Literature Regarding the Ecology of Rat-Associated Zoonoses in Urban Centers. *Vect. Zoon. Dis.* Vol13, X.
- Jameson, L.J., Taori, S.K., Atkinson, B., Levick, P., Featherstone, C.A., van der Burgt, G., McCarthy, N., Hart, J., Osborne, J.C., Walsh, A.L., Brooks, T.J., Hewson, R., 2013. Pet rats as a source of hantavirus in England and Wales, 2013. *Euro Surveill.* 18(9), pii=20415.
- Klempa, B., Fichet-Calvet, E., Lecompte, E., Auste, B., Aniskin, V., Meisel, H., Denys, C., Koivogui, L., ter Meulen, J., Krüger, D.H., 2006. Hantavirus in African wood mouse, Guinea. *Emerg Infect Dis.* 2006 May;12(5), 838-40.
- Le Guenno B. Les hantavirus. *Med. Mal. Infect.* 202 1997;27 :703-10.
- Lundkvist Å., Verner-Carlsson J., Plyusnina A., Forslund L., Feinstein R., Plyusnin A. (2013) Pet rat harbouring Seoul hantavirus in Sweden, June 2013. *Euro Surveill.* 18(27), pii=20521.
- Macé, G., Feyeux, C., Mollard, N., Chantegret, C., Audia, S., Rebibou, J.M., Spagnolo, G., Bour, J.B., Denoyel, G.A., Sagot, P., Reynes, J.M., 2013. Severe Seoul hantavirus infection in a pregnant woman, France, October 2012. *Euro Surveill.* 18(17), pii=20464.
- Mähler, M., Berard, M., Feinstein, R., Gallagher, A., Illgen-Wilcke, B., Pritchett-Corning, K., Raspa, M., 2014. FELASA recommendations for the health monitoring of mouse, rat, hamster, guinea pig and rabbit colonies in breeding and experimental. *Lab. Anim.* 48(3), 178-192.
- McElhinney, L., Fooks, A.R., Featherstone, C., Smith, R., Morgan, D., 2016. Hantavirus (Seoul virus) in pet rats: a zoonotic viral threat. *Vet. Rec.* 178, 171-172.
- Vaheri, A., Henttonen, H., Voutilainen, L., Mustonen, J., Sironen, T., Vapalahti, O., 2013. Hantavirus infections in Europe and their impact on public health. *Rev. Med. Virol.* 23,35-49.

Brève. Distinction de plusieurs sous-populations de virus influenza porcins H1_{av}N2 en France Short item. Distinction of several subpopulations of H1_{av}N2 swine influenza viruses in France

Emilie Bonin (1), Séverine Hervé (1), Stéphane Quéguiner (1), Nicolas Barbier (1), Stéphane Gorin (1), Emmanuel Garin (2)*, Sébastien Wendling (3)*, Gaëlle Simon (1) (gaelle.simon@anses.fr)

(1) Anses, laboratoire de Ploufragan-Plouzané, unité Virologie immunologie porcines, laboratoire national de référence influenza porcine, Ploufragan, France

(2) Coop de France, Paris, France

(3) Direction générale de l'alimentation, bureau de la santé animale, Paris, France

* Membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme nationale d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA)

Mots-clés: virus influenza A, grippe, porc/Key-words: Influenzavirus A, Flu, Pig

Les virus influenza porcins qui circulent actuellement chez le Porc en Europe de manière enzootique sont issus de quatre lignages génétiques: i) H1_{av}N1 d'origine aviaire ii) H3N2 issu d'un réassortiment entre le virus H1_{av}N1 et un virus H3N2 d'origine humaine iii) H1_{hu}N2 né d'un réassortiment entre le virus H3N2 porcine et un virus H1N1 d'origine humaine iv) H1N1pdm ayant pour origine le virus humain responsable de la pandémie de 2009, lui-même issu d'un réassortiment entre deux virus porcins, un triple-réassortant américain et le H1_{av}N1. Ces virus co-circulent dans certaines zones géographiques, aussi les co-infections ne sont-elles pas rares et des virus issus de réassortiments entre virus enzootiques sont identifiés via les actions de surveillance événementielle (Simon *et al.*, 2014).

La surveillance menée en France, notamment dans le cadre de Résavip (réseau national de surveillance des virus influenza A chez le Porc) depuis 2011, a montré la présence des quatre virus européens enzootiques en proportions différentes. De plus, tous ces virus ne semblent pas circuler de manière uniforme sur le territoire (Simon *et al.*, 2013; Hervé *et al.*, 2014; Garin *et al.*, 2015; Garin *et al.*, 2016). Des virus réassortants entre virus enzootiques, notamment des virus H1_{av}N2, sont également détectés sporadiquement depuis plusieurs années. Les analyses approfondies menées en aval de la surveillance par le Laboratoire de Ploufragan-Plouzané de l'Anses aux niveaux génétique et antigénique ont révélé plusieurs sous-populations de virus H1_{av}N2, lesquelles indiquent des origines diverses en fonction des quatre grandes zones géographiques (Nord-Ouest/Nord-Est/Sud-Ouest/Sud-Est).

Les virus H1_{av}N2 isolés depuis plus de dix ans dans le Nord-Ouest portent une hémagglutinine (HA) génétiquement et antigéniquement proche de la HA des H1_{av}N1 contemporains en circulation en France. Leur neuraminidase (NA_{av}) est, quant à elle, génétiquement proche de celle des virus H1_{hu}N2 enzootiques qui co-circulent avec les H1_{av}N1 dans cette région, suggérant un phénomène de réassortiment génétique entre ces deux virus enzootiques à l'occasion de co-infections (Simon *et al.*, 2013; Simon *et al.*, 2014; Watson *et al.*, 2015).

En 2015, deux souches H1_{av}N2 ont été détectées à quatre mois d'intervalle dans deux élevages du Sud-Ouest, région où il n'avait jamais été détecté de virus HxN2 jusque-là (Garin *et al.*, 2016). Ces deux réassortants ont révélé un phénotype particulier. Des tests d'inhibition de l'hémagglutination les confrontant à des sérums de référence ont montré qu'ils sont antigéniquement distants des virus H1_{av}N1 et H1_{av}N2 habituellement identifiés sur le territoire. Le séquençage complet de leur génome a confirmé que ces deux souches sont identiques, mais qu'aucun de leurs gènes n'appartient au même sous-groupe génomique que les autres souches détectées en France possédant une H1_{av} (H1_{av}N1 ou H1_{av}N2) ou une N2 (H1_{hu}N2, H1_{av}N2 ou H3N2). Globalement, elles sont issues du lignage dit « H1_{av}N2 danois », virus établis au Danemark depuis 2003 et isolés depuis dans d'autres pays européens comme la Suède, l'Allemagne ou l'Italie (Trebien *et al.*, 2013). Ceci suggère une introduction *in toto* sur le territoire depuis un autre pays européen. Les HA de ces deux souches H1_{av}N2 détectées dans le Sud-Ouest présentent cependant des modifications génétiques notables par rapport aux H1_{av} du lignage « H1_{av}N2 danois », avec des mutations et des délétions dans plusieurs sites antigéniques et/ou dans le site de fixation au récepteur.

Début 2016, un autre virus H1_{av}N2 a été détecté pour la première fois dans le Nord-Est. Son HA est antigéniquement et génétiquement proche de celle des virus H1_{av}N1 enzootiques, comme les H1_{av}N2 trouvés dans le Nord-Ouest, mais les reconstructions phylogénétiques montrent que sa NA provient du virus enzootique H3N2 qui circule dans cette région (Hervé *et al.*, 2012), contrairement au virus H1_{hu}N2 qui n'y a jamais été détecté jusqu'alors et qui n'est pas ici le virus donneur de la NA.

À noter enfin qu'un virus H1_{av}N2 isolé dans le Nord-Ouest en 2012 portait une NA provenant d'un virus H3N2 humain contemporain,

illustrant là un réassortiment faisant suite à la transmission d'un virus humain au Porc (Watson *et al.*, 2015).

Ainsi, ce sont donc quatre sous-populations de virus H1_{av}N2 qui ont à ce jour été distinguées en France: i) des virus issus de réassortiments entre virus porcins enzootiques dans le Nord-Ouest (H1_{av}N1 x H1_{hu}N2) ii) et le Nord-Est (H1_{av}N1 x H3N2) iii) des virus issus du lignage « H1_{av}N2 danois » dans le Sud-Ouest iv) ainsi qu'un virus issu d'un réassortiment entre virus porcine et humaine dans le Nord-Ouest (H1_{av}N1 x H3N2 humain). La poursuite de la surveillance, principalement grâce à Résavip, devrait permettre de savoir si l'une ou l'autre de ces sous-populations de virus H1_{av}N2 tend à s'installer ou non dans l'hexagone. En tout état de cause, leur identification illustre la diversité génétique et antigénique des virus influenza A responsables de cas de grippe dans les élevages de porcs en France, diversité qui pourrait continuer à augmenter la probabilité d'émergence d'autres nouveaux virus, notamment à la faveur des co-infections.

Remerciements

Les auteurs remercient l'ensemble des membres de Résavip pour leur contribution et en particulier les acteurs locaux ayant permis l'identification de ces virus.

Références

- Garin E., Hervé S., Rose N., Marcé C., Simon G., 2015. Réseau national de surveillance des virus *influenza* chez le porc (Résavip) – Bilan de la surveillance menée en 2014. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 72, 31-34.
- Garin E., Hervé S., Rose N., Locatelli C., Ngwa-Mbot D., Wendling S., Bournez L., Calavas D., Simon G., 2016. Réseau national de surveillance des virus *influenza* A chez le Porc (Résavip) – Bilan de la surveillance menée en 2015. Bull. Epid. Santé Anim. Alim., 75, 16-19.
- Hervé S., Quéguiner S., Barbier N., Gorin S., Saulnier A., Simon G., 2012. Isolement d'un virus *influenza* porcine de sous-type H3N2 dans un élevage de porcs localisé dans le département du Nord. Bull. Epid. Santé Anim. Alim., 51, 22.
- Hervé S., Garin E., Rose N., Marcé C., Simon G., 2014. Réseau national de surveillance des virus *influenza* chez le porc (Résavip) – Résultats des trois premières années de fonctionnement. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. Anses-DGAL, 63, 10-14.
- Simon G., Hervé S., Rose N., 2013. Epidémiosurveillance de la grippe chez le porc en France entre 2005 et 2012: Dispositifs, virus détectés et données épidémiologiques associées. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 56, 17-22.
- Simon, G., Larsen, L.E., Dürrwald, R., Foni, E., Harder, T., Van Reeth, K., Markowska-Daniel, I., Reid, S.M., Dan, A., Maldonado, J., Huovilainen, A., Billinis, C., Davidson, I., Agüero, M., Vila, T., Hervé, S., Breum, S.Ø., Chiapponi, C., Urbaniak, K., Kyriakis, C.S., ESNIP3 consortium, Brown, I.H., Loeffen, W., 2014. European surveillance network for *influenza* in pigs: surveillance programs, diagnostic tools and swine *influenza* virus subtypes identified in 14 European countries from 2010 to 2013. PLoS One, 9(12):e115815.
- Trebien, R., Bragstad, K., Larsen, L.E., Nielsen, J., Bøtner, A., Heegaard, P.M., Fomsgaard, A., Viuff, B., Hjulsgaard, C.K., 2013. Genetic and biological characterisation of an avian-like H1N2 swine *influenza* virus generated by reassortment of circulating avian-like H1N1 and H3N2 subtypes in Denmark. Virol. J., 10:290.
- Watson SJ, Langat P, Reid SM, Lam TT, Cotten M, Kelly M, Van Reeth K, Qiu Y, Simon G, Bonin E, Foni E, Chiapponi C, Larsen L, Hjulsgaard C, Markowska-Daniel I, Urbaniak K, Dürrwald R, Schlegel M, Huovilainen A, Davidson I, Dán Á, Loeffen W, Edwards S, Bublot M, Vila T, Maldonado J, Valls L, ESNIP3 Consortium, Brown IH, Pybus OG, Kellam P., 2015. Molecular Epidemiology and Evolution of *Influenza* Viruses Circulating within European Swine between 2009 and 2013. J. Virol., 89:9920-31.

Inventaire des actions de surveillance de la faune sauvage mises en œuvre en France entre 2000 et 2013

Jean Hars (1), Eva Faure (2)*, Isabelle Tourette (3), Céline Richomme (4)* (celine.richomme@anses.fr)

(1) Office national de la chasse et de la faune sauvage, direction Études et recherche, unité sanitaire de la faune, Gières, France

(2) Fédération nationale des chasseurs, Issy-les-Moulineaux, France

(3) GDS France, Paris, France

(4) Anses, laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy, unité SEEpiAS, Malzéville, France

* Membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme d'épidémiologie en santé animale (Plateforme ESA)

Résumé

Pour répondre aux préoccupations grandissantes liées aux dangers sanitaires pouvant affecter la faune sauvage, les institutions cynégétiques (Office national de la chasse et de la faune sauvage – ONCFS, les fédérations départementales et régionales des chasseurs – FDC/FRC), les groupements de défense sanitaire (GDS) et/ou le ministère en charge de l'Agriculture ont mis en œuvre, depuis l'année 2000, une soixantaine d'actions de surveillance nationales ou locales. Un inventaire de ces actions a été réalisé. Ces actions ont principalement ciblé des maladies potentiellement présentes chez les sangliers (peste porcine classique, maladie d'Aujeszky, brucellose, trichinellose, tuberculose bovine...), les cervidés (diarrhée virale bovine (BVD), rhinotrachéite infectieuse bovine (IBR), paratuberculose, tuberculose bovine...) et les carnivores (néosporose, échinococcose), la tuberculose bovine touchant plusieurs de ces espèces. Sur le plan sanitaire, les résultats des actions de surveillance sont très contrastés suivant les couples espèce/danger sanitaire considérés. À titre d'exemple, *Brucella suis* biovar 2 circule très largement dans la quasi-totalité des populations de sangliers, alors que le virus de la maladie d'Aujeszky semble avoir une répartition géographique hétérogène. Les populations de cerfs paraissent très peu contaminées par les virus de la BVD et de l'IBR. Sur le plan méthodologique, le bilan de cet inventaire révèle une absence d'harmonisation des protocoles de surveillance et des défauts de valorisation et de diffusion des résultats, limitant leur valorisation au niveau national. Le Groupe de suivi « faune sauvage » de la Plateforme d'épidémiologie en santé animale (Plateforme ESA) sera mobilisé pour apporter un appui sur ces aspects.

Mots-clés

Danger sanitaire, épidémiologie, faune sauvage, danger sanitaire de première catégorie, danger sanitaire de deuxième catégorie

Abstract

Inventary of wildlife surveillance actions implemented in France between 2000 and 2013

To take into consideration increasing concerns about the health risks related to wildlife, hunting organisations including the National Office for Hunting and Wildlife (ONCFS), and départemental and regional Hunter Federations (FDC/FRC), Farmers' animal health protection organisations (GDS), and the French Ministry of Agriculture have implemented about 60 local or national surveillance actions in wildlife since the year 2000. An inventory of these actions has been carried out. These actions mostly targeted diseases that may affect wild boars (classical swine fever, Aujeszky disease, brucellosis, trichinosis, bovine tuberculosis, etc.), cervids (bovine viral diarrhoea (BVD), infectious bovine rhinotracheitis (IBR), paratuberculosis, bovine tuberculosis, etc.), and carnivores (neosporosis, echinococcosis), with bovine tuberculosis affecting several of these species. In terms of animal health, the results of these actions reveal contrasting situations depending on the species/disease pair considered. For instance, *Brucella suis* biovar 2 is widespread in wild boar populations, while Aujeszky virus appears to have a rather uneven distribution. In deer, contamination with IBR or BVD viruses seems to be very low. From a methodological point of view, assessment of the inventory shows a lack of harmonisation of surveillance protocols, and some weakness in terms of sharing and leveraging the results, limiting the benefit at the national level. One of the future objectives of the French National Epidemiological Surveillance Platform for Animal Health (ESA-Platform) will be to provide support on these points.

Keywords

Health hazard, Epidemiological surveillance, Wildlife, First category health hazard, Second category health hazard

Sensible à de nombreux dangers sanitaires (DS) impactant la faune domestique, la faune sauvage intervient dans l'épidémiologie de nombreuses maladies infectieuses ou parasitaires, sans que le rôle des différentes espèces concernées soit toujours bien identifié. Cependant, des contaminations croisées entre animaux sauvages et domestiques sont observées, et certaines de ces maladies sont des zoonoses. Depuis une vingtaine d'années, on observe en France l'émergence, la recrudescence ou la persistance de maladies contagieuses impliquant des animaux sauvages, telles que la peste porcine classique (PPC) chez le Sanglier (*Sus scrofa*) en 1992, la brucellose des suidés y compris sauvages en 1993, la fièvre West-Nile avec pour réservoir les oiseaux sauvages en 2000, la tuberculose à *Mycobacterium bovis* chez le Cerf (*Cervus elaphus*) et le Sanglier depuis 2001 puis le Blaireau (*Meles meles*) depuis 2009, l'influenza aviaire en 2006, la fièvre catarrhale ovine (FCO) chez les cervidés sauvages en 2008, la maladie d'Aujeszky dont le virus est porté par les sangliers dans plusieurs départements français, ou encore la trichinellose et l'hépatite E dont les agents sont présents chez le Sanglier en France.

Le ministère en charge de l'Agriculture, les organisations agricoles et les institutions gestionnaires de la faune sauvage ont pris conscience de la nécessité de prendre en compte les animaux sauvages dans l'évaluation

et la gestion des risques en santé animale. Dans un contexte de lutte et d'éradication aboutie (ou presque), de plusieurs maladies animales d'importance, la surveillance sanitaire des animaux sauvages est ainsi devenue un enjeu en santé animale comme en santé publique. Ceci explique l'intégration à la Plateforme d'épidémiologie en santé animale (Plateforme ESA), fin 2012, de l'Office national de la chasse et de la faune sauvage (ONCFS) et de la Fédération nationale des chasseurs (FNC), en tant que membres associés. En 2013, cette plateforme intègre une nouvelle thématique dédiée à la faune sauvage, dont le groupe en charge du suivi (GF-FS) a pour principal objectif d'apporter un appui méthodologique à l'épidémiologie des maladies de la faune sauvage.

Constatant qu'un nombre grandissant d'enquêtes ciblant différentes espèces sauvages et divers dangers sanitaires avaient été mises en place à un échelon national ou régional, mais aussi départemental (alors très souvent à l'initiative des acteurs locaux), le GS-FS de la Plateforme ESA a décidé, en 2013, de dresser un inventaire des actions de surveillance réalisées dans la faune sauvage depuis 2000 (voir l'Encadré pour la méthodologie de l'inventaire). Visant à recenser, de la manière la plus exhaustive possible au vu de la méthode utilisée, les dispositifs de surveillance ou enquêtes, ainsi que les maladies et espèces

concernées, cet inventaire réalisé par l'ONCFS, la FNC, GDS France et l'Anses avait pour objectif de caractériser les protocoles mis en œuvre (acteurs impliqués, outils/méthodes, couverture géographique, agents pathogènes et espèces investiguées, modalités de surveillance, etc.), de faire ressortir les problématiques sanitaires dominantes préoccupant les parties prenantes, et, dans la mesure du possible, de dresser un état des lieux de la situation sanitaire de la faune sauvage au vu des résultats de ces initiatives de surveillance.

Résultats

Actions de surveillance référencées

Au total, 59 actions ou dispositifs de surveillance ont été référencés, dont 54 concernant la période 2000 – 2013 :

- seize actions ou dispositifs d'initiative nationale, ou de large envergure, et déployés dans différents départements visant des maladies du sanglier (PPC, maladie d'Aujeszky, brucellose), l'échinococcose alvéolaire, la trichinellose, et la FCO; certains programmes étant encore en cours (Sagir, surveillance des lyssavirus chez les chiroptères, Sylvatub),
- trente-cinq actions d'initiative départementale et deux d'initiative régionale (Figure 1), visant 28 dangers sanitaires (Tableau 1),
- une action très locale (infra-départementale) qui concernait la recherche d'un contaminant, le polychlorobiphényle (PCB), chez les canards, lapins de garenne et lièvres dans le département de la Loire en 2008, afin d'estimer la contamination environnementale autour d'une usine ayant subi un incendie (surveillance commandée et financée par la DDecPP, mise en œuvre par la FDC).

Il est important de préciser qu'il est probable que toutes les actions de surveillance n'ont pas été recensées, l'objectif de l'inventaire était de recenser le plus grand nombre de ces actions, sans prétendre atteindre l'exhaustivité.

Caractérisation des actions de surveillance

Les caractéristiques (maîtrise d'œuvre et d'ouvrage, partenariats, etc.) des actions ou dispositifs sont détaillées dans le rapport complet de l'étude disponible sur le Centre de ressources de la Plateforme ESA (www.platforme-esa.fr). Concernant les 37 actions départementales et régionales, la plupart ont pour origine un questionnaire sur l'interface entre animaux domestiques et sauvages, motivées principalement soit par des cas en élevage, soit par une demande ou une inquiétude du monde de l'élevage, et généralement dans le cadre de rapprochements collaboratifs entre le GDS et la FDC, voire par des questionnements d'unité de recherche en épidémiologie animale ou en santé humaine. L'ensemble de ces actions départementales étaient des enquêtes programmées. Les protocoles employés étaient disparates tant sur la formulation des objectifs que sur les méthodes d'échantillonnage, les matrices prélevées, les analyses réalisées et les modalités de communication des résultats. Les coordinateurs des actions étaient principalement les FDC ou les GDS ou les deux en co-portage. Les DDecPP ont porté ou co-porté six de ces actions et ont été partenaires dans douze actions de surveillance, tant sur les DS de catégorie 1 (DS1) que sur les DS de catégorie 2 (DS2). Certaines actions de suivi sanitaire de la faune sauvage ont été mises en œuvre sur plusieurs années et parfois depuis longtemps, avec toutefois une augmentation des initiatives départementales observée depuis la fin des années 2000.

L'ensemble des 37 actions départementales et régionales référencées concernent des mammifères terrestres, et principalement trois espèces d'ongulés sauvages: le Sanglier (17 actions), le Chevreuil (12) et le Cerf élaphe (11). Douze dangers ont intéressé plus de cinq actions départementales dont trois DS1 (maladie d'Aujeszky, tuberculose bovine et FCO) et cinq DS2 (brucellose porcine, diarrhée virale bovine (BVD) ou maladie des muqueuses, trichinellose, syndrome dysgénésique respiratoire porcin (SDRP) et IBR) (Tableau 1).

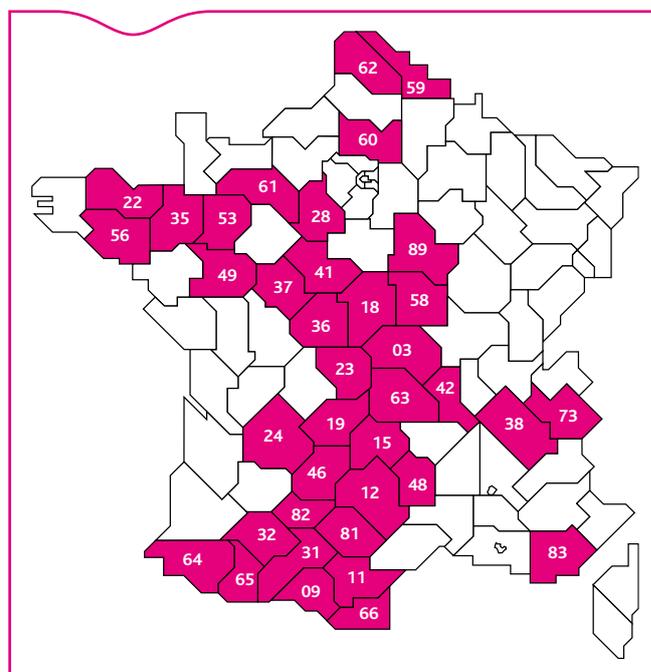


Figure 1. Départements dans lesquels au moins une action de surveillance sanitaire de la faune sauvage d'initiative locale (départementale ou régionale) a été mise en œuvre entre 2000 et 2013

Tableau 1. Liste des dangers sanitaires surveillés dans la faune sauvage lors d'actions départementales (en gras les dangers de 1^{re} catégorie, en gras italique ceux de 2^e catégorie; sur fond foncé les dangers ayant été recherchés lors de cinq actions de surveillance ou plus)

Catégorie du danger	Danger surveillé	Nombre d'actions
1	Maladie d'Aujeszky	13
2	<i>Brucella suis</i>	9
2	<i>Diarrhée virale bovine (maladie des muqueuses)</i>	8
1	<i>Mycobacterium bovis (tub. bovine)*</i>	8
2	<i>Trichinella sp.</i>	8
3	Neospora	7
3	Anaplasma phagocytophilum	7
3	<i>Syndrome dysgénésique respiratoire porcin</i>	6
3	<i>Mycobacterium paratuberculosis</i>	6
1	Fièvre catarrhale ovine (FCO)	5
3	<i>Coxiella burnetti</i> (fièvre Q)	5
2	IBR	5
2	<i>Brucella sp.</i>	4
1	Peste porcine classique	4
3	Parasites digestifs et respiratoires	3
3	Hépatite E	3
3	Schmallenberg virus	2
3	<i>Chlamydia sp.</i>	1
3	<i>Echinococcus multilocularis</i>	2
3	<i>Fasciola sp.</i>	1
3	Leptospirose	1
2	<i>Leucose bovine enzootique</i>	1
3	Maladie de Lyme	1
3	Polychlorobiphényle (PCB)	1
2	<i>Pestivirus</i>	2
3	Sarcosporidiose	1
3	Toxoplasmose	1
2	<i>Tularémie</i>	1

* La surveillance de la tuberculose a été étendue à partir de 2011 à toute la France grâce au dispositif Sylvatub, non pris en compte ici.

Enfin deux catégories d'actions semblent se dessiner. D'une part les actions concernant des DS dont on connaît relativement bien la répartition en France chez les espèces domestiques et sauvages, généralement mises en œuvre dans l'objectif de recueillir de l'information pour investiguer le rôle de la faune sauvage environnant un foyer en élevage. D'autre part les actions concernant des DS dont on connaît mal l'épidémiologie et la répartition dans la faune sauvage, généralement mises en œuvre afin d'acquérir des connaissances sur la répartition de ces DS chez les animaux sauvages.

Principaux résultats sanitaires

Les détails des résultats sanitaires des seize actions portées à l'échelle nationale sont disponibles dans les rapports et publications liées à ces actions (cf. rapport complet de l'inventaire). Pour les actions départementales, l'ensemble des informations n'a pas toujours pu être renseigné lors de l'inventaire. Soit les acteurs enquêtés n'en n'avaient pas connaissance - notamment pour ce qui concerne les méthodes d'analyses utilisées en laboratoire - soit les résultats des analyses n'ont pas été transmis, par omission ou pour une question liée à la propriété des données. L'état des lieux de la situation sanitaire de la faune sauvage dans le cadre de cet inventaire demeure donc incomplet et les données chiffrées indiquées dans le rapport sont à interpréter avec précaution. Toutefois, nous pouvons faire ressortir les résultats principaux présentés ci-dessous (les résultats concernant la tuberculose bovine ne sont pas mentionnés ici : les résultats avant 2011 sont détaillés dans Hars *et al.* 2012 et depuis 2011 la surveillance fait l'objet d'un dispositif spécifique, Sylvatub, dont les résultats sont en accès public sur le Centre de ressources de la Plateforme ESA - www.plateforme-esa.fr).

Concernant le Sanglier, les résultats des actions nationales (Hars *et al.*, 2007; Rossi *et al.*, 2008; Payne *et al.*, 2011) et départementales concordent, indiquant une circulation hétérogène du virus de la maladie d'Aujeszky dans les populations de certains départements. *Brucella* circule dans la quasi-totalité des populations de sangliers en France, avec des séroprévalences souvent très élevées (souvent supérieures à 40 %) et isolement de la bactérie *Brucella suis* biovar 2 (également détectée régulièrement chez des lièvres). L'infestation des sangliers par *Trichinella* est quant à elle nulle dans les actions référencées, y compris les actions nationales (Payne *et al.*, 2011). Elle est néanmoins non nulle, quoique très faible (6 cas sur 281 000 carcasses testées en digestion pepsique entre 2000 et 2011 (Payne *et al.*, 2011)), lors du contrôle obligatoire des venaisons de sangliers mises sur le marché (filiales commerciales ou repas associatifs). Des cas humains sont d'ailleurs régulièrement répertoriés suite à l'ingestion de viande de sanglier insuffisamment cuite provenant principalement du Sud de la France (Payne *et al.*, 2010). La présence du parasite dans ces régions est confirmée par sa détection chez le Renard, notamment lors d'une enquête en Savoie, et par les résultats de l'enquête sérologique chez le Sanglier en 2000-2004 (Hars *et al.* 2007; Rossi *et al.*, 2008).

Concernant les ruminants sauvages, à l'exception d'un cerf séropositif dans l'Indre, les populations de cervidés ayant fait l'objet d'une surveillance ne semblent pas affectées par le virus de la BVD. Aucune infection à *Brucella melitensis* ou *B. abortus* n'a été découverte chez les cervidés lors de ces actions. Nous constatons que l'exposition à l'IBR, à la fièvre Q et à la paratuberculose (sérologie), et l'infection par cette dernière (bactériologie), ne sont que très rarement détectées chez les ongulés sauvages lors des actions conduites dans les six départements concernés ces dernières années. Enfin les nombres de sérums positifs à *Neospora caninum* prélevés chez les cervidés (lors de deux actions), et chez le Renard (lors de cinq actions), sont très faibles.

Conclusions et perspectives

Cet inventaire des actions de surveillance menées depuis 2000 témoigne de la prise de conscience du risque lié à des dangers sanitaires dans la faune sauvage. Depuis quinze ans, une soixantaine d'actions nationales, régionales ou départementales, ont ainsi été mises en œuvre

Encadré. Matériel et méthode

La majorité des données de l'inventaire a été acquise par des enquêtes portées par l'ONCFS, la FNC et GDS France. Les données de chacune de ces trois principales enquêtes étaient saisies dans des tableurs séparés dont la trame commune avait été définie au préalable (voir ci-après). Quelques données ont par ailleurs été apportées par l'Anses. L'ensemble des données ont été intégrées dans une base créée pour le besoin, et qui a permis de croiser les informations et de synthétiser la totalité des informations collectées dans le cadre de cet inventaire.

Les **données collectées par l'enquête de l'ONCFS** ont concerné soit des programmes dont il a été maître d'œuvre, soit des programmes initiés par des acteurs en département mais pour lesquels l'Unité sanitaire de la faune de l'ONCFS a apporté un appui technique pour l'élaboration du protocole et l'interprétation des résultats. Ces programmes ont en général fait l'objet de rapports dans lesquels les données requises pour l'inventaire étaient disponibles.

Les **données collectées par l'enquête de la FNC** ont concerné des actions de surveillance menées par les fédérations départementales des chasseurs ou auxquelles elles ont participé. Cette enquête a été réalisée en deux temps. Dans un premier temps, les FDC ayant participé à des actions de surveillance sur la période de l'inventaire ont été recensées, soit grâce à un questionnaire diffusé aux FDC en 2011, soit lors des différentes animations dans le domaine sanitaire mises en œuvre par la FNC au sein du réseau des FDC/FRC. Dans un second temps, l'ensemble des fédérations recensées ont été enquêtées par téléphone afin d'obtenir le détail de l'organisation et de la mise en œuvre des opérations menées selon les champs déterminés pour l'inventaire.

Les **données collectées par l'enquête de GDS France** ont concerné des actions de surveillance d'initiative locale ou nationale ayant bénéficié d'une implication locale d'un GDS. Un questionnaire a été mis en ligne sur Lime Survey et l'ensemble des GDS a reçu un mail les invitant à répondre à l'enquête en ligne. Les réponses ont été enregistrées dans un tableur et complétées ensuite dans la mesure du possible à l'occasion d'entretiens téléphoniques.

Les champs pour la collecte de données d'inventaire concernaient :

- pour chaque programme ou action de surveillance identifiée : le périmètre de l'action (national, régional ou départemental), le(s) maître(s) d'ouvrage (expression du besoin de surveillance et financement), le maître d'œuvre (pilote coordonnateur de la mise en œuvre), les partenaires, le(s) danger(s) sanitaire(s) recherché(s), les espèces sauvages concernées, le contexte historique et épidémiologique ayant motivé l'action (émergence ou persistance d'une maladie dans des élevages, cas observés chez des animaux sauvages...), les modalités de surveillance (programmée, événementielle), la zone d'étude (département, massif...), la période d'enquête, le laboratoire départemental d'analyses destinataire des prélèvements et le laboratoire (y compris laboratoire national de référence) ayant pratiqué les analyses, les rapports/publications produits, les éventuelles applications en termes d'actions de gestion.
- pour chaque couple danger sanitaire/espèce de chaque programme : les nombres d'animaux examinés, prélevés et analysés, le(s) type(s) de prélèvement, la(es) technique(s) d'analyse utilisée(s), les résultats.

par les institutions cynégétiques (ONCFS et FDC/FRC), les GDS et/ou le ministère de l'Agriculture. Leurs résultats montrent des situations sanitaires contrastées suivant les espèces et les maladies investiguées, allant par exemple d'une enzootie de brucellose généralisée ou d'une circulation très hétérogène du virus de la maladie d'Aujeszky dans les populations de sangliers, à une exposition nulle à très faible des populations de cervidés aux virus de la BVD et de l'IBR et aux agents de la paratuberculose, de la fièvre Q et de la néosporose, dangers sanitaires qui préoccupent particulièrement les éleveurs de certains départements. La tuberculose bovine, d'abord détectée chez le Cerf et le Sanglier puis le Blaireau et plus récemment chez le Chevreuil et le Renard, est devenue, au fil des années, une préoccupation majeure qui a motivé la création, en 2011, d'un dispositif de surveillance spécifique (Sylvatub).

Toutefois, malgré les efforts consacrés à cet inventaire, les données recueillies demeurent encore incomplètes et imparfaites, faute bien souvent de plans de valorisation et de diffusion des résultats et d'articulation entre les enquêtes nationales et locales. Enfin, le manque

d'harmonisation des protocoles d'échantillonnage et des méthodes diagnostiques limite une valorisation à l'échelle nationale.

Au vu de ce bilan, le groupe de suivi « Faune Sauvage » de la Plateforme ESA devrait pouvoir émettre des recommandations visant à fournir aux acteurs locaux des éléments pour prioriser les actions de surveillance selon leur pertinence, ainsi que des lignes directrices leur permettant d'améliorer la qualité des protocoles.

Remerciements

Nous remercions tous les professionnels et élus des FDC, FRC et des GDS qui ont répondu aux questionnaires et aux sollicitations des enquêteurs, ainsi que tous les chasseurs, les laboratoires départementaux d'analyses, les laboratoires de référence, les services départementaux de l'ONCFS, l'Entente de lutte interdépartementale contre les zoonoses (ELIZ), les bagueurs du Centre de recherches sur la biologie des populations d'oiseaux (CRBPO) qui ont participé aux programmes de surveillance répertoriés dans cet article ainsi que les principaux financeurs de ces programmes (DGAL, Anses, GDS, FDC, FRC, conseils généraux, ONCFS, DD(ec)PP).

Références bibliographiques

Hars, J., Rossi, S., Boué, F., Garin-Bastuji, B., Le Potier, M.F., Boireau, P., Aubry, P., Hattenberger, A.M., Louguet Y., Toma, B., 2007 Programme national de surveillance sérologique des sangliers sauvages (Peste porcine classique, Maladie d'Aujeszky, Brucellose, Trichinellose). Rapport final de l'enquête sérologique 2000-2004- Gières: ONCFS - Afssa - Minist. Agric. Pêche, 43 pp.

Hars, J., Richomme, C., Rivière, J., Faure, E., Boschiroli, M.L., 2012. Dix années de surveillance de la tuberculose bovine dans la faune sauvage française et perspectives. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 52, 2-6.

Payne A., Rossi S., Lacour S.A., Vallée I., Garin-Bastuji B., Simon G., Hervé S., Pavo N., Richomme C., Dunoyer C., Bronner A., Hars J. 2011. Bilan sanitaire du sanglier vis-à-vis de la trichinellose, de la maladie d'Aujeszky, de la brucellose, de l'hépatite E et des virus *influenza* porcins en France. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 44, 2-8.

Rossi, S., Hars, J., Garin-Bastuji, B., Le Potier, M.-F., Boireau, P., Aubry, P., Hattenberger, A.-M., Louguet, Y., Toma, B., Boué, F., 2008. Résultats de l'enquête nationale sérologique menée chez le sanglier sauvage (2000-2004). Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 29, 5-7.

Réseau national de surveillance des virus influenza A chez le Porc (Résavip) – Bilan de la surveillance menée en 2015

Emmanuel Garin (1)* (emmanuel.garin@coopdefrance.coop), Séverine Hervé (2), Nicolas Rose (3), Caroline Locatelli (4), Ludovic Lecarpentier (5), David Ngwa-MBot (6), Sébastien Wendling (7)*, Laure Bournez (8)*, Didier Calavas (9)* et Gaëlle Simon (2)

(1) Coop de France, Paris, France

(2) Anses, laboratoire de Ploufragan-Plouzané, unité Virologie immunologie porcines, laboratoire national de référence Influenza porcine, Ploufragan, France

(3) Anses, laboratoire de Ploufragan-Plouzané, unité Épidémiologie et bien-être du porc, Ploufragan, France

(4) Adilva, Paris, France

(5) SNGTV, Paris, France

(6) GDS-France, Paris, France

(7) Direction générale de l'alimentation, bureau de la santé animale, Paris, France

(8) Anses, direction des laboratoires, unité de coordination et d'appui à la surveillance, Maisons-Alfort, France

(9) Anses, Coordonnateur Plateforme ESA, unité Épidémiologie de l'Anses-Lyon, Lyon

* Membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme d'épidémiologie en santé animale (Plateforme ESA)

Résumé

Les résultats de la surveillance des virus influenza A chez le Porc (VIP) menée en 2015 montrent que des syndromes grippaux ont été observés dans tous les types d'élevage et que toutes les catégories d'animaux ont été affectées, quel que soit leur stade physiologique. Environ la moitié des 286 visites d'élevages, réalisées dans 250 élevages situés dans douze régions, ont permis de détecter la présence de VIP chaque mois de l'année. La grippe a été considérée comme récurrente dans environ un tiers des cas. Les trois quarts des syndromes grippaux ont été qualifiés d'intensité normale et la température rectale moyenne était supérieure à 40,5°C pour un peu plus de la moitié des porcs prélevés.

Comme les années précédentes, les VIP européens majoritairement présents en France sont les virus H1_{av}N1 (64,2 %, 70/109) et H1_{hu}N2 (26,6 %, 29/109). Ils représentaient à eux deux un peu plus de 90 % des virus identifiés en 2015. Le virus H1_{av}N1 a été détecté sur une grande partie du territoire, tandis que le virus H1_{hu}N2 n'a été détecté que dans des élevages de l'Ouest. Les autres virus enzootiques (H1N1pdm et H3N2), des virus réassortants rH1_{av}N2 et des mélanges viraux (H1_{av}N1+H1N1pdm, H1_{av}N1+H1_{hu}N2) ont été détectés de façon sporadique (entre 1 et 3 % des virus identifiés).

Mots-clés

Porc, virus influenza de type A, virus influenza porcine, virus réassortant, grippe, Résavip, surveillance

Abstract

French network for the surveillance of influenza A viruses in pigs (Résavip) - Results of the surveillance carried out in 2015

The results of the surveillance of swine influenza A viruses (SIVs) carried out in 2015 show that influenza syndromes have occurred in all types of farms and have affected all categories of animals, regardless of their physiological stage. About half of the 286 farm visits, realized in 250 different farms localized in twelve regions, allowed to detect SIVs each month of the year. Swine flu was considered as recurrent in one third of the cases. Three quarters of the influenza syndromes have been described with normal intensity and the average hyperthermia was upper 40.5°C for a little over half of the sampled pigs.

As in the previous years, the European SIVs mainly present in France are the viruses H1_{av}N1 (64,2 %, 70/109) and H1_{hu}N2 (26,6 %, 29/109). Both of them represent a little over 90 % of the viruses identified in 2015. H1_{av}N1 has been detected on a large part of the continental territory, while H1_{hu}N2 has been detected only on west farms. The other viruses (H1N1pdm and H3N2), reassortant viruses rH1_{av}N2 and virus mixtures have been detected sporadically (between 1 and 3 % of the identified viruses).

Keywords

Pig Influenzavirus A, Swine Influenza Virus, Flu, Reassortant virus, Résavip, Surveillance

Le réseau national de surveillance des virus influenza A circulant chez le Porc en France métropolitaine (Résavip) poursuit trois objectifs : i) améliorer les connaissances virologiques et épidémiologiques sur les virus influenza porcins (VIP) affectant les élevages porcins, ii) assurer un suivi continu de ces VIP, lequel permet d'être réactif et d'avoir une action ciblée en cas de besoin et iii) pouvoir communiquer de manière appropriée grâce à l'acquisition de connaissances fiables, notamment en cas de nouvel épisode sanitaire d'importance ou d'émergence de nouvelles souches virales. En effet, les VIP ont un impact sanitaire et économique important en santé animale (Kuntz-Simon et Franck, 2007) et peuvent aussi avoir un impact en santé humaine de par leur potentiel zoonotique (Simon, 2010).

Pour répondre à ces objectifs, la surveillance nationale mise en place dans le cadre de Résavip (Encadré) depuis avril 2011 est de type événementiel (passif) et vise à approcher la diversité et la dynamique des VIP sur le territoire métropolitain (Dufour et Hendriks, 2011). Même si ce type de surveillance ne permet pas d'avoir des informations quantitatives représentatives de la situation (sur les plans temporel et spatial), ni de garantir une détection de tout nouveau variant dès son apparition, elle permet d'obtenir une information qualitative sur les types de souches de VIP présents en France métropolitaine et sur leur répartition géographique (Toma *et al.*, 2010).

Encadré. Le réseau Résavip

Ce dispositif a la particularité d'être un réseau de surveillance d'un danger sanitaire non réglementé et d'être organisé au niveau national, avec un déploiement opérationnel en région.

Chaque animateur régional gère une base de données et des kits de prélèvement en lien avec le service régional de l'alimentation et l'un des laboratoires d'analyses vétérinaires agréés par la DGAL. Il distribue les kits à des vétérinaires volontaires ayant recueilli l'accord de l'éleveur pour investiguer des suspicions de grippe, tout en garantissant son anonymat.

Les prélèvements trouvés positifs en analyse de première intention (RT-PCR gène M) par le laboratoire départemental agréé sont ensuite adressés au laboratoire national de référence Influenza porcine (LNR IP), aux fins d'identification du sous-type et du lignage d'appartenance des virus détectés. Le réseau est animé au niveau national par Coop de France. Les virus influenza porcins sont une des thématiques de la Plateforme ESA. Le groupe de suivi dédié (GS-VIP) assure un appui scientifique et technique au réseau.

Pour plus de détails sur le fonctionnement de Résavip, consulter le *Bulletin Épidémiologique* n° 63 de septembre 2014 (<http://bulletinepidemiologique.mag.anses.fr/sites/default/files/BEP-mg-BE63-art3.pdf>).

Une suspicion clinique de grippe se base sur l'observation d'un syndrome grippal (hyperthermie, abattement, prostration, apathie, éternuements ou toux) dans un groupe d'animaux au cours d'une visite dans un site d'élevage porcin. Lors d'une telle suspicion, le vétérinaire volontaire effectue un écouvillonnage nasal individuel sur trois porcs d'une même bande, si possible présentant une température rectale égale ou supérieure à 40,5°C. Un site d'élevage, ci-après dénommé élevage, est identifié par un *indicatif de marquage unique* et est considéré comme un « cas » positif (atteint de grippe au moment de la visite) si au moins un des trois écouvillons contient du génome de virus influenza A. Les virus détectés sont ensuite soumis à d'autres analyses pour identification du sous-type et du lignage d'appartenance.

Cet article présente les principaux résultats de la surveillance menée par Résavip en 2015 et les compare à ceux obtenus les années précédentes (2011 à 2014) (Hervé *et al.*, 2014; Garin *et al.*, 2015).

Élevages visités

En 2015, 286 visites ont été réalisées dans 250 élevages, situés dans douze régions et vingt-cinq départements, par 75 vétérinaires volontaires (Figure 1). Le nombre de visites et le nombre de régions investiguées étaient similaires aux deux années précédentes. En effet, en 2012, il y a eu 248 visites réalisées dans six régions (onze départements), tandis qu'elles étaient au nombre de 276 en 2013 (11 régions, 22 départements), et 271 en 2014 (10 régions, 21 départements). Vingt-quatre élevages ont donc été visités chaque mois en moyenne, comme les deux années précédentes (23 visites par mois en moyenne en 2013 et 2014) (Hervé *et al.*, 2014; Garin *et al.*, 2015).

Tout comme les années précédentes, la Bretagne, les Pays de la Loire et la Normandie (Haute et Basse) sont les régions dans lesquelles il y a eu le plus de visites. Elles représentent respectivement 75,2 % (215/286), 7,3 % (21/286) et 5,6 % (16/286) des visites. Pour information, le réseau est structuré sur l'ensemble de la métropole à l'exception du Languedoc-Roussillon.

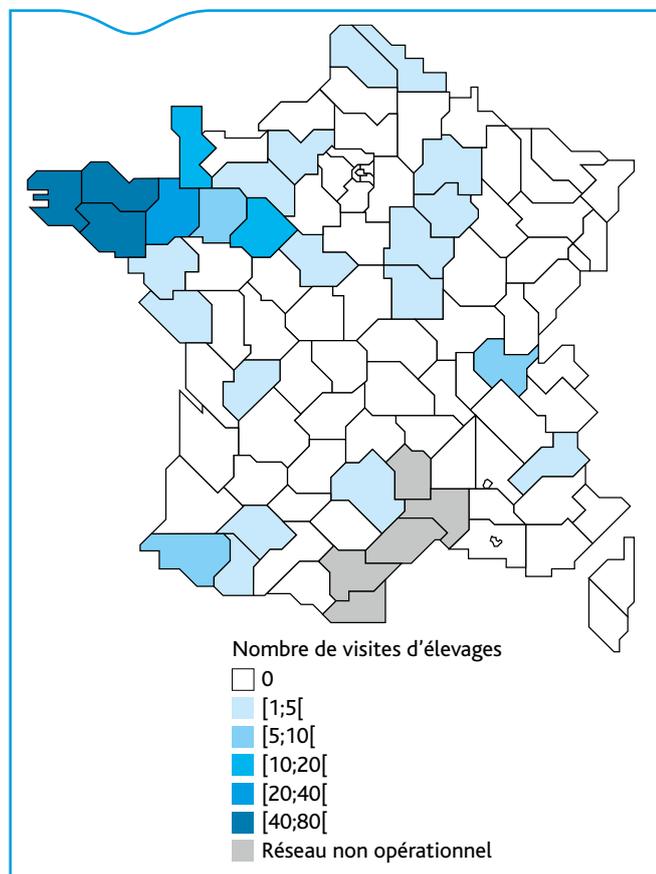


Figure 1. Répartition départementale des visites d'élevages réalisée dans le cadre de Résavip en 2015 (n=286)

Il n'y a pas eu plus de trois visites dans un même site d'élevage comme en 2013 et 2014. Deux-cent-vingt élevages (76,9 % des visites) ont été visités une seule fois tandis que vingt-quatre élevages ont été investigués deux fois et six l'ont été trois fois. Ces derniers représentaient respectivement 16,8 % et 6,3 % des visites.

Parmi les 286 visites, plus de 80 % (213/286) faisaient suite à une sollicitation de l'éleveur pour un syndrome grippal. Environ 15 % (42/286) ont été réalisées lors d'une visite de routine et 4,5 % (13/286) ont eu lieu sans que le contexte ne soit précisé. Comme en 2013 et 2014, ces visites ont été effectuées dans tous les types d'élevage mais principalement dans ceux de type naisseur-engraisseur (trois quarts des cas). En 2015, environ 90 % des élevages de ce type avaient moins de 500 truies, moins de 2000 places en post-sevrage et moins de 2500 en engraissement. Les quatre types d'animaux ciblés (porcs en croissance, cochettes en quarantaine, truies gestantes et truies en maternité) ont été prélevés dans des proportions similaires aux années précédentes. Les prélèvements ont ainsi été principalement effectués sur des porcs en croissance (84,6 %). Dans plus de la moitié des cas (53,6 %), les animaux écouvillonnés avaient une température rectale supérieure à 40,5°C (recommandation du protocole) alors qu'ils étaient un peu moins de la moitié en 2013 (49 %) et en 2014 (47 %). En outre, ils étaient 87,6 % à avoir une température supérieure à 40°C (89,5 % en 2013 et 81,2 % en 2014). Environ un tiers des élevages visités suivait un programme de vaccination grippe appliqué aux cochettes et/ou aux reproducteurs.

Élevages positifs

Comme en 2014 et en 2013, presque la moitié (48,6 %, 139/286) des visites ont permis de détecter la présence de VIP alors qu'en 2011 et en 2012, cette détection avait lieu dans plus de la moitié des cas (68 % (68/105) en 2011 et 53,6 % (133/248) en 2012). Ces 139 visites « positives » ont eu lieu au cours de tous les mois de l'année, dans 106 élevages de tous types situés dans dix-neuf des vingt-cinq

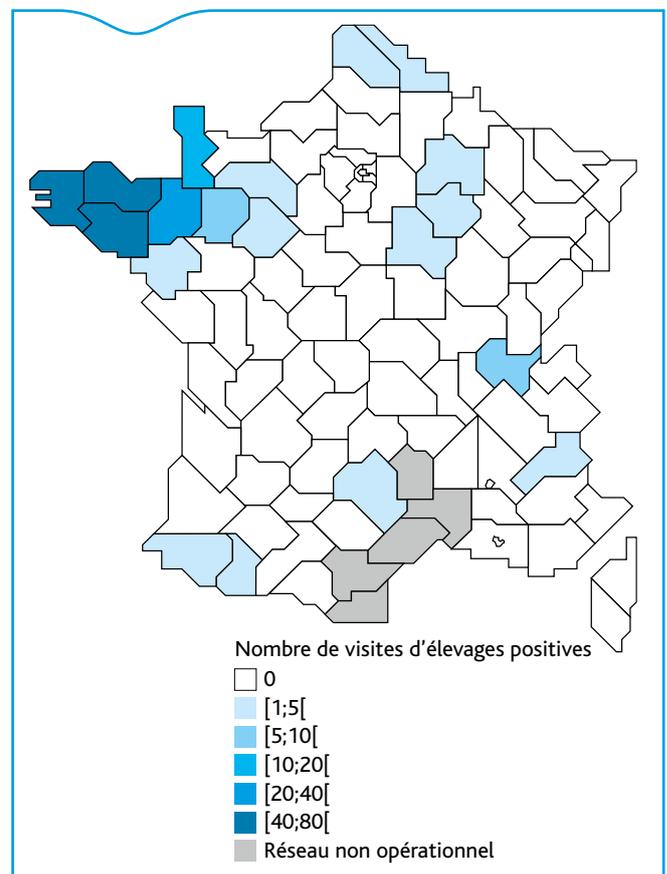


Figure 2. Répartition géographique des visites d'élevages ayant permis de détecter des VIPs dans le cadre de Résavip en 2015 (n=139)

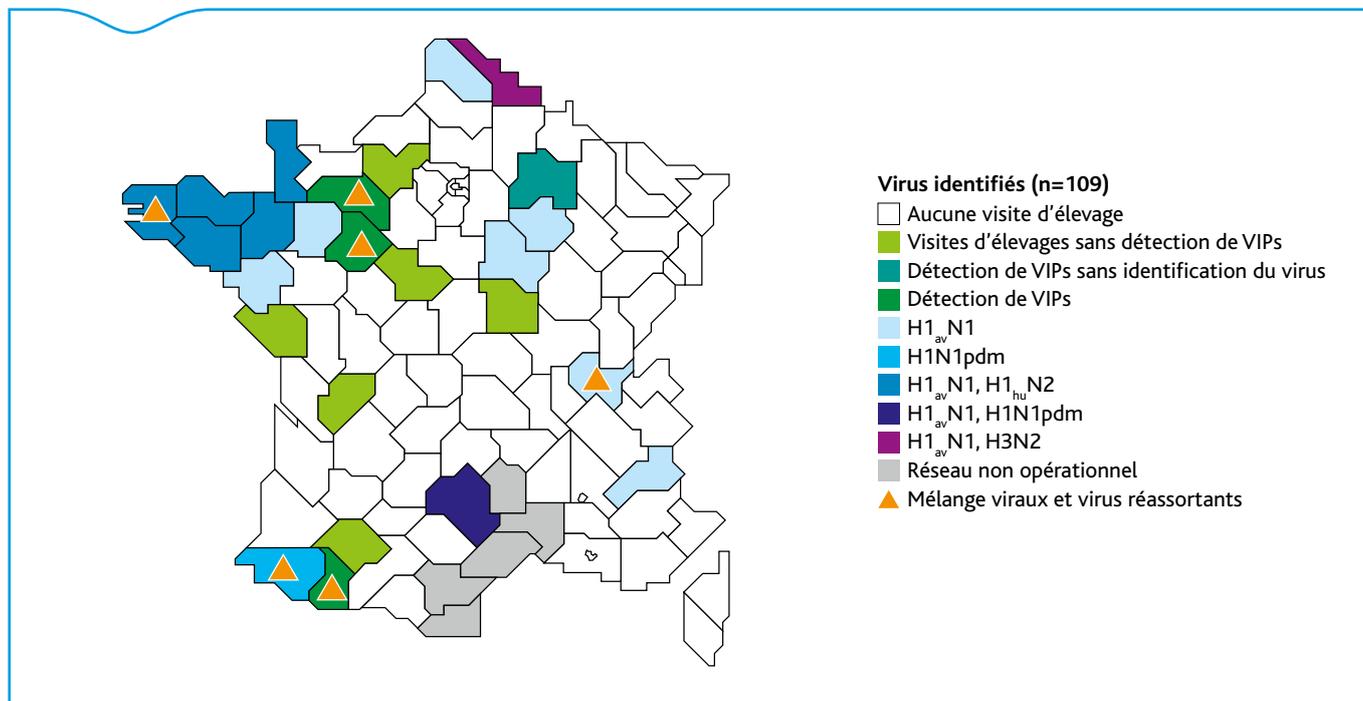


Figure 3. Répartition géographique des VIP identifiés par Résavip en 2015

départements investigués (10 régions) (Figure 2). Parmi ces visites, quinze élevages ont été visités deux fois et un seul élevage trois fois. La grippe était qualifiée de récurrente dans 38,3 % (51/133) des cas. Cette proportion est assez similaire aux trois années précédentes (43 % chaque année). L'intensité des signes cliniques a été jugée élevée dans environ un quart des cas ce qui est très similaire aux deux années précédentes (23,1 % en 2013 et 21,7 % en 2014).

Virus identifiés et répartition géographique

Les virus ont pu être identifiés dans 78,4 % (109/139) des cas (Tableau 1) tandis que 21,6 % (30/139) des virus détectés n'ont pas ou partiellement été identifiés. Ces proportions, qui dépendent notamment de la sensibilité des diverses méthodes de caractérisation moléculaire comparativement à la méthode de détection, sont stables depuis 2013.

Parmi les virus identifiés, le virus *avian-like swine* H1_{av}N1 est celui qui, comme les années précédentes, a été le plus fréquemment détecté (64,2 %, 70/109) (Figure 3). Le virus *human-like reassortant swine* H1_{hu}N2 a été détecté dans 26,6 % (29/109) des cas et uniquement dans le Grand-Ouest. Les deux autres virus enzootiques européens ont été identifiés de façon sporadique : le virus *human-like reassortant swine* H3N2 a été détecté une seule fois en Nord-Pas-de-Calais (département du Nord) et le virus H1N1pdm a été identifié dans trois cas en Aquitaine (Landes) et en Midi-Pyrénées (Aveyron). Ces quatre types de virus sont considérés comme enzootiques à l'échelle européenne c'est-à-dire circulant régulièrement dans la population porcine (Simon *et al.*, 2014).

En 2015, des virus rH1_{av}N2, généralement issus d'un réassortiment entre le virus H1_{av}N1 et un virus enzootique de sous-type HXN2 (H1_{hu}N2 ou H3N2), ont été identifiés quatre fois au total : en Aquitaine (Pyrénées-Atlantiques), en Midi-Pyrénées (Hautes-Pyrénées), en Normandie (Orne) et dans les Pays de la Loire (Sarthe). Les mélanges viraux H1_{av}N1+H1N1pdm et H1_{av}N1+H1_{hu}N2 ont chacun été détectés une seule fois en 2015, le premier en Rhône-Alpes (Ain) et le deuxième en Bretagne (Finistère).

À noter enfin que le nouveau variant dénommé H1_{hu}N2_{Δ146-147} a été caractérisé par le LNR IP suite à des analyses approfondies réalisées

Tableau 1. Distribution des VIPs détectés en 2015 en fonction de leur nature (sous-type et lignage génétique) (n=139)

Sous-type viral	Lignage génétique	Nombre de cas	Proportion (%)
H1N1	<i>Avian-like swine</i> H1 _{av} N1	70	50,4
	rH1 _{hu} N1	0	0,0
	H1N1pdm	3	2,2
H1N2	<i>Human-like reassortant swine</i> H1 _{hu} N2	16	11,5
	Variant H1 _{hu} N2 _{Δ146-147}	13	9,4
	rH1 _{av} N2	4	2,9
H3N2	<i>Human-like reassortant swine</i> H3N2	1	0,7
Mélanges viraux	H1 _{av} N1+H1N1pdm	1	0,7
	H1 _{av} N1+H1 _{hu} N2	1	0,7
Total virus identifiés		109	78,5
Virus non identifiés : sous-types indéterminés (H?N?) et partiellement indéterminés (ex : H?N1, H?N2, H1 _{av} N?, H1 _{hu} N?)		30	21,5
Total virus détectés		139	100,0

en aval de la surveillance, dans le cadre de travaux de recherche sur l'évolution des souches virales. Ce variant, issu d'un glissement antigénique du virus H1_{hu}N2, semble être apparu en France en 2012. Les analyses *a posteriori* ont montré que ce variant comptait pour 24 % des souches H1_{hu}N2 détectées en France en 2012, 54 % en 2013, 53 % en 2014 et 40 % en 2015 (données LNR IP). Suite au développement d'une nouvelle RT-PCR « H1_{hu}V » de sous-typage, ce variant est identifiable en routine dans le cadre de Résavip depuis le quatrième trimestre 2015. Au total, ce sont treize variants H1_{hu}N2_{Δ146-147} qui ont été identifiés parmi les 29 H1_{hu}N2 détectés par Résavip en 2015 (45 %).

Conclusion

La surveillance événementielle menée par Résavip en 2015 a montré, comme les années précédentes, que des syndromes grippaux ont lieu dans tous les types d'élevage et atteignent toutes les catégories d'animaux, quel que soit leur stade physiologique. Les 286 visites d'élevages se sont déroulées tout au long de l'année, et presque la moitié d'entre elles a permis de détecter des VIP. Les caractéristiques des syndromes grippaux investigués sont assez semblables à celles relevées les années passées, avec deux formes épidémiologiques de grippe, classique et récurrente, toujours observées, et des syndromes grippaux largement qualifiés d'intensité normale, avec une température moyenne supérieure à 40,5°C pour un peu plus de la moitié des porcs prélevés. En 2015, le virus H1_{av}N1 est, comme auparavant, celui qui a été le plus fréquemment identifié, suivi du virus H1_{hu}N2. Ce dernier est toujours détecté uniquement dans le Grand-Ouest. Des virus issus de réassortiments entre ces deux virus (réassortants rH1_{av}N2) ont été détectés dans cette même zone géographique. Des virus rH1_{av}N2 ont également été identifiés dans le Sud-Ouest, région où l'un des virus parentaux, le virus H1_{hu}N2 ou le virus H3N2, n'a en revanche pas été détecté précédemment. Les virus H3N2 et H1N1pdm ont été détectés de façon sporadique. Les mélanges viraux, bien que détectés eux aussi de façon occasionnelle, illustrent les co-circulations virales, ce qui est favorable à l'apparition de nouveaux virus réassortants.

Le manque chronique de prélèvements issus d'élevages situés dans des régions à faible, voire très faible densité d'élevages limite toujours la connaissance des VIP circulant en France et notamment pour celles important des animaux (risque d'introduction éventuelle de nouveaux virus). Cependant, Résavip répond globalement à ses objectifs, puisque les régions visitées en 2015 représentaient plus de 80 % des élevages porcins recensés sur le territoire métropolitain⁽¹⁾.

Remerciements

Tous les acteurs de Résavip (animateurs régionaux, éleveurs, vétérinaires volontaires, laboratoires d'analyses vétérinaires agréés, SRAIs et le personnel du LNR IP) sont remerciés pour leur implication.

Références bibliographiques

- Dufour B., Hendrikx P., 2011. Surveillance épidémiologique en santé animale. 3^e édition, Quae, Paris, 344pp.
- Garin E., Hervé S., Rose N., Marcé C., Simon G., 2015. Réseau national de surveillance des virus *influenza* chez le porc (Résavip) – Bilan de la surveillance menée en 2014. Bull Epid Santé Anim Alim, 72, 31-34.
- Hervé S., Garin E., Rose N., Marcé C., Simon G., 2014. Réseau national de surveillance des virus *influenza* chez le porc (Résavip) – Résultats des trois premières années de fonctionnement. Bull Epid Santé Anim Alim, 63, 10-14
- Kuntz-Simon G., Franck N., 2007. Virus *influenza* porcine: implication en santé animale et en santé publique. Journées Recherche Porcine, 39, 383-394
- Simon G., 2010. Le porc, hôte intermédiaire pour l'apparition de virus *influenza* réassortants à potentiel zoonotique. Virologie 14, 407-422
- Simon G., Hervé S., Rose N., 2013. Epidémiologie de la grippe chez le porc en France entre 2005 et 2012: Dispositifs, virus détectés et données épidémiologiques associées. Bull Epid Santé Anim Alim, 56, 17-22
- Simon G., Larsen L.E., Dürrwald R., Foni E., Harder T., Van Reeth K., Markowska-Daniel I., Reid S.M., Dan A., Maldonado J., Huovilainen A., Billinis C., Davidson I., Agüero M., Vila T., Hervé S., Breum S.Ø., Chiapponi C., Urbaniak K., Kyriakis C.S., ESNIP3 consortium, Brown I.H., Loeffen W., 2014. European surveillance network for *influenza* in pigs: surveillance programs, diagnostic tools and swine *influenza* virus subtypes identified in 14 European countries from 2010 to 2013. PLoS One, 9(12):e115815
- Toma B, Dufour B, Bénet JJ, Sanaa M, Shaw A, Moutou F., 2010. Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures. 3^e édition, AEEA, Paris, 600pp.

(1) Source BD Porc 2015.

Dermatose nodulaire contagieuse des bovins : état des connaissances et situation épidémiologique dans les Balkans au 31 juillet 2016

Elena Arsevska (1), Anne Bronner (2)*, Didier Calavas (3)*, Julien Cauchard (3)*, Philippe Caufour (1), Sylvain Falala (1), Manon Hamon (4)*, Pascal Hendriks (5)*, Renaud Lancelot (1), Alizé Mercier (1)*, Séverine Rautureau (6), Clément Tisseuil (7)

Les auteurs sont mentionnés par ordre alphabétique

(1) Cirad/Inra, UMR CMAEE, Montpellier, France

(2) Direction générale de l'Alimentation, Service des actions sanitaires en production primaire, Paris, France

(3) Anses, laboratoire de Lyon, unité Épidémiologie, Lyon, France

(4) Direction générale de l'Alimentation, bureau de la santé animale, Paris, France

(5) Anses, direction des laboratoires, unité de coordination et d'appui à la surveillance, Lyon, France

(6) Direction générale de l'Alimentation, mission des urgences sanitaires, Paris, France

(7) Université libre de Bruxelles, Biological control and spatial ecology, Bruxelles, Belgique

* membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA)

Résumé

La dermatose nodulaire contagieuse des bovins (DNCB), maladie virale enzootique en Afrique sub-saharienne et classée comme danger sanitaire de catégorie I, a été détectée pour la première fois en Turquie en novembre 2013. Elle s'est ensuite étendue à l'Europe : tout d'abord dans la partie européenne de la Turquie en mai 2015, puis dans les Balkans. Au 31 juillet 2016, elle touchait la Grèce, la Bulgarie, la Macédoine (ARYM), le Monténégro, l'Albanie et la Serbie, avec 747 foyers notifiés au total. La diffusion du virus se poursuit depuis son introduction en Europe, malgré les mesures de lutte mises en place dans les pays touchés (restrictions de mouvements, abattages, vaccinations...). La vigilance quant à la diffusion de l'infection en Europe ainsi que les propositions de mise en œuvre d'une surveillance dédiée sur le territoire national s'exercent dans le cadre de la Plateforme ESA. Cet article fait le point sur la situation épidémiologique de la DNBCB dans les Balkans et propose une synthèse des connaissances épidémio-cliniques sur cette maladie.

Mots-clés

Dermatose nodulaire contagieuse, bovins, Europe, surveillance

Abstract

Lumpy skin disease: up to date knowledge and epidemiological situation in Balkans as of 31th July 2016
Lumpy skin disease (LSD), a viral disease enzootic to Sub-Saharan Africa and classified as a category I health hazard, has been detected in Turkey for the first time in November 2013. The disease has since spread to Europe, in the European part of Turkey in May 2015, then to the Balkans. As of 31th July 2016, the outbreaks have affected Greece, Bulgaria, Macedonia (FYROM), Montenegro, Albania and Serbia, with a total of 747 localized outbreaks reported. Since its introduction in Europe, the virus continues to spread despite control measures implemented in affected countries (movement restrictions, stamping out, vaccinations, etc.). Vigilance in regards to the spread of the disease in Europe as well as propositions for a specific surveillance at the national level have been ensured by the ESA Platform (French platform for animal health surveillance). This paper describes the epidemiological situation of LSD in the Balkans and offers a synthesis of the epidemio-clinical knowledge concerning this disease.

Keywords

Lumpy skin disease, Cattle, Europe, Surveillance

La progression de l'épizootie de dermatose nodulaire contagieuse des bovins (DNCB) dans le Sud-Est de l'Europe est suivie depuis plus d'un an dans le cadre de la veille sanitaire internationale de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA). Des points sur l'évolution de la situation épidémiologique dans les Balkans sont régulièrement faits et mis en ligne sur le site web du Centre de ressources de la Plateforme ESA (<http://www.plateforme-esa.fr/>). Cet article propose une synthèse de la situation épidémiologique actuelle et son évolution depuis l'introduction du virus de la DNBCB en Europe. Face à l'extension non maîtrisée de l'épizootie, un point est également fait sur les manifestations cliniques de la maladie et ses caractéristiques épidémiologiques (Encadré 1), ainsi qu'un rappel des dispositions réglementaires vis-à-vis de ce danger sanitaire de catégorie I (Encadré 2).

La maladie

La DNBCB appartient au groupe des varioles des ruminants, infections à déclaration obligatoire auprès de l'OIE et soumises à la réglementation de la Commission européenne (directive 82/894/CEE modifiée, et directive 92/119/CEE modifiée). Ces maladies affectent les bovins (DNCB), les ovins (clavelée) et les caprins (variole caprine). Elles sont causées par des Capripoxvirus, virus à ADN de la famille de Poxvirus. Indistincts au plan sérologique (sérotypage unique), les Capripoxvirus se différencient par leur spécificité d'hôte, plus ou moins stricte, ainsi que par la sévérité de leur pouvoir pathogène. Pour les souches bovines,

la transmission par les arthropodes semble être le mode préférentiel, mais les modalités de cette transmission demeurent méconnues (transmission mécanique par des arthropodes hématophages ou non hématophages, transmission vectorielle). La transmission directe est également possible chez les animaux partageant les mêmes abreuvoirs, ou entre une mère infectée et son veau. Il en va de même pour la transmission indirecte, le virus étant résistant dans le milieu naturel (au moins un mois dans les croûtes). Néanmoins, le virus est sensible à la chaleur (inactivé à 56°C en 30 min), aux ultra-violets (inactivation en quelques minutes), aux solvants des lipides, à la soude à 1 %, au formol à 2 % et aux ammoniums quaternaires à 0,5 %. Il est en revanche résistant au froid et aux pH acides et basiques.

La situation dans le monde

Jusqu'en 1986, la DNBCB était confinée à l'Afrique sub-saharienne. L'Égypte a été touchée en 1988, puis Israël en 1989. Depuis, des foyers confirmés en laboratoire ont été observés dans la péninsule Arabique et au Moyen-Orient : Azerbaïdjan, Chypre (Nord), Iran, Irak, Jordanie, Koweït, Liban, Territoires autonomes de Palestine et Turquie en novembre 2013 (déclaration à l'OIE en février 2014). Des foyers de DNBCB ont été identifiés en Russie en mai et septembre 2015 puis en mai 2016, à la frontière avec l'Azerbaïdjan et la Géorgie. La Géorgie n'a déclaré aucun cas de DNBCB ces dernières années mais l'Azerbaïdjan a déclaré seize foyers en 2014 (aucun en 2015 ni en 2016). L'épizootie a continué sa progression vers l'ouest, touchant la Grèce en août 2015,

- Incubation: 4 à 14 J, jusqu'à un mois
- Morbidité: 5 à 45 %, voire plus si la population est immunologiquement naïve
- Mortalité: inférieure à 10 %
- Létalité: 0,5 à 4,5 %
- Résistance individuelle: seuls 40 à 50 % des animaux infectés expérimentalement développent des lésions cutanées

Signes cliniques (Figure 1)

> Formes classiques

Phase d'invasion

- Hyperthermie (4-14 J) allant jusqu'à 41°C et évolution bi-phasique, abattement, anorexie, chute de la production lactée
- Conjonctivite, larmolement, ptyalisme, jetage: initialement séro-muqueux puis muco-purulent
- Hypertrophie ganglionnaire (ganglions pré-scapulaires, pré-cruraux), 24 à 48 h après le début de la phase fébrile

Phase d'éruption cutanée

- 7 à 19 J post-inoculation (p.i.), 4 à 10 J après le début de la phase fébrile (première phase)
- Nodules durs, arrondis, indolores, 0,5 à 5 cm de diamètre, en nombre variable (1-100), localisés sur la tête (pourtour des yeux et du mufler), le cou, les membres, les flancs, la mamelle et ses trayons, le scrotum, le périnée, ainsi que sur les muqueuses buccale, nasale, oculaire, vulvaire ou prépucciale
- Conjonctivite et kératite pouvant évoluer vers la cécité
- Œdèmes sous cutanés très étendus au niveau des membres, des lombaires, du fanon et des organes génitaux
- Forme miliaire chez les jeunes: multitude de petits nodules (2 à 5 mm)

Phase de nécrose

- Induration des nodules et persistance (jusqu'à plusieurs années) ou nécrose et formation d'un sillon disjoncteur autour la lésion (séquestre)
- Dessèchement des nodules (escarre sèche) puis chute laissant la place à des plaies en cône intéressant toute l'épaisseur de la peau (évolution sous 7 à 15 j)
- Cicatrisation en quelques semaines (petites plaies) ou surinfection (nodules de grande taille) avec atteinte des tissus sous-jacents puis lente guérison en 1 à 2 mois

> Formes graves

- Altération sérieuse de l'état général, avortement
- Boiteries: si paturon atteint et lésions suppurées ou ulcéreuses des membres
- Œdèmes étendus pouvant se compliquer de lésions ulcéreuses profondes et suppurées
- Lésions cutanées et signes cliniques en relation avec l'atteinte des organes profonds:
 - Respiration pénible et ronflante (pharynx, larynx)
 - Pneumonie (parenchyme pulmonaire et fausse déglutition de tissus nécrosés)
 - Inrumination et météorisation (œsophage, piliers du rumen)
 - Atteintes digestives et respiratoires fréquentes chez les veaux
- Évolution longue (3 à 4 mois) avec séquelles: tarissement, avortement, stérilité, amaigrissement, altération de la peau
- Mort fréquente en lien avec des complications:
 - Asphyxie/broncho-pneumonie, arrêt de la rumination, dénutrition grave
 - Toxémie et complications septiques fréquentes (lymphangite, abcès, fistules)
 - Chute des ongles/trayons/queue en lien avec la localisation des nodules

> Formes bénignes

- Signes cliniques peu prononcés, voire absents
- Réaction fébrile (2 à 5 j), hypertrophie ganglionnaire
- Nodules évoluant vers la cicatrisation en 3 à 6 semaines

Diagnostic

Nous présentons ici ce qu'il est possible de faire dans un contexte de surveillance événementielle, et par ordre de priorité pour les prélèvements et les méthodes de diagnostic.

> Prélèvements pour la recherche du virus

- Nodules cutanés ou, après autopsie, biopsie des lésions sur organes profonds (poumons, œsophage etc.). Biopsies placées à sec dans un flacon de transport: prélèvement de premier choix pour la recherche du virus
- Écouvillons (nasaux, oculaires et oraux), en milieu de transport (solution saline avec antibiotiques, testée au Cirad)
- Sang (tube EDTA) durant la phase fébrile, avant généralisation des lésions cutanées ou les 3-4 j suivants



Figure 1. Manifestations cliniques de la DNCB lors de l'épizootie de 2015-2016 en Grèce (Tasioudi et al. 2015)

Acheminement sous froid positif: +4°C dans une boîte polystyrène contenant des sachets réfrigérants avec un délai ne dépassant pas 2 jours (délai impératif). Proscrire le stockage à température ambiante

> Mise en évidence de l'agent pathogène

Aucune épreuve n'est actuellement officiellement recommandée par l'OIE pour le dépistage de la DNCB dans le cadre du commerce international ou du mouvement des animaux.

- Méthodes de détection basée sur la PCR: méthodes rapides, sensibles et spécifiques
 - PCRs en temps réel ciblant différents gènes du Capripoxvirus (P32, GPCR, RPO30)
 - Séquençage de portions de gènes (GPCR, RPO30) sur les échantillons positifs

- Isolement du virus sur culture cellulaire de ruminants (lignées OA3, Ts, MDBK): détection d'effet cytopathogène (7 à 15 j) en combinaison avec l'identification du virus par qPCR spécifique et séquençage
 - Diagnostic sérologique par séroneutralisation (SNT) sur culture
- Technique sérologique la plus spécifique, mais réservée à des confirmations de diagnostic: pas utilisable en test de dépistage
- Présence des anticorps neutralisants à partir de 14 à 21 j post infection, avec atteinte du pic vers le 30^e jour post infection.
- Inconvénients: i) lecture des résultats après 10 j de culture, ii) sensibilité insuffisante pour mettre en évidence des titres faibles fréquemment rencontrés (immunité principalement à médiation cellulaire), iii) phénomènes d'échappement viral

la Bulgarie et la Macédoine (Ancienne République yougoslave de Macédoine - ARYM) en avril 2016, la Serbie en mai 2016, l'Albanie en juin 2016, et le Monténégro en juillet 2016 (elle a aussi progressé vers l'est – Arménie, Kazakhstan, Russie... – mais les données disponibles sont fragmentaires).

L'épizootie dans Balkans

Les données présentées dans cette section proviennent de la base de données européenne *Animal Disease Notification System* (ADNS: http://ec.europa.eu/food/animals/animal-diseases/not-system/index_en.htm) renseignée par les États membres de l'Union européenne (UE) et par les pays associés (dont la Turquie).

L'émergence de la DNCB en Grèce en août 2015 est très vraisemblablement liée à l'introduction du virus dans la partie européenne de la Turquie quelques mois auparavant. Un point chaud de transmission virale s'est installé à la frontière entre la Grèce et la Turquie, puis l'infection s'est propagée en Grèce vers l'ouest. Cependant le nombre de foyers observés en 2015 est resté relativement limité,

comme l'atteste l'allure de la courbe épizootique (Figure 2, panel supérieur).

En revanche, depuis avril 2016, une forte augmentation de l'incidence a été constatée, allant de pair avec une propagation rapide de l'infection vers le nord-ouest des Balkans. Le nombre de foyers observés en mai et juin 2016 dépasse en effet largement le nombre de foyers enregistrés en Turquie lors du pic épizootique de 2014, alors même que le pic d'incidence était jusqu'à présent constaté en août-septembre. Il faut d'ailleurs noter que les données de juillet 2016 sont incomplètes au moment où nous écrivons cet article.

D'autre part, la courbe épizootique présente des variations saisonnières régulières, avec un maximum d'activité virale observé en été (août et septembre), et un minimum en hiver et au début du printemps (janvier à mars). Un tel patron saisonnier est compatible avec l'hypothèse d'une transmission du virus de la DNCB par des arthropodes.

Le panel inférieur de la Figure 2 montre l'existence de points chauds (agrégations géographiques de foyers de DNCB) qui sont autant de points d'introduction autour desquels l'infection diffuse en tache

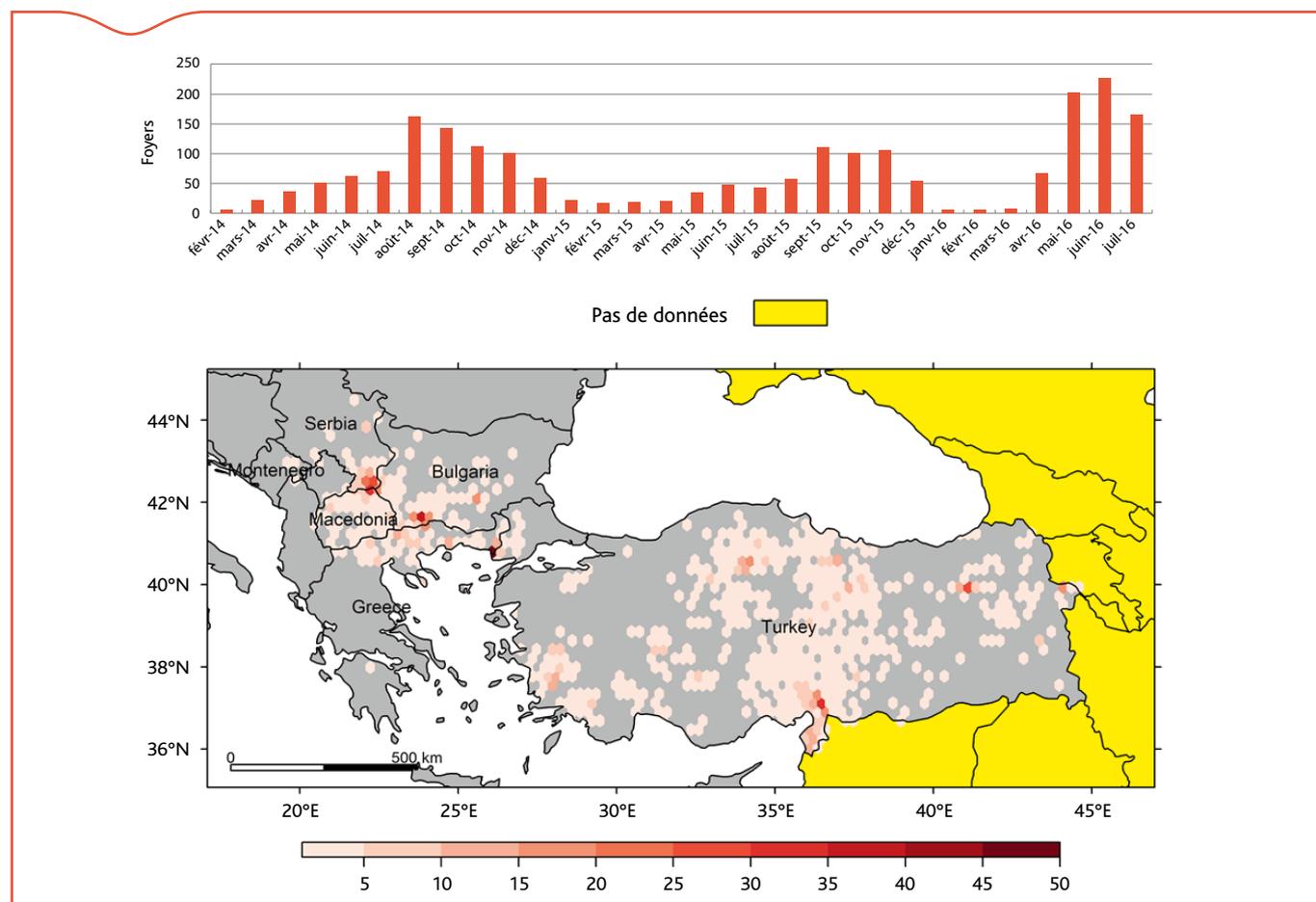


Figure 2. Courbe épizootique hebdomadaire (panel supérieur) et distribution géographique des foyers (panel inférieur) depuis l'introduction de la DNCB dans le centre-sud de la Turquie en novembre 2013 (notification à l'OIE en février 2014) jusqu'en juillet 2016 (données incomplètes pour ce mois, source des données: ADNS)

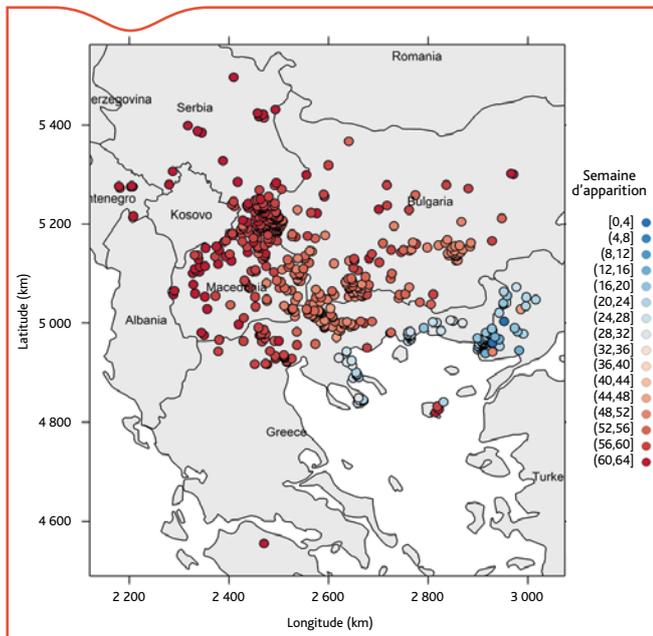


Figure 3. Diffusion spatiale de la DNCB depuis son introduction dans la partie européenne de la Turquie en mai 2015. Situation au 31 juillet 2016 (données incomplètes pour ce mois, source des données: ADNS)

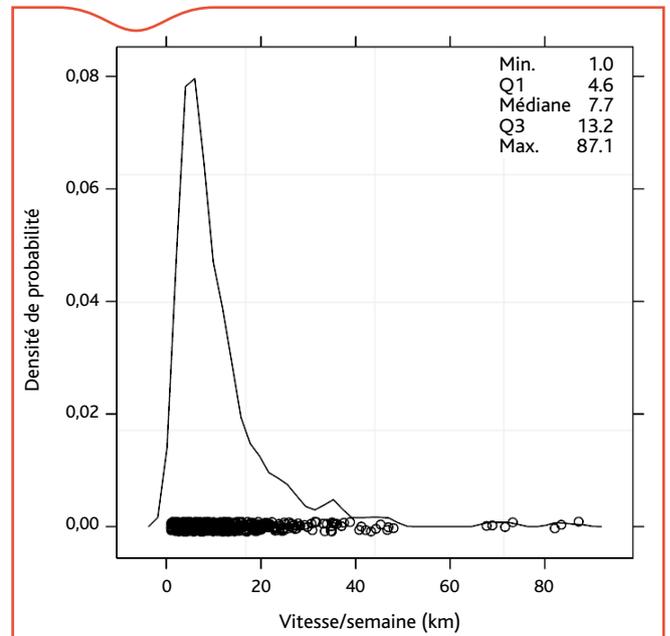


Figure 4. Estimation de la distribution de la vitesse de diffusion de la DNCB depuis son introduction dans la partie européenne de la Turquie en mai 2015 et jusqu'en juillet 2016 (données incomplètes pour ce mois, source des données: ADNS). Sur la ligne des abscisses, un rond = un foyer

Encadré 2. Dispositions réglementaires vis-à-vis de la DNCB

La DNCB est un danger sanitaire de 1^{re} catégorie faisant l'objet d'une déclaration obligatoire (arrêté ministériel du 29 juillet 2013). D'après la directive 92/119/CEE du 17 décembre 1992 et le code rural (article L 201-5 du CRPM), elle est soumise à un plan d'intervention sanitaire d'urgence, précisant la prise en charge immédiate de toute suspicion et les mesures de lutte en cas de confirmation (l'abattage, le zonage autour du site infecté et la restriction des mouvements d'animaux). La stratégie vaccinale peut venir en complément des mesures sanitaires décrites ci-dessus, après accord de la Commission européenne. Un pays n'ayant pas déclaré de cas confirmé de DNCB depuis au moins trois ans, et qui n'a pas mis en œuvre un programme de vaccination, est considéré comme indemne au sens du code sanitaire de l'OIE. Celui-ci encadre les conditions d'importation de bovins, de semences et de produits d'origine bovine.

d'huile. Ensuite, des transmissions à plus grande distance se produisent, générant de nouveaux points chauds, et ainsi de suite.

Pour estimer la vitesse de diffusion du virus de la DNCB dans les Balkans⁽¹⁾, nous avons sélectionné les données d'apparition des foyers depuis l'introduction du virus dans la partie européenne de la Turquie en mai 2015 (Figure 3). La médiane de la vitesse de diffusion est de 7,6 km/semaine, avec un intervalle interquartile de 4,6 à 12,7 km/semaine; la vitesse de diffusion est donc inférieure à 12,7 km/semaine dans 75 % des cas (Figure 4). Cependant, la distribution est très étalée vers la droite avec un maximum à 107,6 km/semaine. Cela est compatible avec l'hypothèse de deux processus conjoints pour la diffusion du virus de la DNCB: une diffusion à courte distance - la plus fréquente -, et une diffusion à plus longue distance - plus rare mais importante au plan épidémiologique. Il faut cependant remarquer que les valeurs extrêmes hautes sont instables, car collectées en plein pic épidémiologique mais pas saisies de manière synchrone par les différents pays.

La Figure 5 montre l'évolution du logarithme de la vitesse de diffusion du virus de la DNCB en fonction de la semaine d'occurrence des foyers,

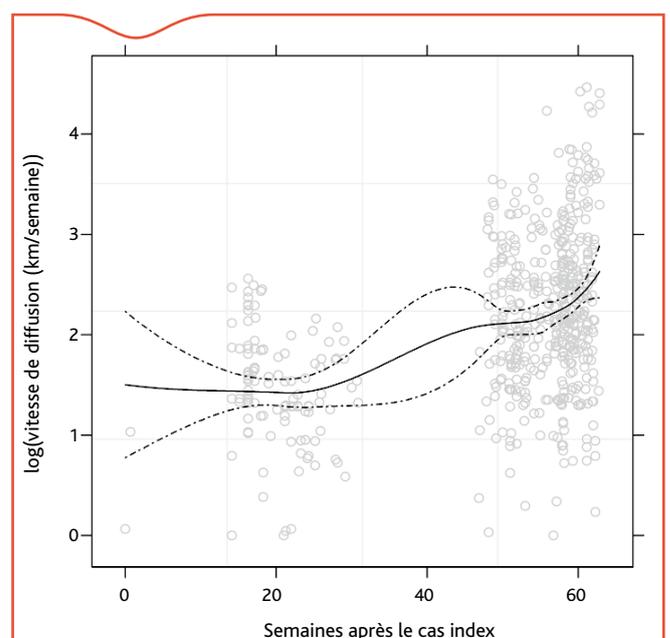


Figure 5. Variation de la vitesse de diffusion de la DNCB depuis son introduction dans la partie européenne de la Turquie en mai 2015 jusqu'en juillet 2016 (données incomplètes pour ce mois, source des données: ADNS). Les points gris représentent les données. La courbe en trait noir plein représente la tendance, estimée par un lissage de type loess. Les courbes en trait noir tireté représentent l'intervalle de confiance de la tendance à 95 %

mesurée à partir de l'introduction dans la partie européenne de la Turquie. On observe d'une part une tendance linéaire à l'augmentation de la vitesse avec le temps (courbe de lissage non paramétrique), et d'autre part une forte augmentation de la variabilité des vitesses au cours du temps. L'utilisation d'un modèle des moindres carrés généralisés avec hétérogénéité de la variance résiduelle (pour représenter cette augmentation de la variabilité) a permis de confirmer la significativité statistique de la tendance linéaire ($p > 10^{-4}$). Selon ce modèle, les vitesses estimées pour les semaines 20 (octobre 2015) et 60 (juillet 2016) sont respectivement de $4,5 \pm 0,5$ et $9,9 \pm 0,7$ km/semaine (moyenne et intervalle de confiance à 95 %).

(1) La procédure d'estimation de la vitesse de diffusion a été décrite par ailleurs (Tisseuil et al., 2015). Elle est fondée sur un modèle de régression linéaire de la semaine de première occurrence sur une fonction spline des coordonnées géographiques. Ce modèle est ensuite utilisé pour interpoler les données sur l'étendue géographique considérée. Les vitesses de diffusion sont déduites des données interpolées par l'intermédiaire du calcul d'un indicateur de friction de l'environnement (résistance à la diffusion de l'infection).

Sur les 747 foyers présents dans la base de données ADNS au 31 juillet 2016, il n'y avait que 257 foyers pour lesquels les données étaient complètes. Pour ces foyers, les taux (en %) de morbidité, de mortalité et de létalité étaient respectivement de $7,5 \pm 0,9$, de $0,9 \pm 0,3$ et de $11,9 \pm 4,1$. Ces estimations sont comparables avec les observations faites en Grèce en 2015: morbidité de 8,7 % et mortalité de 0,4 % (Tasioudy et al., 2016). Plus généralement, elles sont cohérentes avec les données connues sur la DNCB (Encadré 1).

Mesures de lutte adoptées dans les pays infectés

À mesure qu'ils étaient confrontés à la maladie, les pays touchés ont mis en place dans le respect des directives européennes des zones de protection (3 km), de surveillance (10 km) et de restriction (50 km). Des politiques d'abattage partiel ou total, de désinsectisation et de restriction des mouvements ont été appliquées.

Il n'existe aucun vaccin contre la DNCB disposant d'une autorisation de mise sur le marché (AMM) dans l'UE, mais la Commission européenne autorise les États membres à permettre provisoirement l'utilisation de vaccins ne disposant pas d'une AMM en cas de maladie épizootique grave, telle que la DNCB (article 8 de la directive 2001/82/CE du Parlement européen et du Conseil⁽²⁾). L'UE a aussi officiellement approuvé pour la Bulgarie, le 14 juillet 2016, le programme de vaccination d'urgence (directive 2016/1183). La vaccination a été mise en place en utilisant, selon les pays, deux vaccins différents: i) LSD vaccine (Onderstepoort Biological Products – Afrique du Sud) et ii) Lumpyvax (MSD santé animale – Intervet Afrique du Sud).

En Grèce, la couverture vaccinale est rapportée comme étant de 100 % dans les zones infectées et partielle dans les zones tampon. Le pays a fait une demande d'aide pour pouvoir vacciner tout le cheptel. En Macédoine, la vaccination a été lancée le 24 mai 2016. Elle est programmée dans tout le pays, et la couverture de l'ensemble du territoire national était estimée pouvoir être atteinte en un mois et demi. En Serbie, les zones affectées bénéficient d'une couverture totale et les zones tampon d'une couverture partielle. En Bulgarie, une partie du cheptel a été vaccinée et l'objectif est d'obtenir une couverture vaccinale totale.

Les pays frontaliers des Balkans sont en alerte et anticipent l'arrivée de la maladie sur leur territoire. La Roumanie met actuellement en place des mesures préventives. Des discussions ont lieu au niveau européen pour renforcer la stratégie sanitaire de surveillance et de lutte, au travers de la vaccination. En particulier, la question de la vaccination préventive est posée (afin de prévenir l'extension géographique de la maladie) alors qu'actuellement seule la vaccination pérfocale dans les zones infectées est permise par la réglementation.

Discussion - conclusion

Depuis son introduction en Europe du Sud-est, la DNCB continue sa diffusion dans les pays des Balkans, et les mesures de contrôle prises jusqu'alors n'ont pas été en mesure de stopper cette progression. La modélisation des données de surveillance a permis de documenter le patron épidémiologique de cette progression. Il faut cependant être prudent, car il s'agit de données provenant d'une surveillance événementielle, pour une maladie qui est en partie asymptomatique. Ainsi, l'observation à peu de jours d'intervalle de foyers parfois géographiquement distants (cf. supra) ne préjuge pas de l'existence

(2) Décision d'exécution (UE) 2016/1183 de la Commission du 14 juillet 2016 approuvant le programme de vaccination d'urgence d'animaux d'espèces bovines contre la dermatose nodulaire contagieuse et modifiant l'annexe de la décision d'exécution (UE) 2016/645 [notifiée sous le numéro C(2016) 4360].

de foyers non observés ou non déclarés entre ces foyers rapportés. De plus, la notification des foyers dans la base ADNS étant différée pour certains pays, seules la médiane et la moyenne de la vitesse de diffusion estimée sont relativement robustes (l'estimation devra être refaite une fois l'ensemble des données consolidé pour les vitesses maximales).

Quoi qu'il en soit, il s'agit de la première incursion de la DNCB en Europe, la diffusion en est relativement rapide et l'ampleur importante. Il convient donc d'être vigilant quant à la propagation de cette épizootie. Il sera également important de caractériser la souche de virus impliquée dans l'épizootie⁽³⁾. La DGAL a saisi l'Anses pour connaître l'évolution du niveau de risque de l'apparition de la DNCB en France, avec une mise en situation pour calibrer une stratégie vaccinale si la détection de la maladie sur notre territoire n'était effective qu'après un mois de circulation virale; l'avis est attendu pour fin 2016.

Sans attendre l'avis de l'Anses, la DGAL a décidé le déploiement d'un dispositif de surveillance dédié de la DNCB sur notre territoire. À cette fin, la thématique DNCB a été ajoutée au programme de travail de la Plateforme ESA et un groupe de suivi a été constitué (voir sa composition dans les remerciements). Ce groupe a pour première mission de décliner opérationnellement un dispositif de surveillance événementielle, dont l'objectif est de détecter au plus vite l'introduction de la maladie en France. Une instruction aux services vétérinaires est en cours d'écriture, et une campagne de sensibilisation auprès des éleveurs et des vétérinaires sera déclinée à l'automne. Par ailleurs, le LNR DNCB a développé des outils de diagnostic (PCR quantitative pan-Capripoxvirus et PCR quantitative DNCB) qui seront utilisés en cas de suspicion clinique.

Remerciements

Au groupe de suivi DNCB de la Plateforme ESA pour la relecture du manuscrit: Adilva (Jean Guillotin), Anses (Didier Calavas, Julien Cauchard, Pascal Hendrikx, Marc Savey), Cirad/Inra-LNR (Philippe Caufour, Lucile Mounier), Cirad/Inra-VSI (Renaud Lancelot, Alizé Mercier), DGAL (Anne Bronner (SASPP), Régis Dutot (SDSPA), Séverine Rautureau et Célia Malhère (MUS), Loïc Cartau (BERL), Alexandre Fediaevsky et Manon Hamon (BSA)), Coop de France (Philippe Amar), GDS France (Isabelle Tourette), SNGTV (Eric Collin, Soline Hosteing), et à Bruno Peiffer (DGAL, BERL) membre de la cellule d'animation de la VSI de la Plateforme ESA.

Au Dr Konstantia Tasioudi du laboratoire de virologie d'Athènes et ses co-auteurs qui nous ont permis d'utiliser leurs photos.

Références bibliographiques

- Barnard B.J., Munz E., Dumbell K., Prozesky L. 1994. Lumpy skin disease. Coetzer, J.A.W., Thomson G.R., Tustin R.C. (Eds.), Infectious diseases of livestock, Oxford University Press, Cape Town, South Africa, pp. 604–612.
- Lefèvre, P.C., Gourreau, J.M. 2003. Principales maladies infectieuses du bétail. Europe et régions chaudes. 30. Dermatose nodulaire contagieuse. in Lefèvre, P.C.; Blancou, J. & Chermette, R. (Eds.), Paris, Lavoisier, vol. 2, 429-443.
- OIE Manuel terrestre (2016) Lumpy skin disease. Chapter 2.4.13.
- Tasioudi K.E., Antoniou S.E., Iliadou P., Sachpatzidis A., Plevraki E., Agianniotaki E., Fouki C., Mangana-Vougiouka O., Chondrokouki E., Dile C. 2016 Emergence of Lumpy Skin Disease in Greece, 2015. *Transbound Emerg Dis.* Jun;63(3):260-5. doi: 10.1111/tbed.12497. Epub 2016 Mar 18.
- Tisseuil C., Gryspeirt, A., Lancelot R., Pioz M., Liebhold A., Gilbert, M. 2015 Evaluating methods to quantify spatial variation in the velocity of biological invasions. *Ecography*, 38, 001-010.
- Weiss K.E. 1968 Lumpy skin disease virus. *Virol. Monogr*, 3, 111-131.

(3) Cette caractérisation s'effectue par séquençage de gènes spécifiques, par exemple les gènes RP30 ou GPCR dont la séquence est disponible (GenBank) pour de nombreuses souches virales de DNCB. Cette caractérisation permettrait d'étudier l'historique de circulation des souches virales dans la région étudiée.

Brève. Quatre nouveaux foyers d'infestation par le petit coléoptère des ruches détectés en Calabre Short item. Four new small hive beetle outbreaks detected in Calabria

Stéphanie Franco (1) (stephanie.franco@anses.fr), Marion Laurent (1), Pascal Hendrikx (2)*, Marie-Pierre Chauzat (1, 2)

(1) Anses, laboratoire de Sophia-Antipolis, unité Pathologie de l'abeille, Sophia-Antipolis, France

(2) Anses, unité de coordination et d'appui à la surveillance, Lyon, France

* membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme d'épidémiologie en santé animale (Plateforme ESA)

Mots-clés: Abeille, *Aethina tumida*, petit coléoptère des ruches, Italie, surveillance/**Keywords:** Honeybee, *Aethina tumida*, Small hive beetle, Italy, Surveillance

Quatre nouveaux foyers d'infestation par le petit coléoptère des ruches ont été détectés en Calabre les 25 et 28 juillet 2016. Ils sont situés à 100 km environ de la zone de protection initiale établie à Gioia Tauro en septembre 2014.

Le système d'alertes sanitaires de l'OIE (WAHIS) rapporte qu'un premier foyer⁽¹⁾ d'*Aethina tumida* a été détecté à Cosenza, en Calabre, le 25 juillet 2016 dans le cadre de la surveillance effectuée dans un rucher⁽²⁾ composé de douze nucléi⁽³⁾ (OIE-WAHIS, 2016). Seuls deux *A. tumida* adultes ont été observés dans ce foyer. L'enquête épidémiologique effectuée après la confirmation a conduit à identifier, le 28 juillet 2016, trois autres ruchers infestés appartenant au même apiculteur. Des adultes en faible nombre (maximum deux) ont été détectés dans ces trois foyers; l'un d'entre eux était également infesté par des centaines de larves selon le LNR italien. L'ensemble des ruchers se trouve dans un rayon de 3 km. Une interdiction de déplacement est appliquée dans une zone d'un rayon de 10 km autour des quatre foyers identifiés (Figure 1). Les foyers sont à environ 100 km de la première zone de protection établie à Gioia Tauro en Calabre en septembre 2014 où, à ce jour, tous les foyers ont été détectés, le dernier en date du 5 juillet 2016 dans un nucléi sentinelle (Figure 2). Des examens cliniques sont en cours dans d'autres ruchers dans une zone de 1 km de rayon autour du premier foyer détecté à Cosenza, avec des résultats négatifs à ce jour (Figure 1). Une enquête épidémiologique est en cours pour établir la voie d'introduction.

Sur les quatre ruchers infestés récemment découverts à Cosenza, six colonies se sont révélées infestées sur les 128 présentes. La totalité des colonies de ces ruchers a été détruite.

Contrairement aux précédents cas détectés en Calabre, la distance entre ces nouveaux foyers et la zone de protection en place dans la région est particulièrement importante (environ 100 km, Figure 3). Cet éloignement peut laisser supposer que la dissémination de l'infestation n'est pas liée à une dispersion naturelle d'*A. tumida* mais pourrait être liée aux activités humaines, et plus particulièrement apicoles. Le travail de modélisation effectué par l'EFSA indique en effet qu'en l'absence de mouvements de ruches, il faudrait plus de 100 ans pour que la dispersion naturelle du petit coléoptère atteigne la région des Abruzzes située à environ 250 km de la Calabre (EFSA, 2015).

Par ailleurs, et comme dans la plupart des précédents foyers, il est à noter qu'un nombre faible de colonies a été détecté infesté et qu'un seul rucher présentait des larves. Une première explication optimiste peut être donnée à ces observations à savoir une faible reproduction et circulation du parasite, liée au caractère récent de l'introduction et à l'efficacité des mesures de lutte mises en place. La presse apicole (Abeille de France, 2016) et notamment un scientifique allemand (Spiewok, 2016) se font l'écho d'explications moins favorables, comme le refus de certains apiculteurs de déclarer les cas aux autorités officielles italiennes et une volonté de masquer les cas lors des inspections sanitaires. Toujours selon ces mêmes sources, les inspections seraient réalisées de manière hétérogène par manque de formation des inspecteurs conduisant à une sous-estimation du taux d'infestation des colonies en raison d'inspections incomplètes ou arrêtées dès la découverte des premiers spécimens d'*A. tumida* dans la ruche.

La présence de larves d'*A. tumida* dans deux des quatre foyers est enfin le signe d'un développement déjà avancé du parasite dans les colonies

(1) Un foyer est un rucher où au moins une colonie est reconnue infestée par *Aethina tumida*.

(2) Un rucher est un ensemble de ruches réunies sur un même emplacement.

(3) Un nucléi est une petite colonie d'abeilles, ayant généralement de deux à cinq cadres de couvain. Ils servent pour l'élevage ou le stockage des reines ou pour démarrer une nouvelle colonie.

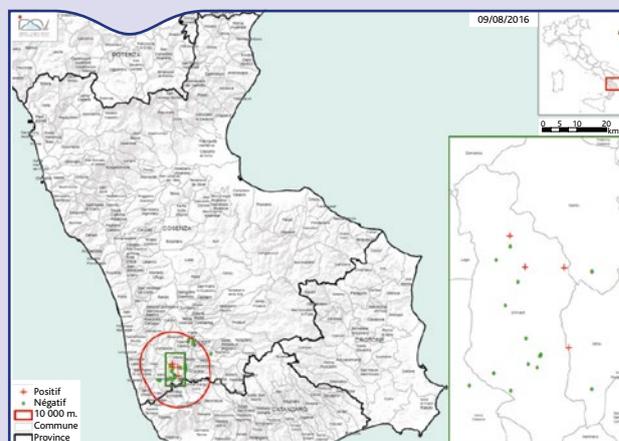


Figure 1. Localisation des quatre foyers d'*Aethina tumida* identifiés les 25 et 28 juillet 2016 à Cosenza (source: IZSV)

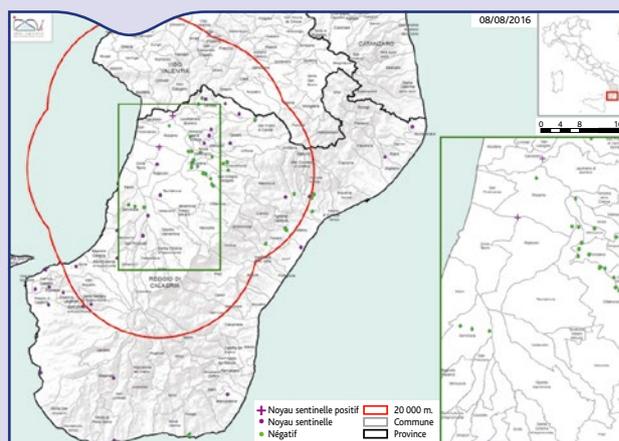


Figure 2. Localisation des foyers d'*Aethina tumida* découverts en 2016 dans la zone initiale d'infestation de Reggio di Calabria au 08/08/2016 (source: IZSV)

touchées, indiquant une détection peu précoce de l'infestation.

Ces différents éléments montrent une nouvelle fois la difficulté à éradiquer l'infestation sur le territoire italien et soulignent l'importance de maintenir un niveau de vigilance élevé vis-à-vis de l'introduction du petit coléoptère des ruches en France.

Références bibliographiques

Abeille de France, 2016. Les nouvelles du petit coléoptère des ruches. Abeille de France, 30, n°1033, mars 2016.

EFSA AHAW Panel (EFSA Panel on Animal Health and Welfare), 2015. Scientific opinion on the survival, spread and establishment of the small hive beetle (*Aethina tumida*). EFSA Journal 2015;13(12):4328, 77 p. doi:10.2903/j.efsa.2015.4328

OIE-WAHIS. 2016. Small hive beetle infestation (*Aethina tumida*), Italy (29/07/2016), Follow-up report No 7. http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page_refer=MapFullEventReport&reportid=20615

Spiewok S. 2016. Wir versuchen das selbst zu regeln. Deutsches Bienen-

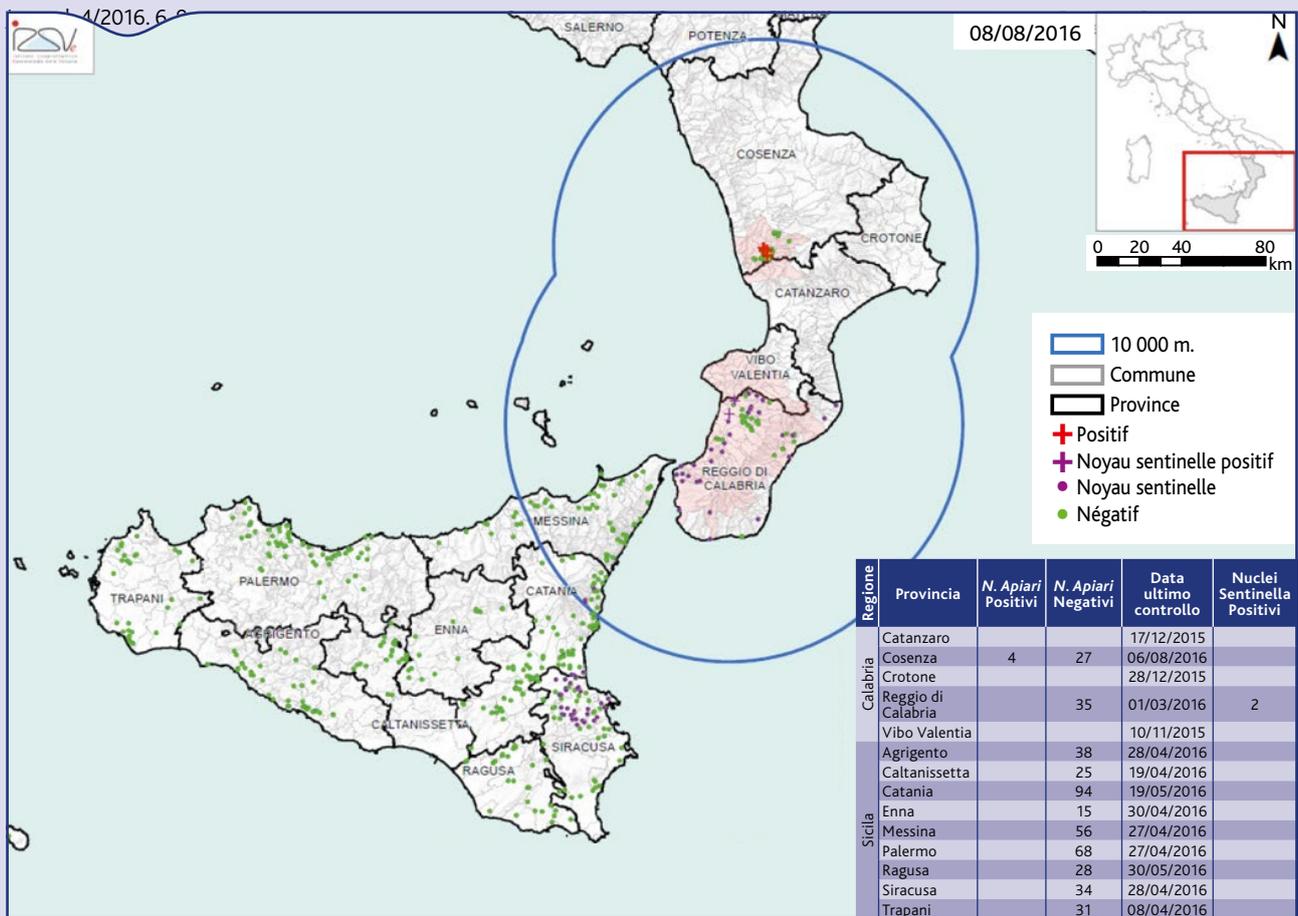


Figure 3. Zone de surveillance en Calabre au 8 août 2016 (source: IZSV)

Retrouvez tous les numéros du *Bulletin épidémiologique* au format électronique
<http://bulletinepidemiologique.mag.anses.fr/>



[Aller au menu](#) [Aller au contenu](#) [Aller à la recherche](#) [Accessibilité](#) [Plan du site](#) FR | EN

Bulletin épidémiologique
 Santé animale - alimentation

[Présentation](#) | [Tous les numéros](#) | [English](#) | [Abonnement électronique](#) | [Contact](#)

NUMÉRO 70 BULLETIN ÉPIDÉMIOLOGIQUE septembre 2015

ÉDITO

Dans ce numéro de rentrée, deux premiers articles sont consacrés à la tuberculose bovine, qui témoigne des recherches mises en œuvre d'une part pour évaluer les performances de modalités de surveillance alternatives à la tuberculination (protocole interféron gamma) quand celle-ci est difficile à mettre en œuvre, et d'autre part pour contribuer à mieux comprendre les déterminants de la situation épidémiologique. À ce propos, la biologie moléculaire, en caractérisant très finement les souches de *M. bovis*, constitue un outil précieux pour l'épidémiologie.

AU SOMMAIRE

ARTICLES

Tuberculose bovine en France : cartographie des souches de *Mycobacterium bovis* entre 2000-2013
Auteur : Maria Laura Boschioli, Lorraine Michelet, Amandine Hauer, Krystel de Cruz, Aurélie Courcou, Sylvie Hénault, Aurore Palisson, Claudine Karoui, Franck Biet, Gina Zanella

Situation épidémiologique vis-à-vis de la tuberculose des élevages de bovins dits « sauvages » de la zone Camargue : évolution depuis 2009 et bilan de l'utilisation du test de dépistage interféron
Auteur : Stéphanie Desvaux, Magali Breton, Daniel Puglièse, Sophie Jean-Baptiste, Marie-Line Lovato, Florence Smyej, Anne Grob, Joanne

ACTUALITÉS

RÔLE DES SERVICES VÉTÉRINAIRES DANS LA GESTION D'UN FOYER DE PESTE PORCINE CLASSIQUE DANS LA FAUNE SAUVAGE ET DE SES SUITES
Télécharger le document

SURVEILLANCE POST-VACCINALE DE LA PESTE PORCINE CLASSIQUE CHEZ LE SANGLIER DES VOSGES DU NORD (2010-2014) : DIFFICULTÉS ET PERSPECTIVES
Télécharger le document

VISITE SANITAIRE BOVINE 2014 (1) : PERCEPTION ET ATTITUDES DES ÉLEVEURS ET DES VÉTÉRINAIRES VIS-À-VIS DE LA DÉCLARATION OBLIGATOIRE DES AVORTEMENTS
Télécharger le document

Télécharger le numéro

Consultez l'article de votre choix grâce à une recherche ciblée par sujet, auteurs et mots du titre.

[Aller au menu](#) [Aller au contenu](#) [Aller à la recherche](#) [Accessibilité](#) [Plan du site](#) FR | EN

Bulletin épidémiologique
 Santé animale - alimentation

[Présentation](#) | [Tous les numéros](#) | [English](#) | [Abonnement électronique](#) | [Contact](#)

2009 2010 2011 2012 2013 2014 **2015**

ACTUALITÉS

RÔLE DES SERVICES VÉTÉRINAIRES DANS LA GESTION D'UN FOYER DE PESTE PORCINE CLASSIQUE DANS LA FAUNE SAUVAGE ET DE SES SUITES
Télécharger le document

SURVEILLANCE POST-VACCINALE DE LA PESTE PORCINE CLASSIQUE CHEZ LE SANGLIER DES VOSGES DU NORD (2010-2014) : DIFFICULTÉS ET PERSPECTIVES
Télécharger le document

VISITE SANITAIRE BOVINE 2014 (1) : PERCEPTION ET ATTITUDES DES ÉLEVEURS ET DES VÉTÉRINAIRES VIS-À-VIS DE LA DÉCLARATION OBLIGATOIRE DES AVORTEMENTS
Télécharger le document

N° 66 Bulletin épidémiologique : mars 2015 >>> | N° 67 Bulletin épidémiologique : mars 2015 >>> | N° 68 Bulletin épidémiologique : mai 2015 >>> | N° 69 Bulletin épidémiologique : juin 2015 >>>

[Aller au menu](#) [Aller au contenu](#) [Aller à la recherche](#) [Accessibilité](#) [Plan du site](#) FR | EN

Bulletin épidémiologique
 Santé animale - alimentation

[Présentation](#) | [Tous les numéros](#) | [English](#) | [Abonnement électronique](#) | [Contact](#)

ABONNEMENT ÉLECTRONIQUE BE

Pour être informé, par courriel, de la parution du dernier numéro du BE, merci de compléter le formulaire ci-dessous.

Utilisation des données personnelles
 Les informations recueillies par cette fiche de renseignements feront l'objet d'un traitement informatisé, destiné à la gestion des inscriptions à la lettre d'information électronique du Bulletin Épidémiologique Santé animale - Alimentation. Conformément à la loi "informatique et libertés" du 6 janvier 1978 modifiée, vous bénéficiez d'un droit d'accès et de rectification aux informations qui vous concernent. Vous pouvez exercer ce droit auprès de la Direction de l'information, de la communication et du dialogue avec la société de l'Anses par courrier électronique. Vous pouvez également vous opposer au traitement des données qui vous concernent pour un motif légitime.

* Champ requis

Nom *
 Prénom
 Courriel *
 Profession
 Organisation
 CAPTCHA

Erratum

Dans l'article de Jean-Philippe Amat *et al.* « Évaluation comparative de trois systèmes de surveillance de maladies infectieuses équine par la méthode Oasis flash et propositions d'améliorations », deux erreurs ont été identifiées suite à la mise en page :

- Figure 2, la deuxième maladie est « artérite virale équine » et non anémie virale équine,
- Figure 3, il s'agit bien en premier de l'« anémie infectieuse des équidés », mais ensuite de l'« artérite virale équine », et enfin de la « métrite contagieuse équine ».

Ces erreurs présentes dans la version papier ont été corrigées dans la version numérique de l'article disponible sur le site <http://bulletinepidemiologique.mag.anses.fr/>

Directeur de publication: Roger Genet
Directeur associé: Patrick Dehaumont
Comité de rédaction: Didier Boisseleau, Anne Brisabois, Corinne Danan, Benoît Durand, Françoise Gauchard, Pascal Hendrikx, Paul Martin, Elisabeth Repérant, Sylvain Traynard
Rédacteur en chef: Didier Calavas
Rédactrice en chef adjointe: Anne Bronner
Editeur scientifique: Julien Cauchard

Secrétaire de rédaction: Vera Vavilova-Kant
Responsable d'édition: Fabrice Coutureau
Assistante d'édition: Céline Leterq
Webmaster du site du BE: Julien Vigneron
Anses - www.anses.fr
14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort Cedex
Courriel: bulletin.epidemie@anses.fr

Conception et réalisation: Parimage
Crédits photos: Anses, Parimage
Impression: Bialec
65 boulevard d'Austrasie - 54000 Nancy
Tirage: 3500 exemplaires
Dépôt légal à parution/ISSN 1630-8018

