



Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

Mars 2012 trimestriel/numéro 48

Page 2

Plateforme nationale de surveillance
épidémiologique en santé animale :
missions prioritaires et organisation

Page 6

L'hydatidose porcine en Corse :
épidémiologie et caractérisation
moléculaire

Page 10

Investigations épidémiologiques
et microbiologiques de récents foyers
de typhose et de pullorose
chez les volailles en France

Page 14 - Brève

Détections du virus influenza
pandémique A/H1N1 (2009)
chez des porcs en France métropolitaine

Page 14

Émergence du virus Schmallenberg

ÉDITORIAL

Dans ce premier numéro de 2012, vous trouverez un article présentant la Plateforme de surveillance épidémiologique en santé animale mise en place en octobre 2011. Cette nouvelle organisation en santé animale est une des sorties importantes des États généraux du sanitaire tenus en 2010. Elle réunit dans un espace de travail collaboratif l'administration, l'Anses et des organisations professionnelles agricoles et vétérinaires ainsi que les laboratoires d'analyse. Elle vise à optimiser la surveillance épidémiologique, afin de permettre à la fois une gestion des risques et une évaluation des risques pertinentes. Son implication face au phénomène émergent que connaît l'Europe du nord (infection à virus SBV ou Schmallenberg virus), avec la mise en place d'une surveillance clinique dans notre pays par la DGAL entre Noël et le jour de l'an, témoigne de sa réactivité et de la pertinence de son existence (voir l'article en fin de numéro, en ligne depuis le 20 décembre 2011).

La diffusion des résultats de la surveillance est une composante importante de l'action de la Plateforme. Le *Bulletin épidémiologique* contribuera de manière significative à cette action, en particulier par la diffusion annuelle de bilans de la surveillance, comme cela a été le cas avec le numéro 40 pour le bilan 2009 ou le numéro 46 pour le bilan 2010, mais également par des informations tout au long de l'année (voir la brève sur les influenza virus porcins). Le bilan 2010 a fait l'objet d'une traduction intégrale en anglais et sera prochainement en ligne, contribuant ainsi à la diffusion des résultats de la surveillance en France aux plans européen et mondial.

Mais le *Bulletin épidémiologique* ne se limite pas à l'épidémiosurveillance en santé animale dans les domaines couverts par la Plateforme. Il continuera à couvrir l'hygiène alimentaire et à aborder toutes les facettes de l'épidémiologie au-delà de la surveillance : investigations épidémiologiques (voir l'article sur la pullorose), surveillance de maladies non réglementées (voir l'article sur l'hydatidose), études d'épidémiologie analytique et modélisations.

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'alimentation, de la pêche, de la ruralité et de l'aménagement du territoire.

Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale : missions prioritaires et organisation

Didier Calavas (1) (didier.calavas@anses.fr), Alexandre Fediaevsky (2), Éric Collin (3), Anne Touratier (4), Philippe Amar (5), Viviane Moquay (6), Clara Marcé (2), Anne Bronner (1,2), Pascal Hendrikx (7)

(1) Anses, Laboratoire de Lyon

(2) Direction générale de l'alimentation, Bureau de la santé animale, Paris

(3) Société nationale des groupements techniques vétérinaires, Paris

(4) GDS France, Paris

(5) Coop de France, Paris

(6) Association française des directeurs et cadres des laboratoires vétérinaires publics d'analyses, Paris

(7) Anses, Direction scientifique des laboratoires, Maisons-Alfort

Résumé

La surveillance épidémiologique est la base de toute politique de prévention et de lutte contre les maladies. Elle vise à fournir des informations et des analyses précises et fiables sur la situation épidémiologique des maladies présentes en vue de l'adoption de mesures de lutte appropriées et exerce une vigilance vis-à-vis de l'introduction de maladies exotiques. C'est sur ces considérations que les États généraux du sanitaire ont proposé la création d'une Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale.

Cette Plateforme a pour finalité de s'assurer de l'adéquation entre les dangers sanitaires présents ou qui menacent le territoire et les dispositifs mis en place pour surveiller ces dangers.

Elle est actuellement composée de six membres titulaires : DGAL, Anses, SNGTV, GDS France, Coop de France et Adilva. Son pilotage est assuré par le Comité national d'épidémiosurveillance en santé animale (Cnesa). La première réunion du Cnesa le 20 octobre 2011 a marqué le lancement officiel de la plateforme. La trame de son organisation fonctionnelle et les grandes lignes d'un premier programme de travail ont été validées. Sept thématiques prioritaires ont été définies pour 2012 : tuberculose bovine, avortements des ruminants, influenza virus porcins, pestes aviaires, maladies des abeilles, FCO, mortalité des mollusques.

Mots clés

Surveillance épidémiologique, santé animale

Abstract

National epidemiological surveillance platform for animal health priority missions and organisation

Epidemiological surveillance is the basic pre-requisite for any policy for preventing and controlling diseases. It is designed to provide precise and reliable information and analyses of the epidemiological status of diseases that have broken out, in order to enable the authorities to adopt suitable control measures and also to prevent the introduction of exotic diseases. It was with this in mind that the French national consultation on the health sector (États généraux du sanitaire) proposed setting up a national epidemiological surveillance platform for animal health.

The aim of this platform is to ensure that the measures taken to monitor threats to animal health are adequate for dealing with current health hazards or hazards which threaten French territory.

At the moment it consists of six standing Members: DGAL, ANSES, SNGTV, GDS France, Coop de France and Adilva. It is being run by the national epidemiological surveillance committee for animal health (CNESEA). The platform was officially launched at the first meeting of CNESEA on 20 October 2011. Its organisational framework and the guidelines for its first work programme were validated at the meeting. Seven priorities were defined for 2012: bovine tuberculosis, abortion in ruminants, swine influenza virus, avian influenza, bee diseases, bluetongue, oyster mortality.

Keywords

Epidemiological surveillance, animal health

Essentielle à toute politique de prévention et de lutte contre les maladies, la surveillance épidémiologique fournit des informations et des analyses précises et fiables sur la situation et l'évolution épidémiologiques des maladies présentes sur le territoire. Elle permet également d'exercer une vigilance vis-à-vis de l'introduction de maladies nouvelles sur le territoire ou de la réémergence de maladies éradiquées.

Les informations obtenues sur les maladies ou syndromes surveillés constituent l'outil essentiel pour la décision de la mise en œuvre de mesures de prévention et/ou de lutte, d'en définir le contour, d'évaluer leur efficacité et de les faire évoluer.

Bien que la situation sanitaire de notre pays en matière de santé animale soit actuellement très favorable, un tel statut n'est jamais définitivement acquis et requiert une attention permanente.

Des cibles nouvelles à surveiller

Grâce aux progrès réalisés dans la lutte contre les principales maladies du bétail et suite aux nombreuses émergences récentes entraînant des pertes économiques lourdes et/ou un risque de transmission à l'Homme (encéphalopathie spongiforme bovine, fièvre catarrhale ovine, influenza aviaire, etc.), les enjeux liés à la santé animale ont largement évolué au cours des vingt dernières années.



La reconnaissance de la France comme pays officiellement indemne d'un grand nombre de maladies contagieuses (tuberculose bovine, brucellose, fièvre aphteuse ou rage par exemple) a permis de faire évoluer les enjeux de la surveillance épidémiologique vers la vigilance face à l'introduction de maladies désormais exotiques (fièvre aphteuse ou rage), sachant que les maladies ont souvent un impact en santé publique (plus de 70 % des agents pathogènes émergents sont transmissibles à l'Homme).

Les évolutions multiples de la société, des échanges commerciaux, de l'environnement, du climat, conduisent également à identifier de nouveaux risques, liés par exemple à la faune sauvage ou aux nouveaux animaux de compagnie.

Il ne s'agit donc plus seulement de surveiller et de suivre l'évolution de maladies installées, mais de repérer le plus précocement possible l'apparition de maladies nouvelles. Ainsi, les systèmes de surveillance actuels doivent être adaptés à ces nouvelles exigences en formalisant mieux les étapes de la surveillance avec une souplesse suffisante pour permettre les adaptations nécessaires. La mise en place de systèmes de surveillance non spécifiques d'une maladie donnée permet par exemple de couvrir un ensemble de maladies se traduisant par le même type d'effet (surveillance syndromique).

Ainsi l'analyse des données issues de la surveillance épidémiologique est essentielle pour détecter précocement les changements de situations; elle permet d'assurer la réactivité nécessaire à la maîtrise de situations défavorables et facilite une évaluation pertinente des risques sanitaires, afin d'éclairer la politique de santé animale et d'en évaluer l'efficacité.

C'est sur ces considérations que les États généraux du sanitaire organisés par le ministre en charge de l'agriculture (Encadré 1) ont proposé la création d'une Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale.

Optimiser la surveillance épidémiologique des risques sanitaires prioritaires en santé animale

L'objectif premier de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale est de faciliter la coordination, la déclinaison opérationnelle et le suivi des politiques de surveillance en santé animale adoptées et mises en œuvre par ses membres.

Elle doit en particulier s'assurer de l'adéquation entre les risques sanitaires présents ou qui menacent le territoire et les dispositifs mis en place pour les surveiller. Les travaux en cours de l'Anses⁽¹⁾ concernant la hiérarchisation des risques sanitaires présents sur le territoire ou qui le menacent (maladies dites exotiques) fourniront des éléments qui permettront de fixer des priorités d'action pour la Plateforme en ce qui concerne l'analyse des dispositifs de surveillance des dangers sanitaires prioritaires et leur renforcement si nécessaire.

Dans ce cadre, les missions opérationnelles de la Plateforme sont (Encadré 2):

- de participer à l'élaboration et à l'amélioration des dispositifs de surveillance épidémiologique;
- de faciliter la centralisation, la valorisation et le partage des données sanitaires;
- de contribuer à l'analyse des données sanitaires et à leur diffusion.

Par ailleurs, la Plateforme doit coordonner la mise en œuvre d'une veille internationale sur les risques sanitaires et produire périodiquement un rapport synthétique sur cette veille sanitaire.

Elle pourra identifier, proposer et le cas échéant coordonner des investigations épidémiologiques à mener à l'échelon local ou national en réponse à des évolutions particulières de situations épidémiologiques.

Ainsi, la Plateforme se positionne dans l'organisation de la santé animale comme un outil commun à l'ensemble des acteurs impliqués au niveau national dans la surveillance des dangers sanitaires. Elle agit pour et à la demande des décideurs, d'une part, dans un cadre général de missions définies et d'autre part, selon un programme annuel établi de façon consensuelle.

Encadré 1. La Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale, une préconisation des États généraux du sanitaire

Lancés en janvier 2010, les États généraux du sanitaire (EGS) ont ouvert une réflexion approfondie et partagée sur la politique nationale de sécurité sanitaire.

Au travers de 34 réunions, les EGS ont permis, en l'espace de trois mois, la rencontre de plus de 300 professionnels et experts de la santé animale et de la santé végétale et la production de plus de 100 contributions. Les conclusions remises en avril 2010 dessinaient une vision collective de l'organisation à mettre en œuvre pour mieux maîtriser les événements sanitaires et leurs conséquences économiques. Sur cette base, le ministre chargé de l'Agriculture a présenté en septembre 2010 un plan d'action détaillé en 40 points*, dont le premier prévoit la création d'une plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale.

L'objectif de cet outil est d'assurer la coordination et le bon fonctionnement des dispositifs de surveillance épidémiologique en santé animale à l'échelon du pays. Réunissant l'État, l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), GDS France, Coop de France, l'Association française des directeurs et cadres des laboratoires vétérinaires publics d'analyses (Adilva) et la Société nationale des groupements techniques vétérinaires (SNGTV), cette plateforme nationale est créée au niveau national et aura vocation à être déclinée au plan régional.

* <http://agriculture.gouv.fr/une-politique-de-securite,12276>

Encadré 2. Détail des missions opérationnelles de la Plateforme

Participer à l'élaboration et à l'amélioration des programmes de surveillance

- Proposer des protocoles de surveillance, ou leur évolution, à la demande des responsables des dispositifs concernés.
- Analyser les dispositifs de surveillance et identifier leurs points d'amélioration.
- Évaluer la mise en œuvre des dispositifs de surveillance selon une méthodologie qualitative (méthode Oasis).
- Définir, mesurer et suivre des indicateurs de fonctionnement des différents dispositifs de surveillance épidémiologique.

Faciliter la centralisation et le partage des données sanitaires

- Contribuer à la collecte, la standardisation et la consolidation des données sanitaires.
- Centraliser et mettre à disposition des membres de la Plateforme les informations relatives aux données sanitaires (métadonnées) relevant de son périmètre.
- Définir les conditions d'accès aux données sanitaires.

Contribuer à la valorisation des données sanitaires et à leur diffusion

- Analyser les données recueillies et les interpréter en lien avec les acteurs et préparer des bilans de surveillance à usage national ou international.
- Réaliser des synthèses sur la situation épidémiologique des maladies relevant de son périmètre.
- Animer et mettre en œuvre l'ensemble de la stratégie de retour d'information selon une procédure pré-définie, notamment via des bulletins d'information et un site Internet.
- Concourir à l'élaboration et la diffusion des plans spécifiques de formation et de sensibilisation nationaux.

(1) <http://www.anses.fr/Documents/SANT2008sa0390.pdf>

Une gouvernance partagée

La Plateforme est portée par six membres titulaires, qui ont signé une convention cadre « portant définition et organisation de la Plateforme française de surveillance épidémiologique en santé animale » : la Direction générale de l'alimentation (DGAL), l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), la Société nationale des groupements techniques vétérinaires (SNGTV), GDS France, Coop de France et l'Association française des directeurs et cadres des laboratoires vétérinaires publics d'analyses (Adilva). En fonction des sujets ciblés, d'autres partenaires pouvant apporter les compétences nécessaires à l'accomplissement des travaux de la Plateforme ou impliqués dans des dispositifs de surveillance épidémiologique spécifiques pourront rejoindre la Plateforme en qualité de membres associés.

Grâce aux membres qui la composent, la Plateforme permet de réunir les compétences et les connaissances nécessaires pour remplir ses missions : compétences scientifiques en épidémiologie et en pathologie animale, en méthodologie de surveillance épidémiologique, connaissances sur le fonctionnement des élevages et l'organisation des filières de production animales, sur les contraintes sanitaires réglementaires au niveau national et international, expertise sur la mise en œuvre des politiques de lutte et de contrôle des maladies.

Le pilotage de la Plateforme est assuré par le Comité national d'épidémiologie en santé animale (Cnesa). Ce comité est composé de représentants des membres titulaires et des membres associés et est présidé par la DGAL. Il propose les orientations stratégiques en matière de surveillance épidémiologique, assure le suivi de l'activité de la Plateforme et en fait un bilan régulier.

La première réunion du Cnesa s'est tenue le 20 octobre 2011. Elle a permis d'arrêter un programme de travail pour 2012 et marque ainsi le lancement officiel de la Plateforme. La trame d'une organisation fonctionnelle de la Plateforme (Encadré 3) et les grandes lignes d'un premier programme de travail ont été validées au cours de cette réunion.

Encadré 3. L'équipe opérationnelle

L'équipe opérationnelle de la plateforme est composée de membres issus des six membres titulaires. Elle est pilotée par un coordonnateur (Anses) et un coordonnateur adjoint (DGAL), auxquels sont associées des personnes ressources (épidémiologistes, informaticien, assistante). Elle rassemble des compétences en épidémiologie, surveillance épidémiologique, gestion et analyse statistique de données, pathologie animale. À cette équipe opérationnelle sont rattachés des correspondants de chacun des membres de la Plateforme, qui se réunissent au sein de groupes de travail thématiques.

Encadré 4. Thématiques sanitaires prioritaires pour 2012 et actions à décliner

Tuberculose bovine

Bien que globalement maîtrisée, la recrudescence récente de cette maladie et sa détection dans la faune sauvage soulève de nouvelles questions d'adaptation des dispositifs de surveillance.

- élaboration et suivi de tableaux de bord du suivi de la situation épidémiologique de la maladie;
- développement, calcul et interprétation des indicateurs de fonctionnement de la surveillance;
- évaluation du dispositif de surveillance et recommandations de mesures d'amélioration.

Avortements chez les ruminants

De nombreuses maladies abortives des ruminants présentes ou exotiques sont des zoonoses. La surveillance des avortements constitue un point critique de la vigilance vis-à-vis de ces maladies afin de mieux connaître la situation sur le territoire et d'assurer une détection précoce des maladies exotiques :

- mise en place d'un dispositif de surveillance de la fièvre Q dans des départements pilotes et analyse des données de la surveillance;
- mise en place d'un système d'analyse, de tableaux de bord de suivi de la situation et retour d'information sur les données issues de la déclaration obligatoire des avortements;
- évaluation du dispositif de surveillance et révision des modalités de surveillance des avortements chez les petits ruminants;
- développement, calcul et interprétation des indicateurs de fonctionnement de la surveillance des avortements.

Virus influenza chez le porc

Les virus influenza peuvent provoquer chez le porc des pertes économiques importantes et ont un potentiel de génération de crise. Des dispositifs ont été élaborés mais leur mise en œuvre et leur suivi doivent être renforcés.

- contribution à l'élaboration des protocoles de surveillance à l'échelon national et la mise en place pratique de la surveillance;
- aide à la définition d'indicateurs de fonctionnement des protocoles de surveillance.

Pestes aviaires

Les pestes aviaires sont susceptibles de créer d'importantes pertes économiques directes ou indirectes et l'influenza aviaire hautement pathogène a également un potentiel zoonotique. Différents dispositifs de surveillance existent pour ces maladies mais nécessitent d'être coordonnés et intégrés en un réseau de surveillance.

- évaluation des dispositifs de surveillance des pestes aviaires;
- réflexion sur le renforcement du suivi des actions de surveillance conduites sur le terrain.

Maladies des abeilles

Les troubles des abeilles, d'origine multi-factorielle, détectés depuis quelques années constituent une alerte importante pour la filière apicole, pour les filières qui en dépendent, pour la pollinisation et, au-delà, pour l'environnement. La mise en œuvre d'un dispositif de surveillance dédié est donc nécessaire :

- élaboration, mise en place et analyse des résultats de la surveillance dans un département pilote (Drôme) et son extension à cinq autres départements.

Fièvre catarrhale ovine

La fièvre catarrhale ovine n'est actuellement plus détectée en France, toutefois l'évolution de la maladie reste incertaine et nécessite un suivi rapproché et coordonné de la part des différentes parties prenantes :

- renforcement du suivi des activités de surveillance conduites sur le terrain et plus particulièrement au niveau de la collecte et de la gestion des données à l'échelon central.

Mortalité des mollusques

Les phénomènes de mortalité des huîtres observés depuis quelques années sont actuellement surveillés par un dispositif dont il convient d'étudier le fonctionnement pour procéder à des adaptations tenant compte de l'évolution des connaissances sur la situation épidémiologique :

- analyse du fonctionnement et des performances du réseau de surveillance Repamo;
- identification des points d'amélioration.

Un premier programme de travail pour 2012

Deux axes de travail, complémentaires, ont été définis :

- des actions ciblées sur des thématiques sanitaires prioritaires ;
- des développements méthodologiques sur les modalités de surveillance épidémiologique.

Les thématiques sanitaires aujourd'hui prioritaires pour la Plateforme sont la tuberculose bovine, les avortements chez les ruminants, les virus influenza chez le porc, les pestes aviaires, les maladies des abeilles, la fièvre catarrhale ovine et la mortalité des mollusques (Encadré 4).

Les développements méthodologiques (Encadré 5) consisteront à réaliser l'inventaire le plus exhaustif possible des dispositifs de surveillance épidémiologique existants, développer une méthodologie d'évaluation et de suivi des dispositifs de surveillance, mettre en place un centre de service de données épidémiologiques et développer un Centre de ressources sur l'épidémiosurveillance en santé animale qui permettra de mener à bien le travail collaboratif entre les membres de la Plateforme et l'information d'un large public.



Encadré 5. Développements méthodologiques

Inventaire des dispositifs de surveillance

Plus de 80 dispositifs de surveillance ont été identifiés, en regard d'une liste de plus de 160 dangers en santé animale. L'intérêt de l'inventaire est d'avoir une vision d'ensemble des activités qui pourraient bénéficier des services de la Plateforme et de s'accorder entre partenaires sur la description de l'organisation globale des dispositifs existants.

Cet inventaire fera l'objet d'un rapport publié par la Plateforme et d'une base de données mise à jour sur les dispositifs existants. Une information sera disponible dans le cadre d'un centre de ressources sur la surveillance épidémiologique en santé animale accessible via Internet.

Évaluation et suivi des dispositifs de surveillance

La Plateforme définira les modalités d'application d'une méthode d'évaluation standardisée (Oasis) des activités de surveillance et formera une équipe à même de conduire ces évaluations. De même, la Plateforme éditera une procédure formalisée d'évaluation des dispositifs de surveillance et de diffusion des résultats de l'évaluation. Par ailleurs, les outils existants pour l'élaboration des indicateurs de fonctionnement des dispositifs de surveillance seront adaptés pour une utilisation régulière pour l'ensemble des dispositifs entrant dans le champ de la Plateforme.

La liste des dispositifs à évaluer et à suivre en priorité sera élaborée.

Infocentre pour les données épidémiologiques

Les données nécessaires à la réalisation des objectifs de la Plateforme feront l'objet d'un inventaire détaillé afin notamment d'identifier les bases de données desquelles elles pourront être extraites. Ces travaux préliminaires permettront l'élaboration des cahiers des charges nécessaires au développement des bases pouvant permettre le partage et la valorisation des données.

L'infocentre sera constitué de deux outils complémentaires :

- un Centre de service de données épidémiologiques (CSD) dont l'objet est de disposer d'un outil d'extraction sécurisé et capable d'interopérabilité entre plusieurs systèmes d'information ; il sera développé dans le cadre de travaux conduits par le ministère chargé de l'Agriculture ;
- un ensemble de systèmes d'information décisionnels facilitant la consultation de certaines données, notamment à l'aide de tableaux de bord.

Cet infocentre doit permettre à l'ensemble des partenaires de la Plateforme d'accéder aux données nécessaires à une bonne analyse des dispositifs et à l'exploitation des informations sanitaires.

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est désormais consultable sur Internet.

Retrouvez tous les numéros du Bulletin épidémiologique sur :

www.anses.fr

www.agriculture.gouv.fr

Bulletin épidémiologique
Santé animale - alimentation

Accueil Actualités Archives du Bulletin Abonnement Liens Instructions aux auteurs Contact

Tous les numéros

bulletin épidémiologique numéro 44

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 / Deux cas humains familiaux de trichinellose liés à la consommation de sanglier de chasse / Seconde exposition humaine vis-à-vis de la larve du trématode *Alaria sp.* en France / Toxoinfection alimentaire collective à *Salmonella* Enteritidis suite à la consommation de viande de sanglier / Surveillance active de la résistance aux antibiotiques des *Salmonella* isolées de la viande "poulet de chair" à différents étages de la chaîne alimentaire (formées 2008-2010) / Identification préliminaire de souches de *Thalassovirus* isolées de perches et d'autres espèces de poissons / Étude de la persistance de *Histomonas meleagridis* dans les élevages de dindes atteints d'histomonose / Émergence en France d'un nouveau variant pathogène de virus de la maladie hémorragique virale du lapin

Bulletin épidémiologique numéro 43, spécial DOM TOM

Bilan des surmortalités des huîtres creuses *Crassostrea gigas* depuis 2008 / Étude de cas sur les foyers de brucellose porcine à Brucella suis biovar 2 en France métropolitaine entre 1991 et 2009 / Un foyer de brucellose bovine en Belgique ou l'importance de la surveillance en territoire officiellement indemne / Bilan de la surveillance obligatoire des salmonelles dans les troupeaux de l'espèce *Gallus gallus* en 2009 / 20 cas humains de lésions cutanées dues au virus cowpox / Détection d'événements inhabituels dans la surveillance nationale des salmonelles isolées de la chaîne agro-alimentaire / Fièvre achnéuse en Bulgarie en 2011

L'hydatidose porcine en Corse : épidémiologie et caractérisation moléculaire

Gérald Umhang (gerald.umhang@anses.fr), Céline Richomme, Franck Boué
Anses, Laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy

Résumé

L'hydatidose est une zoonose parasitaire causée par le tænia *Echinococcus granulosus*. L'Homme est considéré comme un cul-de-sac épidémiologique dans le cycle du parasite qui se déroule généralement entre le chien, hôte définitif principal, et les animaux de rente, hôtes intermédiaires principaux. En l'absence d'obligation de rapport détaillé en abattoir, la présence à l'échelle nationale ou départementale d'*E. granulosus* en France ainsi que le niveau de contamination des différents hôtes par le parasite demeurent inconnus. Une collecte d'échantillons sur porc a été menée dans un des territoires d'endémie historique du parasite, la Haute-Corse : tout kyste hydatique ou suspect lors de l'inspection des viandes à l'abattoir a été collecté d'octobre 2009 à juin 2010 et transmis au LNR pour diagnostic moléculaire de confirmation. Parmi les 2 441 porcs abattus au cours de la période, 205 échantillons contenant des kystes ont été collectés. Deux tiers (64,5 %) d'entre eux ont été diagnostiqués positifs pour le génotype mixte G6-7 d'*E. granulosus* correspondant à une prévalence apparente de l'hydatidose porcine à l'abattoir en Haute-Corse de 5,4 %. La confusion de la cysticercose avec l'hydatidose a été observée dans plus de 20 % des échantillons transmis. La prévalence observée dans cette étude sous-estime très certainement la prévalence réelle de l'hydatidose porcine en Corse du fait, malgré les avancées d'application de la réglementation, de l'abattage hors abattoir d'une proportion encore non négligeable du cheptel porcin pour laquelle les mesures d'assainissement (saisie des kystes) ne sont pas appliquées. La prévention de telles pratiques demeure pourtant la clé des mesures de prophylaxie de l'hydatidose.

Mots clés

E. granulosus G6-7, hydatidose, cysticercose, porc, Corse

Abstract

Porcine hydatidosis in Corsica: epidemiology and molecular characterisation

Hydatidosis is a parasitic zoonosis caused by infestation by the E. granulosus tapeworm. Humans are considered to be an epidemiological dead-end host in the lifecycle of this parasite which generally involves dogs as the main definitive host and livestock as the main intermediate host. The current presence of E. granulosus at national or departmental level in France and the contamination levels of the different hosts are not known due to the lack of compulsory slaughterhouse reporting. A sampling on swine was performed in Haute-Corse, a historically endemic area. All hydatid cysts and those suspected to be, found during meat inspection at the slaughterhouse were collected from October 2009 to June 2010 and sent to the NRL for molecular confirmation diagnosis. Among the 2,441 pigs sampled during this period, 205 cyst samples were collected. Two-thirds (64.5%) were diagnosed positive for genotype G6-7 of E. granulosus, corresponding to an apparent prevalence in slaughterhouses of porcine hydatidosis of 5.4% in Haute-Corse. The confusion between cysticercosis and hydatidosis was confirmed in more than 20% of cases. Furthermore the prevalence of porcine hydatidosis observed in this study is most likely underestimated due to the persistence of uncontrolled slaughtering of a significant number of pigs (without veterinary inspection or cyst elimination), despite improvements in regulatory compliance. Prevention of these practices nevertheless remains the key to effective prophylaxis in the fight against hydatidosis.

Keywords

E. granulosus G6-7, hydatidosis, cysticercosis, swine, pig, Corsica

L'hydatidose est une zoonose parasitaire causée par le tænia *Echinococcus granulosus*. L'Homme est considéré comme un cul-de-sac épidémiologique dans le cycle de vie du parasite qui se déroule généralement entre le chien, l'hôte définitif principal, et les animaux de rente (ovins, bovins, caprins, porcins), les hôtes intermédiaires principaux. Les vers adultes (3 à 8 mm) sont présents dans l'intestin des hôtes définitifs et libèrent leurs œufs qui sont répandus dans l'environnement *via* les fèces. Après ingestion de ces œufs par les hôtes intermédiaires, des kystes se forment dans le foie et/ou les poumons. Ils renferment un liquide hydatique clair et sous pression contenant les protoscolex, première forme du parasite adulte. La consommation des viscères contaminés par des chiens, uniquement rendue possible hors abattage réglementé, permet de boucler le cycle parasitaire. L'hydatidose est actuellement considérée comme l'une des infections parasitaires du bétail les plus présentes et l'une des zoonoses parasitaires les plus répandues dans le monde (Capuano *et al.* 2006, Craig *et al.* 2007).

Au sein de l'espèce *E. granulosus*, dix génotypes différents ont été décrits (Bowles *et al.* 1992, Bowles and McManus 1993, Nakao *et al.* 2007). Ces génotypes (nommés de G1 à G10) présentent des différences de spectre d'hôtes, de distribution géographique et d'impact chez l'Homme (Eckert and Thompson, 1997; Thompson, 1995). Toutefois, suite aux études phylogéniques récentes, la révision de la taxonomie d'*E. granulosus* est en cours et tend vers la création de nouvelles espèces regroupant un ou plusieurs de ces génotypes.

Au cours des vingt dernières années, suite aux mesures sanitaires mise en œuvre en France, le nombre d'animaux parasités en abattoir semble avoir fortement diminué. Cependant, en l'absence d'obligation de rapport détaillé lors de l'inspection des viandes et de la saisie des organes parasités en abattoir, la présence actuelle à l'échelle nationale ou départementale et le niveau de contamination des différents hôtes par *E. granulosus* en France demeurent inconnus. De plus la confusion possible lors du diagnostic macroscopique entre l'hydatidose et la cysticercose due à *T. hydatigena* (couramment appelé « boule d'eau ») ajoute une difficulté supplémentaire dans l'identification d'*E. granulosus*.

La Corse est considérée comme une région d'endémie historique de l'hydatidose, notamment du fait de la présence du parasite en Italie (Casulli *et al.* 2008) et surtout en Sardaigne (Varcasia *et al.* 2006). La majorité des animaux de rente abattus à l'abattoir en Corse sont des porcs. Une enquête durant une saison d'abattage porcin a été menée dans le département de la Haute-Corse. Des données ont été collectées dans le but de déterminer les foyers de l'hydatidose porcine, les génotypes d'*E. granulosus* impliqués, leurs localisations, les prévalences locales et la prévalence en abattoir pour le département, et d'estimer la confusion entre hydatidose et cysticercose. Ces informations sont essentielles pour une meilleure compréhension du niveau du risque d'infection et permettre la mise en place de mesures de prophylaxie efficaces.

Matériels et méthodes

La collecte d'échantillons s'est déroulée au cours de la saison d'abattage, d'octobre 2009 à fin juin 2010, dans l'unique abattoir de Haute-Corse situé à Ponte-Leccia. Lors de l'inspection des viscères en abattoir, tout kyste hydatique ou suspect, situé sur foie et/ou poumons des porcs inspectés, était collecté, congelé puis transmis au LNR. La présence d'un seul abattoir dans le département a permis d'effectuer une détection exhaustive des porcs infestés en parallèle du recensement des effectifs porcins abattus pendant la période étudiée. Au LNR, l'observation macroscopique du liquide kystique, lorsqu'il était présent, a permis de mettre en évidence la présence ou non de protoscolex (Figure 1), preuve de la fertilité du kyste. Des protoscolex, ou à défaut un prélèvement de la membrane kystique, ont été utilisés pour les analyses moléculaires. Une première analyse, par PCR (cox1, Bowles *et al.* 1992) puis séquençage, a permis l'identification de l'espèce parasitaire. Pour les échantillons positifs à *E. granulosus*, l'analyse par PCR d'une séquence génétique supplémentaire (nad1, Bowles *et al.* 1993) a permis de confirmer le génotype obtenu auparavant (Figure 2).

Résultats

Parmi les 2 441 porcs inspectés au cours de la période d'enquête, 205 prélèvements de kystes ont été collectés. Seuls des kystes sur foie ont été prélevés, aucun kyste sur poumon n'ayant été observé. Le premier marqueur moléculaire a permis de mettre en évidence 64,5 % de prélèvements positifs pour *E. granulosus* (n=133), dont 28,6 % qui étaient fertiles, conduisant à une prévalence apparente de l'hydatidose porcine en abattoir de 5,4 % sur la saison d'abattage 2009-2010 en Haute-Corse. Trente-sept prélèvements étaient parasités par *Taenia hydatigena* correspondant à un diagnostic de cysticerose pour 17,4 % des échantillons collectés. Concernant les autres échantillons, 27 prélèvements étaient négatifs en PCR, correspondant soit à des kystes entièrement calcifiés, où l'ADN parasitaire n'est plus présent, soit à des lésions non parasitaires. Enfin, huit échantillons ont été considérés comme non analysables car ne présentant pas de kystes.

Le génotype G6-7 a été mis en évidence pour tous les porcs positifs à *E. granulosus*. L'analyse des séquences du gène cox1 a permis d'attribuer le génotype G6 à 43,6 % des prélèvements (n=58) et le génotype G7 à 56,4 % des prélèvements (n=75). Pour sept prélèvements, la PCR n'a pas permis d'obtenir une séquence de confirmation avec le gène nad1. Pour les 126 autres prélèvements, le séquençage du gène nad1 a permis d'obtenir une même séquence nucléotidique correspondant à un mélange des séquences nucléotidiques des génotypes G6 et G7 sur les trois bases qui constituent leurs différences (Figure 3).

L'envoi des prélèvements au Laboratoire national de référence (LNR) *Echinococcus* sp. était basé sur la suspicion d'hydatidose. Sur les prélèvements reçus et analysables par la PCR cox1, 21,8 % correspondaient en fait à une lésion de cysticerose à *T. hydatigena*.

Parmi les 89 éleveurs ayant amené leurs porcs à l'abattoir, 61,8 % (n=55) avaient au moins un porc positif pour l'hydatidose. Les porcs abattus provenaient de 55 communes différentes: 49,1 % d'entre elles (n=27) comportaient au moins un porc positif pour l'hydatidose (Figure 4). Les prévalences communales observées s'échelonnaient de 0,4 à 80 %, cependant il faut tenir compte du fait que plusieurs éleveurs peuvent se situer sur la même commune et que l'élevage porcine pratiqué est de type extensif. La majorité des communes ne présentant aucun cas d'hydatidose porcine (n=28) ne comptaient que peu d'animaux inspectés (8,5 en moyenne), alors que pour les communes positives les effectifs porcins abattus étaient cinq fois plus importants (41,9 porcs en moyenne). Parallèlement 88,9 % des communes présentant des cas de cysticerose (n=16) étaient des communes positives aussi pour l'hydatidose.



Figure 1. Protoscolex d'*E. granulosus* (grossissement x100)

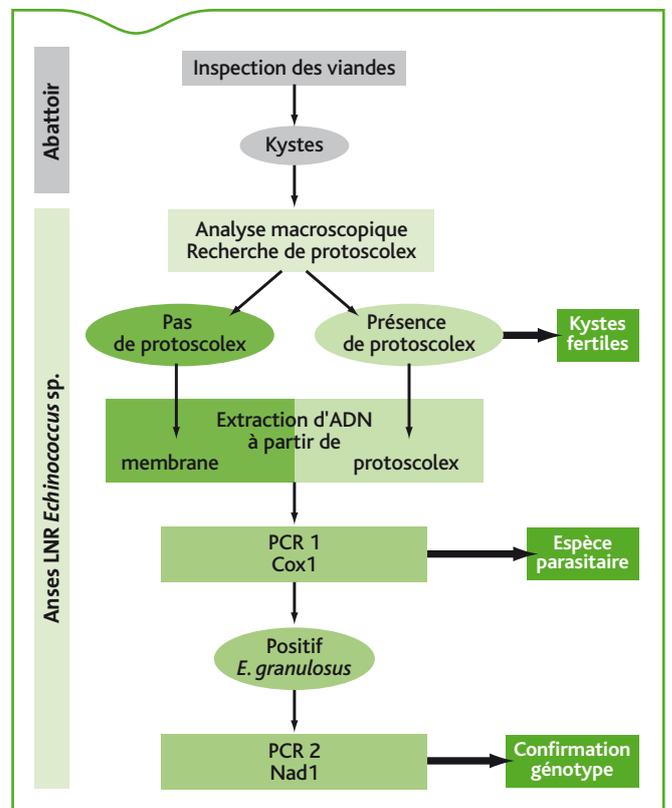


Figure 2. Schéma de l'organisation depuis la collecte à l'abattoir jusqu'aux analyses par le LNR *Echinococcus* sp. pour l'établissement du diagnostic

	10	342	439
AJ237637 <i>E. granulosus</i> G6	TTGCTGC	ATGTTGT	GTTGTGT
Kyste hydatique porc Corse	TTGCTGC	ATGCTGT	GTTATGT
AJ237638 <i>E. granulosus</i> G7	TTGTTGC	ATGCTGT	GTTATGT

Figure 3. Alignement de séquences nucléotidiques du gène d'intérêt nad1 pour les séquences de références des génotypes G6 et G7 d'*E. granulosus* et pour la séquence obtenue pour les kystes hydatiques de porcs en Corse

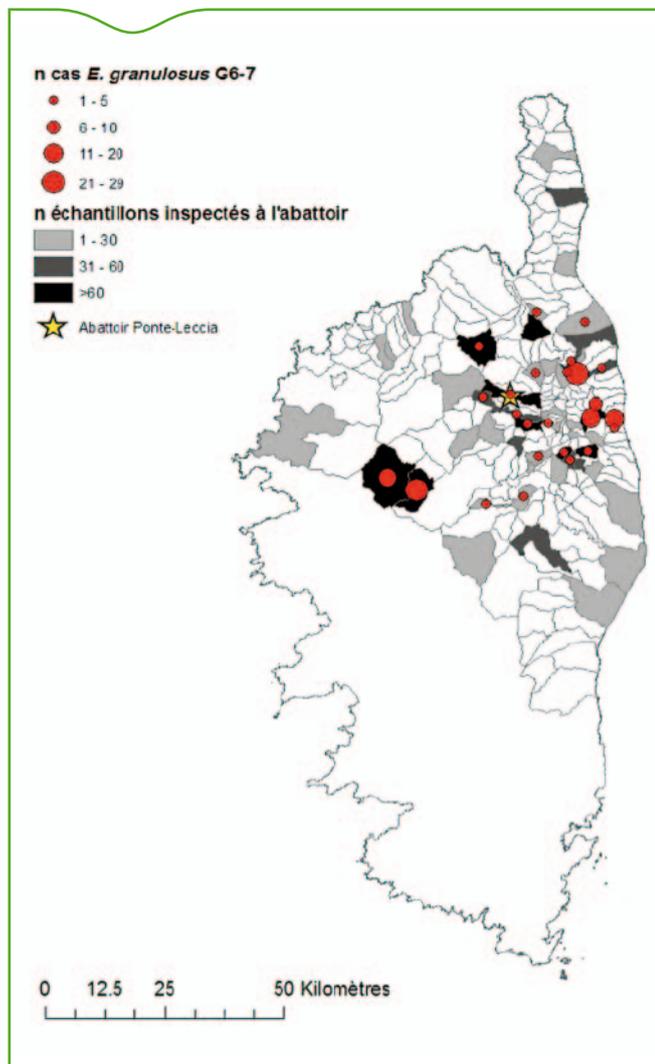


Figure 4. Effectifs par commune de porcs inspectés à l'abattoir de Ponte-Leccia (Haute-Corse) d'octobre 2009 à juin 2010 et localisation des cas positifs d'*E. granulosus* G6-7 identifiés en abattoir

Discussion

La dernière grande enquête sur la présence d'*E. granulosus* en France remonte à 1989 (Soulé *et al.*, 1989). Le diagnostic était basé alors uniquement sur l'observation macroscopique de kystes hydatiques. Cette enquête nationale portant sur tous les abattoirs français avait permis de distinguer les principales zones infestées, leur niveau de contamination et les types de cheptels concernés. Concernant la Corse, seul un fort taux de bovins parasités avait été reporté, sans faire mention de l'élevage porcin, mais seuls des résultats partiels avaient été obtenus. Depuis, du fait de l'absence de centralisation des données de diagnostic différentiel (cysticercose versus hydatidose) ou de saisie en abattoir, aucune information récente sur la présence de l'hydatidose porcine en Corse n'était disponible avant la présente étude, mise à part une prévalence locale estimée de 40 % (Euzéby, 1998).

Les résultats obtenus ici confirment tout d'abord la possible confusion diagnostique entre hydatidose et cysticercose. Plus d'un cas sur cinq suspecté d'hydatidose a été finalement attribué à *T. hydatigena*, confirmant ainsi la difficulté d'un diagnostic systématique d'espèce parasitaire en abattoir. Cette diagnose macroscopique différentielle s'avère en effet parfois compliquée voire impossible, dès lors qu'il ne s'agit pas de forme caractéristique (Figure 5). À cela s'ajoute le fait que cette compétence n'est pas nécessairement sollicitée en abattoir du fait que la saisie d'organes est effective en cas de présence de kystes sans distinction d'espèce parasitaire.

La présente enquête a permis par ailleurs la première identification en France du génotype G6-7 d'*E. granulosus* correspondant à un

génotype mixte des souches « chameau » (G6) et « porc » (G7). De par leur forte similitude génétique, ces génotypes sont désormais généralement regroupés sous la même espèce (Varcasia *et al.* 2007; Obwaller *et al.* 2004; Thompson 2008). Concernant cette étude, il apparaît clairement nécessaire de valider le diagnostic final sous la forme du génotype mixte G6-7 représentatif de la mixité génétique observée à travers les résultats de séquençage sur les deux marqueurs d'intérêts. Ce génotype G6-7 (ou G7) a déjà été décrit en Europe sur des porcs, notamment en Espagne et en Sardaigne (Gonzalez *et al.* 2002; Varcasia *et al.* 2006).

Ces génotypes G6 et G7 sont reconnus comme infectieux chez l'Homme (Rosenzvit *et al.* 1999; Kedra *et al.* 1999). De plus, pour ces deux génotypes, la durée de maturation des vers aboutissant à la formation d'œufs infectants chez le chien est plus courte que celle pour *E. granulosus sensu stricto* (G1-G2-G3), avec seulement 34 jours en moyenne au lieu de 45 (Thompson 2008). Cela constitue un paramètre important à prendre en compte lors de la mise en place de campagnes de vermifugation canine.

Sur les 133 porcs infectés par *E. granulosus*, seuls 28,6 % présentaient des protoscolex et peuvent être considérés comme infectieux. De plus, parmi les communes infectées, les prévalences ne sont pas supérieures à 25 % dès lors que le nombre d'animaux inspectés est conséquent (>30) malgré la présence *a priori* d'un environnement fortement contaminé. Or le porc est considéré comme l'hôte définitif principal pour ce génotype. Aussi, ces faibles prévalences et le faible taux de fertilité associé pourraient s'expliquer par une durée d'exposition à un environnement contaminé avant abattage, trop courte (6 à 24 mois) pour un développement complet du kyste; l'observation macroscopique des prélèvements révèle en effet majoritairement des kystes de faible taille et peu développés.

Le développement larvaire du parasite étant relativement long (plusieurs mois à années), le dernier lieu d'élevage peut ne pas être celui de l'infection. Aussi, puisqu'une fraction des porcs abattus en Corse est élevée en France continentale, il se pourrait qu'une partie des cas d'hydatidose observés ici ne soit pas des cas autochtones. Pour autant, l'hypothèse d'une infestation après arrivée sur l'île semble être à favoriser. En effet l'observation des résultats aux niveaux spatial et génétique semble indiquer l'existence d'une forme omniprésente et unique du génotype G6-7 d'*E. granulosus* responsable de l'hydatidose porcine sur l'île. Notons que, bien que cela n'ait pas été mis en évidence dans notre étude, les porcs peuvent être potentiellement infestés par d'autres génotypes d'*E. granulosus*: au vu des résultats obtenus notamment en Sardaigne (Varcasia *et al.* 2006) et récemment dans le sud de la France (Umhang *et al.* in prep), des contaminations par les génotypes G1, G2 et G3 d'*E. granulosus sensu stricto* ne peuvent pas être totalement exclues en Corse notamment chez les ovins, bovins ou caprins.

En parallèle de la récolte en abattoir, quatre sangliers abattus à l'est de la Haute-Corse et présentant des kystes sur le foie ont pu être analysés. Ces quatre animaux ont été diagnostiqués positifs pour *E. granulosus* G6-7 avec le même profil génétique que les porcs. Un des sangliers présentait un kyste fertile avec des protoscolex. L'abattage d'animaux sauvages à la chasse peut également être propice à l'instauration de cycles parasitaires si les organes parasités ne sont pas détruits. Du fait de l'élevage porcin extensif et des densités de sangliers, les échanges parasitaires entre suidés d'élevage et sauvages par l'intermédiaire de carnivores sont probablement fréquents en Corse. La prévention de l'hydatidose sur l'île nécessite donc des mesures d'assainissement des organes parasités à la fois chez les animaux d'élevages et les animaux chassés.

Conclusion

La prévalence apparente de l'hydatidose porcine en abattoir de 5,4 % obtenue dans cette étude tendrait à indiquer que les niveaux d'infection actuels sont beaucoup moins élevés qu'il y a dix ans. Toutefois, en dépit d'une très nette augmentation de l'abattage légal des porcs en Corse,

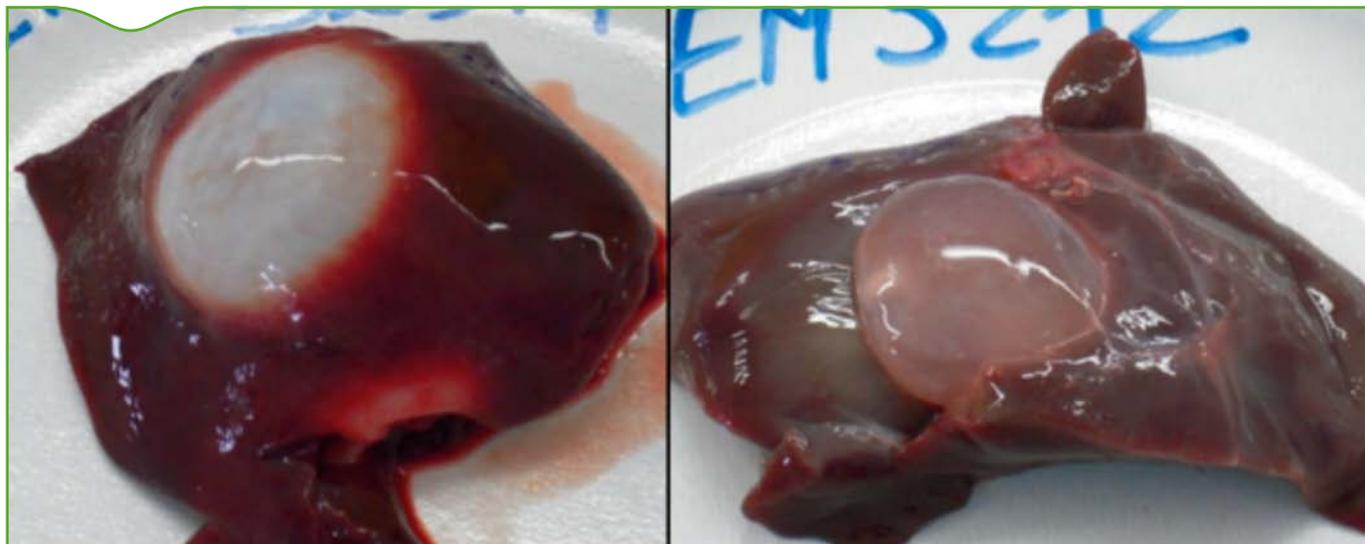


Figure 5. Kystes caractéristiques d'*E. granulosus* (à gauche) et de *T. hydatigena* (à droite) sur foie de porc

une fraction encore non négligeable de la population de porcs élevés puis abattus, ou bien uniquement abattus sur l'île, ne bénéficie pas de l'inspection des carcasses dans des abattoirs agréés. L'existence de cet abattage non contrôlé ne permet pas d'évaluer la prévalence réelle actuelle du parasite sur l'île et il est probable que la prévalence réelle de l'hydatidose porcine en Haute-Corse soit supérieure à celle décrite dans cette étude. En raison de la nature du parasite et de son cycle on peut suspecter que localement la prévalence atteigne des valeurs plus élevées. Un abattage non contrôlé implique que l'élimination systématique des viscères contaminés n'est pas réalisée, et en présence de chiens, cette pratique peut conduire à l'entretien du cycle parasitaire. L'observation de la majorité des cas de cysticercose dans des communes infectées par l'hydatidose renforce l'hypothèse de l'existence forte de cycles parasitaires chien-porc. Une information auprès de chaque éleveur des résultats d'inspection, montrant une contamination par *E. granulosus*, permettrait une meilleure sensibilisation à la mise en place d'actions de lutte (gestion des déchets d'abattage, vermifugation des chiens) qui bénéficieraient d'ailleurs directement à l'éleveur par diminution des pertes économiques, tant directes (saisie des viscères) qu'indirectes (diminution de la croissance et de la fertilité, moindre qualité de la viande); celles-ci étant souvent sous-estimées par les éleveurs. L'hydatidose étant une zoonose importante, ces mesures prophylactiques diminueraient le risque de santé publique associé.

Remerciements

Les auteurs de ce rapport remercient les agents de la Direction départementale en charge de la protection des populations de Haute-Corse pour les prélèvements et données collectées à l'abattoir de Ponte-Leccia, Oscar Maestrini du Laboratoire de recherches sur le développement de l'élevage de l'Inra à Corte pour les prélèvements effectués sur sangliers, Vanessa Hormaz et Jean-Marc Boucher du LNR *Echinococcus* pour la réalisation de l'ensemble des analyses de laboratoire et Emmanuelle Robardet de l'Anses - Laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy pour la réalisation des cartes.

Bibliographie

Bowles J., Blair D., McManus D.P., 1992. Genetic variants within the genus *Echinococcus* identified by mitochondrial DNA sequencing. *Mol. Biochem. Parasitol.* 54, 165-173.

Bowles J., McManus D.P., 1993. NADH deshydrogenase 1 gene sequences compared for species and strains of the genus *Echinococcus*. *Int. J. Parasitol.* 23(7): 969-972.

Capuano F, Rinaldi L, Maurelli MP, Perugini AG, Veneziano V, Garippa G, Genchi C, Musella V, Cringoli G, 2006. Cystic echinococcosis in water

buffaloes: epidemiological survey and molecular evidence of ovine (G1) and buffalo (G3) strains. *Vet Parasitol* 137, 262-268.

Casulli A., Manfredi M.T., La Rosa G., Cerbo A.R., Genchi C., Pozio E., 2008. *Echinococcus ortleppi* and *E. granulosus* G1, G2 and G3 genotypes in Italian bovines. *Vet. Parasitol.* 155(1-2):168-172.

Craig PS, McManus DP, Lightowlers MW, Chabalgoity JA, Garcia HH, Gavidia CM, Gilman RH, Gonzalez AE, Lorca M, Naquira C, Nieto A, Schantz PM., 2007. Prevention and control of cystic echinococcosis. *Lancet Infect Dis.* Jun;7(6):385-94.

Eckert J., Thompson R.C.A., 1997. Intraspecific variation of *Echinococcus granulosus* and related species with emphasis on their infectivity to humans. *Acta Trop.* 64, 19-34.

Euzéby J., 1998. Les parasites des viandes: épidémiologie, physiopathologie, incidences zoonosiques. Tec et Doc, Lavoisier, Paris, 402 p.

González LM, Daniel-Mwambete K, Montero E, Rosenzvit MC, McManus DP, Gárate T, Cuesta-Bandera C, 2002. Further molecular discrimination of Spanish strains of *Echinococcus granulosus*. *Exp Parasitol.* 2002 Sep;102(1):46-56.

Kedra A.H., Zwiderski Z., Tkach V.V., Dubinsky P., Pawlowski Z., Stefaniak J., Pawlowski J., 1999. Genetic analysis of *Echinococcus granulosus* from humans and pigs in Poland, Slovakia and Ukraine. *Acta Parasitol.* 44(4):248-254.

Nakao M., McManus D.P., Schantz P.M., Craig P.S., Ito A., 2007. A molecular phylogeny of the genus *Echinococcus* inferred from complete mitochondrial genomes. *Parasitology.* 134(5): 713-722.

Obwaller A., Schneider R., Walochnik J., Gollackner B., Deutz A., Janitschke K., Aspöck H., Auer H., 2004. *Echinococcus granulosus* strain differentiation based on sequence heterogeneity in mitochondrial genes of cytochrome c oxidase-1 and NADH dehydrogenase-1. *Parasitology.* 128(5): 569-575.

Rosenzvit MC, Zhang LH, Kamenetzky L, Canova SG, Guarnera EA, McManus DP., 1999. Genetic variation and epidemiology of *Echinococcus granulosus* in Argentina. *Parasitology.* 118 (Pt 5):523-530.

Soulé C., Fabien J.F., Maillot E., 1989. Enquête échinococcose-hydatidose. DGAL - Brigade nationale d'enquêtes vétérinaires - CNEVA - Unité Parasitol., 173 p.

Thompson R.C.A., 1995. Biology and systematics of *Echinococcus*. In *Echinococcus* and hydatid disease (R.C.A. Thompson & A.J. Lymbery, eds). CAB International, Wallingford, 1-50.

Thompson R.C.A., 2008. The taxonomy, phylogeny and transmission of *Echinococcus*. *Exp Parasitol.* 119(4):439-446.

Umhang G, Richomme C, Boucher JM, Hormaz V, Boué F, in Prep. First molecular survey of *Echinococcus granulosus* in the south of France.

Varcasia A, Canu S, Lightowlers MW, Scala A, Garippa G, 2006. Molecular characterization of *Echinococcus granulosus* strains in Sardinia. *Parasitol Res.* 98(3):273-277.

Investigations épidémiologiques et microbiologiques de récents foyers de **typhose** et de **pullorose** chez les volailles en France

Mohamed El Hassimiou Dia (1) (mohamed.dia@anses.fr), Sophie Le Bouquin-Leneveu (1), Marie-Léone Vignaud (2), Émilie Bonin (2), Hélène Sadonès (3), Virginie Michel (1), Sophie Granier (2), Frédérique Moury (2), Anne Brisabois (2)

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan - Plouzané

(2) Anses, Laboratoire de sécurité des aliments, Maisons Alfort

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

Résumé

Au cours du premier semestre de l'année 2011, trois foyers de pullorose ont été identifiés dans des élevages du nord ouest de la France, dans des filières avicoles de productions différentes. Des investigations épidémiologiques et microbiologiques ont été mises en œuvre afin de tenter d'identifier l'origine et la source de contamination de ces trois élevages. Même si l'examen des différentes données ne permet pas à l'heure actuelle d'identifier de façon formelle l'origine de la contamination de ces élevages, il apparaît au vu des résultats de l'enquête épidémiologique l'existence d'un lien entre deux de ces élevages, confirmé par l'identité du profil mis en évidence par l'analyse moléculaire des souches de *Salmonella* serovar Gallinarum. Au regard de l'importance des conséquences économiques et commerciales susceptibles d'être engendrées en cas de pullorose, il serait souhaitable de sensibiliser les acteurs des filières avicoles à l'éventualité de la réapparition de l'infection par *S. Gallinarum*.

Mots clés

Pullorose, typhose, résurgence, *Salmonella* Gallinarum, volailles

Abstract

Epidemiological and microbiological investigations into recent outbreaks of fowl typhoid and Pullorum disease in poultry in France

During the first half of 2011, three outbreaks of Pullorum disease were identified in farms in northwestern France, in various poultry production sectors. Epidemiological and microbiological investigations were carried out in an attempt to identify the origin and source of contamination of these three farms. While the examination of various data has not yet made it possible to formally identify the source of contamination in these farms, the results of the epidemiological investigation seem to indicate a link between two of these farms. Identification of the profiles through molecular analysis of the *Salmonella* serovar Gallinarum strains has confirmed this link. Given the major economic and trade consequences of an outbreak of Pullorum, it is important to raise awareness in the poultry industry of a possible resurgence of *S. Gallinarum* infection

Keywords

Pullorum disease, fowl typhoid, resurgence, *Salmonella* Gallinarum, poultry

La typhose et la pullorose sont deux maladies distinctes et spécifiques aux espèces aviaires, dues respectivement aux biovars Gallinarum et Pullorum du sérovar Gallinarum de *Salmonella*. Elles ont été pratiquement éradiquées des élevages intensifs dans la plupart des pays occidentaux (Shivaprasad 2000) mais restent d'une importance économique majeure dans de nombreuses régions du monde (Barrow et Freitas Neto 2011). Les symptômes sont caractéristiques d'une atteinte septicémique chez les volailles jeunes. Les oiseaux plus âgés présentent une anémie, une apathie, une respiration laborieuse et de la diarrhée, mais dans certains cas la maladie peut être bénigne voire inapparente. Dans les élevages de reproducteurs, les seuls symptômes peuvent être une diminution des taux de ponte et d'éclosabilité. La transmission verticale de la maladie provoquant une infection de l'œuf et des poussins à l'éclosion représente la voie de contamination la plus fréquente (OIE 2008).

Depuis le début de l'année 2011, trois foyers ont été identifiés dans des élevages du nord ouest de la France (Figure 1). Le premier foyer, dans la Sarthe concernait un élevage de 158 000 pondeuses d'œufs de consommation élevées en cages dans trois bâtiments, vaccinées contre les infections à *S. Enteritidis* et *S. Typhimurium* (Nobilis Salenvac T). Les mortalités ont débuté dès la première semaine de février sur des animaux âgés alors de 42 semaines et le taux de mortalité a doublé en une semaine dans le bâtiment le plus touché (de 0,25 à 0,51 %).

Un second foyer dans la Vienne concernait un élevage de poulets de chair d'un bâtiment hébergeant 29 900 poussins. De fortes et brutales mortalités de l'ordre de 10 % ont été observées sur des animaux âgés de huit à neuf jours.

Un troisième foyer identifié dans les Deux-Sèvres concernait un élevage de 28 000 reproducteurs chair élevés au sol dans trois bâtiments. Les mortalités ont débuté sur des poules âgées de 46

semaines, une semaine après la recharge en coqs. Dans le bâtiment le plus touché, les taux de mortalité chez les poules et chez les coqs sont passés respectivement de 0,26 % à 4,1 % et de 1,03 % à 6,8 % en deux semaines.

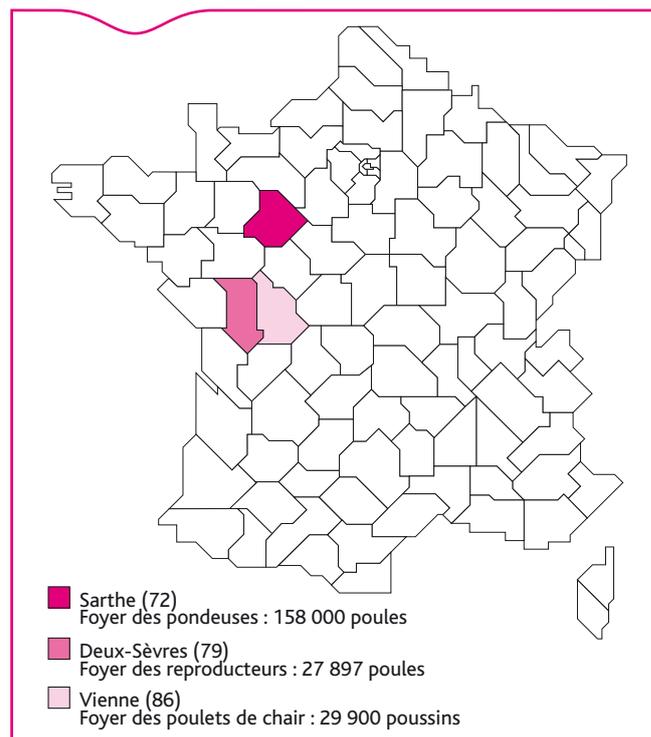


Figure 1. Répartition géographique des foyers de pullorose détectés en France en 2011

Matériels et méthodes

Cette investigation a été établie sur la base des documents mis à disposition par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) et les Directions départementales en charge de la protection des populations (DDPP) des départements concernés. En réponse à la demande d'appui scientifique et technique de la DGAL auprès de l'Anses, des enquêtes épidémiologiques et microbiologiques approfondies ont été menées permettant de récolter des données complémentaires.

Des prélèvements (chiffonnettes, sang, organes) ont été réalisés dans ces trois élevages ainsi que dans les basses-cours voisines et envoyés au laboratoire pour analyses (sérologie, autopsie et bactériologie). Une recherche d'anticorps spécifiques de *Salmonella* Gallinarum par séro-agglutination rapide sur lame a été réalisée selon la norme NF U 47-034. La recherche de *Salmonella* a été réalisée selon la norme NF U 47-101. Les souches de *Salmonella* suspectées de serovar Gallinarum ont été transmises au Laboratoire de sécurité des aliments de l'Anses de Maisons-Alfort où des analyses de caractérisation moléculaire ont été réalisées afin d'affiner ou de conforter les conclusions de l'enquête épidémiologique. C'est ainsi que l'étude de caractérisation a porté sur les cinq souches de *Salmonella* provenant des trois élevages, sur une souche isolée de la basse-cour voisine du foyer des Deux-Sèvres et sur la souche vaccinale Nobilis SG9R (Intervet) en vue d'une comparaison (Tableau 1).

Sérotypage conventionnel et moléculaire

Une vérification du sérovar a été réalisée systématiquement sur toutes les souches étudiées dans ce contexte par la méthode conventionnelle par agglutination sur plaques à l'aide de sérums dirigés contre les antigènes somatiques et flagellaires de *Salmonella* selon le schéma de Kauffmann-White-Le Minor (Danan *et al.*, 2010; Grimont et Weill 2007). Le sérovar a également été identifié par la méthode « Premi-Test-*Salmonella* » permettant aussi de déterminer le biovar auquel appartient la souche.

Typage moléculaire par électrophorèse en champ pulsé et par PCR

Le typage moléculaire a été effectué par la méthode PFGE (Pulse Field Gel Electrophoresis) qui consiste à réaliser une migration des fragments d'ADN de la souche obtenue après macro-restriction par l'enzyme de restriction classiquement utilisée XbaI. Les profils obtenus ont été analysés à l'aide du logiciel BioNumerics 6.5 (Applied Maths, Belgique) et archivés dans une base de données permettant la comparaison aux autres profils existants (Kérouanton 2007). Une autre méthode de typage par PCR ciblant les régions CRISPR spécifiques au serovar Gallinarum a été appliquée.

Détermination de la sensibilité aux antibiotiques

Une étude de la sensibilité aux antibiotiques a été réalisée en comparaison avec la souche vaccinale caractérisée par des résistances à des antibiotiques particuliers permettant de la différencier des souches sauvages habituelles, complétée par une analyse fine de la résistance par mesure de la concentration minimale inhibitrice (CMI) en milieu liquide utilisant le système Sensititre® (TREK Diagnostic Systems, Royaume-Uni) vis-à-vis de l'acide nalidixique et de la colistine.

Résultats

Investigations épidémiologiques

Chez les poules, l'enquête épidémiologique a permis de mettre en évidence des insuffisances notamment en terme de biosécurité, sas communs avec circulation des intervenants chargés de la rénovation dans les bâtiments en production sans aucune précaution, présence de rongeurs et l'existence de facteurs de risque potentiels, tels que la présence d'un centre de conditionnement d'œufs sur le même site et d'une basse-cour à proximité. Les enquêtes de traçabilité ne montrent aucune mortalité ou signe clinique évocateur de la maladie dans les élevages destinataires des mêmes œufs à couver (OAC).

Tableau 1. Résultats des analyses sérologiques et bactériologiques pour la recherche de *Salmonella* Gallinarum

Nature des prélèvements	Culture de <i>Salmonella</i>	Sérologie
Foyer de la Sarthe		
Prélèvements d'organes		
Foie	+	
Rate	+	
Ovules	+	
Prélèvements environnementaux		
Basse-cour voisine	Aucune investigation	
Foyer de la Vienne		
Prélèvements d'organes		
Foie	+	
Cœur	+	
Prélèvements environnementaux		
Basse-cour voisine	N/A**	-
Foyer des Deux-Sèvres		
Prélèvements d'organes		
Foie	+	
Cœur	+	
Rate	+	
Grappe ovarienne	+	
Oviducte	+	
Prélèvements environnementaux		
Basse-cour voisine	N/A**	+
Prélèvements environnementaux		
Oviducte	+	
Rate	+	

* 1/5; ** N/A: non analysé; *** 1/10.

Encadré. Recommandations pour le diagnostic et l'investigation de la pullorose

Le dépistage sérologique de *S. Gallinarum* nécessite de collecter suffisamment d'échantillons individuels pour diagnostiquer l'infection au sein d'un troupeau et son interprétation requiert une grande prudence en raison des résultats faussement positifs.

Lors de suspicion sur des oiseaux âgés, prélever en priorité ovaires, foie et rate, sur de jeunes oiseaux; la maladie étant septicémique, plusieurs organes et tissus peuvent être prélevés. En raison de la faible sensibilité de la méthode d'enrichissement au sélénite-cystine à 37 °C, les prélèvements d'environnement sont peu fiables pour l'isolement de ces salmonelles.

En raison de leur rôle de réservoirs potentiels, les animaux des basses-cours voisines doivent faire l'objet d'investigations complètes (sang, organes).

Enfin, une enquête épidémiologique complète doit être menée rapidement afin de recueillir des éléments indispensables aux investigations.

Pour les poulets de chair on note la présence d'une basse-cour personnelle clôturée et l'enquête de traçabilité montre que les poussins sont issus en majorité d'une campagne d'introduction d'OAC d'origine espagnole. Les examens des fiches d'élevage et la collecte des informations sur la chaîne alimentaire (ICA) réalisés par les différentes DDPP dans les sept élevages destinataires des mêmes OAC n'ont pas permis de mettre en évidence d'anomalie particulière, à l'exception d'une mortalité de l'ordre de 7 % dans deux élevages jugée néanmoins conforme.

Chez les reproducteurs, l'enquête a mis en évidence un épisode antérieur de salmonellose à *S. Enteritidis* en 2003, la présence de

Tableau 2. Résultats de caractérisation des souches de serovar Gallinarum

N° Anses	Département	Sérotypage moléculaire/PTS	Marqueurs moléculaires du sérovar	PFGE / Xbal	Antibiogramme	CMI Nal** µg/ml	CMI Colistine µg/ml
11CEB790SAL	72	Gallinarum biovar Pullorum	Profil G3	SGALXB0002	WT*	64	> 4
11CEB982SAL	86	Gallinarum biovar Gallinarum	Profil G5	SGALXB0004	Nal	64	4
11CEB2315SAL	79	Gallinarum biovar Gallinarum	Profil G5	SGALXB0004	Nal	128	4
11CEB2316SAL		Gallinarum biovar Gallinarum	Profil G5	SGALXB0004	Nal	64	4
11CEB2423SAL		Gallinarum biovar Gallinarum	Profil G5	SGALXB0004	Nal	64	4
11CEB3898SAL (souche vaccinale)		Gallinarum biovar Gallinarum	Profil G5	SGALXB0004	WT*	32	< 2

* WT: phénotype sauvage sensible à tous les antibiotiques testés.

** Nal : acide nalidixique.

poux rouges sur les volailles et l'existence d'une basse-cour d'une quarantaine d'oiseaux à proximité immédiate de l'exploitation. Les analyses réalisées dans les élevages d'origine et de destination des coqs de recharge sont toutes négatives et aucune mortalité particulière n'a été signalée. Le suivi renforcé de deux élevages de poulets de chair de Vendée approvisionnés en poussins par le foyer, n'a révélé aucune mortalité anormale ou signe clinique évocateur de la maladie.

Résultats d'analyses

Les autopsies réalisées ont mis en évidence des lésions d'hépatite, d'hypertrophie de la rate et du foie ainsi que des ovules flasques aussi bien dans les Deux-Sèvres que dans la Vienne.

Une recherche d'anticorps spécifiques de *S. Gallinarum* en agglutination rapide sur lame (ARL) s'est révélée négative sur la basse-cour voisine du foyer de la Vienne, mais positive aussi bien sur les animaux du foyer des Deux-Sèvres que sur ceux de la basse-cour voisine.

S. Gallinarum a été isolée à partir de plusieurs organes prélevés sur les animaux issus des trois élevages et même sur ceux de la basse-cour voisine du foyer des Deux-Sèvres (Tableau 2).

Caractérisation des souches

Parmi les six souches de terrain de serovar *Gallinarum* analysées, les résultats de typage permettent de distinguer nettement deux populations différentes (Tableau 2 et Figure 2):

- la souche 11CEB790 provenant de l'élevage de la Sarthe, de biovar Pullorum et présentant un profil PFGE SGALXB0002;
- les souches 11CEB2315, 2316 et 2423 de l'élevage des Deux-Sèvres, la souche 11 CEB4390 de la basse-cour et la souche 11CEB982 de la Vienne de biovar Gallinarum et présentant un profil PFGE identique SGALXB0004.

Par ailleurs, les analyses de la souche vaccinale montrent qu'elle est du même biovar que les souches précédentes isolées de l'élevage de la Vienne, de l'élevage et de la basse-cour des Deux-Sèvres. Son profil PFGE est également identique au profil de ces cinq mêmes souches comme indiqué sur le dendrogramme (Figure 2). Ce profil SGALXB0004 non répertorié jusqu'à présent se distingue très nettement des autres profils enregistrés dans la base de données des profils moléculaires de PFGE. Les marqueurs moléculaires spécifiques au sérovar *Gallinarum* détectés par PCR ont permis d'identifier deux profils distincts, l'un pour la souche 11CEB790 de biovar Pullorum nommé « profil G3 » et l'autre nommé « profil G5 » retrouvé pour toutes les autres souches des élevages des départements des Deux-Sèvres et de la Vienne ainsi que pour la souche vaccinale. La faible occurrence du profil G5 identifié renforce l'hypothèse de similitude de toutes les souches présentant ce profil.

L'antibiogramme a montré que les souches de biovar *Gallinarum* de la Vienne et des Deux-Sèvres étaient toutes résistantes à l'acide nalidixique, alors que la souche de biovar Pullorum est de phénotype sauvage (WT) c'est-à-dire sensible à tous les antibiotiques testés classiquement sur les Entérobactéries. La souche vaccinale s'est également révélée sensible à tous ces antibiotiques. Compte tenu des hypothèses de proximité entre les souches de terrain de biovar *Gallinarum* et la souche vaccinale, des analyses de sensibilité à certains antibiotiques ont été approfondies par la détermination des concentrations minimales inhibitrices (CMI). Les mesures de CMI pour l'acide nalidixique ont confirmé également la résistance des souches isolées des élevages de la Vienne et des Deux-Sèvres avec une CMI supérieure à 64 µg/ml, alors que la souche vaccinale présente une CMI de 16 µg/ml, valeur limite du seuil de résistance pour l'acide nalidixique. La souche de biovar Pullorum de la Sarthe est tout à fait sensible à cette molécule. Les CMI à la colistine confirment la résistance des souches issues des élevages à la colistine, alors que la souche vaccinale reste sensible (Tableau 2).

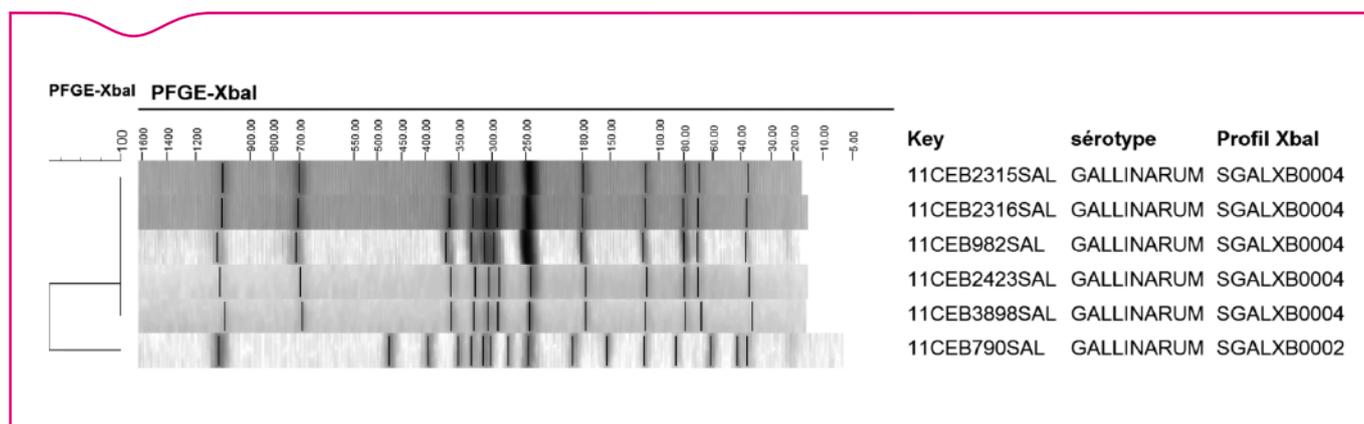


Figure 2. Dendrogramme des profils PFGE analysés par le logiciel BioNumerics

Discussion

Plusieurs hypothèses sur les sources potentielles d'introduction de l'agent pathogène dans l'élevage de la Sarthe peuvent être évoquées. Une introduction de *S. Gallinarum pullorum* est possible à partir des œufs ou de matériel contaminé introduits dans le centre de conditionnement, de la basse-cour voisine ou de rongeurs. L'élevage étant en cours de rénovation (installation de nouvelles cages), l'intervention d'équipes chargées de la maintenance aura pu contribuer à la dissémination de l'agent pathogène dans l'élevage suite à un non-respect des règles de biosécurité. Une résurgence de la maladie suite à une contamination plus ancienne de l'élevage avec une évolution à bas bruit n'est pas non plus à exclure. La vaccination a pu induire une protection croisée, réduisant ainsi la sensibilité des oiseaux et l'excrétion bactérienne et limitant l'impact clinique de l'infection et sa détection.

Dans le cas de la Vienne, une vaccination tardive, en Espagne, des reproductrices avec le vaccin Nobilis SG 9R pourrait être à l'origine d'une transmission verticale de la souche vaccinale par contamination des poussins issus des OAC d'origine espagnole, même si aucun signe évocateur de la maladie n'a été observé dans les autres élevages destinataires des mêmes OAC. Ceci peut être conforté par les caractérisations moléculaires qui montrent une identité de profils moléculaires de la souche vaccinale avec celle issue de la Vienne. Cependant, malgré cette proximité génétique avec la souche vaccinale SG9R, les résultats apportés par les déterminations des CMI montrent clairement une différence de sensibilité entre la souche vaccinale et celle issue de cet élevage. En effet, la souche vaccinale présente une valeur de CMI à l'acide nalidixique, limite au seuil de résistance alors que la souche de l'élevage est résistante ce qui n'est pas en faveur d'une transmission et diffusion de la souche vaccinale, à moins que celle-ci ait fait l'acquisition de résistance à cet antibiotique *in vivo*.

En raison de l'existence d'un lien épidémiologique entre l'élevage des Deux-Sèvres et celui de la Vienne du fait que ces élevages ont recours au même vétérinaire sanitaire et au même livreur, la chronologie des déclarations d'Infections (APDI) montre qu'il est possible d'émettre une hypothèse de contamination de l'élevage des Deux-Sèvres à partir du foyer de la Vienne (Tableau 1). Cette hypothèse est confortée par les analyses de typage moléculaire qui montrent la très grande similitude des souches issues de ces deux élevages aussi bien d'un point de vue génotypique que phénotypique (biovar, antibiorésistance). Cependant, la chronologie des visites permet d'écarter la possibilité d'une contamination entre les deux sites par l'intermédiaire du vétérinaire sanitaire, car sa première visite dans l'élevage des Deux-Sèvres n'intervient qu'à la date de suspicion de la maladie.

Les résultats positifs des analyses sérologiques et bactériologiques effectuées sur les oiseaux de la basse-cour associés à la similitude du profil moléculaire en PFGE des souches isolées suggèrent l'existence d'une contamination croisée entre le foyer des Deux-Sèvres et la basse-cour voisine sans pour autant pouvoir identifier la source initiale.

Conclusion

Pratiquement éradiquée en France depuis plus d'une vingtaine d'années dans la filière Gallus, la pullorose connaît depuis quelques années une recrudescence. Les foyers récemment identifiés dans des filières de production différentes font suite à l'identification de plusieurs cas en 2003 et 2004, notamment chez des pintades.

Même si à l'heure actuelle, l'examen des données ne permet pas d'identifier l'origine de la contamination de ces élevages, il apparaît que les foyers de la Vienne et des Deux-Sèvres sont potentiellement liés (communauté de souche, transporteur commun).

Au regard de l'importance des conséquences économiques et commerciales engendrées, il serait souhaitable :

- d'assurer une sensibilisation de tous les acteurs des filières avicoles à l'éventualité de la réapparition de cette infection;

- de sensibiliser les éleveurs et les groupements de production à l'importance de la basse-cour en tant que réservoir principal de la maladie;
- d'insister sur l'importance de la maîtrise sanitaire des élevages et du respect des mesures de biosécurité, en tenant compte de la multitude des sources d'infection (eau, aliments, visiteurs, rongeurs, etc.) et notamment des oiseaux et des œufs issus d'élevages non indemnes.

Remerciements

Les auteurs remercient l'ensemble des personnes impliquées au sein des DDPP de la Sarthe et de Deux-Sèvres et de la DDCSPP de la Vienne, ainsi que les représentants des laboratoires Bio-Chêne Vert, LaboVet Analyses et VT BIO pour la réalisation des analyses bactériologiques et anatomo-pathologiques ainsi que la transmission des isolats des départements au réseau *Salmonella*.

Références bibliographiques

Barrow, P. A., Freitas Neto, O. C. (2011). Pullorum disease and fowl typhoid-new thoughts on old diseases: a review. *Avian Pathology*, 40, 1-13.

Danan C., Fremy S., Moury F., Bohnert M.L., Brisabois A. (2010). Détermination du sérovar de souches de *Salmonella* isolées dans le secteur vétérinaire la filière avicole par la méthode d'agglutination rapide sur lame. *Les cahiers de la Référence (Afssa)*, cahier n° 2.

Grimont PAD and Weill FX. (2007) Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars, 9th edition. WHO Collaborating Center for Reference and Research on *Salmonella*, Institut Pasteur, Paris, France.

Kérouanton A., Marault M., Lailler R., Weill F.X., Feurer C., Espié E., Brisabois A. (2007) Pulsed-field gel electrophoresis subtyping database for foodborne *Salmonella enterica* serotype discrimination. *FoodBorne Pathogens Disease*, vol 4, 3:293-303.

OIE – Typhose et pullorose. Dans: Manuel terrestre de l'OIE 2008. Chapitre 2.3.11., p 587-598.

Shivaprasad, H. L. (2000). Fowl typhoid and pullorum disease. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.*, 19 (2), 405-424.



Brève. Détections du virus influenza pandémique A/H1N1 (2009) chez des porcs en France métropolitaine *Short item. Detections of pandemic influenza virus A/H1N1 (2009) in pigs in metropolitan France*

Gaëlle Simon (1) (gaille.simon@anses.fr), Séverine Hervé (1), Aure Saulnier (1), Nicolas Rose (2), Clara Marcé (3)

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

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Épidémiologie et bien-être porcins

(3) DGAL, Bureau de la santé animale, Paris

Mots clés : virus influenza A, pandémie, porc / **Keywords:** *influenzavirus A, pandemic, pig*

Il a été craint, dès l'annonce de son émergence, que le virus influenza pandémique A/H1N1 2009 (H1N1pdm09) ait la capacité de franchir facilement la barrière d'espèces Homme/porc, ceci au vu de sa composition génomique. Des inoculations expérimentales ont confirmé la sensibilité des porcins, et le H1N1pdm09, devenu saisonnier chez l'Homme, a été détecté dans de nombreux élevages de porcs dans le monde entier depuis mai 2009. Dans la plupart des cas, les porcs infectés ont développé un syndrome grippal classique. Mais le H1N1pdm09 a également été détecté chez des animaux ne présentant aucun signe clinique, suggérant des infections asymptomatiques. À la faveur de co-infections avec des virus influenza porcins enzootiques, le H1N1pdm09 a d'ores et déjà été à l'origine de la génération, chez le porc, de nouveaux virus réassortants. C'est le cas par exemple d'un virus influenza porcine H3N2 nord-américain qui a acquis le gène M du virus H1N1pdm09, et qui a été à l'origine de plusieurs cas d'infections humaines aux États-Unis depuis août 2011.

En France métropolitaine, des investigations sérologiques menées début 2010 ont suggéré l'infection de porcs dans des élevages bretons au moment de l'épidémie de grippe hivernale 2009-2010 [1]. En octobre 2010, le virus était isolé chez des porcins, dans un élevage multiplicateur situé dans la Sarthe. Cet élevage, pratiquant la vaccination anti-grippale des truies, n'avait pas déclaré de cas de grippe depuis plus de trois ans. Le syndrome grippal très marqué a d'abord touché les porcs en fin d'engraissement. Le virus a ensuite diffusé rapidement dans toutes les catégories d'animaux, avec des signes cliniques d'autant moins spécifiques que les animaux sont plus jeunes. Vu la date de l'isolement du H1N1pdm09 dans cet élevage (c'est-à-dire avant l'épidémie 2010-2011), il est émis l'hypothèse que le virus a été transmis par l'Homme à des porcins au moment de l'épidémie précédente, en 2009-2010. Ainsi, il aurait circulé de manière inapparente dans la population animale pendant plusieurs mois, avant d'être détecté dans cet élevage sarthois, sans doute à la faveur de conditions particulières ayant permis une expression clinique de l'infection [1].

La mise en place du Dispositif national de surveillance des virus influenza chez le porc (NS DGAL/SDSPA/N2011-8028 du 1^{er} février 2011 et SDSPA/N2011-8050 du 28 février 2011) a permis, depuis avril 2011, d'augmenter notablement le nombre d'investigations de cas de grippe chez le porc en France métropolitaine. Même si le H1N1pdm09 apparaît ne pas être responsable de la plupart des cas analysés, ce virus a de nouveau été isolé en octobre 2011, chez des truies gestantes, dans un élevage naisseur de Haute-Loire. Cet isolement intervenant lui aussi plusieurs mois après la dernière épidémie en date chez l'Homme, il conforte l'hypothèse de circulation, sans doute à bas bruit, du H1N1pdm09 dans des élevages de porcs en France métropolitaine.

Si tel est le cas, quel nouveau rôle jouera le porc dans l'écologie des virus influenza A en France ? Hormis le risque zoonotique immédiat, on peut craindre que le porc, chez qui la dérive antigénique est plus modérée que chez l'Homme, ne serve de réservoir à cette souche humaine, et que celle-ci puisse un jour être retransmise à une population humaine redevenue naïve. Quels sont les risques de réassortiments du H1N1pdm09 avec les virus influenza porcins H1N1 et H1N2 enzootiques en France, voire avec d'autres virus influenza A d'origines humaine ou aviaire, réassortiments qui pourraient avoir des conséquences tant en terme de santé animale que de santé publique ? En tout état de cause, il convient de rappeler aux personnes travaillant au contact des porcs, le fort potentiel de transmission inter-espèces (Homme > porc et porc > Homme) du H1N1pdm09, ainsi que les règles de biosécurité à appliquer dans les élevages pour limiter les transmissions inter-espèces des virus influenza A (NS DGAL/SDSPA/N2009-8151 du 27 mai 2009 et SDSPA/N2012-8015 du 17 janvier 2012). Il conviendrait également d'inciter ces personnes à se faire vacciner contre la grippe humaine saisonnière.

Bibliographie

[1] Simon G., Hervé S., Saulnier A., Quéguiner S., Gorin S., Barbier N., Deblanc C., Pol F., Eveno E., Rose N., Madec F. (2011) Virus influenza pandémique H1N1 2009 chez le porc : problématique, développement de nouveaux outils de diagnostic et bilan de la surveillance menée en France en 2009-2010. Journées de la Recherche Porcine, 41, 273-280.

Émergence du virus Schmallenberg

Morgane Dominguez (1*), Stéphan Zientara (2), Jérôme Languille (3*), Alexandre Fediaevsky (3*), Gina Zanella (2), Corinne Sailleau (2), Emmanuel Bréard (2), Anne Touratier (4*), Éric Collin (5*) Philippe Marianneau (6), Pascal Hendrikx (1*), Didier Calavas (6*)

(1) Anses, Unité de surveillance épidémiologique DSL, Maisons-Alfort

(4) GDS France, Paris

(2) Anses, Laboratoire de santé animale, Maisons-Alfort

(5) SNGTV, Paris

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

(6) Anses, Laboratoire de Lyon

* Membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale

Résumé

Le virus Schmallenberg (SBV) est un Orthobunyavirus, identifié pour la première fois fin novembre 2011 en Allemagne chez des bovins, puis à partir de décembre 2011, chez des ruminants nouveau-nés malformés (bovins, ovins, caprins) dans cinq pays (Allemagne, Belgique, France, Pays-Bas, Royaume-Uni). Cet article dresse un premier bilan de la situation épidémiologique, fait le point sur l'état des connaissances et des incertitudes sur ce nouveau virus et présente certaines des initiatives mises en œuvre en réponse à cette émergence, notamment dans le cadre de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale nouvellement créée.

Mots clés

Schmallenberg, virus, ruminants, émergence, Plateforme de surveillance épidémiologique

Abstract

Emergence of the Schmallenberg virus

Schmallenberg virus (SBV) is an Orthobunyavirus which was identified for the first time in late November 2011, in Germany, in cows. Since December 2011, it has been identified in deformed ruminant neonates (calves, lambs, goat-kids) in five countries (Germany, Belgium, France, the Netherlands and the United Kingdom). This article presents the epidemiological situation regarding this emerging disease, current knowledge and uncertainties concerning it, as well as some of the initiatives taken in response to it, particularly in the framework of the newly-created National Surveillance Platform for Animal Health.

Keywords

Schmallenberg, virus, ruminants, emergence, animal health surveillance Platform

Entre août et octobre 2011, un syndrome fébrile associé à une diarrhée et à une baisse de production de lait a été rapporté chez des bovins en Allemagne (dans 80 exploitations laitières en Rhénanie du Nord – Westphalie) et aux Pays-Bas (dans 120 exploitations laitières principalement situées dans l'est du pays). Le Friedrich-Loeffler-Institut a mis en évidence fin novembre 2011 chez des bovins adultes malades, le nouvel Orthobunyavirus à l'origine de ce syndrome, dénommé Schmallenberg (SBV) du nom de la commune d'origine du prélèvement ayant permis son isolement.

En décembre, le SBV a été identifié chez des agneaux mal formés aux Pays-Bas. Depuis, des cas de mortinatalité et de malformations congénitales ont été rapportés chez des agneaux, des chevreaux et des veaux, successivement en Allemagne, aux Pays-Bas, en Belgique, au Royaume-Uni et en France.

Situation épidémiologique

Au total, 758 foyers de SBV (élevages dans lesquels la présence du virus a été confirmée par des analyses biologiques chez des ruminants avortons ou des nouveau-nés) ont été détectés en Europe du Nord au 10 février 2012 (Tableau 1). L'Allemagne semble être le pays le plus lourdement touché (434 élevages infectés). En France, les premiers cas ont été confirmés le 25 janvier et au 10 février, parmi 450 suspicions cliniques déclarées, 93 foyers ovins et un foyer mixte ovin-caprin ont été confirmés (Figure 1).

État des connaissances

Le SBV est un Orthobunyavirus du séro groupe Simbu, génétiquement proche des virus Shamonda (97 % d'homologie avec le segment d'ARN S), Aino (71 % d'homologie avec le segment d'ARN M) et Akabane (69 % d'homologie avec le segment d'ARN L) (Hoffmann *et al.*, 2012). Les virus du séro groupe Simbu circulent en Asie, en Australie, en Afrique et au Moyen-Orient mais n'avaient jusqu'à présent jamais été identifiés en Europe. Ces virus sont principalement transmis par des culicoïdes et des moustiques et affectent les ruminants, chez lesquels l'infection aiguë ne provoque généralement pas de signe clinique, mais peut provoquer des malformations fœtales lorsqu'elle survient, en ce qui concerne le virus Akabane, entre 30 et 70 jours de gestation chez la brebis et 30 et 150 jours de gestation chez la vache.

Les connaissances relatives au SBV sont encore très partielles et procèdent d'analogies avec ce qui est connu pour les virus génétiquement proches et ce qui a été rapporté jusqu'à présent dans les pays atteints (ScoFCAH, 2012).

Chez les bovins, l'infection aiguë par le SBV semble pouvoir se manifester par de la diarrhée, de la fièvre et une baisse de la production laitière. La reproduction expérimentale de l'infection sur trois bovins a permis d'enregistrer de la fièvre dans un cas et de la diarrhée dans un second cas (Hoffmann *et al.*, 2012). Chez les petits ruminants, les signes pouvant être associés à l'infection aiguë n'ont pas été décrits. Les brebis ayant donné naissance à des agneaux infectés ne semblent pas avoir exprimé cliniquement l'infection. Les résultats d'éventuels essais de reproduction expérimentale de l'infection chez les petits

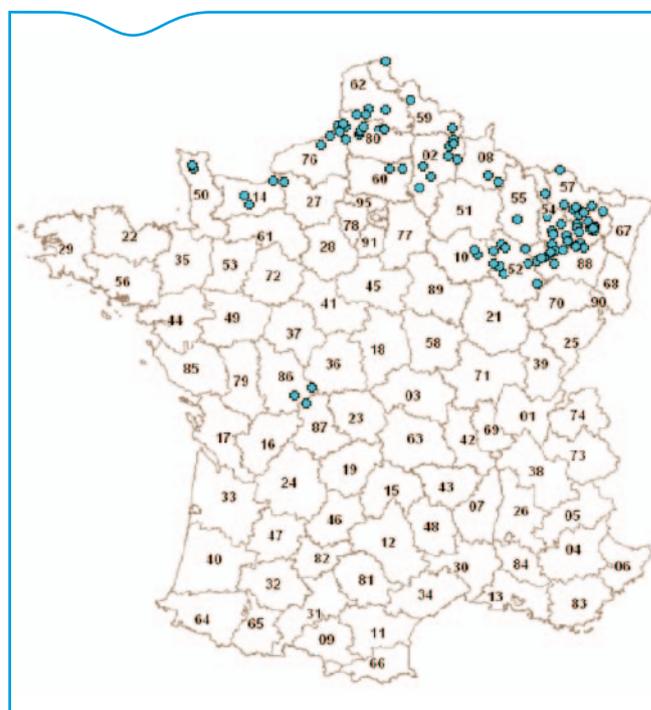


Figure 1. Localisation des foyers de SBV confirmés en France au 10 février 2012. Source : DGAL

ruminants ne sont pour l'heure pas disponibles. En revanche, il est établi que l'infection de ruminants en gestation peut provoquer des malformations congénitales telles qu'une arthrogrypose (ankylose, raccourcissement des tendons), une hydrocéphalie, un torticolis ou d'autres malformations du système nerveux central (hydranencéphalie, hypoplasie du cervelet), un avortement ou une mise bas prématurée. La plupart des individus mal formés sont morts nés et ceux qui sont vivants à la naissance semblent ne pas survivre.

Il est considéré peu probable que le SBV soit pathogène pour l'Homme (ECDC, 2011).

Diagnostic

Le génome du SBV peut être identifié par RT-PCR et les anticorps post-infectieux peuvent être mis en évidence par séroneutralisation ou immunofluorescence indirecte. En France, le diagnostic est réalisé par RT-PCR en temps réel au Laboratoire de santé animale de l'Anses de Maisons-Alfort. La virémie semble être courte chez les animaux adultes (première estimation pour SBV de l'ordre de 2 à 5 jours post-exposition chez les bovins (Hoffmann *et al.*, 2012) et pour Akabane de l'ordre de 1 à 6 jours post-exposition). Cela explique vraisemblablement des défauts de diagnostic à partir du sang de la mère en cas de malformation fœtale. La présence de matériel viral détectable semble être plus longue chez les fœtus infectés, ce qui permet la confirmation de l'infection par RT-PCR chez des nouveau-

Tableau 1. Nombre de foyers de SBV confirmés par pays et par espèce

Pays	Date de la 1 ^{re} confirmation	Date d'actualisation des données présentées	Nombre de suspicions	Foyers confirmés (total)	Foyers confirmés ovins	Foyers confirmés bovins	Foyers confirmés caprins
Allemagne	29/11/2011	10/02/2012	Non communiqué	434	402	13	19
Pays-Bas	16/12/2011	10/02/2012	474	98	89	4	5
Belgique	22/12/2011	10/02/2012	397	103	95	7	1
Royaume-Uni	23/01/2012	07/02/2012	Non communiqué	29	28	1	0
France	25/01/2012	10/02/2011	450	94	93	0	1
Total				758	707	25	26

Le nombre de foyers notifiés dans les pays atteints est mis à jour sur le centre de ressources de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale <http://www.survepi.org/cerepi/>

nés mal formés par analyse sur le cerveau (les analyses sur rate semblent inappropriées).

La séroneutralisation et l'immunofluorescence ne sont pas utilisables à grande échelle. Des méthodes ELISA sont en cours de développement.

Surveillance

L'infection par le SBV n'est actuellement visée par aucune réglementation communautaire ou internationale. Dans plusieurs pays de l'Union européenne, une surveillance du SBV a été mise en œuvre et cible la survenue de malformations et d'avortements chez les ruminants. En France, la surveillance a été mise en place par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) dès le 4 janvier 2012, en lien avec la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale (note de service DGAL/SDSPA/N2012-8007) (DGAL 2012).

Les foyers confirmés identifiés par la surveillance (Tableau 1) fournissent une indication sur les zones où le SBV a circulé, mais ne permettent pas d'estimer la prévalence de l'infection, pour plusieurs raisons. Le nombre de foyers augmentera vraisemblablement tout au long de la période de mise bas de femelles ayant pu être infectées à un stade de gestation à risque et durant la période d'activité des vecteurs. Dans l'hypothèse où les fenêtres temporelles d'infection par le SBV conduisant à des malformations congénitales seraient du même ordre que celles de l'infection par Akabane, des brebis infectées fin octobre pourraient donner naissance à des fœtus mal formés ou avorter jusqu'en février et jusqu'à fin mai pour des vaches infectées à la même période. De plus, nous ignorons l'étendue de la période d'activité vectorielle. En outre, la circulation du SBV peut demeurer inapparente dans certains élevages, notamment (i) en l'absence de brebis à deux mois de gestation ou de vaches entre deux et cinq mois de gestation lors de la circulation du virus dans le cheptel ou (ii) en l'absence d'apparition de malformations malgré l'infection (on ignore en effet quelle proportion d'infections au cours de la période d'exposition se traduit effectivement par l'apparition de malformations). Enfin, on ignore la durée précise de la virémie chez les fœtus infectés ainsi que la sensibilité du diagnostic par RT-PCR chez ces animaux et on remarque que le taux de confirmation des suspicions semble bas (de l'ordre de 20 %, Tableau 1), ce qui pourrait s'expliquer en partie par le type de prélèvement réalisé, cf. supra.

Seule la disponibilité de kits ELISA permettrait de réaliser des enquêtes sérologiques afin d'estimer la prévalence de l'infection et sa réelle distribution géographique.

Réponse à l'émergence

Des études sont en cours ou en projet, en France et en Europe, afin de caractériser les vecteurs en cause, les éventuels autres modes de transmission, le spectre d'hôtes domestiques et dans la faune sauvage, la durée de la virémie, les caractéristiques de l'immunité, les éventuels facteurs de risque, etc. (Commission européenne, 2012).

La Plateforme créée fin 2011 conformément aux recommandations des États généraux du sanitaire, qui associe l'Administration, l'Anses, les organisations professionnelles agricoles et vétérinaires et les laboratoires d'analyse, favorise la coordination, la réactivité et l'adaptabilité de la réponse nationale à l'émergence du SBV, tout en contribuant à la cohérence et à l'articulation des initiatives sur les plans technique et organisationnel. À titre d'exemple, parmi les activités initiées de façon complémentaire à la veille et à la surveillance, la Plateforme conduit deux enquêtes qui permettront de mieux caractériser les foyers. Une enquête rétrospective auprès des vétérinaires, portée par la SNGTV, permettra de recueillir la description d'éventuels foyers évocateurs d'une infection aiguë par le SBV survenus en France, au cours de l'été ou de l'automne 2011. Une enquête descriptive dans les élevages atteints, portée par GDS France, permettra d'évaluer la proportion d'animaux atteints au sein des foyers, de faire une première estimation des pertes économiques et d'estimer de façon globale la fréquence des principaux troubles observés.

Conclusion

Les foyers de SBV identifiés au cours de l'hiver 2012 révèlent une circulation virale ayant eu lieu l'été ou l'automne 2011. La distribution connue actuellement, à savoir du sud-ouest de l'Angleterre à la frontière germano-polonaise et du nord des Pays-Bas au Centre Ouest de la France témoigne d'une large diffusion du virus, passée préalablement inaperçue dans la plupart des zones touchées. La connaissance de l'épidémiologie de cette infection est lacunaire et il est difficile de prédire quelle pourrait être l'évolution de la situation à la reprise de l'activité des vecteurs, au printemps 2012. L'ensemble des partenaires de la santé animale, réunis notamment au sein de la Plateforme sont mobilisés pour décrire au mieux les caractéristiques cliniques et épidémiologiques de l'infection, et se préparer à réagir à son évolution.

Références bibliographiques

- Commission européenne. [Consulté le 12 février 2012] http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/schmallenberg_virus/docs/guidance_document_07022012_en.pdf
- DGAL. [Consulté le 12 février 2012] <http://agriculture.gouv.fr/IMG/pdf/DGALN20128007Z.pdf>
- ECDC. [Consulté le 12 février 2012] http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/Forms/ECDC_DispForm.aspx?ID=795
- Hoffmann B, Scheuch M, Höper D, Jungblut R, Holsteg M, Schirrmeyer H, *et al.* Novel orthobunyavirus in cattle, Europe, 2011. *Emerg Infect Dis*, 2012 Mar [Consulté le 12 février 2012] <http://dx.doi.org/10.3201/eid1803.111905>
- Standing Committee on the Food Chain and Animal Health (SCoCAH). [Consulté le 12 février 2012] http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/schmallenberg_virus/docs/sv_statement_11012012_en.pdf

Directeur de publication: Marc Mortureux
Directeur associé: Patrick Dehaumont
Comité de rédaction: Sandrine Baron, Didier Boisseleau, Anne Brisabois, Anne Dufour, Françoise Gauchard, Pascal Hendriks, Paul Martin, François Moutou, Julien Santolini
Rédacteur en chef: Didier Calavas
Rédactrice en chef adjointe: Clara Marcé

Secrétaire de rédaction: Catherine Delorme
Responsable d'édition: Fabrice Coutureau
Assistante d'édition: Céline Leterer
Anses - www.anses.fr
27-31 avenue du général Leclerc
94701 Maisons-Alfort Cedex
Courriel: bulletin.epidemi@anses.fr

Conception et réalisation: Parimage
Photographies: Christophe Lepetit
Impression: Bialec
95 boulevard d'Austrasie - 54000 Nancy
Tirage: 5000 exemplaires
Dépôt légal à parution/ISSN 1630-8018

