

Prévalence de la grippe équine en France de novembre 2005 à octobre 2010

Loïc Legrand (1) (loic.legrand@calvados.fr), Aymeric Hans (2)

(1) Laboratoire Frank Duncombe, Saint-Contest, France

(2) Anses, Laboratoire de pathologie équine de Dozulé, France

Résumé

Le virus influenza équin, plus communément appelé virus de la grippe équine, est l'un des pathogènes majeurs susceptibles d'impacter fortement l'économie de la filière équine. L'agent responsable est un virus influenza de type A. Deux sous-types sont à ce jour connus comme agents infectieux des équidés, H7N7 et H3N8, mais seul ce dernier semble circuler à l'heure actuelle. Entre novembre 2005 et octobre 2010, 1 527 prélèvements respiratoires ont été reçus au laboratoire Frank Duncombe pour recherche de virus influenza équin, dont 990 par l'intermédiaire de déclaration faite au sous-réseau « syndrome respiratoire aigu » (SRA) du Réseau d'épidémiosurveillance en pathologie équine (RESPE). Cent quarante-sept prélèvements se sont révélés positifs par RT-PCR en temps réel répartis dans 62 foyers, ce qui représente 9,6 %. Au cours de cette étude, une importante épizootie est survenue avec pour origine le centre d'entraînement de Grosbois, puis s'en est suivie d'une dissémination au sein de nombreux élevages et dans des lieux accueillant des manifestations équines. Lors de cette épizootie, 70 chevaux ont été confirmés positifs par RT-PCR et cet épisode aurait atteint plus de 200 chevaux. Des analyses phylogénétiques ont pu être menées à partir des séquences nucléotidiques du gène de l'hémagglutinine H3. Seules des souches appartenant au lignage Américain, Cluster Florida, Clade 1 et Clade 2 ont été détectées. Cette observation conforte les recommandations émises en 2011 par l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) stipulant la nécessité d'incorporer un représentant des deux Clades dans la composition des vaccins visant à la protection contre la grippe équine.

Mots clés

Grippe équine, épidémiosurveillance, analyse phylogénétique

Abstract

Prevalence of Equine influenza in France, November 2005-October 2010

Equine influenza virus, commonly known as horse 'flu virus', is one of the main diseases likely to cause extensive financial damage to the horse industry. The pathogen responsible is a type A influenza virus. There are two sub-types known to infect horses—H7N7 and H3N8—but only the latter appears to be circulating at present. Between November 2005 and October 2010, the Frank Duncombe laboratory received 1,527 respiratory samples to be tested for equine influenza virus. Of these, 990 were declared to RESPE's Acute Respiratory Syndrome sub-network. RT-PCR detected 147 positive samples from 62 sites, making a total of 9.6%. During this study, a major outbreak occurred, focused first on the Grosbois training centre then spreading to several stud farms and places holding horse events. During this outbreak, 70 horses were confirmed positive by RT-PCR, though the episode may have affected over 200 horses. Phylogenetic analyses were carried out on nucleotide sequences of the H3 haemagglutinin gene. Only clade 1 and clade 2 viruses in the American lineage, Florida sublineage, were detected. This observation supports the recommendations made in 2011 by the World Organisation for Animal Health (OIE) stipulating the need to incorporate a representative of these two clades in vaccines designed to protect horses against equine influenza.

Keywords

Equine influenza, epidemiological surveillance, phylogenetic analysis

Le virus de la grippe équine est l'un des agents pathogènes majeurs susceptibles d'impacter fortement l'économie de la filière équine. L'agent responsable est un virus influenza de type A; ces virus sont également responsables de la majeure partie des gripes humaines. Toutefois, à ce jour, aucune transmission du cheval à l'homme n'a été mise en évidence. Deux sous-types sont connus comme agents infectieux des équidés, H7N7 et H3N8, mais seul ce dernier semble circuler à l'heure actuelle. Le sous-type H3N8 n'a eu de cesse d'évoluer depuis sa découverte en 1963 avec l'apparition de deux lignages distincts appelés Européen et Américain. À ce jour, l'ensemble des épizooties enregistrées dans le monde sont causées par des virus appartenant au lignage Américain (Elton and Bryant, 2011). Depuis de nombreuses années, le laboratoire Frank Duncombe, en collaboration avec le réseau d'épidémiosurveillance en pathologie équine (RESPE), caractérise génétiquement les virus influenza équins détectés en France afin de suivre l'apparition d'éventuels nouveaux variants, de mutations favorisant l'échappement viral, voire de sites de pathogénicité. L'un des objectifs est d'acquiescer ainsi des informations indispensables pour une prophylaxie adaptée.

Signes cliniques, transmission et traitement

La maladie existe sous trois formes: mineure, majeure simple et majeure compliquée. Les signes cliniques associés à la forme mineure sont discrets avec une hyperthermie modérée (forme la plus souvent observée chez les populations vaccinées). Les animaux atteints par la forme majeure simple présentent une forte hyperthermie, une

toux quinteuse, sèche et douloureuse pouvant être associée à des étouffements. D'autres symptômes comme la tachypnée et/ou dyspnée ainsi que la conjonctivite ou de la myalgie peuvent également être observés. La forme majeure compliquée est souvent la conséquence d'une surinfection bactérienne occasionnant un jetage muco-purulent. Les manifestations cliniques se présentent alors sous la forme d'une bronchite, d'une pneumonie pouvant être fatales à l'animal.

Les gouttelettes émises lors de la toux et des étouffements sont les principales sources de contamination entre les chevaux. Il est toutefois possible que des objets en contact avec les individus malades, voire des interventions humaines, participent à la propagation du virus.

Le traitement est essentiellement symptomatique via l'administration d'anti-pyrétiques parfois couplés à de la vitamine C. Une fièvre persistante entraînera l'administration d'antibiotiques. Après infection, il est important que les animaux soient mis au repos pendant au moins trois semaines.

Diagnostic

Le diagnostic direct à partir d'un écouvillonnage des cavités nasopharyngées est la méthode de choix comparée aux analyses sérologiques. Trois méthodes sont généralement employées pour la détection du virus: l'isolement viral sur œufs embryonnés, les tests immuno-enzymatiques sur membrane, et les techniques moléculaires par RT-PCR. Les deux premières semblent toutefois moins adaptées à la recherche des virus influenza équins puisque respectivement trop longues et pas assez sensibles. La RT-PCR, quant à elle, allie sensibilité, spécificité et

rapidité. Le typage des souches isolées est effectué par caractérisation moléculaire et phylogénique du gène de l'hémagglutinine (H3).

Prévalence des virus influenza équins en France

Entre novembre 2005 et octobre 2010, 1 527 prélèvements respiratoires ont été reçus au laboratoire Frank Duncombe pour recherche de virus influenza équin, dont 990 par l'intermédiaire de déclaration faite au sous-réseau « syndrome respiratoire aigu » (SRA) du RESPE. Cent quarante-sept prélèvements se sont révélés positifs répartis dans 62 foyers ce qui représente 9,6 % (Figure 1). Le nombre de prélèvements positifs par an est compris entre sept (2010) et 89 (2009) (Figure 2). Cette dernière année est toutefois particulière puisque le nombre de cas anormalement élevé est, dans sa grande majorité, dû à la survenue d'une importante épizootie dont l'origine se situait au centre d'entraînement de Grosbois. À la suite de cela, de nombreux chevaux sont retournés dans leur élevage, participant ainsi à la propagation du virus sur le territoire français. Au total, plus de 200 chevaux ont développé des symptômes grippaux, parmi lesquels 71 ont pu être confirmés en laboratoire. Si l'on retire l'année 2009 des statistiques pour évaluer la prévalence de la grippe au sein des prélèvements respiratoire, celle-ci passe de 9,6 % à 5,6 %.

Épidémiologie moléculaire

Des analyses phylogénétiques ont pu être menées à partir des séquences nucléotidiques des gènes de l'hémagglutinine H3, principale protéine de surface du virus, afin de caractériser les souches circulant en France. À l'instar des autres études menées dans le monde, seules des souches appartenant au lignage Américain, groupe (ou Cluster) Florida ont été détectées (Legrand *et al.*, 2008). Ce Cluster se subdivise en deux Clades, les Clades 1 et 2. Des représentants de ces deux Clades ont été isolés en France, bien que le Clade 1 n'ait été retrouvé que lors d'une seule épizootie, l'« épizootie de Grosbois » (Zientara *et al.*, 2010). L'ensemble des autres isolats appartient au Clade 2 (Figure 3). Cette observation conforte les recommandations émises en 2011 par l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE - Office international des épizooties) stipulant la nécessité d'incorporer un représentant des deux Clades dans la composition des vaccins visant à la protection contre la grippe équine (groupe d'experts de l'OIE chargé de la surveillance de la composition des vaccins contre la grippe équine, 2011).

Prévention

Le contrôle de la grippe est étroitement lié aux mesures de vaccination et de conduite de l'élevage. Il est estimé qu'une vaccination correctement effectuée sur 70 % d'une population de chevaux préviendrait l'apparition d'une épizootie au sein de celle-ci. L'immunité ainsi acquise n'empêche pas la survenue de cas sporadiques mais permet une diminution de l'intensité, de la durée des symptômes et limite la propagation virale.

La vaccination contre la grippe est exigée pour les chevaux qui participent à des compétitions équestres nationales. Elle est obligatoire pour accéder aux lieux appartenant aux sociétés de courses.

Retour sur une épizootie mortelle

En avril 2011, une épizootie de grippe équine aux conséquences importantes est survenue dans un élevage de chevaux de trait situé dans l'Orne. Le bilan de celle-ci, au sein d'un effectif de 160 animaux, est de 93 chevaux atteints, dont sept poulains âgés entre trois jours et deux semaines morts des suites de l'infection virale. Bien que déjà décrite, cette manifestation clinique reste tout de même assez rare. Une des hypothèses qui pourrait expliquer cette mortalité inhabituelle est la présence de séquences particulières de protéines virales pouvant entraîner une pathogénicité accrue. Une première analyse a permis de déterminer que la souche appartenait au sous-type H3N8, lignage Américain, cluster Florida, Clade 2, très proche dans ce gène des souches circulant à la fin de l'année 2010 (données non présentées).

D'autres gènes sont actuellement à l'étude pour tenter d'identifier des similitudes avec des séquences impliquées dans l'augmentation du pouvoir pathogène décrites et chez d'autres sous-types circulant dans la population humaine.

Références bibliographiques

Elton, D., Bryant, N., 2011. Facing the threat of equine influenza. *Equine Vet J* 43, 250-258.

Groupe d'experts de l'OIE chargé de la surveillance de la composition des vaccins contre la grippe équine, 2011. *Bulletin OIE*, 2, 50-51.

Legrand, L., Pronost, S., Pitel, P.H., Fortier, C., Marcillaud-Pitel, C., Fortier, G., 2008. Grippe équine : le virus, son évolution et les souches virales actuelles. *Equ'idée* 64, 50-53.

Zientara, S., Lecollinet, S., Beck, C., Legrand, L., 2010. Les virus de la grippe équine et de fièvre du Nil occidental : deux virus d'actualité en santé animale et en santé publique. *Bulletin Vétérinaire Pratique* 94, 23-36.

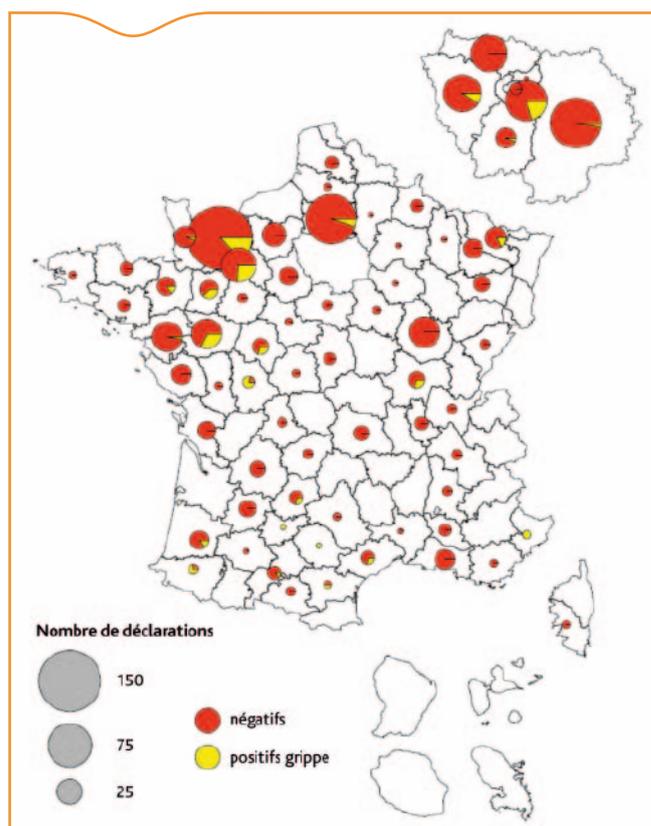


Figure 1. Répartition des déclarations « Syndrome respiratoire aigu » et des cas de grippe équine en France de 2006 à 2010, dans le cadre du Respe

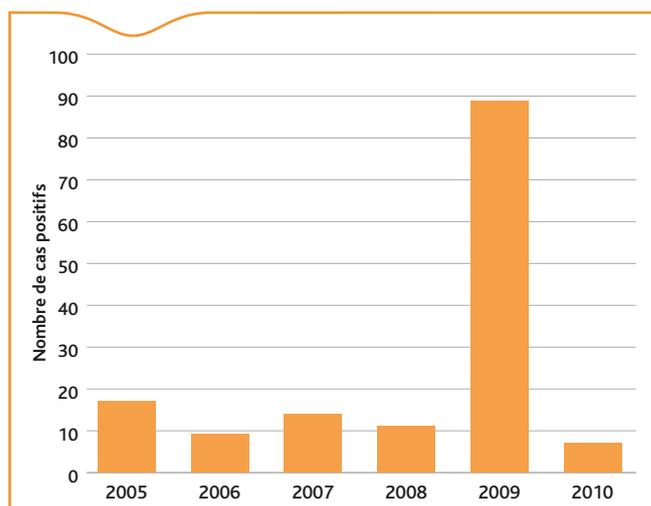


Figure 2. Nombre de cas annuels de grippe équine survenus en France de novembre 2005 à octobre 2010

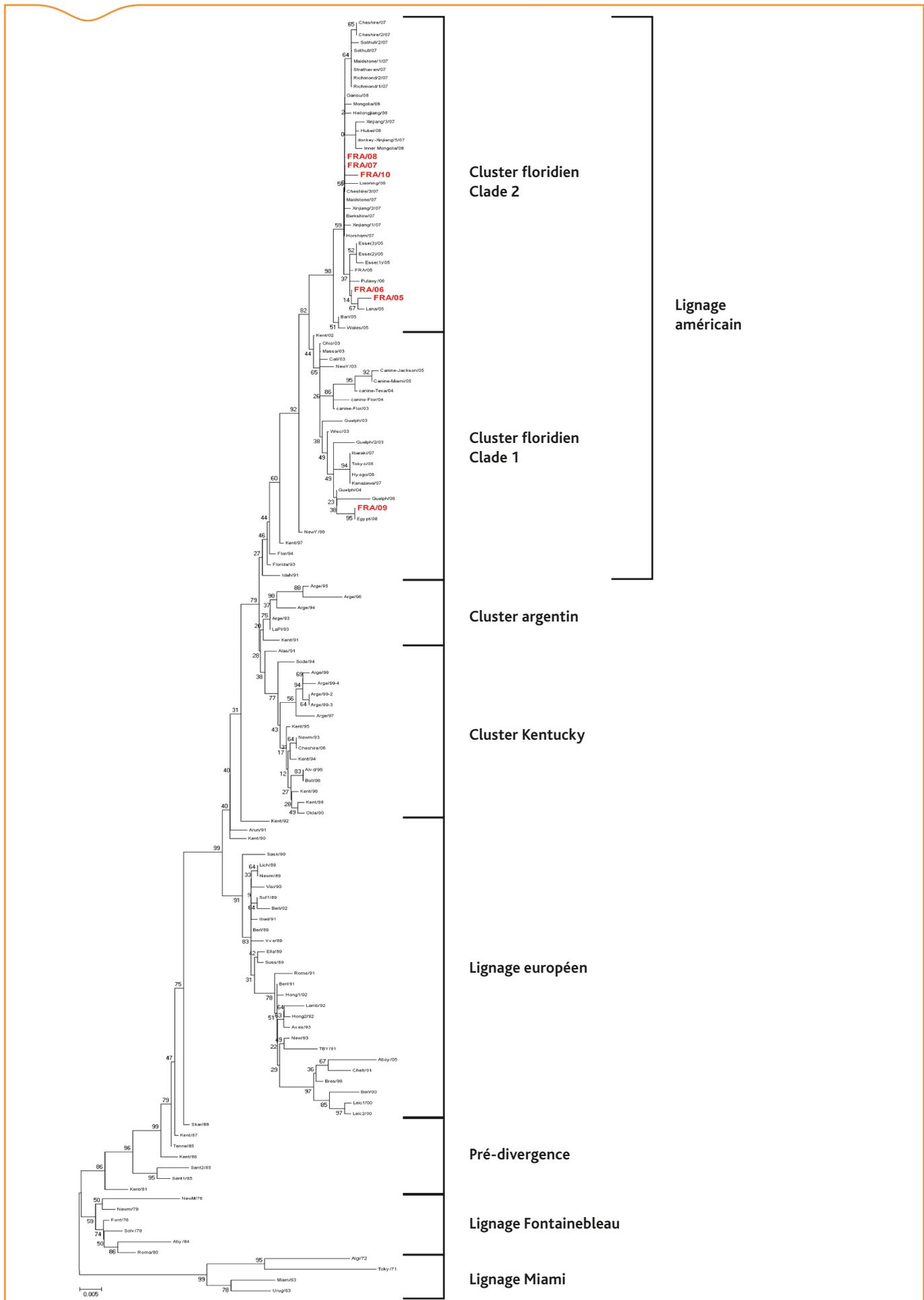


Figure 3. Analyse phylogénétique réalisée dans l'ensemble du gène de l'hémagglutinine H3 incluant la séquence des souches prototypes de virus influenza de type A (FRA/05, FRA/06, FRA/07, FRA/08, FRA/09, FRA/10) isolées au laboratoire Frank Duncombe entre 2005 et 2010 et comparaison de celle-ci avec les séquences référencées dans Genbank

Investigations épidémiologiques et microbiologiques à propos de deux cas de **septicémie hémorragique virale** en Moselle survenus en 2011

Sophie Le Bouquin (1) (sophie.lebouquin-leneveu@anses.fr), Peggy Rasquin (2), Laurent Bigarré (1), Joëlle Cabon (1), Gwenola Lefevre (3), Thierry Morin (1), Jeannette Castric (1), Thibaud Roman (4)

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan - Plouzané, France

(2) DDPP de la Moselle, Metz, France

(3) DDCSPP de la Meuse, Bar-le-Duc, France

(4) DGAL/SDSPA/BSA et DRAAF Basse-Normandie, service régional de l'alimentation, Caen, France

Résumé

La septicémie hémorragique virale (SHV) est une maladie de poissons d'eau froide répartie mondialement. Si de nombreuses espèces peuvent être porteuses, les salmonidés et plus particulièrement la truite arc-en-ciel sont les plus sensibles. Lors d'un épisode survenu dans deux piscicultures de l'Est de la France en 2011, des investigations épidémiologiques et virologiques approfondies ont été menées conjointement afin de tenter d'identifier l'origine de ces foyers, la période et les zones à risque. S'il n'existe aucune certitude quand à l'origine de la contamination, les investigations ont permis de mettre en évidence une forte similitude entre les deux isolats mosellans indiquant soit une contamination par une source de virus commune, soit une contamination successive des piscicultures. Même si les données épidémiologiques ne permettent pas d'établir avec certitude quel était le cas index, des hypothèses peuvent être émises.

Mots clés

Salmonidés, septicémie hémorragique virale, rhabdovirus, investigation épidémiologique, génotype

Abstract

Epidemiological and microbiological investigations of two outbreaks of Viral haemorrhagic septicemia, in Mosel, in 2011

Viral haemorrhagic septicemia (VHS) is a worldwide fish disease. Several species can be carriers, but salmonids and particularly rainbow trout are susceptible. A recent episode occurred in two fish farms of Eastern France in 2011. Epidemiological and virological investigations were conducted jointly, in order to identify the origin of these outbreaks, period and areas at risk. If there is no certainty about the source of the contamination, investigations have allowed to show a strong similarity between the two isolates, indicating either contamination by a common source of virus or successive contamination of the fish farms. Even if epidemiological data are not sufficient to establish with certainty what the index case was, hypotheses can be made.

Keywords

Salmonids, viral haemorrhagic septicemia, rhabdovirus, epidemiological investigation, genotype

La septicémie hémorragique virale est l'une des principales maladies des poissons réglementées en France. Présente essentiellement dans l'hémisphère nord, dans les eaux froides fréquentées par les salmonidés, elle touche près de 80 espèces de poissons d'élevage ou sauvages et est à l'origine de très lourdes pertes économiques pour les élevages affectés (EFSA, 2008; OIE, 2009). C'est une maladie dite d'eau froide, causée par un novirhabdovirus, le VSHV (Tordo *et al.*, 2005). Les signes cliniques s'expriment généralement quand la température de l'eau se situe entre 4 °C et 14 °C et la mortalité est la plus élevée entre 8 °C et 12 °C. Les individus asymptomatiques représentent des réservoirs potentiels du virus et peuvent contribuer à la propagation de la maladie. La truite arc-en-ciel (TAC) (*Oncorhynchus mykiss*) est une espèce particulièrement sensible. Depuis 2008, un agrément zoosanitaire des fermes aquacoles met en application les exigences sanitaires fixées par la réglementation européenne et favorise une détection précoce des nouveaux foyers. Dans ce cas, la prise d'un arrêté préfectoral portant déclaration d'infection (APDI) permet de mettre en place dans la pisciculture infectée des mesures de police sanitaire. Cette maladie est présente en Europe mais aucun cas n'avait été déclaré en France depuis 2009 (Mancho et Castric, 2011).

Contexte et description des cas

En avril 2011, un pisciculteur de Moselle (pisciculture A) déclare à la Direction départementale de la protection des populations (DDPP) de son département une mortalité brutale et massive de TAC (8 tonnes en 15 jours). Un vétérinaire spécialisé en aquaculture intervient sur le site concerné. Il suspecte l'apparition d'un foyer de maladie réputée contagieuse (MRC) et effectue des prélèvements pour recherche

virale pendant que la DDPP prend un arrêté préfectoral de mise sous surveillance (APMS). Le laboratoire national de référence de l'Anses de Ploufragan - Plouzané (LNR) confirme la présence du virus VSHV. Un APDI est alors pris, instaurant une zone de confinement sur le site de la pisciculture, dans laquelle est exigée la destruction des animaux morts ou malades. L'APDI définit également un périmètre de surveillance suivant les limites des communes mitoyennes de celle du foyer et susceptibles d'être contaminées. Dans ce périmètre de surveillance, il existe une autre pisciculture qui fait l'objet de prélèvements, bien qu'aucune mortalité anormale n'y ait été déclarée. Le LNR confirme la présence du virus dans cette deuxième pisciculture, ce qui conduit à une modification de l'APDI pour inclure les deux établissements dans la zone de confinement.

Début mai 2011, la Direction générale de l'alimentation (DGAL) sollicite l'assistance de l'Anses dans le cadre de l'enquête épidémiologique concernant ces deux foyers de SHV afin de déterminer la période et les zones à risque et pour tenter d'identifier l'origine de ces foyers.

Matériels et méthodes

Une enquête épidémiologique complète a été conduite lors d'un déplacement sur site courant mai 2011. La méthodologie employée est basée sur celle proposée par le groupe de travail « épidémiologie d'intervention » d'experts de l'Anses sur l'investigation d'épisodes épidémiques en santé animale. Elle s'appuie sur les données issues de la DDPP de Moselle, elle-même assistée d'un vétérinaire de la DRAAF⁽¹⁾, du référent national aquacole de la DGAL, d'agents de l'ONEMA⁽²⁾, d'une épidémiologiste et d'une virologue de l'Anses et du vétérinaire sanitaire désigné pour l'enquête.

(1) Direction régionale de l'alimentation, de l'agriculture et de la forêt; (2) Office national de l'eau et des milieux aquatiques.