



Bulletin épidémiologique

Santé animale - alimentation

Juin 2012 trimestriel/numéro 51

Page 2

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

Page 5

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

Page 8 - Brève

Le Centre de ressources sur l'épidémiologie-surveillance, le site web collaboratif de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale

Page 9

Évaluation du dispositif national de surveillance épidémiologique de la tuberculose bovine en France à l'aide de la méthode OASIS

Page 13

Infection par le virus Bluetongue sérotype 8 et performances dans les troupeaux bovins laitiers

Page 18

Situation épidémiologique de l'infection congénitale par le virus Schmallenberg en France: bilan mi-avril 2012

Page 22 - Brèves

- Isolement d'un virus influenza porcine de sous-type H3N2 dans un élevage de porcs localisé dans le département du Nord
- Confirmation de la circulation du virus influenza pandémique A/H1N1 (2009) chez le porc en France métropolitaine
- Apparition de la fièvre aphteuse au nord de l'Afrique au printemps 2012
- Épisode de rhodococcose à Mayotte

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'agro-alimentaire et de la forêt.

ÉDITORIAL

Ce numéro 51 du *Bulletin épidémiologique* aborde des aspects très variés de l'épidémiologie en santé animale: investigation, surveillance, évaluation technique de dispositifs de surveillance, modélisation de l'impact d'une épizootie sur les performances des animaux.

La plupart des articles et brèves de ce numéro sont consacrés à des affections virales dans des filières animales très diverses: poissons, bovins, chevaux, petits ruminants, porcs, témoignant de l'importance de ce type d'étiologie, que les maladies soient présentes sur notre territoire ou qu'elles le menacent.

En bactériologie, la tuberculose bovine représente actuellement en France un enjeu important en matière de surveillance et de contrôle. L'évaluation du dispositif de surveillance de cette maladie, réalisée dans le cadre de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale, a pour finalité d'identifier toutes les marges d'amélioration de la surveillance. Le *Bulletin épidémiologique*, en présentant une synthèse de cette évaluation, contribue à la diffusion des résultats de l'activité de la Plateforme. Il agit ainsi en complémentarité avec le Centre de ressources de la Plateforme, présenté dans ce numéro.

Enfin et surtout, nous tenons à nous excuser humblement auprès des auteurs de l'article sur la grippe équine, qui aurait dû faire partie du numéro spécial Équidés, mais qui a été, d'une manière impardonnable, oublié lors de la fabrication. La parution de cet article dans le présent numéro permettra de corriger en partie cette erreur.

Le comité de rédaction



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 éternuements. 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 éternuements 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 épidémie 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 épidémie, l'« épidémie 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 épidémie 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 épidémie mortelle

En avril 2011, une épidémie 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.

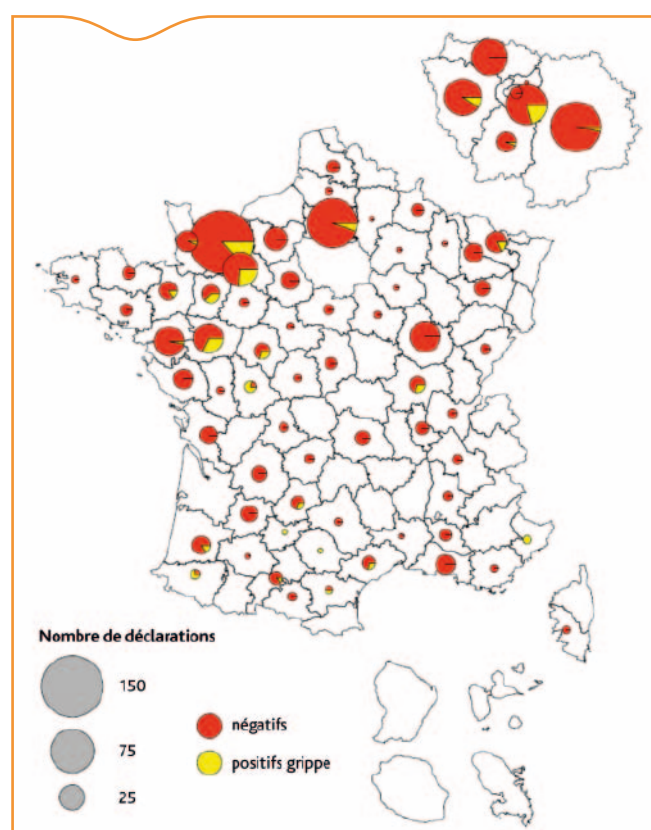


Figure 1. Répartition des déclarations « Syndrome respiratoire aigu » et des cas de grippe équine en France de 2006 à 2010, dans le cadre du Respe

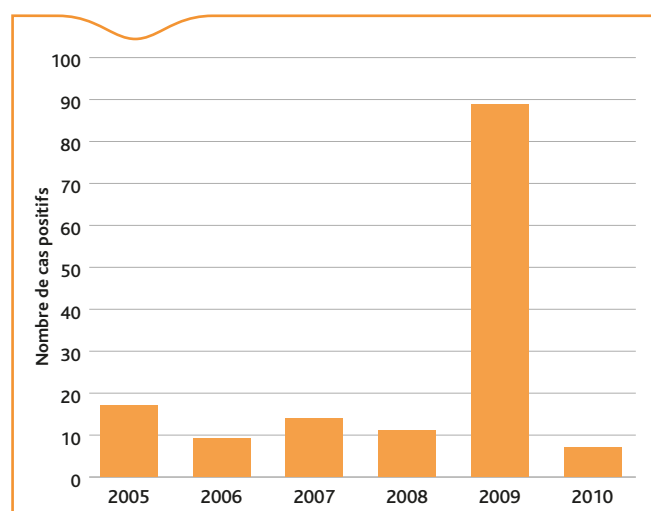


Figure 2. Nombre de cas annuels de grippe équine survenus en France de novembre 2005 à octobre 2010

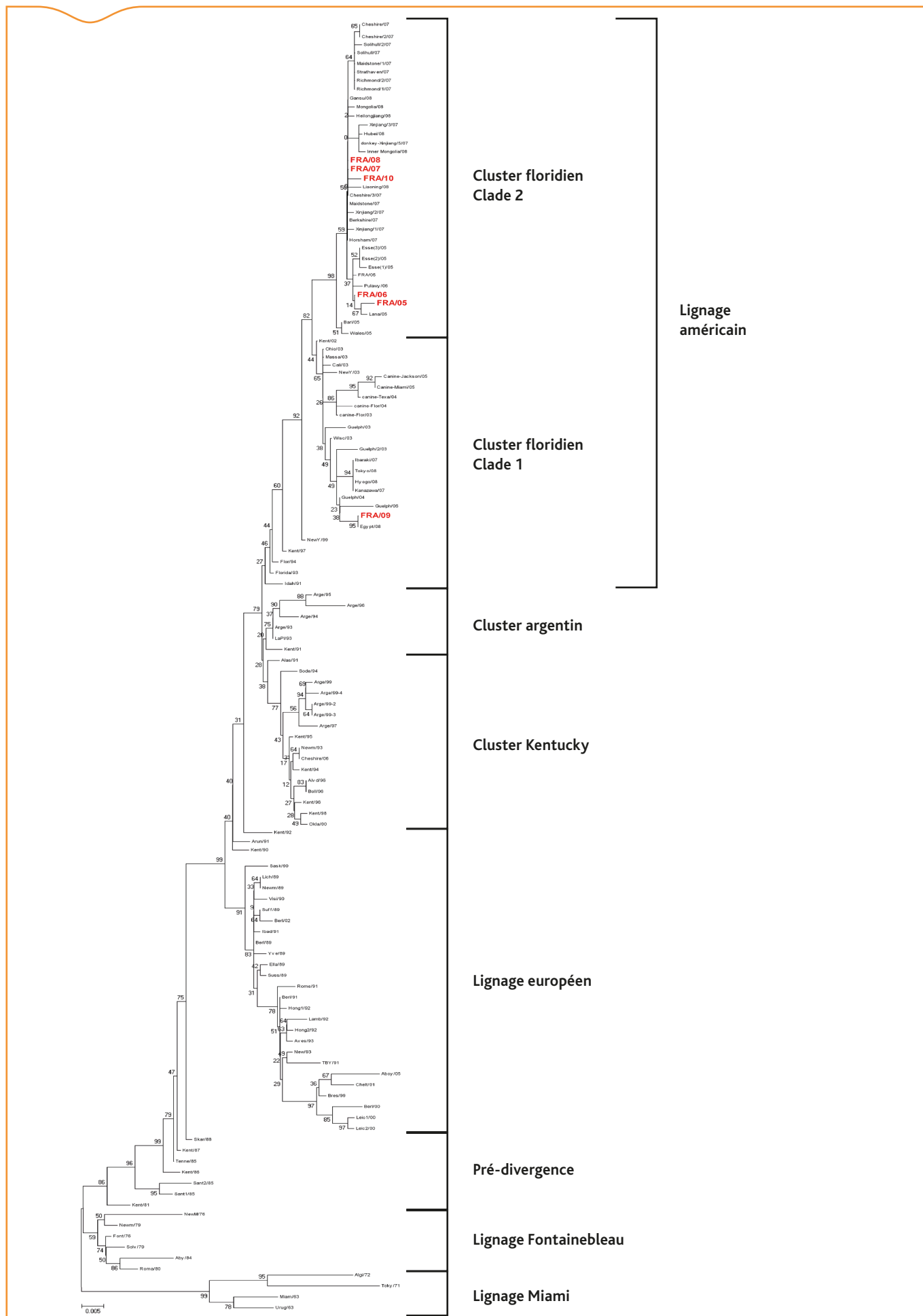


Figure 3. Analyse phylogénétique réalisée dans l'ensemble du gène de l'hémagglutinine H3 incluant la séquence des souches prototypes de virus influenza de type A (FRA/05, FRA/06, FRA/07, FRA/08, FRA/09, FRA/10) isolées au laboratoire Frank Duncombe entre 2005 et 2010 et comparaison de celle-ci avec les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

Des autopsies sur les TAC ont été réalisées dans ces deux piscicultures par le vétérinaire sanitaire et des prélèvements ont été transmis au LNR.

Mise en évidence du virus VSHV

La recherche du virus VSHV a été effectuée selon les recommandations de la norme NF U47-220 (Norme NF U47-220, 2010). Les organes (rein antérieur, rate, cerveau) prélevés sur dix TAC présentant des signes cliniques ont été broyés, dilués puis inoculés sur deux lignées cellulaires permissives (RTG-2 et EPC) à 14 °C. Le développement d'effets cytopathiques a été observé régulièrement après la mise en culture. L'identification du virus a été réalisée par immunofluorescence en utilisant des anticorps monoclonaux anti-VSHV (BioX, Belgique), puis confirmée par neutralisation à l'aide d'un sérum de référence spécifique.

Recherche d'anticorps anti-VSHV par séroneutralisation (SN) et ELISA

Une recherche d'anticorps spécifiques du VSHV a été effectuée à partir de sérums de TAC par ELISA sandwich indirect selon une méthode développée par le LNR. Après lecture au spectrophotomètre à une densité optique de 492 nm, les résultats obtenus après transformation ont été comparés à la valeur du seuil de positivité (SE). Les échantillons présentant une valeur de DO égale ou supérieure à (SE + 15 %) ont été déclarés positifs. Les titres en anticorps neutralisants ont également été déterminés selon les recommandations de la norme XP U47-023 (Norme XP U47-023, 2009). Un sérum est considéré positif si son titre neutralisant est égal ou supérieur à 80.

Tableau 1. Isolats ayant servi aux comparaisons de séquences

Isolat	Espèce d'origine	Provenance	Année
G2192	Inconnue	Doubs	1997
L59x	Civelles	Loire-Atlantique	1987
N11298	Brochet	Transport B*	2003
N14165-1	Brochet	Puy-de-Dôme	2004
R374	Truite arc-en-ciel	Haut-Rhin	2005
R5509	Truite arc-en-ciel	Ain	2005
1565	Inconnue	Seine-Maritime	2007
4439	Truite arc-en-ciel	Puy-de-Dôme	2007
FF57	Truite arc-en-ciel	Doubs	2007
GG57	Truite arc-en-ciel	Pas-de-Calais	2007
680401	Truite arc-en-ciel	Aude	2009
JJ39	Truite arc-en-ciel	Moselle	2011
JJ40	Truite arc-en-ciel	Moselle	2011

* Échantillon provenant d'un transport de la pisciculture B de Moselle.

Tableau 2. Récapitulatif des analyses virologiques et sérologiques effectuées

Méthode d'analyse	Date	Nombre, nature et origine des échantillons	Résultats
Virologie (IF + neutralisation)	13/04/11	1 échantillon : organes TAC* – pisciculture A	VHSH +
	28/04/11	3 échantillons : organes TAC et/ou Fario – pisciculture B	1 lot TAC VHSV +
	29/04/11	3 échantillons TAC et/ou Fario – étangs livrés par pisciculteur B	Négatif
	09/05/11	12 échantillons TAC – étangs dans zone sous surveillance	Négatif
Sérologie (ELISA)	09/05/11	18 sérums pisciculture A	1 positif et 1 douteux/18
	09/05/11	12 sérums pisciculture B	3 positifs/12

* TAC: truite arc-en-ciel.

Virologie moléculaire

L'ARN total a été extrait à partir de milieu de culture cellulaire infectée par l'un ou l'autre des deux isolats mosellans et soumis à une reverse-transcription suivie d'une réaction d'amplification en chaîne (PCR) ciblant la totalité du gène viral de la glycoprotéine d'enveloppe (~1 500 paires de bases) (Einer Jensen *et al.*, 2004). Les produits PCR ont été clonés et séquencés. Les séquences obtenues ont été alignées et comparées entre elles et avec d'autres séquences d'isolats du génogroupe « la » du VSHV conservées dans les banques de données (Tableau 1).

Résultats

Résultats d'analyses

L'ensemble des résultats obtenus en culture cellulaire est présenté dans le Tableau 2. Les analyses virales réalisées suite à l'APMS à partir d'organes de TAC provenant de la pisciculture A, puis suite à l'APDI au niveau de la pisciculture B se sont révélées positives. D'autres analyses virologiques effectuées dans des étangs localisés dans le périmètre de surveillance ou ayant reçu des livraisons récentes du pisciculteur B se sont révélées négatives.

Les analyses sérologiques effectuées à partir de sérums de truites prélevés dans les deux piscicultures infectées ont permis de mettre en évidence la présence d'anticorps anti-VSHV, avec une prévalence de 25 % pour la pisciculture B (IC_{95 %} [0,5-49,5]) contre 5,5 % (IC_{95 %} [0-16,1]) pour la pisciculture A. Le nombre limité d'animaux analysés ne permet néanmoins pas de conclure quant à une différence significative de prévalence entre ces deux piscicultures. Les titres en anticorps neutralisants n'ont pas pu être déterminés par séroneutralisation (SN) du fait d'une hémolyse forte de la quasi-totalité des échantillons.

Un arbre de distance a été déduit du pourcentage de similitude entre les séquences virales (Tableau 3). Les deux isolats mosellans JJ39 (pisciculture A) et JJ40 (pisciculture B) sont strictement identiques et appartiennent au génogroupe « la », souvent rencontré sur le territoire européen. Quand ces deux isolats sont comparés à d'autres d'origines différentes, trois groupes de séquences très similaires se distinguent. Ces trois groupes sont centrés sur trois séquences, 680401 (Aude, 2009, TAC), R374 (Haut-Rhin, 2005, TAC) et 4439 (Puy-de-Dôme, 2007, TAC), qui présentent respectivement 95, 96 et 99 % de similitude avec les séquences JJ39 et JJ40. Les similitudes les plus faibles (95 et 96 %) avec les séquences des isolats mosellans suggèrent des origines virales différentes. En revanche trois séquences virales semblent très similaires aux isolats mosellans (99 %) et se rangent dans le même groupe. Parmi celles-ci, l'isolat N11298 provient d'un brochet analysé en 2003 et provenant d'un transport de la pisciculture B.

Investigations épidémiologiques

Les deux piscicultures concernées sont situées sur un affluent de la Moselle. Leurs prises d'eau se font directement dans la rivière. Aucune autre pisciculture ne se situe ni en amont ni en aval. La pisciculture B possède trois sites échelonnés sur la même rivière, B1 à B3, de l'amont vers l'aval. L'élevage A et le site B1 se situent sur des bras confluents de la rivière mais ne sont distants que de trois à quatre km à vol d'oiseau. Aucun des deux élevages n'est qualifié indemne vis-à-vis de la SHV. La pêche récréative est importante dans ce département et beaucoup de particuliers possèdent des étangs privés dont le recensement est difficile à réaliser.

La pisciculture A produit chaque année 80 tonnes de truites (TAC, fario). L'exploitation comprenant neuf bassins en parallèle, est grillagée et équipée d'un pédiluve; cependant elle n'est pas équipée contre l'intrusion d'oiseaux piscivores. Un étang de pêche ouvert au public est situé en aval des bassins. Les mortalités ont démarré simultanément dans plusieurs bassins et ont évolué très rapidement. Depuis le début des mortalités, environ 22 tonnes de TAC ont été envoyées à l'équarrissage. Aucune mortalité n'a été constatée sur les truites fario. L'enquête de traçabilité réalisée par la DDPP de Moselle a mis en évidence l'absence d'entrée de poissons depuis plusieurs

Tableau 3. Groupes de similitude obtenus à partir de comparaison de séquences de gènes de la glycoprotéine d'enveloppe du virus de la SHV du génogroupe « la »

	1565	680401	G2192	L59x	N14165-1	R374	R5509	JJ39	JJ40	4439	FF57	GG57	N11298
1565	100 %												
680401	99	100 %											
G2192	98	98	100 %										
L59x	90	89	90	100 %									
N14165-1	96	95	96	90	100 %								
R374	95	95	96	90	100	100 %							
R5509	95	95	96	90	100	100	100 %						
JJ39	95	95	96	89	97	96	97	100 %					
JJ40	95	95	96	89	97	96	97	100	100 %				
4439	95	95	96	89	97	96	96	99	99	100 %			
FF57	95	95	96	89	97	97	97	100	100	100	100 %		
GG57	95	95	96	89	97	96	97	99	99	99	100	100 %	
N11298	95	95	96	89	97	96	97	99	99	99	100	100	100 %

mois. Les sorties au cours du mois précédant le début des mortalités concernaient des opérations d'alevinage auprès des associations de pêche, la livraison de piscicultures et de restaurants. Aux dires du pisciculteur, aucun échange de matériel n'a eu lieu entre piscicultures au cours de cette période et les véhicules ont été nettoyés et désinfectés à chaque transport. Des TAC ont été observées dans la rivière, en amont de la pisciculture.

L'activité du pisciculteur B consiste essentiellement en une activité de négoce de poissons, plus que d'élevage *sensu stricto*. Le site principal B1, le plus en amont, est entièrement clos, mais n'est pas protégé contre les oiseaux piscivores. Il est constitué de onze bassins. Des mortalités et des signes cliniques de SHV ont été observés sur les animaux le jour de la visite, ainsi que des restes de cadavres de poissons incinérés. Le pisciculteur a l'habitude de nourrir des sangliers avec ses poissons morts. Ceux-ci sont nombreux dans la région, ce que confirment le grillage soulevé par endroits et la présence de quantité de traces d'onglons. Il est difficile de connaître précisément la date d'apparition des premières mortalités, mais les TAC prélevées fin avril présentaient déjà des signes cliniques et ont été détectées positives pour le VSHV. Les espèces présentes sur le second site B2 ne présentent pas de signes cliniques. Ce sont des espèces non sensibles (saumons de fontaine, esturgeons, carpes et silures), néanmoins elles peuvent être vectrices du virus. Quelques grosses TAC sont toutefois présentes et plusieurs cadavres sont observés. Le dernier site B3 se situe 25 km en aval des deux précédents et n'est pour le moment pas exploité. Il a toutefois été inclus dans le périmètre de l'APDI pour éviter le transfert éventuel de poissons des sites amont vers celui-ci. La traçabilité des mouvements d'animaux, de personnes et de véhicules entre les sites de la pisciculture B est impossible à établir. Au cours de la période précédant l'épisode de SHV, des importations d'espèces sensibles ou vectrices au sens de l'annexe I de la directive 2006/88/CE ont été recensées. Le listing de fournisseurs reconstitué par la DDPP met en évidence des achats d'espèces sensibles ou vectrices en provenance de 10 départements différents. Au cours de cette même période, des livraisons de poissons sont recensées dans au moins onze départements différents. Les DDPP de ces départements ont été alertées mais aucune mortalité anormale n'y a été déclarée.

Discussion

Il n'existe à ce jour aucune certitude quant à l'origine de la contamination, néanmoins, un certain nombre d'hypothèses peuvent être émises.

Une étude de la diversité d'une souche de VSHV dans la région des Grands Lacs nord-américains a montré une très forte similarité (99 %) entre plus de 100 isolats provenant de 37 sites et concernant 31 espèces, entre 2003 et 2009 (Thomson *et al.*, 2011). Dans ce cas,

le virus de la SHV s'est donc peu diversifié après son introduction dans une région. L'identité de séquence des deux isolats mosellans, constatée lors des alignements, indique soit que l'infection d'une des piscicultures est à l'origine de l'autre, soit que les deux piscicultures ont été contaminées par une source de virus commune.

La forte similitude (99 % à 100 %) entre les isolats 4439, N11298, JJ39 et JJ40 indique une origine commune entre ces quatre virus. Deux de ces virus proviennent de l'élevage B où ils ont été prélevés à huit ans d'intervalle sur deux espèces différentes, le brochet et la TAC. Une hypothèse serait donc un maintien du virus sur le site entre 2003 et 2011 avec un passage inter-espèces sur des TAC au cours de cette période. Un scénario alternatif supposerait deux entrées distinctes du même virus, en 2003 puis en 2011, à partir de poissons d'espèces et d'origines différentes, ce qui est plus improbable.

Il existe un lien épidémiologique entre les deux piscicultures, mais il n'est pas possible de déterminer quel a été le cas index. La date de début des mortalités dans la pisciculture B n'est pas connue avec certitude, cependant, la présence d'anticorps anti-VSHV chez les poissons analysés indique que l'infection remonte à plusieurs semaines. L'absence d'observations de mortalité début avril, alors que le virus était déjà présent dans l'élevage, pourrait faire penser à une infection chronique, qui aurait même pu précéder l'infection de la pisciculture A.

L'apparition simultanée de la maladie dans quatre bassins de la pisciculture A permet de suspecter une contamination venant de l'amont de la rivière. Cette observation exclut le rôle vecteur d'oiseaux piscivores, voire même l'hypothèse d'une introduction par le personnel ou par du matériel contaminé. S'il n'y a pas eu contact entre les deux élevages infectés par échanges de poissons ou de matériel au cours du mois qui a précédé l'apparition de signes cliniques, l'hypothèse d'un déversement de poissons infectés dans les deux cours d'eau ne peut être exclue. Les TAC ne sont normalement pas présentes à l'état sauvage dans ces cours d'eau (pas de reproduction). De fait, leur présence résulte probablement d'une intervention humaine. Enfin, les sangliers pourraient avoir joué un rôle de vecteurs passifs (onglons, pelage...) étant donné la faible distance entre les deux piscicultures.

Conclusion

Depuis 2009, aucun cas de SHV n'avait été officiellement constaté en France. Les deux cas survenus dans des piscicultures de TAC de l'Est de la France en 2011 ont fait l'objet d'investigations épidémiologiques et analytiques, approfondies et complémentaires. Sans permettre d'identifier précisément l'origine de la contamination, elles ont permis d'établir des liens épidémiologiques entre les deux élevages et d'identifier une seule et même souche virale. Les pertes économiques sont conséquentes pour ces deux professionnels. Si la mise sur le marché des produits *via* un abattoir agréé, a été autorisée, une partie

non commercialisable de la production a été égarée. L'APDI a été levé en février dernier, toutes les mesures prescrites (élimination des poissons sensibles, observation de mesures de quarantaine des poissons vecteurs, mise à sec et désinfection des bassins) ayant été réalisées sur l'ensemble des sites. Un protocole de suivi des poissons vecteurs par des truites sentinelles a été réalisé. Afin de prévenir une recontamination, des mesures de cloisonnement des différentes activités ont été prescrites: les sites A et B1 en amont sont des sites d'élevage exclusif de TAC. Le site médian B2 est réservé à l'élevage des espèces non sensibles. Enfin le site aval B3, le plus distant accueille les activités de négoce. Les échanges de matériels entre ces sites sont proscrits ou soumis à désinfection préalable. Les deux pisciculteurs souhaitent s'engager dans une démarche de qualification. Ils sont soutenus dans ce sens par la profession aquacole et les autorités sanitaires pour tenter de maîtriser au maximum les risques de propagation de maladies contagieuses. Enfin un système d'information géographique aquacole concernant l'ensemble du territoire métropolitain est en construction.

Remerciements

Les auteurs remercient Marine Baud, Claire de Boissésou, François Lamour et Chiraz Talbi (Anses) pour les travaux de laboratoire ayant permis l'identification précise des virus.

Références bibliographiques

- EFSA, 2008. Aquatic species susceptible to diseases listed in Directive 2006/88/EC Scientific Opinion of the Panel on Animal Health and Welfare (AHAW). The EFSA J. 808, 1-144.
- Einer-Jensen, K., Ahrens, P., Forsberg, R., Lorenzen, N., 2004 Evolution of the fish rhabdovirus viral haemorrhagic septicaemia virus. J. Gen. Virol. 85, 1167-1179.
- Mancho, P., Castric, J., 2011. Surveillance des principales maladies réputées contagieuses des poissons en 2010: la septicémie hémorragique virale (SHV) et la nécrose hémato-poïétique infectieuse (NHI). *Bulletin épidémiologique Santé animale, alimentation*, Anses-DGAL46, 56-57.
- Norme NF U 47-220. Isolement sur culture cellulaire et identification par immunofluorescence du virus de la septicémie hémorragique virale des poissons. Octobre 2010.
- Norme XP U47-023. Recherche d'anticorps contre la septicémie hémorragique virale des salmonidés par la technique de neutralisation virale. Novembre 2009.
- OIE, 2009. Manual of diagnostic tests for aquatic animals. 279-298.
- Thompson, T.M., Batts, W.N., Faisal, M., Bowser, P., Casey, J.W., Phillips, K., Garver, K.A., Winton, J., Kurath, G., 2011. Emergence of viral haemorrhagic septicaemia virus in the North American Great Lakes region is associated with low viral genetic diversity. Dis. Aquat. Org. 96, 29-43.
- Tordo, N., Benmansour, A., Calisher, A., Dietzgen, R.G., Fang, R.-X., Jackson, A.O., Kurath, G., Nadin-Davis, S., Tesh, R.B., Walker, P.J., 2005. Rhabdoviridae in Virus taxonomy 8th report. Editors Fauquet, C., Mayp, M.A., Maniloff, J., Desselberger, U., Ball, L.A : 1258pp.

Brève. Le Centre de ressources sur l'épidémiosurveillance, le site web collaboratif de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale

Short item. The Resource center on epidemiological surveillance: the collaborative website of the French epidemiological surveillance platform for animal health

Pascal Hendriks (1)* (pascal.hendriks@anses.fr), Philippe Chhor (1)*, Clara Marcé (2)*, Alexandre Fediaevsky (2)*, Didier Calavas (3)*

(1) Anses, Direction scientifique des laboratoires, Maisons-Alfort, France

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

(3) Anses, Laboratoire de Lyon, France

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

Mots clés : surveillance épidémiologique, santé animale, web / **Keywords :** epidemiological surveillance, animal health, web

Les activités de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale comprennent la diffusion et le partage d'informations sur le fonctionnement et les résultats des dispositifs de surveillance en santé animale. Une partie de ces informations est destinée à un large public et une autre à n'être partagée qu'entre les membres de la Plateforme conformément aux conventions signées entre les partenaires. Par ailleurs, le caractère multi-institutionnel de la Plateforme conduit un grand nombre d'acteurs dispersés géographiquement et institutionnellement à travailler ensemble.

Afin de répondre à ces objectifs et ces contraintes organisationnelles, un site Web intitulé « Centre de ressources sur l'épidémiosurveillance » (CdR) a été développé (www.survepi.org). Ce CdR comporte une partie publique qui permet la diffusion d'informations sur les activités de la Plateforme et des dispositifs de surveillance existants en santé animale (Figure 1) et une partie privée, accessible avec un identifiant et un mot de passe personnels, espace de partage d'informations et de travail collaboratif entre les membres de la Plateforme.

Le CdR est organisé autour de trois types d'informations :

- les dispositifs de surveillance avec des informations sur le fonctionnement et les résultats de la surveillance. Cette partie est accessible par un menu organisé sur la base des grandes filières de production ;
- les outils et méthodes de surveillance tels que les outils d'évaluation ou les méthodes d'élaboration d'indicateurs de fonctionnement ;
- des ressources générales accessibles aux membres de la Plateforme comme une bibliothèque de documents, des forums thématiques, l'inscription et l'accès aux lettres d'information, un gestionnaire de projet, l'accès aux calendriers et contacts de la Plateforme, etc.

Si le CdR peut être le relai d'articles du *Bulletin épidémiologique (BE)* lorsque le sujet concerne la surveillance épidémiologique, il se place comme un outil complémentaire du BE en permettant une information rapide lorsque les sujets le requièrent et un regroupement des données disponibles par thématique de surveillance.

Le principe du CdR est de permettre à un ensemble d'acteurs de la Plateforme d'ajouter de l'information sur le site par l'intermédiaire de droits spécifiquement attribués. Le site est encore dans une phase de croissance et la communauté de contributeurs s'élargit peu à peu.

Les premières informations mises à disposition notamment dans le cadre du réseau de surveillance de la tuberculose bovine dans la faune sauvage (Sylvatub) ou de la surveillance du virus Schmallenberg assurent déjà un public large au CdR qui reçoit entre 400 et 700 visites par jour.



Figure 1. Copie de la page d'accueil du Centre de ressources de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale

Évaluation du dispositif national de surveillance épidémiologique de la tuberculose bovine en France à l'aide de la méthode OASIS

Sébastien Gorecki (1) (sebastien.gorecki@anses.fr), Didier Calavas (2)*, Alexandre Fediaevsky (3)*, Fabrice Chevalier (4), Pascal Hendrikx (1)*

(1) Anses, Direction scientifique des laboratoires, Maisons-Alfort, France

(2) Anses, Laboratoire de Lyon, France

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

(4) Direction régionale de l'agriculture, de l'alimentation et de la forêt, Service régional de l'alimentation de Bourgogne, Dijon, France

* Membre de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale

Résumé

Une évaluation du dispositif de surveillance de la tuberculose bovine en France a été réalisée dans un contexte de recrudescence des foyers de cette maladie. L'évaluation a été réalisée à l'aide de l'outil OASIS entre juin 2011 et mars 2012. Toutes les catégories d'acteurs de la surveillance ont été rencontrées à l'échelon national et dans plusieurs régions ou départements (Bourgogne, Camargue et Somme). Les résultats de l'évaluation mettent en évidence des points forts parmi lesquels l'animation centrale et décentralisée, le réseau de laboratoire, les outils et modalités de surveillance et la surveillance de la faune sauvage. Les priorités d'améliorations concernent le pilotage à l'échelon national et régional, la gestion et le traitement des données, la formation des vétérinaires sanitaires, certains outils et modalités de surveillance ainsi que leur acceptabilité. Le rapport complet est disponible sur le Centre de ressources de la Plateforme (www.survepi.org).

Mots clés

Tuberculose, bovins, surveillance, évaluation

Abstract

Evaluation of the bovine tuberculosis national surveillance system in France using the OASIS method

An evaluation of the bovine tuberculosis surveillance system in France was conducted in a context of an increased number of outbreaks of the disease. The evaluation was conducted using the OASIS tool between June 2011 and March 2012. All categories of actors of the surveillance system were encountered at the national level and in several regions or departments (Burgundy, Camargue and Somme). The results of the assessment highlight strengths including central and decentralised coordination, the laboratory network, surveillance tools and procedures and wildlife surveillance. Priorities for improvements address steering of the surveillance system at national and regional level and processing of data, training of veterinarians, some surveillance tools and procedures as well as their acceptability. The full report is available on the Platform Resource Centre (www.survepi.org).

Keywords

Bovine tuberculosis, cattle, surveillance, evaluation

En raison de l'évolution de la situation épidémiologique de la tuberculose bovine dans en France, cette maladie fait partie des thématiques prioritaires de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale qui a été mise en place fin 2011 (Calavas *et al.*, 2012). À ce titre, une des actions prévues était l'évaluation du dispositif de surveillance de cette maladie.

La tuberculose bovine et ses impacts sanitaires et économiques

La tuberculose bovine est une maladie contagieuse due à *Mycobacterium bovis* (*M. bovis*) (Rua-Domenech, 2005). Compte tenu des conséquences sanitaires et économiques de la maladie dans les élevages, la tuberculose bovine figure sur la liste des maladies réputées contagieuses (MRC) fixée selon l'article 223-21 du code rural. Sa surveillance est régie par l'arrêté du 15 septembre 2003 fixant les mesures techniques et administratives relatives à la prophylaxie collective et à la police sanitaire de la tuberculose des bovinés et des caprins. Par ailleurs, même si *M. bovis* n'est plus aujourd'hui un agent significatif de la tuberculose chez l'Homme dans notre pays, la tuberculose à *M. bovis* est également inscrite au titre de zoonose sur la liste des maladies professionnelles depuis le 9 janvier 1958.

Les bovins constituent le réservoir principal de *M. bovis*. Cependant, certains animaux sauvages (principalement les cervidés, les sangliers et les blaireaux) peuvent constituer des réservoirs secondaires. Ils peuvent être infectés par les bovins et les infecter en retour par contact rapproché, entretenant ainsi le cycle épidémiologique (Anses, 2011).

Le temps d'incubation de la maladie étant relativement long chez les bovins, les premières manifestations de la maladie (essentiellement lésionnelles, plus rarement cliniques) apparaissent généralement

plusieurs semaines à plusieurs mois après la contamination. L'infection par *M. bovis* se manifeste le plus souvent par un syndrome chronique débilant (Anses, 2011). Une baisse des performances zootechniques (production de lait, de viande) est alors constatée chez les animaux infectés (the Center for Food Security & Public Health, 2009). Ces baisses de performances, ajoutées à l'abattage systématique des animaux reconnus infectés, en application de la réglementation, engendrent des conséquences économiques non négligeables.

Situation épidémiologique

La France, pays officiellement indemne de tuberculose bovine au regard de la décision de la Commission européenne CE/2001/26, connaît une recrudescence de la maladie depuis 2004. Le taux de prévalence cheptel est passé de 0,02 % en 2004 à 0,07 % en 2010 (Fediaevsky *et al.*, 2011). Cette recrudescence, si elle se poursuit, pourrait compromettre le statut indemne de la France.

Par ailleurs, la répartition de la maladie sur le territoire français est hétérogène, avec quatre zones géographiques infectées (Côte-d'Or, Dordogne, Camargue et Pyrénées-Atlantiques) et une incertitude quant à la situation dans d'autres zones.

De plus, la découverte d'animaux sauvages infectés, dans plusieurs zones où l'infection bovine est présente, pose la question de l'existence de réservoirs dans la faune sauvage capables d'entretenir le cycle épidémiologique (Anses, 2011).

Enfin, les modalités de surveillance ont évolué, avec l'arrêt progressif des dépistages systématiques dans les élevages et l'arrêt de la plupart des contrôles d'introduction d'animaux dans les élevages. La détection repose de plus en plus sur l'identification de lésions évocatrices de tuberculose à l'abattoir et sur les investigations ciblées dans les élevages à risque.

Objectifs et enjeux de l'évaluation du dispositif de surveillance de la tuberculose bovine

Ces constats, ainsi que les travaux menés par des groupes d'experts dans le cadre du plan d'action national piloté par la DGAL (DGAL/SDSPA/N2011-8110, du 16 mai 2011), ont démontré le besoin d'évaluer le dispositif national de surveillance de la tuberculose bovine. La DGAL, en tant que maître d'œuvre du dispositif, a donc formulé cette demande auprès de l'Anses. L'objectif principal de cette évaluation était de dresser un bilan des points forts et des points à améliorer dans la surveillance de la maladie (surveillance chez les bovins et surveillance de la faune sauvage) afin d'identifier d'éventuelles propositions d'évolution du dispositif.

Méthodologie d'évaluation

Pour mener cette évaluation, une équipe d'évaluateurs, composée de trois membres externes au dispositif de surveillance et de deux membres internes, s'est appuyée sur la méthode d'évaluation de dispositifs de surveillance épidémiologique OASIS (outil d'analyse des systèmes de surveillance) (Hendrikx *et al.*, 2011).

Cette méthode permet de réaliser une analyse approfondie du fonctionnement et de la qualité d'un dispositif de surveillance. OASIS est fondé sur un questionnaire qui permet de collecter toutes les informations nécessaires à une description précise du fonctionnement et des résultats opérationnels du dispositif de surveillance. Ce questionnaire est divisé en dix sections qui approfondissent chacune un compartiment ou un ensemble d'activités du dispositif de surveillance. Chaque section fait l'objet d'une synthèse par la notation d'une liste de critères en suivant un guide de notation. À l'issue de la notation, l'outil OASIS permet de représenter les résultats de l'évaluation sous trois formes complémentaires, qui permettent facilement de mettre en évidence les principaux points forts et points à améliorer du dispositif de surveillance :

- analyse par sections fonctionnelles du dispositif de surveillance ;
- analyse selon les sept points critiques du dispositif de surveillance ;
- analyse selon les attributs du dispositif de surveillance (the Center for Food Security & Public Health, 2009).

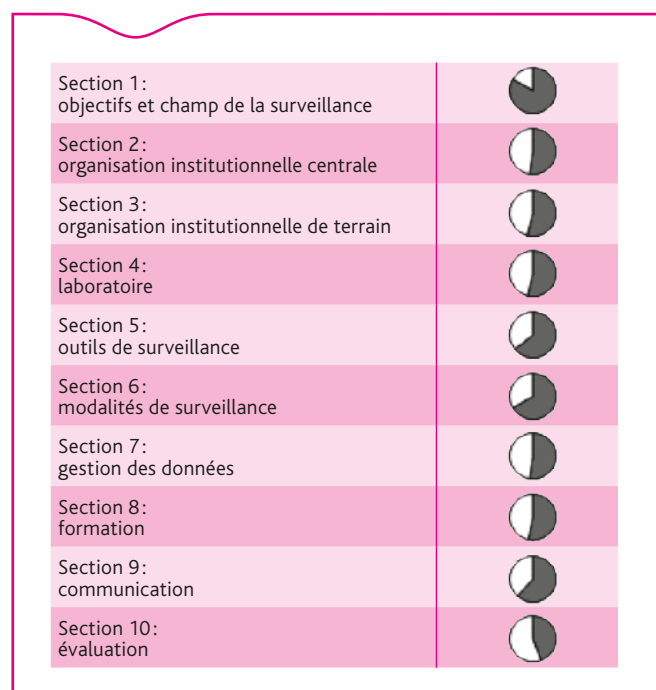


Figure 1. Résultats de l'évaluation du dispositif de surveillance de la tuberculose bovine : analyse par sections fonctionnelles du dispositif de surveillance

Une évaluation OASIS nécessitant une phase de récolte d'information, l'évaluation du dispositif de surveillance de la tuberculose bovine a donc été réalisée sous la forme d'entretiens avec les acteurs impliqués dans la surveillance de la maladie, aux échelons nationaux, régionaux et départementaux.

Choix des zones géographiques

Le choix des zones géographiques d'intervention s'est appuyé sur une analyse de la situation épidémiologique au niveau national. En ce qui concerne la tuberculose bovine, actuellement, quatre zones sont plus particulièrement à risque : il s'agit de la Côte-d'Or, de la Dordogne, de la Camargue et des Pyrénées-Atlantiques. Ces départements recèlent la majorité des foyers français, avec une prévalence cheptel départementale largement supérieure à la prévalence nationale.

La Bourgogne a constitué l'un des terrains de choix pour l'évaluation du dispositif de surveillance de la tuberculose bovine car presque toutes les situations possibles y sont rencontrées (département infecté avec une pression de surveillance forte, département avec une zone touchée à la frontière avec le département précédent, département avec cas sporadiques et département indemne avec une surveillance allégée). L'évaluation a donc été approfondie dans cette région, puis, afin de prendre en compte la diversité des situations épidémiologiques en France, des compléments ont été réalisés par des visites en Camargue et dans la Somme.

Acteurs rencontrés

Dans un souci d'exhaustivité, il a été décidé de rencontrer toutes les catégories d'acteurs impliqués dans la surveillance de la tuberculose bovine dans les cheptels bovins. Au niveau plus local, afin d'appréhender la diversité des situations dans la région, des représentants de tous les groupes d'acteurs identifiés ont été rencontrés (DDPP, GDS, GTV, laboratoires, abattoirs). La faune sauvage étant susceptible de jouer un rôle dans l'entretien du cycle épidémiologique de la maladie, l'évaluation a intégré la surveillance de la maladie dans la faune sauvage. C'est pour cette raison que des acteurs du monde de la chasse ont été interrogés au cours de cette évaluation (Office national de la chasse et de la faune sauvage (ONCFS), Fédérations départementales de la chasse, lieutenants de louveterie). Enfin, les interlocuteurs nationaux ont été rencontrés (Direction générale de l'alimentation, Laboratoire national de référence, Société nationale des groupements techniques vétérinaires, GDS France, Coop de France, ONCFS, FNC).

Déroulement pratique de l'évaluation

Tous les groupes d'acteurs ont été rencontrés à l'occasion d'une visite sur site. Une à deux journées de visite ont été consacrées à chaque département. À minima, deux membres de l'équipe externe au dispositif et un membre interne au dispositif ont assisté à chacune des visites. Chaque acteur ou groupe d'acteurs a été rencontré séparément. Les entretiens se sont déroulés de manière libre (discussion autour du rôle de chaque acteur dans le dispositif et de sa perception de la surveillance). Les évaluateurs étant chargés d'orienter la discussion afin de récolter toutes les informations requises pour renseigner le questionnaire OASIS.

Enfin, une journée rassemblant tous les membres de l'équipe d'évaluation a été consacrée à la synthèse des visites effectuées et à la notation des critères OASIS et une demi-journée a été consacrée à la synthèse globale de l'évaluation.

Résultats

L'évaluation a donné lieu à un rapport qui est accessible sur le Centre de ressources de la Plateforme de surveillance épidémiologique (<http://www.survepi.org>).

Les résultats sont illustrés par trois types de représentations qui permettent de discuter l'évaluation selon différents angles d'approche.

La représentation graphique par section fonctionnelle (Figure 1) permet de bénéficier d'une visualisation synthétique des dix sections

du questionnaire et de mettre en évidence les principaux points forts et points à améliorer.

La section 1 relative aux objectifs de surveillance obtient le meilleur score et la section 10 relative à l'évaluation obtient le score le plus faible. Les huit autres sections obtiennent généralement des scores moyens (légèrement plus élevés pour les sections 5, 6 et 9), témoignant ainsi de l'existence de points forts et de points à améliorer à tous les échelons de fonctionnement du dispositif.

L'analyse par points critiques (Figure 2) permet de compléter l'analyse effectuée précédemment et de rapidement mettre en évidence les priorités d'amélioration. En analysant le graphique obtenu, on peut constater que l'échantillonnage et les objectifs sont proches du score maximal. En revanche, les six autres points critiques ont des scores proches de la moyenne ce qui confirme qu'il existe une marge de progression pour l'ensemble de ces points.

L'analyse selon les attributs du dispositif de surveillance (Figure 3) permet d'estimer cette qualité globale du dispositif de surveillance de manière générale, la qualité globale est correcte. La plupart des critères de qualité ont un score moyen autour de 50 à 60 %, dénotant la présence de points à améliorer pour la plupart des attributs du dispositif. Les deux critères qui obtiennent les estimations les plus basses sont la sensibilité et la spécificité. Le défaut de sensibilité est consécutif à la fois aux caractéristiques intrinsèques des tests utilisés et de la difficulté d'application des activités de dépistage. Le manque de spécificité est lui essentiellement dépendant de la caractéristique des tests. Les axes d'amélioration de la sensibilité sont discutés dans le rapport d'évaluation.

Discussion

L'évaluation du dispositif national de surveillance de la tuberculose bovine a permis de mettre en évidence des points forts :

- l'animation du dispositif de surveillance est assurée de manière fonctionnelle par l'unité centrale (supervision des unités intermédiaires, organisation de réunions, etc.);
- les DDecPP assurent un rôle d'unité intermédiaire fonctionnelle en jouant un rôle d'animation à l'échelon local;
- le dispositif de surveillance bénéficie d'un réseau de laboratoires fonctionnels, répartis de manière appropriée sur le territoire;
- les outils de surveillance (intradermotuberculinations simple et comparative) sont globalement pertinents et permettent de détecter des cas de tuberculose bovine;
- les modalités de surveillance des cheptels bovins mises en place permettent une surveillance exhaustive;
- la surveillance de la faune sauvage est réfléchi en fonction du contexte épidémiologique dans chaque département chez les bovins;
- toutes les unités intermédiaires ont accès à l'outil SIGAL (système d'information de la DGAL) qui leur offre certaines fonctionnalités notamment pour la saisie de certaines données pour la surveillance.

L'ensemble de ces points forts doivent être maintenus en l'état, mais un certain nombre d'entre eux peut être amélioré. Plus particulièrement, l'évaluation a permis de proposer certains axes d'amélioration issus de l'identification de plusieurs points faibles :

- déficit d'appui du maître d'œuvre de la surveillance :
 - renforcement du pilotage national et local pour un appui à la prise de décision,
 - intégration plus forte d'équipes d'épidémiologistes mobilisables pour l'interprétation des données épidémiologiques, notamment à l'échelle locale et renforcement des moyens d'animation à l'échelon national,
 - renforcement de la coordination de la surveillance au niveau régional, des coordonnateurs ont été nommés à cette fin dans les zones les plus sensibles mais ils ne couvrent pas l'ensemble du territoire. Cela soulève la question du rôle que les SRAL pourraient jouer dans les missions de surveillance;

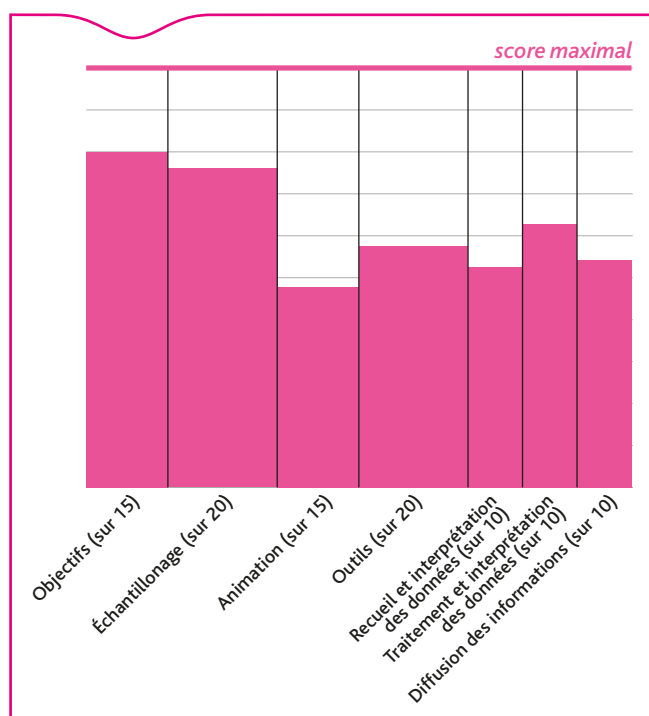


Figure 2. Résultats de l'évaluation du dispositif de surveillance de la tuberculose bovine : analyse selon les attributs du dispositif de surveillance

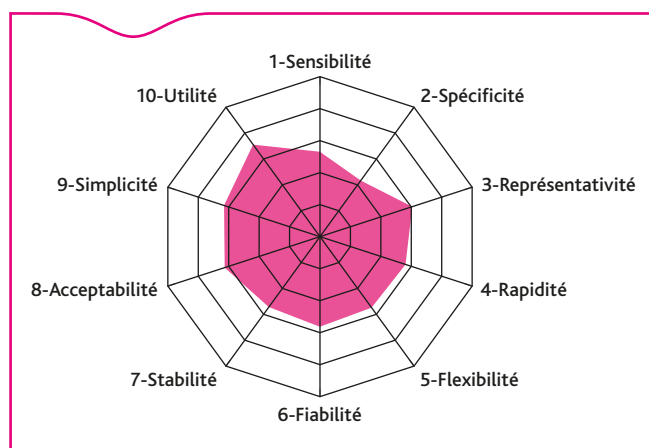


Figure 3. Résultats de l'évaluation du dispositif de surveillance de la tuberculose bovine : analyse selon les sept points critiques du dispositif de surveillance

- déficit global au niveau de la gestion et du traitement des données :
 - développement dans SIGAL d'outils de gestion supplémentaires dont les DDecPP ont besoin et permettre aux DDecPP un accès à des systèmes d'interprétation des données et un meilleur accès aux données géographiques (logiciels type SIG),
 - compétences nécessaires au niveau départemental ou régional pour le développement et l'utilisation de systèmes de gestion et d'interprétation des données;
- déficit au niveau de la formation :
 - généralisation d'une formation pratique à l'intradermotuberculination des vétérinaires sanitaires qui permettrait d'améliorer leur implication, la qualité du dépistage en élevage et des données récoltées. La formation proposée organisée dans le cadre du mandat sanitaire répond à ce besoin mais elle ne concerne que les vétérinaires sanitaires volontaires alors qu'elle devrait concerner l'ensemble des vétérinaires sanitaires susceptibles d'intervenir en élevage bovin,

- dans l'optique d'améliorer la qualité des données collectées, la supervision des vétérinaires sanitaires pour la réalisation et le suivi des IDT comme pratiquée par la DDPP de Côte-d'Or est également une voie à explorer,
- auditer la qualité de la réalisation des enquêtes épidémiologiques qui revêtent une importance croissante (car elles permettent de cibler la surveillance vers les cheptels à risque). Le cadre de ces investigations devrait être consolidé suite à des développements méthodologiques qui devront être diffusés par des formations;
- globalement, les outils de surveillance et les techniques de laboratoire sont pertinents mais un certain nombre de ces questions mériteraient d'être explorées:
 - questionnaire sur la pertinence de l'histologie qui n'a pas été validée par des études scientifiques récentes, ni standardisée,
 - valider les performances pour de l'interferon gamma dans un contexte de forte présence de mycobactéries atypiques comme cela est le cas par exemple en Bourgogne,
 - questionnaire sur la pertinence du choix entre l'IDC et l'IDS. En effet, malgré une sensibilité intrinsèque inférieure de l'IDC, sa sensibilité globale est meilleure lorsqu'elle est bien pratiquée,
 - renforcer les contrôles de qualité exercés par le LNR (tuberculine, réactifs du test interféron gamma, essais interlaboratoires),
 - pertinence du contrôle des mouvements qui est difficile à mettre en œuvre par les DDPP et revêt un intérêt limité en termes de surveillance,
 - il est légitime que les modalités de surveillance soient adaptées en fonction de la situation épidémiologique du département, mais la pertinence du choix fait pourrait être étudiée dans certains départements. Plus particulièrement, on peut se poser la question de la suffisance d'une surveillance fondée exclusivement sur le diagnostic lésionnel à l'abattoir et voire sur une prophylaxie ciblée sur les cheptels à risque dans certains départements où la prophylaxie x-ennale (c'est-à-dire toutes les « x » années) est arrêtée,
 - poursuivre les réflexions sur la possibilité de réaliser les prophylaxies dans des zones définies selon des critères épidémiologiques spatialisés, plutôt que dans l'ensemble d'un département;
- manque de simplicité de la définition du cas infecté. Théoriquement, une simplification du schéma décisionnel permettrait d'augmenter largement le recrutement de suspicions, tout en allégeant le processus de confirmation, mais au détriment de la valeur prédictive positive. Cela nécessiterait par ailleurs la prise en considération des contraintes de la réglementation européenne qui s'oppose en l'état actuel à tout allègement;
- manque d'acceptabilité du dispositif du fait des lourdes conséquences d'une suspicion. Les simplifications mentionnées précédemment seraient à même d'améliorer cette acceptabilité;
- enfin, dans les départements les plus infectés, on peut se poser la question de la durabilité de la surveillance renforcée, en raison de la mobilisation importante de ressources à la fois humaines et financières que cela requiert pour l'ensemble des acteurs.

Tous ces axes d'amélioration sont des propositions qui devront être évaluées techniquement, précisées dans leurs modalités de mise en œuvre et dont il conviendra de s'assurer de la cohérence avec les spécifications de surveillance au niveau européen.

Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier l'ensemble des acteurs rencontrés, dont la liste est trop longue pour la reproduire ici, mais qui est disponible dans le rapport d'évaluation.

Références bibliographiques

- Anses, Tuberculose bovine et faune sauvage, 2011. 119 pp. <http://www.anses.fr/Documents/SANT2010sa0154Ra.pdf>
- Calavas, D., Fediaevsky, A., Collin, E., Touratier, A., Amar, P., Moquay, V., Marcé, C., Bronner, A., Hendrikx, P., 2012. Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale: missions prioritaires et organisation. *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* - Anses-DGAL, 48, 2-5.
- The Center for Food Security & Public Health, 2009. Bovine tuberculosis. Iowa state university, http://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/bovine_tuberculosis.pdf
- Fediaevsky A., Bénét J.-J., Boschirolu M.-L., Hars J., 2011. La tuberculose bovine en France en 2010, surveillance et détection accrues. *Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation*, 46: 3-9.
- Hendrikx, P., Gay, E., Chazel, M., Moutou, F., Danan, C., Richomme, C., Boue, F., Souillard, R., Gauchard, F., Dufour, B., 2011. OASIS: an assessment tool of epidemiological surveillance systems in animal health and food safety. *Epidemiol Infect.* p. 1-11.
- Rua-Domenech, I., 2005. Human *Mycobacterium bovis* infection in the United Kingdom: Incidence, risks, control measures and review of the zoonotic aspects of bovine tuberculosis. *Tuberculosis*, 86, 78-109.



Infection par le virus **Bluetongue sérotype 8** et performances dans les troupeaux bovins laitiers

Simon Nusinovici (1,2,3) (simon.nusinovici@oniris-nantes.fr), Henri Seegers (1,2,3), Cécile Souty (1,2,3), Pascal Monestiez (4), Alain Joly (1,2,3), François Beaudou (1,2,3), Christine Fourichon (1,2,3)

(1) Oniris, UMR 1300 Biologie, épidémiologie et analyse de risque, La Chantrerie, Nantes, France

(2) Inra, UMR 1300, Nantes, France

(3) LUNAM, Université Nantes, Angers, Le Mans, France

(4) Inra, UR 546, Biostatistiques et Processus Spatiaux, Avignon, France

Résumé

L'émergence de la fièvre catarrhale ovine, due au virus Bluetongue sérotype 8 (BTV-8) en Europe du Nord en 2006 a causé des pertes économiques en élevage bovin. Une vaccination a été mise en place en France sans évaluation *ex ante* du ratio bénéfice/risque. Les pertes causées par la maladie et les potentiels effets secondaires de la vaccination n'ont pas été précisément estimés.

Les objectifs de cet article sont de quantifier les effets moyens de l'exposition au BTV-8 en conditions naturelles sur les performances de production et de reproduction des vaches laitières (1) dans les troupeaux déclarés foyers, (2) dans les troupeaux non déclarés foyers situés dans la zone d'épizootie et (3) de quantifier un potentiel effet secondaire de la vaccination contre le BTV-8 sur la fertilité.

Les effets de l'exposition et de la vaccination sur les performances ont été quantifiés à l'aide de modèles statistiques multivariés permettant de prendre en compte les facteurs connus influençant les performances. L'exposition des troupeaux au BTV-8 est associée à une diminution de la fertilité (entre 5 et 16 points de pour cent de retours 90 jours) et de la production de lait (3 % de la production annuelle). Une baisse de fertilité dans les troupeaux non foyers situés en zone exposée suggère qu'une partie de ces troupeaux pourrait avoir été infectée durant l'épizootie. La vaccination contre le BTV-8 avec un vaccin inactivé est associée à une légère diminution de la fertilité (4 points de pour cent de retours 3 semaines) dont l'impact est très limité par rapport à celui de l'exposition. Ces résultats peuvent contribuer à l'évaluation de stratégies de maîtrise et de surveillance du BTV.

Mots clés

Fièvre catarrhale ovine, vaches laitières, performances, vaccination

Abstract

Infection with the Bluetongue virus serotype 8 and performance in dairy cattle herds

*Bluetongue virus serotype 8 (BTV-8) emerged in northern Europe in 2006 causing economic losses in cattle herds. Vaccination has been implemented in France without *ex ante* evaluation of the risk-benefit ratio. No precise estimation of losses due to the disease and possible vaccination adverse effects has been performed.*

The objectives of this article were to quantify the average effects of exposure to BTV-8 under natural conditions on milk production and reproductive performance of dairy cows (1) in dairy herds reported as cases, (2) in dairy herds that were not reported as cases and located in the exposed area and (3) to quantify the effect of vaccination on fertility.

The effects of exposure and vaccination were quantified using multivariable statistical models which allowed taking into account known factors that influence performance. Exposure to BTV-8 in dairy herds was associated with an important decrease in fertility (between 5 and 16 percentage points of 90-day-return-to-service) and milk production (3% of the annual milk yield). A decrease in fertility in non case herds located in the exposed area suggests that some of these herds could have been infected during the 2007 epizootic. The vaccination against BTV-8 using inactivated vaccines was associated with a slight decrease in fertility (4 percentage points of 3-week-return-to-service) which had a very limited impact compared to the impact of exposure. These results could contribute to the evaluation of BTV control measures and surveillance.

Keywords

Bluetongue, dairy cows, performance, vaccination

Suite à l'émergence de la fièvre catarrhale ovine (FCO), due au virus Bluetongue sérotype 8 (BTV-8) en Europe du Nord en 2006, une vaccination a été mise en place en France (à partir de 2008) pour limiter la propagation du virus. Aucune évaluation *ex ante* du ratio bénéfice/risque de la vaccination n'a été réalisée. Ce type d'évaluation nécessite des connaissances sur les pertes causées par la maladie et sur de potentiels effets secondaires de la vaccination sur les performances des bovins.

Les effets de l'exposition au BTV-8 sur les performances ont été identifiés (Osburn, 1994; Elbers *et al.*, 2009; Wouda *et al.*, 2009). Il s'agit notamment de baisses de performances de reproduction et de production de lait. Cependant, les pertes associées n'ont pas été précisément quantifiées (Mounaix *et al.*, 2008; Santman-Berends *et al.*, 2010; Santman-Berends *et al.*, 2011). De plus, durant l'épizootie en France en 2007, une proportion importante des troupeaux bovins infectés n'a pas été déclarée par le système officiel de surveillance (Durand *et al.*, 2010). L'estimation des pertes causées par la maladie doit tenir compte des possibles baisses de performances dans les troupeaux non déclarés comme foyers, dont certains ont été infectés.

Les données de pharmacovigilance issues des déclarations de survenue d'effets indésirables ne remettent pas en cause le ratio bénéfice/risque

de la vaccination avec des vaccins inactivés (European Medicines Agency, 2009). Cependant, les études les plus adaptées pour mettre en évidence l'existence d'une association entre un effet secondaire et la vaccination sont les analyses épidémiologiques observationnelles réalisées dans de larges populations.

Les objectifs de cet article sont de quantifier les effets moyens de l'exposition au BTV-8 en conditions naturelles sur les performances de production et de reproduction des vaches laitières (1) dans les troupeaux déclarés foyers, (2) dans les troupeaux non déclarés foyers situés dans la zone d'épizootie et (3) de quantifier un potentiel effet secondaire de la vaccination contre le BTV-8 sur la fertilité.

Quantification des effets moyens de l'exposition au BTV-8 sur la fertilité et la production de lait dans des troupeaux bovins laitiers déclarés foyers

Les troupeaux exposés en 2007 ont été sélectionnés afin de quantifier un effet de l'exposition dans une population de vaches naïves, non

Encadré. Stratégies d'analyse statistique utilisées pour la quantification des effets de l'exposition au virus de la Bluetongue sérotype 8 (BTV-8) sur les performances de production et de reproduction

Des modèles statistiques multivariés ont été utilisés pour la quantification des effets de l'exposition au virus Bluetongue sérotype 8 (BTV-8) sur les performances de production (modèles linéaires mixtes) et de fertilité (modèles de survie). Les deux principaux intérêts de ces modèles sont la prise en compte :

- du regroupement des vaches en troupeaux (non-indépendance des vaches au sein d'un troupeau) et de la répétition dans le temps des données (répétition des contrôles laitiers dans une lactation) ;
- des facteurs connus influençant les performances (parité, production de lait, intervalle vêlage-IA et mois d'IA pour la fertilité, stade de lactation, mois du contrôle laitier et index laitier pour la production de lait). Par exemple, dans notre étude, les mois d'exposition correspondent globalement aux mois où la fertilité est meilleure (de septembre à janvier) et les mois de pic d'exposition (septembre et octobre) correspondent à la période où la production de lait est la plus faible, indépendamment de l'exposition. Par conséquent, ne pas prendre en compte les mois d'IA et les mois des contrôles laitiers aurait entraîné une sous-estimation de l'effet de l'exposition sur la fertilité et une surestimation de l'effet de l'exposition sur la production de lait.

vaccinées contre le BTV-8. Parmi les troupeaux déclarés foyers par le système de surveillance, seuls les troupeaux déclarés après suspicion clinique ont été inclus dans les analyses. Dans ces troupeaux, le statut individuel des vaches vis-à-vis de l'infection est inconnu. Afin de quantifier l'effet moyen de l'exposition, l'ensemble des vaches appartenant aux troupeaux foyers sélectionnés ont été incluses. La première date de suspicion des signes cliniques a été utilisée comme la date estimée d'exposition du troupeau. Les performances (fertilité et production de lait) avant et après la date de détection de la maladie dans les troupeaux exposés ont été comparées à celles des vaches de troupeaux non exposés.

Les données de performances ont été obtenues pour les troupeaux bovins laitiers inscrits aux contrôles laitiers et où l'insémination artificielle (IA) est utilisée. Les données obtenues incluent les dates d'IA, la production de lait à chaque contrôle (date du contrôle et quantité de lait en 24 heures), et les données utilisées pour ajuster sur les facteurs connus influençant les performances de reproduction et de production : parité, date de vêlage, stade de lactation et index laitier.

Deux populations de vaches non exposées ont été considérées : les vaches localisées dans des régions non exposées en 2007 (Bretagne et Sud-Ouest de la France) et les vaches en lactation entre 2004 et 2006 appartenant aux troupeaux exposés en 2007. Ces deux populations seront appelées par la suite populations de références « ailleurs » et « ici », respectivement.

Le critère d'estimation de l'effet de l'exposition sur la fertilité est le taux de retours intervenant jusqu'à 90 jours après une première insémination. Le critère d'estimation de l'effet de l'exposition sur la production de lait est la quantité de lait produite par contrôle laitier. Les effets de l'exposition ont été quantifiés à l'aide de modèles statistiques multivariés (Encadré). Pour chaque critère étudié, les résultats sont composés des résultats descriptifs (bruts) et des résultats ajustés issus des modèles multivariés. Les baisses de fertilité et de production de lait ont été quantifiées sur une large période de temps autour de la date de suspicion clinique du troupeau. Enfin, étant donné l'influence de la race sur la fertilité et la production de lait, seules les vaches de race Holstein ont été sélectionnées.

Fertilité

Le taux global de retours 90 jours pour les vaches de troupeaux exposés et non exposés (population de référence « ailleurs ») est de 59 % et de 54,2 %, respectivement. L'exposition au BTV-8 est associée à une augmentation du taux de retours 90 jours. Les variations estimées

de fertilité sont représentées (Figure 1) en fonction de l'intervalle de temps entre la date d'IA et la date d'exposition du troupeau pour les troupeaux détectés en septembre. Les abscisses négatives et positives correspondent aux IA réalisées avant et après la date d'exposition du troupeau, respectivement. La période d'augmentation du taux de retours 90 jours pour les vaches des troupeaux détectés en septembre correspond aux IA réalisées entre quatre semaines avant et cinq semaines après la date de détection de la maladie dans le troupeau (Figure 1). Pour cette population, l'effet moyen de l'exposition correspond à une augmentation de 15,7 points de pour cent de retours 90 jours (IC_{95 %} [10,3-21,1]). Pour l'ensemble des troupeaux exposés en 2007 (indépendamment du mois de détection de la maladie), l'effet moyen de l'exposition correspond à une augmentation de 5,2 points de pour cent de retours 90 jours (IC_{95 %} [3,8-6,6]).

La période de diminution de la fertilité associée à l'exposition au BTV-8 indique que l'exposition au virus pourrait augmenter les échecs de fécondation (vaches infectées autour de l'IA) et la mortalité embryonnaire (vaches infectées jusqu'à 42 jours après l'IA). Dans un troupeau exposé au virus, il est probable qu'une proportion des vaches s'infecte rapidement après la date de détection de la maladie, et que le reste du troupeau reste indemne ou s'infecte plus tardivement. Ceci pourrait expliquer la baisse de fertilité observée jusqu'à cinq semaines après la date de détection de la maladie. Enfin, la date de détection de la maladie ne correspond pas à la date de première infection dans le troupeau. Il est probable qu'au sein d'un troupeau infecté, le virus ait circulé avant la date de détection de la maladie. Par conséquent, la diminution de fertilité associée aux IA réalisées avant la date de détection de la maladie dans le troupeau pourrait en partie résulter de l'effet de la circulation virale avant la détection clinique de la maladie.

Production de lait

La production moyenne de lait par contrôle laitier est de 26,7 kg/jour pour l'ensemble de la population exposée, et de 26,5 kg/jour pour la population non exposée (population de référence « ici »). Les variations

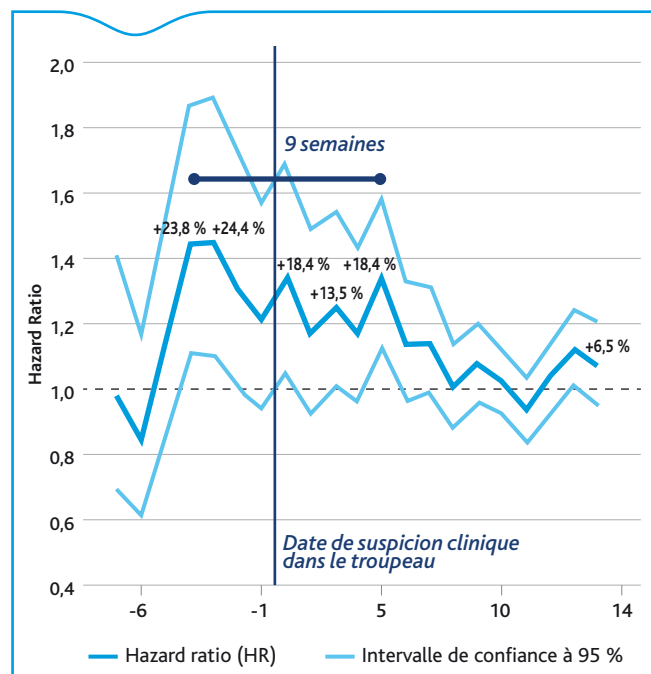


Figure 1. Augmentation du taux de retours 90 jours avant et après la date de détection du virus Bluetongue sérotype 8 (BTV-8) dans les troupeaux détectés en septembre (6 714 vaches appartenant à 419 troupeaux bovins laitiers exposés). La population de vaches non exposées est composée de vaches inséminées durant la même période de temps dans les troupeaux localisés dans les régions non exposées (« ailleurs ») (173 235 vaches appartenant à 9 422 troupeaux bovins laitiers non exposés). Les Hazard ratios (HR) sont issus des modèles multivariés. Les pourcentages sont estimés à partir des HR significatifs. La période de baisse significative de la fertilité associée à l'exposition au BTV-8 est de 9 semaines; 2007; France

estimées de la production de lait par contrôle laitier sont représentées (Figure 2) en fonction de l'intervalle de temps entre le contrôle et la date d'exposition du troupeau pour les vaches en deuxième lactation dans les troupeaux détectés en septembre. Les abscisses négatives et positives correspondent aux contrôles laitiers réalisés avant et après la date d'exposition du troupeau, respectivement. La production de lait diminue sur un large intervalle de temps autour de la date de détection de la maladie dans le troupeau, correspondant à des contrôles laitiers réalisés entre 130 jours avant et 120 jours après la détection de la maladie. La diminution maximale de la production de lait par contrôle laitier est de 2,3 kg et correspond aux contrôles réalisés la semaine suivant la date d'exposition du troupeau.

La diminution de production de lait dès 130 jours avant la date de détection de la maladie correspond à des contrôles réalisés majoritairement en mai 2007. Or, le BTV-8 n'a pas été détecté en mai dans la zone géographique étudiée. De plus, si le virus avait circulé pendant cette période, une diminution de la fertilité aurait probablement été mise en évidence. Cet écart à la production de référence pourrait être lié à un facteur météorologique propre à l'année 2007 dans la région du Nord-Est de la France. Afin de ne pas surestimer l'effet du BTV-8 sur la production de lait, il a été considéré que l'effet sur la production de lait attribuable à l'exposition au BTV-8 commençait à partir de 60 jours avant la date de détection de la maladie dans le troupeau. La diminution de production de lait antérieure à la date de détection de la maladie, cohérente avec la baisse précoce de fertilité, renforce l'hypothèse d'une circulation virale antérieure à la détection des signes cliniques dans les troupeaux exposés. La stabilisation de la production de lait à partir de 120 jours après la date de détection de la maladie dans le troupeau a été considérée comme la fin de l'effet de l'exposition. Cette durée peut s'expliquer par la persistance de l'effet de l'infection au niveau individuel et par le temps nécessaire au virus pour se diffuser au sein d'un troupeau exposé. La persistance de l'effet, en comparaison à la durée d'effet de l'exposition sur la fertilité, pourrait être due au temps de guérison des signes cliniques affectant les trayons ou les mamelles des vaches ou des signes cliniques entraînant une diminution de l'ingestion d'aliments comme les congestions buccales ou les lésions podales. En considérant un effet de l'exposition sur un intervalle de 6 mois autour de la date de détection de la maladie (de 60 jours avant à 120 après), la perte cumulée de production de lait, entre 200 et 300 kg par lactation, correspond à environ 3 % de la production annuelle.

Quantification des baisses de fertilité dans les troupeaux non déclarés foyers situés en zone d'épizootie

Les baisses de fertilité ont été quantifiées pour les vaches appartenant à des troupeaux dont le statut infectieux est incertain (localisés en zone d'épizootie et n'ayant pas été déclarés foyers durant 2007). Pour ces troupeaux, une date d'exposition au BTV-8 a été estimée à l'aide d'une approche spatiale (krigeage, Figure 3). Cette technique d'interpolation est basée sur la dynamique spatio-temporelle des troupeaux foyers déclarés après suspicion clinique en 2007. Les baisses de fertilité dans les troupeaux déclarés foyers et dans les troupeaux dont le statut infectieux est incertain ont été quantifiées autour de la date d'exposition (observée ou interpolée).

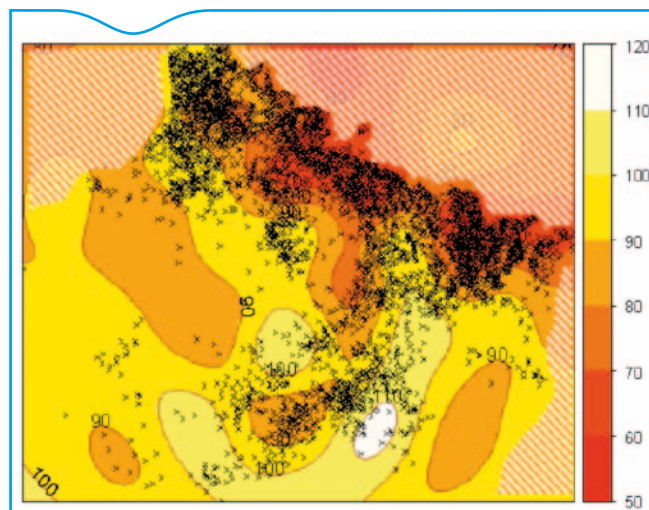


Figure 3. Carte d'interpolation des dates de détection des signes cliniques de fièvre catarrhale ovine due au virus Bluetongue sérotype 8 (BTV-8), exprimées en nombre de jours depuis la déclaration du premier troupeau foyer clinique durant l'épizootie de 2007 en France (31 juillet), et localisation des troupeaux bovins foyers déclarés (croix). Les zones hachurées correspondent aux régions sans données

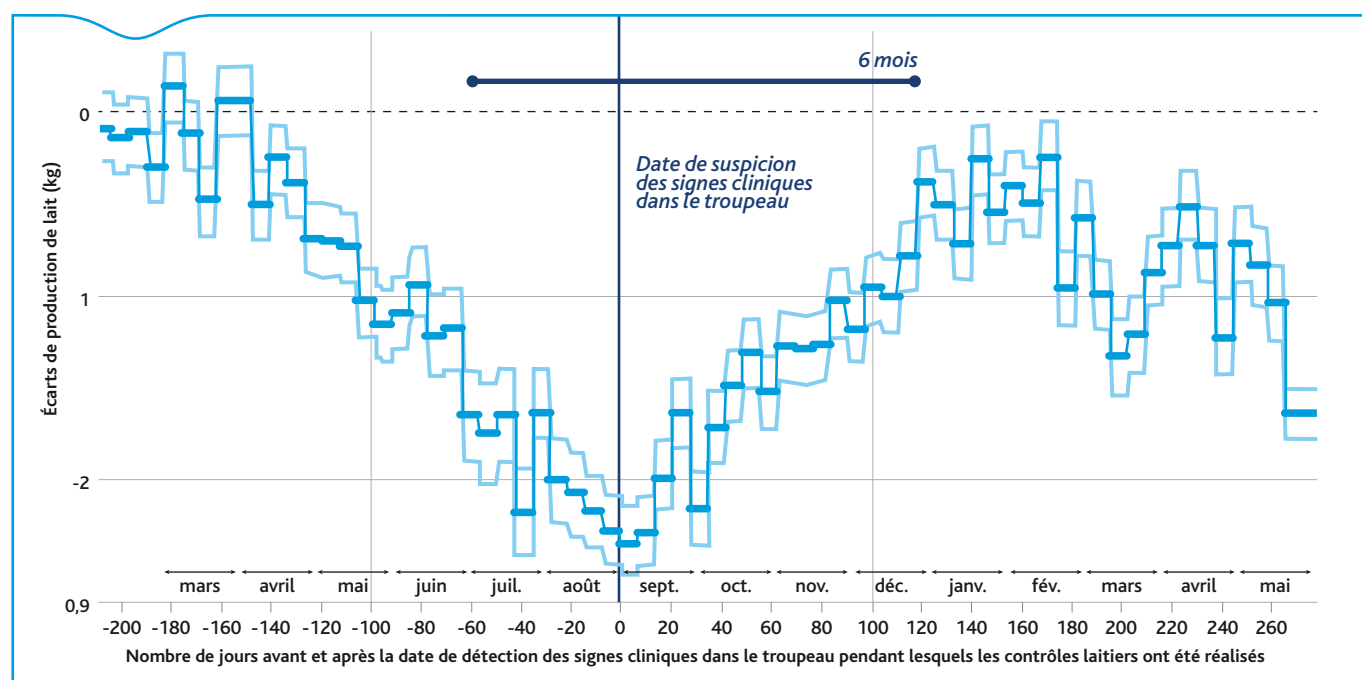


Figure 2. Variations estimées de la production de lait (en kg) par contrôles laitiers (et intervalles de confiance à 95 %) autour de la date d'exposition au virus Bluetongue sérotype 8 (BTV-8) des troupeaux détectés en septembre pour les vaches de parité 2 (population exposée: 15754 vaches dans 873 troupeaux; population non exposée: 164854 vaches dans 2974 troupeaux). La population de vaches non exposée (« ici ») est composée des vaches en lactation entre 2004 et 2006 appartenant aux troupeaux exposés en 2007. La période de baisse significative de la production de lait associée à l'exposition au BTV-8 est de 6 mois; 2007; France

La population de référence utilisée pour quantifier les baisses de fertilité dans les troupeaux déclarés et dans les troupeaux aux statuts infectieux incertains est la population « ailleurs ». Le critère d'estimation de la fertilité est le taux de retours 90 jours.

Le taux global de retours 90 jours est de 56,0 % pour les vaches des troupeaux au statut infectieux incertain et de 54,2 % pour les vaches de la population de référence. Dans les troupeaux dont le statut infectieux est incertain, des baisses de fertilité ont été mises en évidence pour les vaches inséminées entre six semaines avant et huit semaines après la date d'exposition interpolée (Figure 4-a). Cet effet correspond à une augmentation de 3 points de pour cent de retours 90 jours. Dans l'ensemble des troupeaux déclarés foyers après suspicion clinique en 2007 (Figure 4-b), cette augmentation est de 5,2 points de pour cent. La baisse de fertilité estimée pour les vaches des troupeaux au statut infectieux incertain correspond à 60 % de l'effet estimé pour les vaches des troupeaux déclarés en 2007. Pour vérifier si ces variations sont bien attribuables à l'exposition au BTV-8, de possibles variations ont également été quantifiées en absence d'exposition (vaches inséminées en 2005 appartenant aux

troupeaux déclarés foyers en 2007). Aucune baisse de fertilité n'a été mise en évidence pour ces vaches (résultats non présentés), indiquant que les baisses de fertilité observées dans les troupeaux situés en zone d'épizootie sont bien attribuables à l'exposition.

Quantification de l'effet de la vaccination contre le BTV-8 sur la fertilité dans des troupeaux bovins laitiers

Cette étude a été réalisée dans des troupeaux non exposés au BTV en 2008. La fertilité a été estimée à l'aide de taux de retours en IA. Les hypothèses biologiques associées à un possible effet secondaire de la vaccination sur la fertilité sont l'échec de fécondation et la mortalité embryonnaire. Plusieurs analyses ont été réalisées afin de tester l'existence d'un effet de la vaccination sur l'échec de fécondation, la mortalité embryonnaire précoce et la mortalité embryonnaire tardive. Ces analyses sont basées sur la distinction des retours selon l'intervalle entre leurs dates d'occurrences et les dates d'IA.

Tableau 1. Risques relatifs (RR) de retours 3 semaines selon l'intervalle entre la date d'IA et la date de vaccination contre le virus Bluetongue sérotype 8 (BTV-8), et le rang de l'injection de vaccin dans des troupeaux non exposés au BTV en 2008 – Bretagne, France

Statut de vaccination		Moment de vaccination (jours/IA)	Taux de retour 3 semaines (%)	Nombre d'IA	RR	IC _{95 %}	p
Non vaccinées	*		22,1	10 298	1	Référence	
Ayant reçu une première injection de vaccin		- 3 à + 1	21,1	973	0,98	[0,90–1,05]	0,70
		+ 2 à + 7	21,1	1 022	0,97	[0,90–1,04]	0,67
		+ 8 à + 16	21,8	1 440	1,00	[0,94–1,05]	0,98
Non vaccinées	**		22,1	10 594	1	Référence	
Ayant reçu une deuxième injection de vaccin		- 3 à + 1	23,1	996	1,08	[0,94–1,21]	0,25
		+ 2 à + 7	25,8	1 112	1,19	[1,07–1,33]	0,002
		+ 8 à + 16	22,2	1 672	1,03	[0,93–1,14]	0,55

* 11 786 vaches dans 2 030 troupeaux.

** 12 364 vaches dans 2 089 troupeaux.

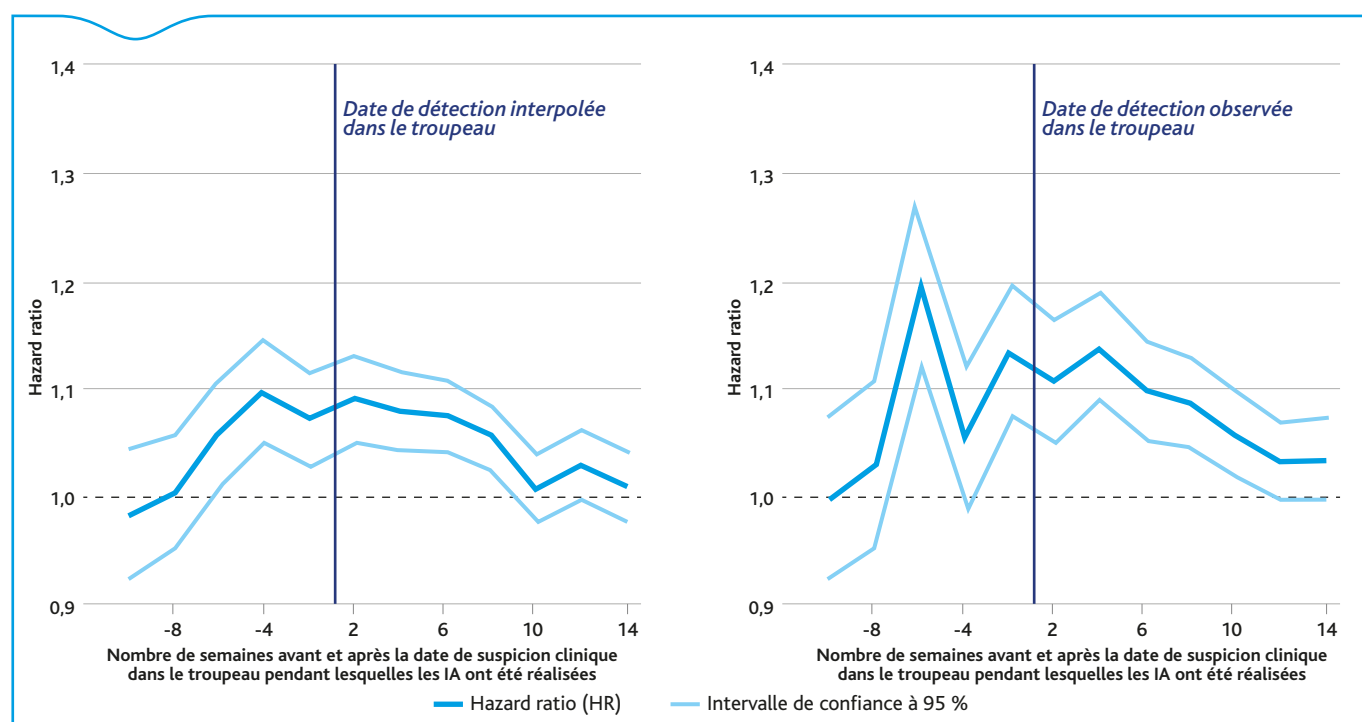


Figure 4. Augmentation du taux de retours 90 jours avant et après (a) la date de détection interpolée du virus Bluetongue sérotype 8 (BTV-8) dans les troupeaux bovins laitiers non déclarés foyers et situés en zone d'épizootie en 2007 (78 293 vaches appartenant à 5 237 troupeaux), (b) la date de détection observée du BTV-8 dans l'ensemble des troupeaux bovins laitiers déclarés en 2007 (43 786 vaches appartenant à 2 646 troupeaux); France

Seules les vaches ayant reçu une deuxième injection de vaccin entre deux et sept jours après l'IA ont une augmentation de risque de retours trois semaines (Tableau 1). Cet effet correspond à une augmentation de 4 points de pour cent de retours trois semaines. Cet effet secondaire pourrait être dû à une augmentation de la mortalité embryonnaire précoce. Aucun effet de la vaccination sur l'échec de fécondation ou sur la mortalité embryonnaire tardive n'a été mis en évidence.

Conclusion

L'exposition au BTV-8 est associée à des diminutions importantes de fertilité et de production de lait pour les vaches des troupeaux confirmés séropositifs après suspicion clinique en 2007. Ces effets correspondent à une augmentation de 15,7 points de pour cent de retours 90 jours et à une perte cumulée de 3 % de la production annuelle de lait pour les vaches appartenant aux troupeaux déclarés foyers en septembre 2007. Ces valeurs représentent des effets moyens en conditions naturelles d'exposition, pour lesquels la proportion de vaches infectées par troupeau est inconnue. Les périodes de diminution des performances autour de la date de détection de la maladie dans le troupeau sont de neuf semaines pour la fertilité et de six mois pour la production de lait.

La mise en évidence d'une baisse de fertilité notable dans les troupeaux non déclarés comme foyers mais situés en zone d'exposition suggère qu'une partie non négligeable de ces troupeaux pourrait avoir été infectée durant l'épizootie. Le nombre de troupeaux infectés est donc probablement très supérieur au nombre de troupeaux détectés par le système de surveillance.

Enfin, la comparaison des effets de l'exposition au BTV-8 et de la vaccination contre le BTV-8 sur la fertilité indique que l'impact de la vaccination sur la fertilité est très limité par rapport à celui de l'exposition.

Remerciements

Ce travail a bénéficié d'un financement de l'INRA, du Cemagref et des Conseils régionaux de Basse-Normandie, Bretagne, Pays de la Loire et Poitou-Charentes dans le cadre des programmes « Pour et sur le développement régional ». Les auteurs remercient vivement le Centre de traitement de l'information génétique (Inra, Jouy-en-Josas) pour avoir fourni les données de performances; le ministère de l'agriculture, de l'agro-alimentaire et de la forêt (Direction générale de l'alimentation) pour la mise à disposition des données de foyers FCO ainsi que l'Union bretonne des groupements de défense sanitaire (UBGDS) pour avoir fourni les données de vaccination.

Références bibliographiques

- Durand, B., Zanella, G., Bateau-Coroller, F., Locatelli, C., Baurier, F., Simon, C., Le Drian, E., Delaval, J., Prengere, E., Beaute, V., Guis, H., 2010. Anatomy of Bluetongue Virus Serotype 8 Epizootic Wave, France, 2007-2008. *Emerg. Infect. Dis.* 16,1861-1868.
- Elbers, A.R., Van der Spek, A.N., Van Rijn, P.A., 2009. Epidemiologic characteristics of bluetongue virus serotype 8 laboratory-confirmed outbreaks in The Netherlands in 2007 and a comparison with the situation in 2006. *Prev. Vet. Med.* 92,1-8.
- European Medicines Agency, 2009. Committee for medical products for veterinary use. An overview of field safety data from EU for bluetongue virus vaccines serotype 8 emerging from the 2008 national vaccination campaigns pp. 1-17.
- Mounaix, B., David, B., Lucbert, J., 2008. Impact technico-économique de la FCO dans les élevages ovins et bovins français. Bilan de l'épizootie de 2007. Institut de l'élevage. <http://www.inst-elevage.asso.fr/html1/spip.php?article16599>
- Osburn, B.I., 1994. The impact of bluetongue virus on reproduction. *Comparative Immunology, Microbiol. Infect. Dis.* 17,189-196.
- Santman-Berends, I.M., Hage, J.J., Rijn, P.A., Stegeman, J.A., Schaik, G.V., 2010. Bluetongue virus serotype 8 (BTV-8) infection reduces fertility of Dutch dairy cattle and is vertically transmitted to offspring. *Theriogenol.* 74,1377-1384.
- Santman-Berends, I.M., Hage, J.J., Lam, T.J., Sampimon, O.C., Schaik, G.V., 2011. The effect of bluetongue virus serotype 8 on milk production and somatic cell count in Dutch dairy cows in 2008. *J. dairy sci.* 94,1347-1354.
- Wouda, W., Peperkamp, N.H., Roumen, M.P., Muskens, J., Van Rijn, A., Vellema, P., 2009. Epizootic congenital hydranencephaly and abortion in cattle due to bluetongue virus serotype 8 in the Netherlands. *Tijdschr Diergeneesk.* 134,422-427.

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

Recherchez un article
du *Bulletin épidémiologique* sur :
www.anses.fr/bulletin-epidemiologique/index.htm



The screenshot shows the website 'Bulletin épidémiologique, Santé animale - alimentation'. It features a navigation bar with links like Accueil, Actualités, Archives du Bulletin, Abonnement, Liens, and Informations aux auteurs. Below the navigation bar is a search section titled 'Rechercher un article' with a search bar and a dropdown menu for 'Toutes les colonnes'. The search results are displayed in a table with columns: Titre de l'article, N. du bulletin, Date, Auteurs, Sujet / Mots-clés, and PDF. The results list several articles related to Campylobacter, including surveillance systems, antibiotic resistance, and production animal surveillance.

Titre de l'article	N. du bulletin	Date	Auteurs	Sujet / Mots-clés	PDF
Les systèmes de surveillance des maladies d'origine alimentaire : sources, méthodes, apports, limites	BE56-Article 1	1/6/12	Véronique Vallart, Henriette De Valk, Christine Saura	Maladies d'origine alimentaire, surveillance épidémiologique, France	
Systèmes de surveillance des microorganismes dans la chaîne alimentaire : réalités, base réglementaire et organisation en France	BE56-Article 2	1/6/12	Bertrand Lombard, Corinne Danan, Annette Agabriel, Laurent Lalleu	Surveillance, aliments, micro-organismes	
Surveillance des infections à Campylobacter chez l'Homme en France, 2003-2010	BE56-Article 3	1/6/12	Lisa A. King, Francis Megraud	Surveillance, Campylobacter, France, antibiorésistance	
Antibiorésistance de Campylobacter dans différentes filières animales (porcine, bovine, porcine) en France : principales tendances	BE56-Article 4	1/6/12	Isabelle Knapf, Geneviève Mourant, Pierre Châtres, Marion Heuvelink, Julien Santolini, Jean-Yves Madec	Campylobacter, antibiorésistance, surveillance	
Campylobacter dans les filières de production animale	BE56-Article 5	1/6/12	Marianne Chevaley, Catherine Magis, Jean-Yves Madec, Julien Santolini, Martine Denis	Campylobacter, volailles, porc, bovin, réglementation	
E. coli producteurs de shiga toxines (STEC) : définitions, violence et propriétés des souches entérohémorragiques (EHEC)	BE56-Article 6	1/6/12	Hubert Brugère, Frédéric Auray, Patricia Kharin-Kumudjari, Lisa A. King, Christine Louchard	STEC, EHEC, SHU, toxines de violence, épidémiologie, ST, eau	
Encadré : Surveillance du syndrome hémolytique et urémique chez les enfants de moins de 15 ans en France	BE56-Article 7	1/6/12		STEC, EHEC, SHU, surveillance	
Salmoneloses en France, 2002-2010 : tendances en épidémiologie humaine, émergence de la souche monophasique, principaux aliments impliqués dans les	BE56-Article 8	1/6/12	Nathalie Jourdan-Da Silva, Simon Le Hello	Salmoneloses, tendances épidémiologiques, France, souche monophasique, S.	

Situation épidémiologique de l'infection congénitale par le **virus Schmallerberg** en France : **bilan mi-avril 2012**

Morgane Dominguez (1)* (morgane.dominguez@anses.fr), Stéphan Zientara (2), Jérôme Languille (3)*, Anne Touratier (4)*, Éric Collin (5)*, Éric Morignat (6), Pascal Hendrikx (1)*, Didier Calavas (6)*

(1) Anses, Unité de surveillance épidémiologique SURVEPI, Direction scientifique des laboratoires, Maisons-Alfort, France

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

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

(4) GDS France, Paris, France

(5) SNGTV, Paris, France

(6) Anses, Laboratoire de Lyon, France

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

Résumé

Résumé

La présence du virus Schmallerberg (SBV) sur le territoire métropolitain a été révélée au cours de l'hiver 2011-2012 par l'apparition de formes congénitales de l'infection chez les ruminants caractérisées par un syndrome arthrogrypose hydranencéphalie.

Une surveillance de ces formes congénitales a été mise en place en France en janvier 2012. L'analyse des données de surveillance portant sur la période janvier - avril 2012 montre que les premières infections par le SBV pourraient avoir eu lieu à partir de septembre 2011 de façon inapparente ou non détectée. Le virus a ensuite largement diffusé sur le territoire. Le quart nord-est du pays a été le plus atteint.

La Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale s'est révélée offrir un cadre favorable au déploiement rapide d'un dispositif national de surveillance fonctionnel en réponse à cette émergence.

Mots clés

Schmallerberg, orthobunyavirus, ruminants, émergence, Plateforme de surveillance épidémiologique en santé animale

Abstract

Update of Schmallerberg virus epidemic – congenital forms, France, April 2012

Schmallerberg virus (SBV) was first detected in France during the winter 2011-2012 through the identification of congenital forms of the disease in ruminants characterized by an arthrogryposis - hydranencephaly syndrome.

A surveillance system for congenital SBV was set up in January 2012. The analysis of surveillance data for the period January to April 2012 shows that the SBV infections could have first occurred from September 2011 in an undetected or unapparent manner. The SBV virus then largely disseminated. The north-eastern quarter of the country was most affected. The French epidemiological surveillance platform for animal health has facilitated the rapid establishment of an operative national surveillance system in response to an emergence.

Keywords

Schmallerberg, orthobunyavirus, ruminants, emerging disease, French epidemiological surveillance platform for animal health

Mi-décembre 2011, le chef des services vétérinaires néerlandais a alerté ses homologues des autres États membres de la première identification de formes congénitales de l'infection par le virus Schmallerberg (SBV) chez des agneaux malformés. En réponse à cette alerte, un dispositif de vigilance clinique (surveillance événementielle) des formes congénitales d'infection par le SBV a été mis en place en France dès le début du mois de janvier 2012, par la Direction générale de

l'alimentation (DGAL) en coordination des Directions départementales en charge de la protection des populations (DDecPP) en lien étroit avec la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale (Plateforme) (Note de service DGAL/SDSPA/N2012-8007 du 4 janvier 2012) (Dominguez *et al.*, 2012).

Cet article présente les données issues de la surveillance des formes congénitales du SBV en France entre le 4 janvier et le 14 avril 2012. Au 14 avril 2012, 2 677 exploitations avaient fait l'objet d'une déclaration de suspicion clinique d'infection par le SBV et l'infection avait été confirmée pour 1 241 d'entre elles : 1 068 foyers ovins, 16 foyers caprins et 157 foyers bovins.

Évolution temporelle de l'épizootie

Les manifestations cliniques ont été observées dans les premiers foyers d'infection congénitale en janvier 2012 (Figure 1). Si le virus SBV se comportait comme des virus génétiquement proches (le virus Akabane en particulier), alors les formes congénitales de la maladie surviendraient à la suite d'une infection des femelles en début de gestation (au cours du deuxième mois pour les chèvres et les brebis et entre le troisième et le cinquième mois pour les vaches). La naissance d'animaux présentant des formes congénitales de l'infection surviendrait donc de l'ordre de trois à quatre mois après l'infection des mères pour les agneaux et les chevreaux, et de l'ordre de quatre à sept mois après l'infection des mères pour les veaux (Center for food security and public health Akabane disease, 2009). Compte tenu de ces éléments, les premières infections par le SBV ayant provoqué des formes congénitales pourraient donc avoir eu lieu en France en septembre 2011.



L'incidence des formes congénitales de SBV a culminé chez les petits ruminants en février et a continué à augmenter chez les bovins en mars (Figure 1).

Le nombre total d'agnelages en France tend à diminuer en mars (communication personnelle GDS France, données issues d'une enquête réalisée en mars 2012 sur les périodes de mises bas des brebis auprès d'opérateurs départementaux et nationaux) alors que le nombre total de vêlages tend à croître (source: Base de données nationale d'identification) (Figure 2). Cependant, l'évolution de l'incidence des formes congénitales de SBV ne peut être expliquée par la seule évolution de la répartition des mises bas puisque la décroissance de l'incidence chez les ovins est plus marquée que celle des agnelages (en mars, le nombre d'agnelages diminue d'un facteur 1,1 par rapport au mois précédent alors que l'incidence du SBV chez les ovins diminue d'un facteur 1,6) et l'augmentation de l'incidence chez les bovins est plus forte que celle des vêlages (en mars, le nombre de vêlages augmente d'un facteur 1,3 par rapport au mois précédent alors que l'incidence du SBV chez les bovins augmente d'un facteur 2,3).

La diminution de l'incidence des formes congénitales de SBV chez les ovins à partir du mois de mars pourrait être à relier avec la diminution

de l'activité des vecteurs (Culicoïdes) trois à quatre mois plus tôt soit à partir de novembre - décembre lorsque les températures diminuent. Du fait de la durée de gestation supérieure, le délai entre l'infection et la mise bas est plus long chez les bovins (jusqu'à sept mois), par conséquent la diminution de l'incidence des formes congénitales chez cette espèce en lien avec la diminution hivernale de l'activité des vecteurs devrait être observée de façon décalée dans le temps par rapport aux petits ruminants (soit d'avril à juillet 2012).

Distribution géographique du SBV

Le virus SBV a largement diffusé sur le territoire, particulièrement dans la moitié nord du pays (Figure 3), l'est du territoire est le plus atteint (Figure 4). En ce qui concerne l'espèce ovine, le département le plus atteint est la Vienne où 16 % des exploitations ovines ont été touchées, suivi de la Meurthe-et-Moselle où 12 % des exploitations ovines ont été touchées. En ce qui concerne l'espèce bovine, le département le plus atteint est la Meurthe-et-Moselle où une exploitation bovine sur 100 a été touchée.

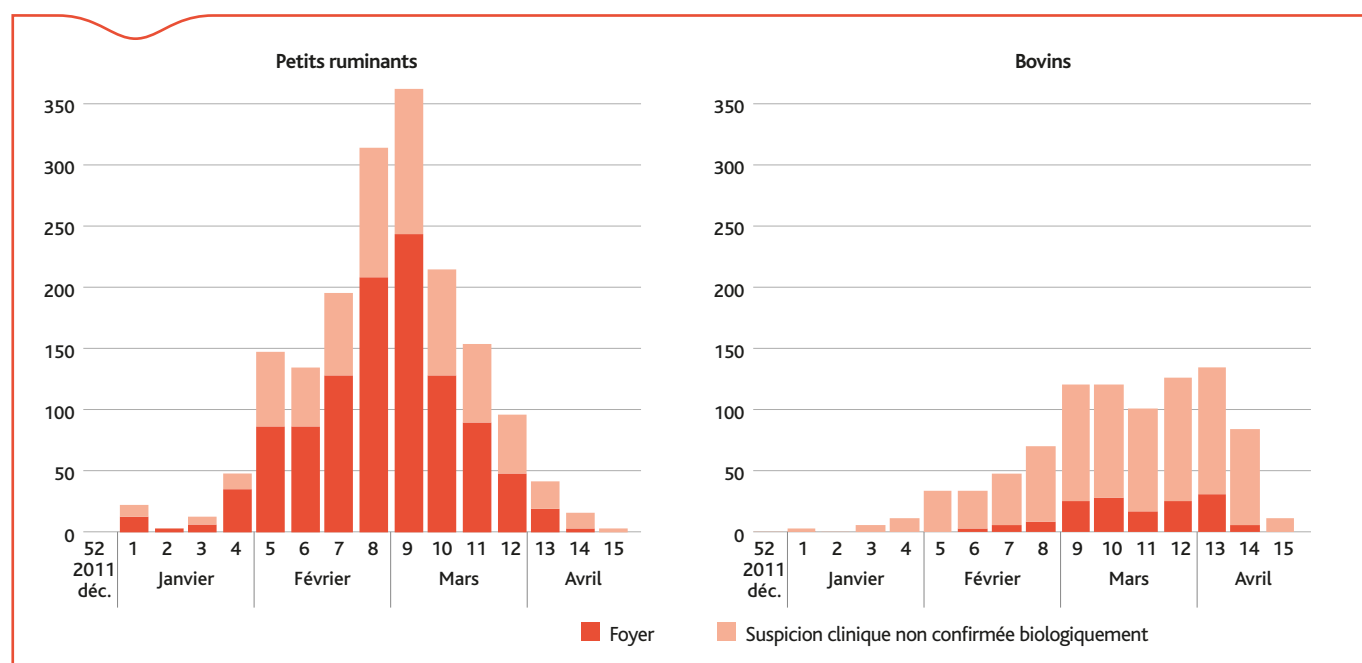


Figure 1. Évolution de l'incidence des formes congénitales de SBV en France par semaine de suspicion et par espèce; données relatives aux semaines 14 et 15 incomplètes à la date d'analyse des données (14 avril)

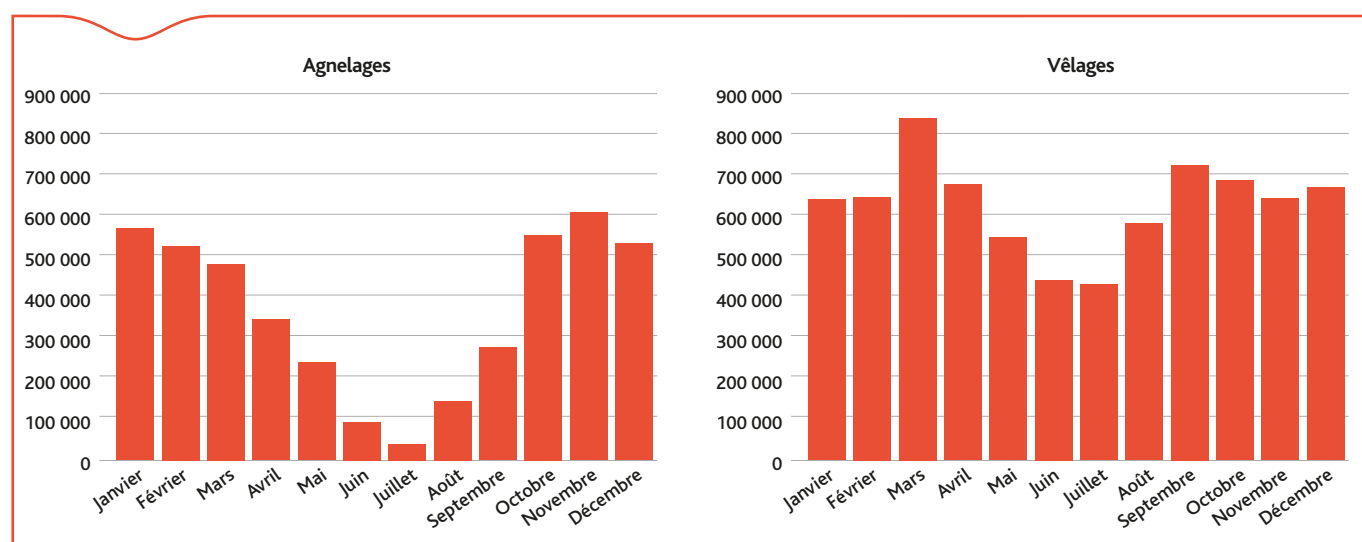


Figure 2. Répartition mensuelle des agnelages (source: communication personnelle GDS France) et des vêlages en France (source: BDNI)

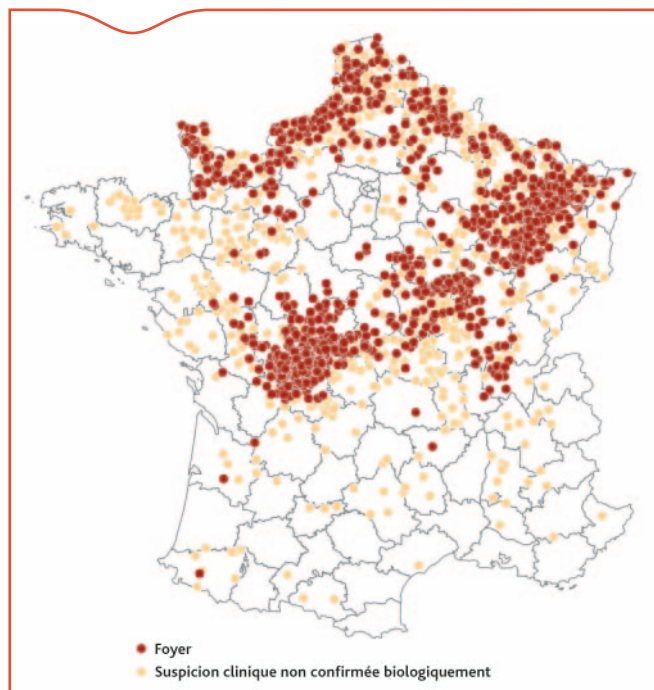


Figure 3. Localisation des foyers de SBV et des suspicions cliniques non confirmées en France au 14 avril 2012

Tableau 1. Odds ratios de positivité au diagnostic du SBV par RT-PCR et intervalles de confiance associés

		OR	IC _{95 %}
Espèce	Bovin	Référence	
	Ovin	8,2	4,1 ; 16,4
	Caprin	9,4	1,6 ; 56,4
Prélèvement	Sang	Référence	
	Encéphale	35,1	21,3 ; 57,8
	Rate	2,1	0,9 ; 5,3

Les OR statistiquement significatifs (au seuil de 5 %) sont indiqués en gras (les analyses ont été réalisées avec le logiciel R et le package rms).

Facteurs de positivité du diagnostic de l'infection

À la mise en place du dispositif de surveillance et jusqu'en avril 2012, seul le diagnostic virologique de l'infection par le SBV était réalisable en routine (RT-PCR) au Laboratoire de santé animale (LSA) de l'Anses de Maisons-Alfort sur un prélèvement d'organe de l'avorton (préférentiellement le cerveau) ou en cas d'impossibilité sur un prélèvement de sérum de la mère.

Afin d'évaluer l'effet de l'espèce et du type de prélèvement sur la positivité du diagnostic SBV par RT-PCR, un modèle de régression logistique a été ajusté aux données relatives à 1 505 suspicions cliniques d'infection congénitale localisées dans les départements au sein desquels au moins un foyer a été confirmé. Les covariables prises en compte sont : l'espèce animale (bovin, ovin, caprin), la nature du prélèvement biologique soumis au diagnostic (encéphale, rate, sérum), ainsi qu'un facteur d'ajustement défini comme le délai entre la date d'analyse du prélèvement et la date du premier prélèvement positif dans le département ; ce facteur, qui peut être négatif, nul ou positif, a été introduit dans le modèle sous la forme d'un polynôme de degré 2.

Le test de Le Cessie-van Houwelingen a été réalisé pour vérifier l'adéquation du modèle et le test de Wald pour tester l'effet des facteurs et l'interaction entre l'espèce et la matrice.

Les suspicions étudiées concernaient : 1 186 (79 %) ovins, 283 (19 %) bovins, 36 (2 %) caprins ; 718 (48 %) suspicions avaient fait l'objet d'un prélèvement d'encéphale, 118 (8 %) d'un prélèvement de rate et 669 (44 %) d'un prélèvement de sang.

Les Odds ratios issus du modèle sans interaction et les intervalles de confiance à 95 % associés sont présentés dans le **Tableau 1**. L'espèce, la matrice et le délai ont tous un effet significatif sur la positivité du diagnostic du SBV par RT-PCR. En revanche l'interaction entre l'espèce et la matrice se révèle non significative ($p = 0,87$), ce qui signifie que la sensibilité du diagnostic de l'infection par le SBV par analyse virologique pour une matrice donnée, n'est pas différente en fonction de l'espèce. L'encéphale est de loin le prélèvement de choix pour la mise en évidence de l'infection chez les nouveau-nés. La probabilité de positivité est largement supérieure chez les ovins et les caprins par rapport aux bovins, quel que soit le prélèvement, ce qui est très certainement à mettre au compte du délai plus court entre infection

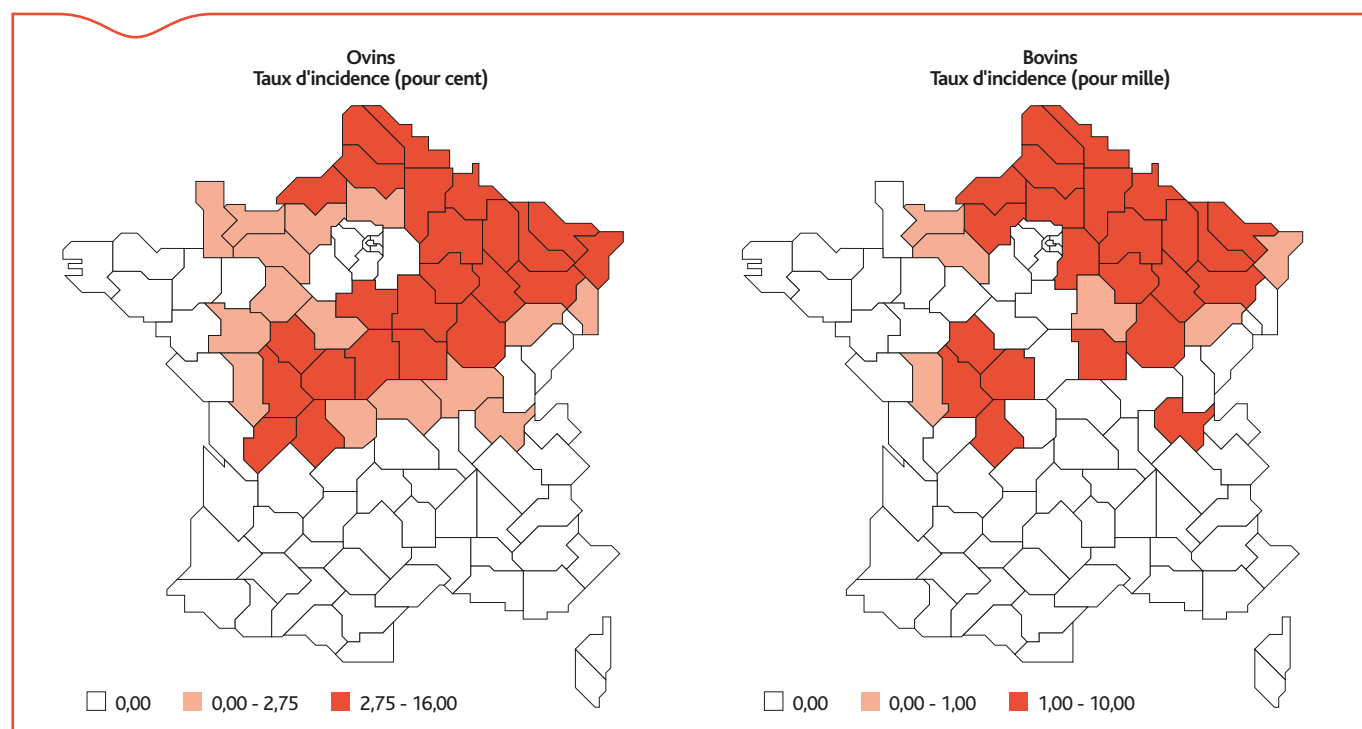


Figure 4. Taux d'incidence des formes congénitales de SBV chez les ovins (pour 100 exploitations) et les bovins (pour 1000 exploitations), d'après le nombre de foyers au 14 avril 2012

de la mère et naissance chez les ovins, la probabilité de détecter le virus étant alors plus grande que chez les bovins.

L'effet par espèce du délai entre la date d'analyse de l'encéphale et la date du premier prélèvement positif dans le département est illustré sur la **Figure 5**. De manière logique, la probabilité qu'un prélèvement soit positif est inférieure quand le prélèvement a précédé la confirmation du premier cas dans le département ; elle est supérieure quand le prélèvement suit la confirmation du premier cas, mais cette probabilité diminue quand le délai après la confirmation du premier cas est supérieur à 15 jours.

Ces différents éléments sont importants à prendre en compte dans l'analyse des données de la surveillance et dans des travaux de modélisation qui pourraient être menés à partir de ces données.

Conclusion

Une surveillance a été mise en œuvre en France de façon très réactive et efficace à la suite de l'alerte européenne relative à l'émergence du SBV et à la survenue de formes congénitales de l'infection. Ce dispositif de surveillance, qui a permis de montrer que ce virus émergent avait largement circulé sur le territoire métropolitain, est le fruit d'une collaboration étroite entre plusieurs partenaires, notamment dans le cadre de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale qui renforce les capacités de mobilisation rapide et coordonnée des partenaires de santé animale en réponse à une émergence.

Remerciements

L'ensemble des partenaires impliqués dans la surveillance sont remerciés, en particulier l'ensemble des acteurs de terrain, le Laboratoire de santé animale de l'Anses Maisons-Alfort pour la réalisation du diagnostic ainsi que tous les autres membres de la Plateforme nationale de surveillance épidémiologique en santé animale.

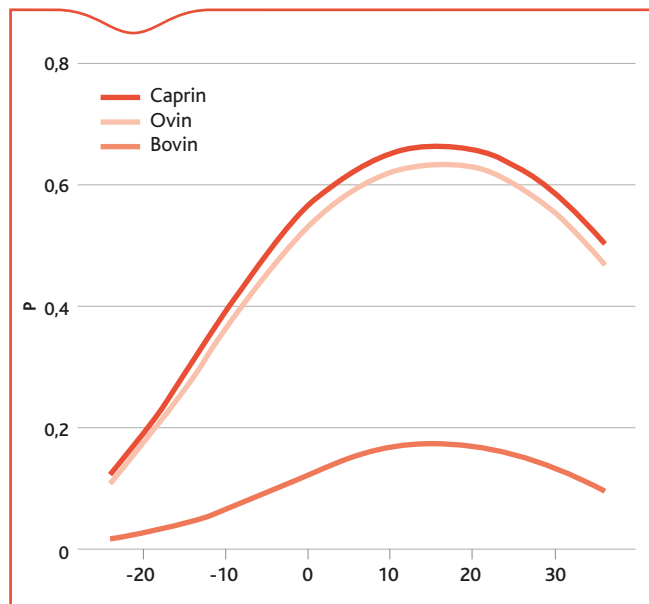


Figure 5. Effet du délai entre la date d'analyse du prélèvement et la date du premier prélèvement positif dans le département sur la probabilité d'un résultat positif au diagnostic du SBV par RT-PCR

Références bibliographiques

- Center for food security and public health, 2009. Akabane disease. <http://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/akabane.pdf> (consulté le 18 avril 2012).
- Dominguez M., Zientara S., Languille J., Fediaevsky A., Zanella, G., Sailleau C., et al., 2012. Émergence du virus Schmallenberg. *Bulletin épidémiologique santé animale alimentation*. 48,14-16.
- Note de service DGAL/SDSPA/N2012-8007 du 4 janvier 2012. (Schmallenberg virus) – surveillance du territoire pendant l'hiver 2011/2012 <http://www.survepi.org/cerepi/images/documents/dgaln20128007z.pdf> (consulté le 14 mai 2012).

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

Retrouvez tous les numéros du *Bulletin épidémiologique* sur :

www.anses.fr/bulletin-epidemiologique/index.htm

<http://agriculture.gouv.fr/bulletin-epidemiologique>



Brève. Isolement d'un virus influenza porcin de sous-type H3N2 dans un élevage de porcs localisé dans le département du Nord

Short item. Isolation of a swine influenza virus of H3N2 subtype in a pig herd located in North department

Séverine Hervé, Stéphane Quéguiner, Nicolas Barbier, Stéphane Gorin, Aure Saulnier, Gaëlle Simon (gaelle.simon@anses.fr)

Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Laboratoire national de référence Influenza porcin

Mots clés : virus influenza A, grippe, porc / **Keywords:** *influenzavirus A, flu, pig*

Les virus influenza porcins du lignage européen dit « human-like reassortant swine H3N2 » sont apparus en Europe en 1984 à la faveur d'un réassortiment entre le virus influenza porcin européen « avian-like swine H1N1 » et un virus humain de sous-type H3N2 préalablement adapté au porc (le virus porcin H1N1 a acquis les gènes HA et NA du virus H3N2 d'origine humaine). Ces virus porcins H3N2 européens ont sévi en France, notamment en Bretagne, pendant une quinzaine d'années, mais n'ont plus été isolés sur le territoire français entre 2000 et 2011. La France était donc considérée comme indemne de virus influenza porcin H3N2, contrairement à de nombreux autres pays européens (Allemagne, Belgique, Espagne, Italie...) où ce virus a continué de circuler à une forte prévalence.

Des doutes quant à la circulation possible de virus H3N2 dans la région Nord ont cependant été émis à l'occasion d'une enquête nationale de séroprévalence menée à l'abattoir en 2008-2009, enquête qui avait conduit à déclarer « douteux » en sérologie H3N2 un lot d'animaux originaires du département du Nord (Hervé *et al.*, 2011). Début 2011, suite au signalement d'épisodes grippaux dans plusieurs élevages de ce département, des investigations sérologiques ont permis de détecter des anticorps anti-H3N2 chez des animaux en fin d'engraissement dans deux élevages naisseur-engraisseur distants de quatre kilomètres, renforçant l'hypothèse de la circulation de virus H3N2 dans cette région.

En janvier 2012, des écouvillonnages nasaux ont été réalisés sur des porcs de 100 jours présentant de la toux, de l'hyperthermie et de l'apathie, dans un des deux élevages précédemment déclaré séropositif. Les syndromes grippaux, avec apparition brutale de la toux, s'étaient révélés récurrents dans cet élevage au cours de l'année 2011, survenant environ tous les trois mois. L'analyse des surnageants d'écouvillons par RT-PCR gène M a permis de détecter la présence d'un virus Influenza de type A, lequel a été isolé et amplifié en culture cellulaire. Une double RT-PCR multiplex de sous-typage moléculaire a identifié ce virus comme étant de sous-type H3N2. Le sous-typage par tests d'inhibition de l'hémagglutination multivalences a également indiqué une réaction antigénique de l'isolat dans la valence H3N2. Le séquençage de ses huit segments génomiques a permis de confirmer son appartenance au lignage européen enzootique « human-like reassortant swine H3N2 ». L'élevage ici trouvé infecté par le virus H3N2 étant situé dans une zone de forte densité porcine à une dizaine de kilomètres de la frontière belge, il peut être émis l'hypothèse d'une introduction *via* l'importation d'animaux vivants infectés.

Si les infections à virus H3N2 détectées dans le Nord se propagent sur le territoire français, notamment dans d'autres régions à forte densité porcine indemnes vis-à-vis de ce sous-type, on peut craindre des épisodes cliniques marqués. Par ailleurs, la diversité croissante de virus influenza A dans les élevages augmente le risque de réassortiments. De nouveaux virus pourraient émerger suite à réassortiments entre ce virus H3N2 et les autres virus influenza porcins en circulation, i.e. les virus influenza porcins européens enzootiques de sous-types H1N1 et H1N2 (près de 50 % des élevages sont touchés par ces deux sous-types), mais également le virus pandémique A/H1N1 2009 (ponctuellement isolé chez le porc en France en 2010 et 2011), voire les virus influenza humains. Il convient de rappeler l'importance de la surveillance sur l'ensemble du territoire et de l'application des mesures de biosécurité dans les élevages pour tenter de limiter les transmissions inter-espèces, les virus influenza porcins étant à potentiel zoonotique.

Remerciements

Les auteurs remercient G. Perreul, J.-B. Hérin et T. Vila, Merial SAS pour leur collaboration.

Référence bibliographique

Hervé, S., Gorin, S., Quéguiner, S., Barbier, N., Eveno, E., Dorenlor, V., Eono, F., Madec, F., Rose, N., Simon, G., 2011. Estimation de la séroprévalence des virus influenza chez le porc charcutier en France en 2008-2009. *J. Rech. Porcine* 41, 281-282.

Brève. Confirmation de la circulation du virus influenza pandémique A/H1N1 (2009) chez le porc en France métropolitaine

Short item. Confirmation of circulation of pandemic virus A/H1N1 (2009) in pigs in metropolitan France

Séverine Hervé, Nicolas Barbier, Gaëlle Simon (gaelle.simon@anses.fr)

Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Laboratoire national de référence Influenza porcin

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

Le virus influenza pandémique A/H1N1 (2009) (H1N1pdm09) a été détecté dans un élevage naisseur-engraisseur situé dans le Cher, élevage en claustration et de niveau de biosécurité élevé, de 2 400 truies. Ce sont des porcelets du stade post-sevrage (de 6 à 10 semaines d'âge) qui ont été trouvés infectés à l'occasion d'une prophylaxie annuelle vis-à-vis de différents pathogènes. Ces animaux excréteurs de virus H1N1pdm09 (détection du génome viral dans les surnageants d'écouvillons nasaux) ne présentaient aucun signe clinique évocateur de la grippe au moment des prélèvements. Des problèmes respiratoires (jetage nasal, toux, hyperthermie) à caractère récurrent sont cependant relevés dans cet élevage, en nurserie et en post-sevrage. Il est également rapporté des infections respiratoires bactériennes et mycoplasmaïques chez les porcelets.

Pour mémoire, le virus H1N1pdm09 a été isolé dans un élevage de Haute-Loire en octobre 2011, et dans un élevage de la Sarthe en octobre 2010 (voir *Bulletin épidémiologique* n° 48, p. 14). Cette nouvelle détection, en avril 2012, confirme la circulation du virus H1N1pdm09 dans la population porcine française, et notamment dans les régions les plus centrales du pays. Elle confirme également la nécessité et l'intérêt de disposer d'un « Dispositif National de Surveillance des Virus Influenza chez le porc » (NS DGAL/SDSPA/N2011-8028 et NS DGAL/SDSPA/N2011-8050) qui soit opérationnel dans l'ensemble des régions françaises.

Chez le porc, le virus H1N1pdm09 peut acquérir des caractères nouveaux et/ou être à l'origine de réassortiments avec des virus influenza porcins qualifiés d'enzootiques. Il a un potentiel zoonotique. Les règles de biosécurité à appliquer dans les élevages pour tenter de limiter les transmissions inter-espèces (Homme > porc et porc > Homme) des virus Influenza A ont été rappelées par NS DGAL/SDSPA/N2012-8015.

Brève. Apparition de la fièvre aphteuse au nord de l'Afrique au printemps 2012

Short item. Outbreaks of foot-and-mouth disease in northern Africa, Spring 2012

Catherine Collignon (1) (catherine.collignon@anses.fr), François Moutou (2)

(1) Anses, Direction de l'évaluation des risques, Maisons-Alfort

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

Mots clés : fièvre aphteuse, Égypte, Libye, sérotype SAT2 / **Keywords :** foot-and-mouth disease, Egypt, Libya, SAT2 serotype

Il existe souvent des corrélations entre instabilité politico-économique et risques d'émergence épidémique ou épizootique. Même si corrélation ne signifie pas relation de cause à effet, on peut noter que deux pays du nord de l'Afrique, qui connaissent des évolutions profondes de leur organisation intérieure, viennent de déclarer des foyers de fièvre aphteuse (FA) avec une souche virale (SAT 2) habituellement présente au sud du Sahara.

La FA est une infection due à un virus à ARN de la famille des Picornaviridae et du genre Aphthovirus. Il existe sept types de virus aphteux : A, O, C, Asia1 et SAT1 (South African Territories), SAT2 et SAT3. Extrêmement contagieuse, elle atteint tous les Artiodactyles, domestiques et sauvages et, de manière tout à fait anecdotique (tant par la fréquence que par la gravité), l'Homme. La maladie sévit dans diverses régions d'Asie, du Moyen-Orient et d'Amérique du Sud. En Afrique, la FA évolue sur un mode enzoo-épizootique. Cliniquement sur les grands ruminants et les suidés, après une incubation de deux à sept jours, elle se traduit par un syndrome fébrile suivi de l'apparition d'aphtes dans la bouche, dans les espaces interdigités et sur les couronnes des onglons ainsi que sur la mamelle. La guérison se produit généralement en une à deux semaines, en l'absence de surinfections. Chez les jeunes, la mort peut survenir après généralisation des lésions au tube digestif, à l'appareil respiratoire ou myocarde.

Depuis le mois de mars 2012, la Libye et l'Égypte ont déclaré à l'OIE des foyers de FA (Figure 1) :

- le 12 mars, la Libye a déclaré un foyer dans un élevage de 46 bovins situé dans la province de Benghazi (Cyrénaïque). Onze cas, dont cinq mortels ont été observés chez des bovins nouvellement introduits dans l'exploitation. Selon le rapport, l'élevage a été mis en quarantaine, les locaux désinfectés et les animaux atteints ont reçu un traitement symptomatique ;
- les 14, 20 et 27 mars 2012, l'Égypte a déclaré 25 foyers dans des villages de 12 gouvernorats.

Onze de ces gouvernorats se situent le long du Nil, depuis son delta jusqu'en Haute-Égypte : Louxor (4 foyers), El Gharbia (2), Kafr el-Cheikh (1), Damiette (3), Minya (2), Menoufia (5), Ach-Charqiya (2), Alexandrie (1), Ismaïlia (1), Dakahleya (1) et Al Buhayrah (1). Le douzième gouvernorat de la Nouvelle Vallée, dans le quart sud-ouest du pays, comprend deux des 25 foyers. Au total, parmi 957 bovins, 1060 buffles et 52 ovins/caprins présents dans les foyers identifiés, respectivement 381 cas (dont 28 mortels), 103 cas (dont six mortels) et 12 cas (dont deux mortels) ont été recensés. Le rapport indique que les animaux atteints ont reçu un traitement symptomatique, les villages ont été mis en quarantaine et les locaux désinfectés. Des restrictions de déplacements des animaux ont été instaurées dans le pays et la vaccination va être réalisée.

Les souches, envoyées et analysées au laboratoire de référence de l'OIE (également laboratoire de référence de la FAO) de Pirbright (Royaume-Uni) sont du sérotype SAT2. Il s'agit d'un sérotype exotique en Égypte et en Libye, habituellement détecté au sud du Sahara. Auparavant, la présence du sérotype SAT2 a été signalée en 2003 en Libye et en 1950 en Égypte. Ce sérotype a également été identifié, au cours des dernières années, dans des pays proches de la Libye et de l'Égypte, comme l'Éthiopie (2009-2010), le Kenya (2009), le Nigéria (2008) ou le Niger (2006).

La comparaison de ces souches avec d'autres virus circulant actuellement les rapproche de souches identifiées au Soudan, pays frontalier de la Libye et de l'Égypte. À ce jour, l'origine des foyers n'a cependant pu être identifiée. Des importations d'animaux pourraient être en cause.

Dans un communiqué du 22 mars 2012, la FAO souligne l'urgence de mettre en œuvre des mesures visant à maîtriser cette épizootie et à éviter sa propagation à l'ensemble de l'Afrique du Nord et au Moyen-Orient. À la demande du gouvernement égyptien, une équipe d'urgence de la FAO s'est rendue sur place. En collaboration avec les services vétérinaires locaux, elle a élaboré un plan national de lutte, incluant notamment des mesures de biosécurité, de confinement, des restrictions de déplacements, la fermeture des marchés d'animaux vivants d'espèces sensibles et la destruction des cadavres, de préférence par incinération, à défaut en les enterrant ; ces cadavres ne doivent pas être jetés dans les canaux de drainage, sous peine de contaminer l'eau. La vaccination contre le sérotype SAT2 doit être réalisée, ce qui occasionne un besoin urgent en vaccins. Actuellement, les vaccins utilisés en Égypte couvrent seulement les sérotypes A et O, enzootiques dans le pays.

Le communiqué de la FAO indique que l'Égypte compte 6,3 millions de buffles/bovins et 7,5 millions d'ovins/caprins. Selon ce communiqué, les estimations officielles font état de 40 222 animaux infectés et 4 658 cas mortels, chiffres très éloignés des trois rapports de l'OIE. De plus, le taux de mortalité rapporté (10 % des cas chez les bovins) en Égypte est plus élevé que d'habitude (la mortalité étant habituellement de l'ordre de 1 à 5 %). Plusieurs hypothèses pourraient expliquer ce phénomène :

- d'une part il s'agit de la contamination d'une population naïve au regard du sérotype SAT2, la vaccination contre les sérotypes A et O n'entraînant pas de protection contre d'autres types de virus aphteux ;
- d'autre part d'autres maladies pourraient être à l'origine de certains cas considérés comme des cas de FA et l'indemnisation des éleveurs pourrait être à l'origine de sur-déclarations de cas.

Face à l'émergence d'un sérotype exotique en Libye et en Égypte, il faut souhaiter que les mesures mises en place permettent de maîtriser l'infection et de prévenir son extension au Maghreb. Une telle diffusion du virus entraînerait un risque de propagation à l'Europe via les pays du Sud de l'Europe.

Liens utiles

http://web.oie.int/wahis/public.php?page=weekly_report_index&admin=0&newlang=2

<http://www.fao.org/news/story/fr/item/129919/icode/>

http://www.wrlfmd.org/fmd_genotyping/



Figure 1. Carte des foyers de FA en Égypte et en Libye (d'après les rapports OIE)

Brève. Épisode de rhodococcose à Mayotte

Short item. *Rhodococcus* outbreak in Mayotte, France

Jackie Tapprest (1) (jackie.tapprest@anses.fr), Bertrand Bouyer (2), Jean-Loïc Le Net (3), Marion Pannequin (4), Fabienne Coroller (5), Julien. Cauchard (1), Sandrine Petry (1), Corinne Sévin (1), Aymeric Hans (1), Claire Laugier (1), François Moutou (6)

(1) Anses, Laboratoire de pathologie équine, Goustranville

(2) Cabinet vétérinaire, Combani, Tsingoni, Mayotte

(3) Laboratoire d'anatomie pathologique vétérinaire, Amboise

(4) ADEM-GESAM, Coconi, Mayotte

(5) Direction de l'Alimentation, de l'Agriculture et de la Forêt de Mayotte, Mamoudzou, Mayotte

(6) Anses, Laboratoire de Santé animale, Maisons-Alfort

Mots clés : *Rhodococcus equi*, adultes, poneys, Océan Indien, Mayotte / **Keywords:** *Rhodococcus equi*, adults, ponies, Indian Ocean, Mayotte

Rhodococcus equi (*R. equi*) est un coccobacille Gram positif présent dans le sol et dans les fèces de nombreuses espèces animales. Il affecte préférentiellement l'espèce équine et représente une cause majeure de broncho-pneumonie suppurée chez le poulain de moins six mois sur les cinq continents. Le taux de létalité est élevé (40 à 80 %). Au-delà de six mois, les infections sont exceptionnelles. La contamination des poulains se fait habituellement à partir des crottins, du sol ou de poussières par inhalation (Giguère *et al.* 2011).

À notre connaissance, la rhodococcose équine n'a pas été rapportée dans les îles de l'océan indien. L'épisode survenu à Mayotte est original car il a concerné des animaux adultes présentant notamment des abcès sous-cutanés (Figure 1), ce qui permet de suspecter une autre voie de contamination (intervention d'arthropodes piqueurs et/ou transmission nosocomiale).

Il existe une seule écurie à Mayotte, celle du centre équestre Sainte-Armelle à Hajangoua sur la côte est de Grande Terre, qui a ouvert en 2004. Il ne semble pas y avoir d'autres équidés sur place sauf deux ou trois ânes. Au début de l'épisode, le centre comptait six chevaux et seize poneys. Un âne est arrivé entre-temps.

Les cas n'ont concerné que les poneys. Entre août 2011 et janvier 2012, huit poneys ont été atteints et six sont morts. L'isolement de *R. equi* a été fait au laboratoire de microbiologie du centre hospitalier de Mayotte, identification confirmée par la Cellule d'intervention biologique d'urgence (CIBU) de l'Institut Pasteur de Paris. Le laboratoire Anses de pathologie équine de Dozulé a été contacté à partir de ce moment. Le traitement spécifique de la rhodococcose a pu être instauré et les deux animaux malades ont présenté une nette amélioration. Le centre a été désinfecté le 12 janvier.

Un APMS a été pris le 3 février, la rhodococcose pouvant être considérée comme une zoonose mineure.

Deux nouveaux cas début mars 2012 et une question de la DGS à la DGAL ont entraîné une mission sur place la dernière semaine du mois. Un animal est mort de rhodococcose pendant la mission. Tous les prélèvements ont confirmé *R. equi*, souche avec le plasmide de virulence vap A. L'examen clinique des autres poneys a permis d'identifier une mauvaise adaptation au climat, facteur de risque important. Une réorganisation des pratiques du centre et de l'usage des divers bâtiments devrait permettre d'améliorer la situation et de conserver les poneys. Tout a été fait en concertation avec l'ensemble des acteurs concernés.



Figure 1. Abscès sous-cutané à *R. equi* sur le flanc droit

Référence bibliographique

Giguère S., Cohen N.D., Chaffin M.K., Hines S.A., Hondalus M.K., Prescott J.F., Slovis N.M., 2011. *Rhodococcus equi*: Clinical manifestations, virulence, and immunity. J vet intern Med, 25(6), 1221-1230.

Directeur de publication: Marc Mortureux

Directeur associé: Patrick Dehaumont

Comité de rédaction: Sandrine Baron, Didier Boisseleau, Anne Brisaboïs, Françoise Gauchard, Pascal Hendrikx, 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 Leterq

Anses - www.anses.fr

27-31 avenue du général Leclerc

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel: bulletin.epidemio@anses.fr

Conception et réalisation: Parimage

Photographies: Christophe Lepetit, François Moutou, Image100

Impression: Bialec

95 boulevard d'Austrasie - 54000 Nancy

Tirage: 5000 exemplaires

Dépôt légal à parution/ISSN 1630-8018