



BE Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

Mars 2014 trimestriel/numéro 61

ÉDITORIAL

Page 2

Surveillance d'*Echinococcus* spp. en France : la faune sauvage sentinelle

Page 5

Caractérisation moléculaire des souches de *Listeria monocytogenes* isolées en France, dans le cadre d'une enquête de prévalence communautaire ciblant certaines denrées alimentaires prêtes à être consommées

Page 9 - Brève

La surveillance des zoonoses : contexte réglementaire et européen

Page 10 - Brève

Cas de rage chez un chaton importé illégalement en France

Page 11 - Brève

Peste porcine africaine en Sardaigne en 2014 – de l'enzootie à l'épizootie ?

Page 13 - Brève

Fièvre catarrhale ovine en Sardaigne – un point épidémiologique pour les années 2012 et 2013

Page 15 - Brève

Coronavirus du Syndrome respiratoire du Moyen Orient (MERS-CoV) : quel réservoir animal ?

Page 18 - Brève

Épizootie de diarrhée épidémique porcine (DEP) aux États-Unis et au Canada : question sur une éventuelle origine alimentaire

Le *Bulletin épidémiologique* est une publication conjointe de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail et de la Direction générale de l'alimentation du ministère de l'agriculture, de l'agroalimentaire et de la forêt.

Dans ce premier numéro de 2014, un article fait la synthèse de travaux mettant en évidence des hôtes occasionnels d'échinocoques dans la faune sauvage. Ces travaux de recherche permettent de mieux documenter les cycles épidémiologiques de l'échinococcose alvéolaire et de l'hydatidose, ouvrant par ailleurs des perspectives en matière de nouvelles modalités de surveillance.

L'analyse moléculaire des souches de *Listeria monocytogenes* collectées dans le cadre d'une enquête au niveau communautaire conforte l'idée d'une grande diversité des souches de *Listeria* isolées dans les aliments, sans tropisme particulier pour tel ou tel type d'aliment. Dans ce cas, les données ont été produites au niveau européen de manière standardisée, ce qui permet de nourrir l'expertise de manière pertinente, ce qui n'est pas toujours le cas, comme le souligne la brève sur la centralisation des données sur les zoonoses au niveau européen.

En complément de l'article de synthèse sur la rage dans le dernier numéro, un point est fait sur le dernier cas importé détecté en France, rappelant la nécessaire vigilance de l'ensemble des acteurs ; en matière de rage, la moindre erreur pourrait en effet avoir des conséquences dramatiques.

Enfin, deux brèves présentent une synthèse de la situation épidémiologique sur des dangers sanitaires « à nos portes », en Sardaigne, la fièvre catarrhale ovine et la peste porcine africaine, tandis qu'une troisième fait le point sur l'implication éventuelle du dromadaire dans l'épidémie d'infections humaines à coronavirus qui sévit actuellement au Moyen-Orient. Ces trois brèves s'inscrivent dans la lignée des brèves du *BE* qui font régulièrement le point sur des dangers sanitaires menaçant notre territoire. Cette activité de veille sanitaire internationale est maintenant une des thématiques de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA), coordonnée par le Cirad qui a rejoint la Plateforme ESA, et portée par un groupe opérationnel rassemblant l'Anses, la DGAL et le Cirad. Cette cellule de veille a pour vocation de produire des notes de synthèse sur des situations épidémiologiques sur des maladies évoluant dans un périmètre proche du territoire, mais aussi des alertes si certains dangers sanitaires exotiques venaient à être menaçants. Le *BE* ainsi que le Centre de ressources de la Plateforme ESA sont les deux médias qui porteront la production de cette action de veille.

Le comité de rédaction



Surveillance d'*Echinococcus* spp. en France : la faune sauvage sentinelle

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

Résumé

La surveillance de la présence sur un territoire d'*Echinococcus multilocularis*, responsable de l'échinococcose alvéolaire, et d'*Echinococcus granulosus*, agent de l'hydatidose, repose généralement sur la recherche des parasites chez leurs hôtes principaux, respectivement le renard et les ruminants domestiques. Cependant, des cas d'infection sont observés chez d'autres espèces sauvages soulignant leur rôle potentiel de sentinelles, révélatrices d'un environnement contaminé. Ainsi, l'expansion vers l'Ouest de la zone d'endémie connue d'*E. multilocularis* chez le renard est confortée par l'identification de cas d'infection chez des rongeurs aquatiques en Basse-Normandie. Par ailleurs l'augmentation de la prévalence chez le renard dans la zone de foyer historique de l'Est de la France est accompagnée de cas ponctuels d'infection chez des animaux sauvages captifs. Concernant l'hydatidose, malgré des données nationales récentes obtenues à l'abattoir chez les animaux de rente, la détection de chamois et de sangliers infectés par *E. granulosus sensu stricto* ont permis d'étoffer les connaissances sur la distribution du parasite. Enfin, l'identification de prévalences similaires pour *E. granulosus* chez les sangliers et chez les porcs d'élevage en Corse conforte l'idée de l'existence d'un cycle partiellement sylvaïque adossé au cycle domestique. Ainsi, bien que considérés comme des hôtes occasionnels et méconnus, les animaux sauvages libres ou captifs peuvent constituer des sentinelles pertinentes pour compléter la surveillance de l'expansion d'*E. multilocularis* en France et permettre d'élargir la détection d'espèce ou de génotype d'*E. granulosus* à des zones non encore identifiées comme endémiques.

Mots clés

Echinococcus multilocularis, *Echinococcus granulosus*, hôtes accidentels, faune sauvage, sentinelle, surveillance.

Abstract

Monitoring of *Echinococcus* spp. in France: the wildlife as sentinel

Monitoring of *Echinococcus multilocularis*, the parasite responsible for alveolar echinococcosis, and *Echinococcus granulosus*, the agent responsible for cystic echinococcosis, is usually based on the detection of these parasites in their main hosts, respectively foxes and livestock. However, infection can also be observed in other wild species, thus highlighting their potential role as sentinels for indicating environmental contamination. Indeed, the westward expansion of the known endemic area of *E. multilocularis* in foxes in France has recently been confirmed by the diagnosis of infection in aquatic rodents in Normandy (western France). High prevalence in foxes in areas where the parasite was historically present (eastern France) also induces occasional infections of captive wildlife. With regard to cystic echinococcosis, in addition to recent national data for livestock obtained from slaughterhouses, the detection of several cases in chamois (*Rupicapra rupicapra*) and wild boars (*Sus scrofa*) has helped to improve knowledge of the parasite. Finally, the observation of similar *E. granulosus* prevalence in wild boars and in domestic pigs on the island of Corsica confirms the existence of a sylvatic lifecycle associated with the domestic lifecycle. Therefore, in addition to the monitoring of *E. multilocularis* expansion in France and the detection of species and genotypes of *E. granulosus* in areas not yet identified as infected, free and captive wildlife, although occasional hosts, may also play a relevant sentinel role.

Keywords

Echinococcus multilocularis, *Echinococcus granulosus*, accidental host, wildlife, sentinel, surveillance.

Au sein de la famille des *Tænia*, le genre *Echinococcus* est uniquement représenté en Europe par *Echinococcus multilocularis* et *Echinococcus granulosus sensu lato* (10 génotypes – G1 à G10 – regroupés en 4 espèces) (Tableau 1). Leurs cycles parasitaires sont indirects, avec une phase libre dans l'environnement sous forme d'oncosphères très résistantes aux conditions climatiques. Ces deux échinocoques ont pour hôtes définitifs (HD) des carnivores, qui hébergent les vers (stade adulte) dans leurs intestins, et pour hôtes intermédiaires (HI) des mammifères herbivores et l'Homme, infectés par les formes larvaires

du cestode principalement au niveau du foie. L'infestation des HI, Homme inclus, étant la conséquence de l'ingestion d'œufs via des végétaux souillés par les excréments de carnivores contaminés. Le cycle d'*E. multilocularis* est sylvaïque (renard/rongeur) et celui d'*E. granulosus* est principalement domestique (chien/bétail). Indépendamment des hôtes habituels, d'autres espèces animales notamment sauvages, peuvent être infectées de manière fortuite par la forme larvaire du parasite (observations par exemple dans le cadre du réseau SAGIR ou celui de suivis écologiques ou sanitaires). Ces informations sont

Tableau 1. Taxonomie, potentiel zoonotique, hôtes intermédiaires et définitifs principaux des différentes espèces et génotypes d'*E. granulosus sensu lato*

Espèces	<i>Echinococcus granulosus sensu lato</i>								
	<i>Echinococcus granulosus (sensu stricto)</i>			<i>Echinococcus equinus</i>	<i>Echinococcus ortleppi</i>	<i>Echinococcus canadensis</i>			
Génotypes	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G9	G8 / G10
Hôtes intermédiaires principaux	OVINS bovins porcins	OVINS bovins	OVINS bovins	EQUIDES	BOVINS	CAMELIDES	PORCINS sangliers	PORCINS	CERVIDES
Hôtes définitifs principaux	CHIEN								LOUP
Potentiel zoonotique	Oui	Oui	Oui	Non	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui

importantes pour contribuer à la surveillance des échinocoques. Ces espèces sont en effet généralement plus sensibles et/ou plus exposées que l'Homme au parasite et constituent alors des sentinelles ou bio-indicateurs pertinents comme l'illustrent les exemples présentés ci-après.

La recrudescence de cas humains d'échinococcose alvéolaire (EA) en Europe hors des zones historiques d'endémie connues, est notamment liée à une expansion de l'aire de répartition d'*E. multilocularis*. En France, une augmentation significative de l'incidence humaine est observée depuis 2007 avec une extension géographique des cas. Cependant, en raison du développement parasitaire très lent chez l'Homme (période d'infection asymptomatique de 5 à 15 ans), des évolutions épidémiologiques récentes ne peuvent être mises en évidence par la seule surveillance des cas humains. Une enquête de grande envergure ciblant le renard a permis d'apporter la preuve de cette expansion au-delà de la zone historique d'endémie de l'Est de la France (Combes *et al.*, 2012). Le parasite a ainsi été identifié dans 26 départements du Nord et de l'Ouest ainsi qu'en région parisienne. Un scénario spatio-temporel basé sur une analyse par microsatellite de la diversité génétique du parasite, suggère d'ailleurs que sa présence est effective depuis plusieurs décennies dans ces régions (Umhang *et al.*, 2014a). Considérés comme nuisibles dans le Grand-ouest, les rongeurs aquatiques sont chaque année piégés dans le cadre de programme de lutte active. Dans ce contexte, une étude de leur statut sanitaire menée dans douze départements a permis d'identifier deux rats musqués et deux ragondins parasités par *E. multilocularis* dans les départements de la Manche, de l'Orne et du Calvados. Les profils microsatellites parasitaires obtenus se sont révélés identiques à ceux de vers isolés chez des renards des mêmes départements attestant d'une contamination locale (Figure 1) (Umhang *et al.*, 2013a). Aussi, par simple observation des foies impliquant une logistique et des coûts modestes, le piégeage des rongeurs aquatiques pourrait servir la détection du parasite dans des territoires non encore investigués chez les renards. Toutefois, seule la détection de la présence du parasite serait prise en compte. En effet, une absence d'observation de cas ne permettrait pas de conclure à une absence du parasite, car d'une part cette modalité de surveillance ne reflèterait que l'exposition à proximité des milieux aquatiques,

et d'autre part les rongeurs aquatiques ne constituent pas des HI privilégiés du parasite.

Depuis les années 1980, les prévalences vulpines dans la zone française de foyer historique d'EA ont augmenté pour atteindre des valeurs parfois supérieures à 50 % (Combes *et al.*, 2012), entraînant une augmentation de la contamination environnementale et de la pression d'infection des HI. Ainsi des cas d'infections d'animaux captifs (un macaque, un lémurien et un ragondin) ont été recensés dans deux parcs animaliers de l'Est de la France (Umhang *et al.*, 2013b) avec des profils génétiques du parasite attestant d'une contamination autochtone. La source de contamination la plus probable étant l'apport dans le milieu de vie des animaux de branchages prélevés sur des zones en périphérie des parcs animaliers régulièrement fréquentées par les renards. Les animaux captifs apparaissent donc ici aussi comme des sentinelles de la présence d'œufs du parasite dans l'environnement. L'exposition humaine dans les parcs demeure *a priori* similaire à celle de l'ensemble de la région où ils sont implantés (région d'endémie du parasite). Mais la présence de la forme infectante du parasite induit le nécessaire rappel des règles de base d'hygiène et de sécurité pour le personnel animalier, notamment lors de la manipulation des fèces de carnivores. Cette présence entraîne de plus des répercussions sur les modalités d'entretien des animaux captifs (suppression de végétaux potentiellement souillés pour le nourrissage) ou la mise en place de traitements curatifs chez les espèces à forte valeur attractive ou à enjeu de conservation.

Bien que plusieurs centaines de patients atteints d'échinococcose kystique (ou hydatidose) soient annuellement recensés en France, aucune donnée n'était disponible pour attester de la présence aujourd'hui d'*E. granulosus* sur le territoire national, les cas incidents étant majoritairement considérés comme d'origine non autochtone. En 2010, une enquête conduite dans des abattoirs du Sud de la France a permis de mettre en évidence une prévalence effective de 4 et 3 cas pour 100000 respectivement chez les ovins et bovins, et de produire les premières données nationales de caractérisation moléculaire (*E. granulosus sensu stricto* G1, G2 et G3) (Umhang *et al.*, 2013c). La détermination de l'espèce et du génotype impliqués au sein du complexe *E. granulosus* s.l. permet une meilleure compréhension des cycles épidémiologiques. En effet, si l'HD d'*E. granulosus* s.l. est le chien, chaque espèce/génotype est associé principalement à une espèce d'HI généralement domestique présentant des kystes majoritairement fertiles (Tableau 1). Cependant, les herbivores sauvages peuvent aussi s'infester, comme le démontre l'infection par le génotype G2 d'*E. granulosus* s.s. observée chez un chamois en Isère. L'identification chez un ongulé sauvage de ce génotype au cycle principalement chien/ovin indique la circulation d'*E. granulosus* dans ce département, alors qu'aucune infection dans les cheptels ovins n'avait été rapportée, du fait que la saisie des foies à l'abattoir n'implique pas une obligation de diagnostic et donc de remontée de données d'hydatidose. Initialement révélée par cette sentinelle sauvage, la présence établie du parasite dans ce département a ensuite été confirmée *a posteriori* par la mise en évidence d'infections chez trois ovins et quatre bovins lors d'un plan national de surveillance mis en œuvre à l'abattoir en 2012.

En Corse, parallèlement à une prévalence de kystes hydatiques élevée chez les porcs, due au génotype mixte G6/7 d'*Echinococcus canadensis* (près de 6 %), quatre infections hépatiques par ce même génotype ont été observées chez des sangliers abattus à la chasse (n = 101) (Umhang *et al.*, 2014b). Ces taux d'infection similaires chez les suidés domestiques et sauvages témoignent d'une contamination environnementale élevée, et donc d'un risque de contamination pour l'Homme. De plus, ceci impacte significativement la filière locale de production de figatelles en raison de la saisie des foies parasités lors de l'inspection des viandes à l'abattoir.

Jusqu'à présent, le génotype G1 d'*E. granulosus* s.s. n'a pas été identifié en Corse bien que très présent en Sardaigne, île voisine de 25 km. Le sanglier est aussi décrit comme un HI possible du génotype G1 ce qui en fait une sentinelle potentielle. Aussi l'examen des venaisons, en particulier du foie des animaux abattus à la chasse, constituerait

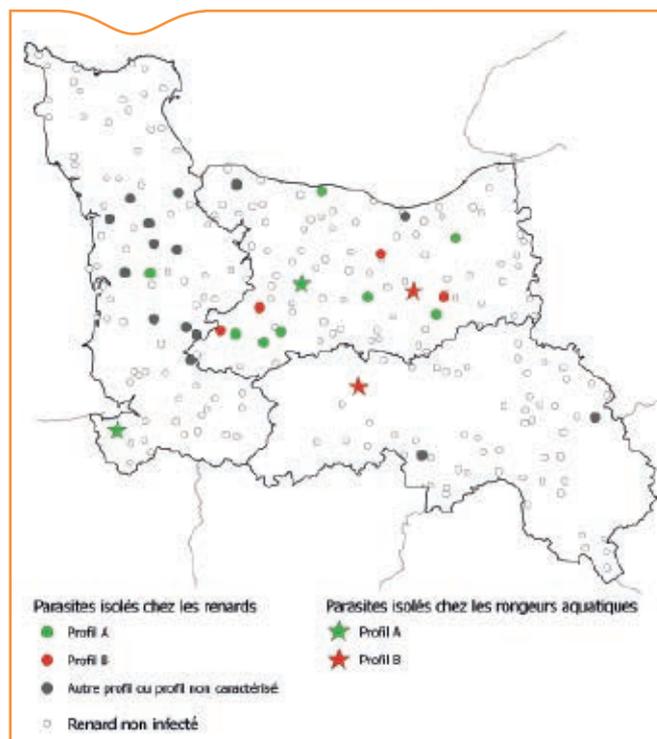


Figure 1. Localisation et profil microsatellite des quatre rongeurs aquatiques infectés par *E. multilocularis* et des vers isolés chez les renards analysés dans le cadre du programme de cartographie (Combes *et al.* 2012). Pour plus de détails sur l'échantillonnage des rongeurs aquatiques (lieu et nombre de prélèvements réalisés) voir figure 1 dans Umhang *et al.* 2013a.

une modalité informative de surveillance, contrairement à l'inspection réalisée en abattoir qui est inexploitable en tant normal (c'est-à-dire hors plan de surveillance dédié) puisque les suspicions sur les poumons et foies saisis ne font pas l'objet de confirmation, moléculaire notamment.

L'inspection des venaisons peut en effet constituer une source importante d'information intéressant la surveillance. En Savoie, l'observation de très nombreuses vésicules hydatiques dans la cavité thoracique d'un sanglier a permis par exemple d'identifier une infection par le génotype G1 chez cette espèce (Figure 2). La caractérisation moléculaire de ce premier cas d'hydatidose chez un suidé en France continentale confirme le rôle de sentinelle de cette espèce sauvage pour *E. granulosus*, rôle qui était d'ailleurs déjà identifié pour *E. multilocularis* (Boucher *et al.*, 2005).

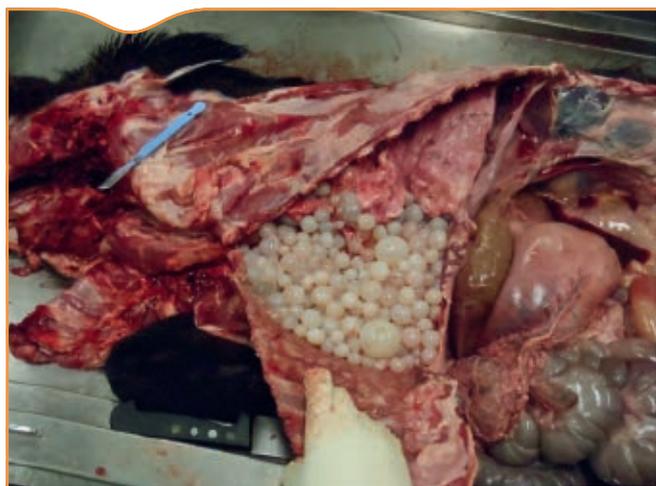


Figure 2. Infection pulmonaire par *E. granulosus* d'un sanglier tué à la chasse en Savoie. Présence de kystes sur les poumons et présence exceptionnelle de nombreuses vésicules hydatiques libres dans la cavité thoracique (photo Gaël Reynaud, LDAV73).

La faune sauvage est constituée d'un large panel d'espèces capables d'héberger des stades larvaires d'échinocoques, dotés d'une grande plasticité d'adaptation aux HI. Aussi, même si la sensibilité des différentes espèces animales au parasite est méconnue et *a priori* très variable, la faune sauvage au sens large constitue *a priori* une bonne sentinelle de la présence d'*Echinococcus* spp. Son suivi attentif permettrait de compléter la surveillance de la répartition d'*E. multilocularis* en France ou de détecter la présence d'*E. granulosus* (espèce ou génotype) dans des zones non encore connues comme infectées. L'organisation d'une veille et la collecte systématique de kystes suspects observés lors d'autopsies d'animaux sauvages ou lors de l'inspection de la venaison permettrait en effet de les valoriser en tant que bio-indicateurs de la présence des échinocoques et d'explorer leur rôle éventuel dans le maintien local du cycle d'*E. granulosus*, jusque-là non encore évalué en France.

Remerciements

Les auteurs remercient les FREDON et LDA ayant participé au programme GEDUVER, Oscar Maestrini de l'Inra à Corte, les docteurs Jennifer Lahoreau et Benoit Quintard ainsi que les laboratoires vétérinaires départementaux d'Isère (LVD38) et de Savoie (LDAV73) pour les prélèvements mentionnés dans cet article.

Références bibliographiques

Boucher J.M., Hanosset R., Augot D., Bart J.M., Morand M., Piarroux R., Pozet-Bouhier F., Losson B., Cliquet F., 2005. Detection of *Echinococcus multilocularis* in wild boars in France using PCR techniques against larval form. *Vet Parasitol* 129, 259-266.

Combes B., Comte S., Raton V., Raoul F., Boué F., Umhang G., Favier S., Dunoyer C., Woronoff N., Giraudoux P., 2012. Westward spread of *Echinococcus multilocularis* in foxes, France, 2005–2010. *Emerg. Infect. Dis.* 18, 2059-2062.

Umhang G., Richomme C., Boucher J.M., Guedon G., Boué F., 2013a. Nutrias and muskrats as bioindicators for the presence of *Echinococcus multilocularis* in new endemic areas. *Vet. Parasitol.* 197, 283-287.

Umhang G., Lahoreau J., Nicolier A., Boué F., 2013b. *Echinococcus multilocularis* infection of a ring-tailed lemur (*Lemur catta*) and a nutria (*Myocastor coypus*) in a French zoo. *Parasitol. Int.* 62, 561-563.

Umhang G., Richomme C., Boucher J.M., Hormaz V., Boué F., 2013c. Prevalence survey and first molecular characterization of *Echinococcus granulosus* in France. *Parasitol. Res.* 112, 1809-1812.

Umhang G., Knapp J., Hormaz V., Raoul F., Boué F., 2014a. Using the genetics of *Echinococcus multilocularis* to trace the history of expansion from an endemic area. *Infect. Genet. Evol.*, sous presse.

Umhang G., Richomme C., Hormaz V., Boucher J.M., Boué F., 2014b. Pigs and wild boar in Corsica harbor *Echinococcus canadensis* G7 at levels of concern for public health and local economy. *Acta Trop.*, sous presse.

Caractérisation moléculaire des souches de *Listeria monocytogenes* isolées en France, dans le cadre d'une enquête de prévalence communautaire ciblant certaines denrées alimentaires prêtes à être consommées

Sophie Roussel (1) (sophie.roussel@anses.fr), Benjamin Félix (1), Anselme Agbessi (2), Trinh Tam Dao (1), Joël Grout (1), Noemie Vingadassalon (1), Bertrand Lombard (3), Anne Brisabois (1)

(1) Université Paris-Est, Anses, Laboratoire de sécurité des aliments, Unité Caractérisation et épidémiologie bactérienne (CEB), Maisons-Alfort, France

(2) Direction générale de la concurrence, de la consommation et de la répression des fraudes, Qualité et valorisation des denrées alimentaires, Paris, France

(3) Université Paris-Est, Anses, Laboratoire de sécurité des aliments, Laboratoire national de référence pour *Listeria monocytogenes*, Maisons-Alfort, France

Résumé

L'Autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA) a enregistré ces dernières années, des taux élevés de non-conformités pour *Listeria monocytogenes* (Lm) dans certaines denrées alimentaires prêtes à être consommées. De plus, une augmentation des cas humains de listériose a également été observée durant la même période. De ce fait, la Commission européenne, à travers la DG-SANCO (Direction générale Santé et Consommateurs), a organisé une enquête de prévalence coordonnée au niveau européen, afin de recueillir des données de prévalence en Lm au niveau européen, dans certains produits prêts à consommer au niveau de la distribution. La participation de la France à ce plan communautaire a été pilotée par la Direction générale de la concurrence, de la consommation et de la répression des fraudes (DGCCRF). Après avoir procédé à des analyses de détection, et le cas échéant de dénombrement de Lm, dans les différents prélèvements analysés, les laboratoires du Service commun des laboratoires (SCL) concernés ont transmis les isolats au Laboratoire national de référence (LNR) pour *Listeria* pour caractérisation moléculaire des isolats. Ces isolats ont été caractérisés par la technique de sérotypage moléculaire et par macro-restriction de l'ADN et électrophorèse en champ pulsé (PFGE). Les trente-sept souches se sont réparties en trois sérogroupes, le sérogroupe IIa étant majoritaire (32 souches) suivi des sérogroupes minoritaires IIb (2 souches) et IIc (3 souches). La caractérisation par PFGE a permis de différencier vingt-trois profils moléculaires différents. Aucun de ces profils n'appartenait à plusieurs sérogroupes. Ces profils, comparés à l'ensemble des profils disponibles dans la base de données de typage du LNR, correspondent à des profils fréquents et répandus dans plusieurs filières alimentaires en France. Cependant, aucun profil n'a pu être associé spécifiquement à une catégorie de produit alimentaire. Ce résultat est conforme à ceux obtenus lors de différents travaux de recherche menés au laboratoire sur la diversité génétique des souches alimentaires disponibles, isolées en France ces quinze dernières années.

Mots clés

Listeria monocytogenes, enquête de prévalence communautaire, France, denrées prêtes à être consommées, typage moléculaire, PFGE.

Abstract

Molecular typing of *Listeria monocytogenes* strains isolated in France in the framework of the European coordinated baseline survey in certain ready-to eat foods The European Food Safety Authority (EFSA) reported high rates of non-compliance in certain ready-to-eat foodstuffs (RTE-food) with regard to *Listeria monocytogenes* (Lm). Moreover, an unexpected increase in listeriosis cases was observed during the same period. Therefore, the European Commission's DG SANCO set up a coordinated monitoring program called the "Baseline Survey" in order to collect data on the prevalence of Lm in RTE-food at the European level. In France this program was managed by the General Directorate for Competition Policy, Consumer Affairs and Fraud Control (DGCCRF). The Joint Laboratory Services detected and enumerated Lm and referred thirty-seven isolates to the French National Reference Laboratory (NRL) for characterization. Molecular serotyping separated the strains into three distinct serogroups with IIa being the most prevalent (32 out of the 37 strains). DNA macro-restriction and Pulsed Field Gel Electrophoresis (PFGE) differentiated the strains into twenty-three distinct combined profiles. No specific PFGE profile was associated with more than one serogroup. The overall profiles were matched with those already present in the NRL's molecular typing database. While, they were frequently observed in several French food sectors; no single profile was found to be associated with any particular food sector. These results concur with those obtained in previous research projects carried out by the laboratory which focused on the genetic diversity of Lm food strains isolated in France over the last fifteen years.

Keywords

Listeria monocytogenes, baseline survey, France, ready-to-eat foods, molecular typing, PFGE.

Listeria monocytogenes (Lm) est responsable chez l'Homme, d'une maladie infectieuse d'origine alimentaire appelée listériose. En France, 300 cas de listériose sont recensés en moyenne chaque année, correspondant à une incidence annuelle de 0,4 cas pour 100 000 habitants (Goulet *et al.*, 2008; Roussel *et al.*, 2012a). La contamination des aliments peut survenir à partir de matières premières animales ou végétales ou à partir de l'environnement. La capacité de cette bactérie à persister dans les produits tout au long de la chaîne alimentaire et

à s'y multiplier, y compris à basse température, constitue un risque pour le consommateur (Brisabois, 2008). Certaines populations, telles que les personnes immunodéprimées ou les femmes enceintes, sont plus sensibles à ce risque et des recommandations particulières sont diffusées pour ces populations (<http://www.sante.gouv.fr/listeriose.html>). De plus, une augmentation de l'incidence des cas humains à partir 2006 a été rapportée dans différents pays européens sans qu'on puisse en trouver la cause (Goulet *et al.*, 2008).

L'Autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA) a montré, dans ses rapports annuels sur les agents zoonotiques et les intoxications alimentaires, l'existence de non-conformités aux critères microbiologiques de sécurité relatifs à *Lm* (règlement (CE n° 2073/2005 de la Commission européenne du 15 novembre 2005)) dans certaines denrées alimentaires prêtes à être consommées. C'est pourquoi l'EFSA en lien avec la DG-SANCO de la Commission européenne a organisé une enquête de prévalence communautaire, afin de recueillir des données de prévalence de *Lm* dans certaines catégories de denrées alimentaires prêtes à être consommées, les produits ciblés devant être prélevés au stade du commerce de détail.

En France, le pilotage opérationnel de cette enquête de prévalence a été assuré par la Direction générale de la concurrence, de la consommation et de la répression des fraudes (DGCCRF). De plus, dans l'objectif de mieux connaître les caractéristiques et la diversité génétique des isolats circulant dans les États membres (EM), l'étude a été complétée par une caractérisation des isolats de *Lm* détectés dans les différentes catégories de produits. Le présent article a pour objectif de présenter les résultats de caractérisation génotypique des souches de *Lm* isolées en France, dans le cadre de cette enquête.

Matériel et méthodes

Description succincte du plan

L'échantillonnage annoncé par la Commission imposait un nombre de prélèvements réalisés dans chaque EM proportionnel au nombre d'habitants et que les prélèvements soient réalisés dans les grandes villes, de façon à représenter l'exposition potentielle de 30 % de la population humaine nationale, ou bien que l'enquête puisse concerner les villes les plus peuplées du territoire. C'est ainsi que les prélèvements ont été réalisés en France dans les villes de Paris, Marseille, Lyon, Toulouse, Nice, Nantes, Strasbourg et Montpellier, sélectionnées pour cette étude sur deux périodes d'échantillonnage en 2010 et en 2011 selon les modalités décrites dans la décision SANCO/5100/2009. Les prélèvements ont été réalisés au hasard sur les produits à l'étalage en début de leur durée de vie, dans la mesure où ils présentaient une DLC longue.

Au total 1695 prélèvements ont été réalisés, se répartissant en trois catégories d'aliments (a) poisson fumé à chaud ou à froid ou « gravad lax » (poisson mariné dans du sel et du sucre sans traitement thermique), emballé (n = 862); (b) fromages au lait cru, thermisé ou pasteurisé à pâte molle ou semi-molle, à l'exception des fromages frais (n = 421); et (c) produits à base de viande soumis à un traitement thermique, emballés (n = 412).

Les analyses ont ensuite été réalisées par les laboratoires du Service commun des laboratoires de Massy et de Montpellier. La détection et le dénombrement de *Lm* ont été effectués suivant les méthodes normalisées EN ISO 11290-1:1996 pour la partie « recherche » et EN ISO 11290-2:1998 pour la partie « dénombrement » et son amendement EN ISO 11290-2:1998/Amd 1:2004 pour la partie « modification du milieu d'isolement ». Pour contribuer à l'estimation de l'exposition alimentaire des consommateurs européens à *Lm*, les échantillons ont tous été analysés à la date de fin de durée de vie. Pour les poissons, prélevés en deux échantillons de même lot, un lot a également été analysé à la réception des échantillons au laboratoire. (EFSA, 2013).

Les souches de *L. monocytogenes*

Un isolat a été sélectionné par échantillon positif pour une caractérisation plus poussée. La sélection s'est effectuée soit à partir des isolats détectés après enrichissement selon la méthode officielle, soit lorsque cela était possible après dénombrement. Les isolats ont été transmis au Laboratoire national de référence (LNR) pour *Listeria monocytogenes*. Un total de trente-sept isolats a été caractérisé par la détermination du sérotype moléculaire et de profil moléculaire ou

pulsotype. Ces deux méthodes ont été réalisées selon des protocoles harmonisés au niveau européen par le Laboratoire de référence de l'Union européenne (LR-UE) pour *Listeria monocytogenes*, qui par ailleurs est responsable également de la centralisation des données de caractérisation des souches isolées dans les autres EM.

Les méthodes moléculaires de typage des souches

Sérotypage moléculaire

Le sérotypage a été réalisé par la méthode de PCR multiplex de Doumith (Doumith *et al.*, 2004) modifiée par Kerouanton *et al.*, (2010) qui permet de différencier six sérogroupes moléculaires.

Typage par Electrophorèse en champ pulsé (PFGE, Pulsed Field Gel Electrophoresis) après macro-restriction de l'ADN et analyse des profils obtenus

Cette technique consiste à extraire l'ADN total bactérien et à le digérer séparément par deux enzymes de macro-restriction *ApaI* et *AscI*, suivant un protocole standardisé développé par Graves (Graves and Swaminathan, 2001) et utilisé depuis plusieurs années par PulseNet USA (<http://www.cdc.gov/pulsenet/protocols>), par le Centre national de référence des *Listeria* (Institut Pasteur, Paris), et par le LNR et le LR-UE (Félix *et al.*, 2012b; Félix *et al.*, 2013) selon un protocole accrédité par le COFRAC (www.cofrac.fr numéro 1-0245).

La dénomination « profil moléculaire » ou « pulsotype » dans le cadre de cette étude, correspond à un profil obtenu après digestion de l'ADN total par une enzyme (*ApaI* ou *AscI*) et séparation sur gel d'agarose des fragments obtenus par PFGE; l'appellation « profil combiné » étant la combinaison des deux profils ou pulsotypes. Deux pulsotypes seront considérés comme différents lorsqu'il existe au minimum une bande de différence entre eux, comme préconisé par d'autres auteurs (Peters *et al.*, 2003). Par conséquent, deux souches ayant le même profil moléculaire avec *ApaI* et deux profils différents avec *AscI* appartiendront à deux profils combinés proches mais différents. L'analyse des profils génomiques a été réalisée à l'aide du logiciel BioNumerics (Applied Maths, Belgique, version 6.6) selon un protocole d'analyse et d'interprétation standardisé des profils, développé par le laboratoire (Félix *et al.*, 2012a) et un numéro de pulsotype a été attribué à chaque profil obtenu par les deux enzymes *AscI* et *ApaI* selon une nomenclature propre au laboratoire, correspondant ainsi à un profil combiné. Les profils combinés reliés aux informations épidémiologiques et phénotypiques ont été archivés dans la base de données du laboratoire. La comparaison des profils a été réalisée à partir du calcul de la distance entre deux profils selon l'indice de Dice et est facilitée par la création de groupes rassemblant des profils dont le taux de similarité est supérieur à 90 %. La méthode UPGMA (Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages) a été appliquée pour le regroupement des profils permettant la construction du dendrogramme.

Résultats

L'analyse microbiologique des 1695 échantillons a permis d'identifier trente-sept échantillons positifs pour *L. monocytogenes*, dont trente-deux issus des prélèvements de poissons, un échantillon issu de fromages et quatre échantillons de viandes (Tableau 1). Le taux de prévalence correspondant à la détection d'échantillons positifs est par conséquent de 2 % globalement, quels que soient la localisation géographique et le type de produit. Les échantillons positifs ont été identifiés dans toutes les villes ciblées, Marseille et Lille étant les villes ayant donné lieu au plus grand nombre d'échantillons positifs (Tableau 1).

Sérotypage moléculaire

Les trente-sept souches se sont réparties en trois sérogroupes moléculaires différents (Tableau 2). Le sérotype largement majoritaire était le sérotype IIa (32 souches), ce qui est habituel dans les populations de souches isolées des aliments. En effet, parmi toutes les souches d'origine alimentaire et environnementale caractérisées

depuis 2001 au laboratoire, le sérotype 1/2a, auquel est rattaché au sérotype IIa, est représenté par 65 % des souches (Kerouanton *et al.*, 2008; Roussel *et al.*, 2010b). Trois souches appartenait au sérotype IIc et deux souches au sérotype IIb.

Tableau 1. Nombre de prélèvements effectués et d'échantillons positifs pour chaque ville sélectionnée

Ville sélectionnée	Nombre de prélèvements attendus	Nombre de prélèvements réalisés	Nombre d'échantillons positifs
Nice	100	102	1
Marseille	400	446	10
Toulouse	100	101	4
Montpellier	200	209	4
Nantes	100	100	5
Paris	400	420	9
Strasbourg	100	109	1
Lyon	200	208	3
Total	1 600	1 695	37

Résultats de typage par PFGE

Les trente-sept souches issues des échantillons positifs ont pu être typées par PFGE. La combinaison des pulsotypes obtenus avec les deux enzymes de restriction a permis de distinguer vingt-trois profils combinés (Tableau 2). La grande majorité de ces profils (16 sur 23) était des profils uniques c'est-à-dire identifiés pour une seule souche, montrant ainsi la grande diversité génétique des souches d'origine alimentaire (Kerouanton *et al.*, 2008; Roussel *et al.*, 2010b). Des souches isolées de prélèvements réalisés dans une même ville ont présenté des profils combinés identiques (Tableau 2). Cette situation a été identifiée pour sept profils combinés identifiés pour plusieurs souches isolées de prélèvements provenant des villes suivantes: Marseille, Toulouse et Nantes. Les souches des sérotypes IIa, IIb et IIc se sont divisées respectivement en 19, un et trois profils combinés différents (Tableau 2). Les profils combinés ont toujours été reliés à un seul sérotype moléculaire.

Parmi les vingt-trois profils combinés différents, 20 d'entre eux ont été observés pour les 32 souches isolées de poissons, et les quatre souches isolées de viandes ont présenté quatre profils combinés distincts (Tableau 3). Parmi ces profils combinés, deux d'entre eux ont été retrouvés à la fois pour des souches isolées de poisson et de viande. L'analyse de ces profils au sein de l'ensemble de la base de données du LNR montre que ces vingt-trois profils combinés avaient déjà été observés précédemment (Encadré). Ces mêmes profils avaient été associés à des souches isolées de produits alimentaires variés tels que saucisses, merguez, farces, chipolatas, fromages, poissons; par conséquent, ils ne semblent pas être associés spécifiquement à une catégorie de produits. La comparaison des profils combinés de cette étude avec ceux correspondant à des signalements de cas humains transmis par le CNR *Listeria* a montré que deux profils combinés étaient similaires (Tableau 2).

Tableau 2. Nombre de souches, nombre de profils combinés différents, nombre de profils uniques au sein des trois sérotypes

Sérotype	Nombre de souches	Nombre total de profils combinés	Nombre de profils uniques (comprenant une seule souche)	Nombre de profils communs à plusieurs souches	Nombre de profils communs à des souches isolées d'une même ville	Nombre de profils similaires aux profils de souches humaines
IIa	32	19	13	6	5	1*
IIb	2	1	0	1	2	0
IIc	3	3	3	0	0	1
Total	37	23	16	7	7	2

* profil correspondant au profil d'un signalement de cas humains groupés par le CNR

Tableau 3. Nombre de souches, nombre de profils combinés distincts au sein des trois sérotypes en fonction des filières alimentaires

Sérotype	Nombre de souches	Nombre de profils combinés distincts			
		Nombre total de profils combinés distincts	Poisson	Fromage	Viande
IIa	32	19	16*	1	3*
IIb	2	1	1*	0	1*
IIc	3	3	3	0	0
Total	37	23	20	1	4

* Profil observé pour des souches isolées de plusieurs filières différentes

Discussion-Conclusion

Il s'agit de la première enquête de prévalence coordonnée au niveau européen, dont l'objectif était de cibler les produits prêts à être consommés au stade de la distribution, permettant ainsi de mesurer le niveau d'exposition des populations.

Cette enquête menée en France dans les trois catégories d'aliments prêts à consommer, a permis d'identifier trente-sept échantillons positifs sur un total de 1695 prélèvements réalisés dans les grandes villes sélectionnées. Les trente-sept souches de *Listeria monocytogenes* issues de ces échantillons se sont réparties en trois sérotypes moléculaires, le sérotype IIa étant majoritaire. Ce résultat vient conforter les données observées depuis de nombreuses années, montrant la nette prépondérance du sérotype IIa au sein des souches isolées des aliments. La caractérisation par PFGE de ce panel de souches a permis d'identifier vingt-trois profils combinés parmi lesquels seize étaient uniques c'est-à-dire représentés par une seule souche. Ce résultat est bien en corrélation avec la grande diversité génétique des souches au sein du sérotype IIa, qui par ailleurs est le plus fréquemment représenté par des souches isolées d'aliments; cette biodiversité ne s'étend pas au sérotype IVb, groupe majoritairement retrouvé dans les souches d'origine humaine. Les profils identifiés ont été retrouvés fréquemment dans la base de données du LNR dans différentes catégories de produits; de ce fait aucun de ces profils n'a pu être associé spécifiquement à un type de produit alimentaire. Cette situation avait déjà été observée dans différentes études menées par le LNR portant sur la diversité génotypique des souches alimentaires isolées en France ces quinze dernières années. Ainsi, certains travaux semblent montrer qu'il n'existe pas de lien entre le type de produit contaminé et la diversité génotypique définie non seulement par PFGE, mais aussi par d'autres méthodes actuelles de typage, telles que la rep-PCR automatisée (Roussel *et al.*, 2010a), la méthode MLVA (Roussel *et al.*, 2012b), la méthode fAFLP (Roussel *et al.*, 2013) et la méthode MLST (Roussel, manuscrit en préparation). D'autres méthodes plus fines, telles que le séquençage du génome complet, pourraient peut-être apporter des informations expliquant à la fois cette grande diversité génotypique mais sans distribution spécifique dans les catégories de produits.

L'ensemble de ces résultats doit être analysé plus globalement avec les résultats de caractérisation des isolats des autres EM. Cette analyse est réalisée par le LR-UE. C'est ainsi qu'à ce jour, 381 profils PFGE combinés ont été identifiés à partir des données de l'ensemble des LNRs dans

le cadre de cette enquête. L'ensemble des profils PFGE associés aux sérotypes et aux informations épidémiologiques a été intégré dans la base de données européenne centralisée, mise en place et coordonnée par le LR-UE. Les 23 profils combinés obtenus à partir des souches isolées en France seront prochainement comparés à l'ensemble des profils européens présents dans cette base, permettant ainsi de disposer d'une vision globale à l'échelle européenne des différents profils PFGE circulant. De plus, un projet de comparaison de l'ensemble des profils obtenus dans le cadre de cette enquête avec les profils des souches cliniques isolées durant la même période de temps, piloté par l'ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control) est en cours de réalisation dans le cadre du projet ELiTE (European *Listeria* Typing Exercise).

Remerciements

Les auteurs remercient le laboratoire SCL de Massy et de Montpellier pour la réalisation des analyses de détection et dénombrement et la transmission des souches au LNR *Listeria monocytogenes*. Les auteurs remercient également le CNR des *Listeria*, Institut Pasteur, Paris pour la transmission des profils moléculaires correspondant aux signalements de cas humains.

Références bibliographiques

- Bille J., Rocourt, J., 1996. WHO International Multicenter *Listeria monocytogenes* Subtyping Study- rationale and set-up of the study. Int J Food Microbiol 32, 251-262.
- Brisabois A., 2008. *Listeria monocytogenes*: une bactérie sous haute surveillance. Bulletin de l'association des anciens élèves de l'Institut Pasteur 195, 71-77.
- Doumith M., Buchriese, C., Glaser P., Jacquet C., Martin P., 2004. Differentiation of the major *Listeria monocytogenes* serovars by multiplex PCR. J Clin Microbiol 42, 3819-3822.
- EFSA 2013. Analysis of the baseline survey on the prevalence of *Listeria monocytogenes* in certain ready-to-eat foods in the EU, 2010-2011 Part A: *Listeria monocytogenes* prevalence estimates, EFSA Journal 11(6):3241.
- Félix B., Brisabois A., Dao T.T., Lombard B., Asséré, A., Roussel S. 2012a. The use of Pulsed Field Gel Electrophoresis in *Listeria monocytogenes* subtyping: harmonization at the European Union level, In: INTECH (Ed.) Gel Electrophoresis: Principles and Basics. Niigata University, Japan, 241-254.
- Félix B., Dao T.T., Grout J., Lombard B., Asséré A., Brisabois A., Roussel S., 2012b. Pulsed-Field Gel Electrophoresis, Conventional, and Molecular Serotyping of *Listeria monocytogenes* from Food Proficiency Testing Trials: toward an Harmonization of Subtyping at European Level. Foodborne Pathog. Dis. 9, 719-726.
- Félix B., Vingadassalon N., Dao T.T., Asséré A., Lombard B., Brisabois A., Roussel S., 2013. PFGE Proficiency Testing Trials: toward an harmonization of typing of *Listeria monocytogenes* food and clinical strains at European Level. Foodborne Pathog. Dis. In press.
- Goulet V., Hedberg C., Le Monnier A., de Valk H., 2008. Increasing incidence of listeriosis in France and other European countries. Emerg. Infect. Dis. 14, 734-740.
- Graves L.M., Swaminathan B., 2001. PulseNet standardized protocol for subtyping *Listeria monocytogenes* by macrorestriction and pulsed-field gel electrophoresis. Int. J Food Microbiol. 65, 55-62.
- Kerouanton A., Marault M., Dao T.-T., Brisabois A., 2008. Bilan de la caractérisation des souches isolées dans le cadre du plan de surveillance 2006-contamination par *Listeria monocytogenes* des préparations de viandes. Bull. Epid. Afssa-DGAL, 23-24, 10-11.
- Peters T.M., Maguire C., Threlfall E.J., Fisher I.S., Gill N., Gatto A.J., 2003. The Salm-gene project - a European collaboration for DNA fingerprinting for food-related salmonellosis. Euro. Surveill. 8, 46-50.
- Roussel S., Felix B., Colaneri C., Vignaud M.L., Dao T.T., Marault M., Brisabois A., 2010a. Semi-automated repetitive-sequence-based polymerase chain reaction compared to pulsed-field gel electrophoresis for *Listeria monocytogenes* subtyping. Foodborne Pathog. Dis. 7, 1005-1012.
- Roussel S., Felix B., Grant K., Dao T.T., Brisabois A., Amar C., 2013. Fluorescence amplified fragment length polymorphism compared to pulsed field gel electrophoresis for *Listeria monocytogenes* subtyping. BMC Microbiol. 13, 14.
- Roussel S., Giuliani L., Dao T.T., Vignaud M.L., Grout J., Félix B., Brisabois A., 2010b. Bilan de la caractérisation moléculaire des souches de *Listeria*

monocytogenes isolées de merguez et de charcuterie dans le cadre des plans de contrôle mis en place par la Direction générale de l'Alimentation en 2008 et en 2009. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 37, 7-11.

Roussel S., Leclercq A., Santolini J., Agbessi A., Chenal-Francoise V., Lailler R., Lecuit M., Pihier N., Brisabois A., 2012a. Surveillance des *Listeria monocytogenes* dans les aliments. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 50, 51-56.

Roussel S., Vignaud M.L., Larsson J.T., Félix B., Rossignol A., Moller Nielsen E., Brisabois A. 2012b. The Use of Pulsed Field Gel Electrophoresis in *Listeria monocytogenes* Sub-Typing - Comparison with MLVA Method Coupled with Gel Electrophoresis, In: INTECH (Ed.) Gel Electrophoresis : Principles and Basics. Niigata University, Japan, 299-314.

Encadré

Le LNR *Lm* français dispose d'une large collection d'isolats d'origine alimentaire (environ 5000 souches) collectés à partir de filières alimentaires variées, depuis ces vingt dernières années. Ces données de typage associées aux informations épidémiologiques, aux données phénotypiques et aux sérotypes des souches, sont archivées dans une base de données gérée, entretenue et régulièrement mise à jour. La base de données comprend les profils combinés d'environ 2500 souches d'origine alimentaire. Cette base de données contient également des profils d'une trentaine de souches humaines provenant (1) d'une étude multicentrique internationale menée par l'Organisation mondiale de la santé (Bille and Rocourt, 1996) et (2) de différents laboratoires et obtenues lors de projets de recherche ou d'études. La base contient aussi douze profils combinés envoyés par le Centre national de référence des *Listeria* (CNR), associés à des signalements observés entre 2006 et 2013. Un signalement se définit par la mise en évidence sur une période donnée d'au moins trois cas de listériose dus à des souches présentant des caractéristiques microbiologiques et moléculaires identiques (profils combinés en PFGE) ou de tout autre phénomène jugé anormal par le CNR. Cette base de données est intégrée au dispositif de surveillance de *Lm* au niveau national et européen. Elle représente un outil d'aide à l'investigation épidémiologique et microbiologique lors de la survenue de cas humains groupés et elle permet, le cas échéant, d'orienter l'investigation vers une filière alimentaire ou une catégorie de produit suspectée d'être à l'origine des cas. De plus, cette base de données est utile pour alimenter des projets de recherche fondés sur l'analyse de la diversité génétique de *Listeria monocytogenes*.

Brève. La surveillance des zoonoses : contexte réglementaire et européen

Short item. Zoonoses surveillance in France: regulation and European context

Laurent Montaut (1) (laurent.montaut@agriculture.gouv.fr), Danan Corinne (1)
(1) Direction générale de l'alimentation, Bureau des zoonoses et de la microbiologie alimentaires, Paris

Mots-clés : surveillance, zoonose, EFSA / Keywords : Surveillance, zoonosis, EFSA

Une zoonose est une maladie naturellement transmissible entre l'animal et l'Homme. Entre un tiers et la moitié des maladies infectieuses humaines sont d'origine zoonotique (EFSAa, 2013). Les agents responsables d'une zoonose peuvent être des bactéries, des virus, des champignons, des parasites ou encore des prions.

La collecte des données de surveillance et leur exploitation est donc essentielle aux évaluateurs du risque et aux gestionnaires du risque, pour mettre en œuvre des politiques de lutte et de prévention adaptées. Au niveau européen, l'Autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA) exploite annuellement les données de surveillance collectées auprès des États membres afin :

- d'élaborer, en collaboration avec le Centre européen pour la prévention et le contrôle des maladies (ECDC), le rapport européen annuel (EFSAb, 2013) qui inclut les données relatives aux zoonoses sur la chaîne alimentaire, ainsi que les données de santé publique humaine;
- de nourrir ses travaux d'expertise, sur lesquels se fondent les mesures de gestion de la Commission;
- de les utiliser en urgence lors de foyer européen de toxi-infections alimentaires (en lien avec l'ECDC).

La directive européenne 2003/99/CE¹ définit les obligations en matière de surveillance de certaines zoonoses au stade le plus adapté de la chaîne alimentaire pour chaque État membre de l'Union européenne (UE). Cette surveillance comprend des phases de collecte, d'analyse et de communication des données vers l'EFSA.

Chaque État membre doit transmettre des données relatives aux salmonelloses, campylobactérioses, échinococcoses, brucelloses, listérioses, trichinelloses, infections liées à *Escherichia coli* producteurs de shigatoxines (STEC) et à la tuberculose due à *Mycobacterium bovis*. Cependant, la surveillance peut concerner également, en fonction de la situation épidémiologique du pays, d'autres zoonoses.

La responsabilité de la mise en œuvre des systèmes de surveillance incombe aux États membres. En France, la DGAL est en charge de la coordination des acteurs de cette surveillance et de la transmission des données relatives :

- à la surveillance des zoonoses sur la chaîne alimentaire, de la fourche à la fourchette;
- à la surveillance de la résistance antimicrobienne associée aux agents zoonotiques;
- aux foyers de toxi-infections alimentaires.

Les données relatives aux zoonoses et à la résistance antimicrobienne sont issues d'un réseau de dispositifs de surveillance programmée ou événementielle. Ces données sont saisies et transmises à l'EFSA par l'Anses et la DGAL via un site internet dédiée de l'EFSA ou sous format XML; celles relatives aux toxi-infections alimentaires sont collectées par l'Institut de veille sanitaire (InVS), ces données étant transmises à l'EFSA par la DGAL sous format XML. L'ensemble de ces données est validé par la DGAL avant transmission à l'EFSA.

Pour obtenir des données les plus exhaustives et comparables possibles au niveau européen, la Commission européenne peut imposer les modalités de surveillance (populations ou sous-populations animales, stades de la chaîne alimentaire, schémas d'échantillonnage, méthodes d'analyse, etc.). À cet effet, l'EFSA a élaboré des lignes directrices :

- un manuel précise les informations à rapporter par zoonose, afin d'harmoniser les données transmises par les États membres (EFSAc, 2013);
- un document précise les règles en matière de transmission des données (EFSAd, 2013).

En 2012, la zoonose la plus répandue dans l'UE était liée à *Campylobacter*, contaminant majoritairement isolé de viandes de volailles, avec 215 000 cas humains déclarés. *Salmonella* demeurait la première cause de toxi-infection alimentaire collective, bien que le nombre total de cas de salmonellose diminue significativement depuis 2012. Cette réduction est attribuée au succès des programmes de lutte contre *Salmonella* en filière avicole. En France, la salmonellose reste néanmoins la maladie la plus répandue avec 8 700 cas humains déclarés en 2012, contre 5 000 cas de campylobactériose.

La variabilité entre États membres des modalités de collecte et de la qualité des données centralisées par l'EFSA doit cependant conduire à une certaine prudence quant à la comparaison des résultats et des tendances entre États membres de l'UE. À titre d'exemple, les systèmes de surveillance et de déclaration des toxi-infections alimentaires, voire la définition même d'une toxi-infection alimentaire, sont différents selon les États membres. Ainsi, seules les données collectées dans le cadre d'un programme européen coordonné comme la lutte contre les salmonelles en filière avicole peuvent être réellement considérées comme comparables. L'analyse de tendance sur plusieurs années reste cependant pertinente au sein d'un État membre, à condition que les dispositifs ayant permis la production des données restent stables.

Références bibliographiques

EFSAa, 2013 : <http://www.efsa.europa.eu/fr/topics/topic/zoonoticdiseases.htm>

EFSAb, 2013 : « The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2012 », <http://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/3547.htm>

EFSAc, 2013 : « Manual for Reporting on Zoonoses, Zoonotic Agents and Antimicrobial Resistance in the framework of Directive 2003/99/EC and on some other pathogenic microbiological agents for information derived from the year 2012 », <http://www.efsa.europa.eu/fr/supporting/doc/408e.pdf>

EFSAd, 2013 : « Data dictionaries/guidelines for reporting data on zoonoses, antimicrobial resistance and food-borne outbreaks using the EFSA Data models for the Data Collection Framework (DCF) in the Reporting Year 2012 », <http://www.efsa.europa.eu/fr/supporting/doc/409e.pdf>

¹ Directive 2003/99/CE du Parlement européen et du Conseil du 17 novembre 2003 sur la surveillance des zoonoses et des agents zoonotiques, modifiant la décision 90/424/CEE du Conseil et abrogeant la directive 92/117/CEE du Conseil (JO L 325 du 12.12.2003)

Brève. Cas de rage chez un chaton importé illégalement en France

Short item. Rabies case in illegal imported kitten, France

Xavier Rosières (xavier.rosiere@agriculture.gouv.fr) (1), Mireille Deray (2), Séverine Rautureau (3), Florence Cliquet (4), Hervé Bourhy (5)

(1) Direction générale de l'alimentation, Mission des urgences sanitaires, Paris, France

(2) Direction départementale de la protection des populations du Val d'Oise, France

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

(4) Anses, Laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy, France

(5) Centre national de référence pour la rage, Institut Pasteur, France

Mots-clés: rage, chaton, importation illégale / Keywords: Rabies, kitten, illegal import

Le 31 octobre 2013, le Centre national de référence pour la rage à l'Institut Pasteur de Paris, annonçait l'identification d'un cas de rage chez un chaton non identifié, trouvé sur la commune d'Argenteuil (Val d'Oise). Les résultats du typage du virus effectué par séquençage partiel du gène de la nucléoprotéine et du gène de la polymérase ont été concordants, et ont démontré qu'il s'agissait d'un *Lyssavirus* de l'espèce virus de la rage, de type Africa 1. Les investigations déclenchées immédiatement pour retrouver les propriétaires de ce chat errant, connaître sa provenance et identifier les contacts, ont alors mobilisé la Direction départementale des populations du Val d'Oise pendant plus de deux mois.

Chronologie des événements

Les enquêtes réalisées dans le quartier d'Argenteuil où a été trouvé le chat et la publication d'un communiqué de presse, ont permis de retrouver rapidement la propriétaire et de reconstituer le parcours du chaton. L'animal âgé d'environ deux mois avait été trouvé errant sur une plage de Casablanca (Maroc) le 12 octobre 2013 et recueilli par un touriste français. L'analyse phylogénétique a confirmé ultérieurement la provenance du Maroc et plus précisément de la région côtière autour de Rabat, Casablanca et Ben Slimane. Un ou deux autres chatons auraient été recueillis le même jour par des touristes suisses et/ou belges.

Préalablement au retour du touriste en France, l'animal a été présenté à un vétérinaire praticien à Casablanca. Celui-ci a administré des vaccins à l'animal hormis celui contre la rage et a délivré un certificat sanitaire international certifiant que le chaton ne présentait pas de signe clinique de maladie contagieuse, et de rage en particulier.

La propriétaire et le chaton sont revenus en France le 13 octobre par avion. L'animal a voyagé en cabine. Aucun contrôle documentaire n'a été réalisé dans les aéroports, aussi bien à l'embarquement qu'au débarquement.

Une fois en France, l'animal a fugué et a ainsi séjourné au sein de trois maisons différentes entre le 13 et le 28 octobre, date de la mort de l'animal. Dans le dernier domicile, après avoir été recueilli, le chaton, agressif, a été abandonné dans la rue au vu de son comportement. Deux personnes ont été griffées et mordues par l'animal. Avant de jeter le cadavre du chaton dans une poubelle, l'une de ces deux personnes a toutefois pensé à contacter son vétérinaire qui a demandé à ce que le cadavre soit acheminé vers l'Institut Pasteur de Paris pour diagnostic de rage et a orienté les deux personnes vers un médecin.

L'établissement du diagnostic de rage fait donc suite à un heureux concours de circonstances, compte tenu de ce parcours et des conditions dans lesquelles le chaton a vécu peu avant sa mort.

Mesures de gestion mises en œuvre

Dès la réception du résultat de diagnostic positif en rage, le centre opérationnel départemental de la préfecture du Val d'Oise a été activé. Il s'agissait d'atteindre impérativement les trois objectifs suivants :

- informer les populations concernées;
- établir une traçabilité complète des contacts avec le chaton, qu'ils soient animaux ou humains;
- mettre en place les mesures sanitaires appropriées à la situation.

Au niveau national, un communiqué de presse interministériel (Agriculture et Santé) a été diffusé le 31 octobre. Les deux ministères ont travaillé en étroite collaboration pendant toute la phase d'investigation.

Au niveau local, un centre d'appel a été mis en place à la préfecture pour collecter les informations sur le chaton et répondre aux éventuelles questions sur la maladie.

En outre, le 2 novembre, le préfet du Val d'Oise a pris un arrêté préfectoral portant déclaration d'un cas de rage, de manière à mettre en place des mesures de surveillance et de restriction des mouvements des carnivores domestiques dans un rayon d'1 km autour du lieu de découverte du chaton. Dans le même temps, un important travail d'investigation a été

mené par la Direction départementale de la protection des populations du Val d'Oise. Une zone d'investigation et une zone renforcée ont été délimitées autour du lieu de recueil du chaton, au sein desquelles du porte-à-porte a été réalisé en vue de recenser les animaux domestiques chez les propriétaires et de collecter des informations sur d'éventuels contacts humains ou animal avec le chaton. Cette enquête a permis de recenser 147 animaux (chiens et chats) et d'évaluer le risque selon la probabilité de contact pour classer les animaux dans les catégories suivantes telles que définies par la réglementation :

- contaminé: contact ou probabilité de contact élevé avec le chaton enrégé;
- éventuellement contaminé: faible probabilité de contact ou contact ne pouvant être exclu;
- non contaminé.

En fonction de la catégorie, les mesures prévues par la réglementation ont été appliquées: euthanasie, dérogation à l'euthanasie, surveillance ou absence de mesure.

Ainsi, au total, treize carnivores ont été euthanasiés et 57 autres ont été placés sous surveillance pendant une période de six mois au cours desquels chaque animal fera l'objet de quatre visites sanitaires.

Sur le plan humain, 44 personnes ont été dirigées vers un centre antirabique et parmi celles-ci vingt personnes ont été mises sous traitement.

Par ailleurs, deux opérations de piégeage de chats errants ont été organisées du 9 au 11 novembre (2 chats) ainsi que les 12 et 13 décembre (4 chats).

Des communiqués de presse ont également été publiés par la préfecture pour informer la population des investigations en cours, des mesures mises en place et des recommandations vis-à-vis des animaux errants.

Au niveau international, des échanges ont eu lieu avec l'Organisation mondiale de la santé (OMS), l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE), la Commission européenne, les chefs vétérinaires européens, notamment ceux de Suisse et de Belgique et les autorités marocaines.

Discussion

La gestion de ce cas a requis une forte mobilisation des services de l'État, notamment pour le porte-à-porte (286 foyers investigués), travail rendu d'autant plus difficile que l'animal avait fugué pendant quelques jours durant lesquels sa trace avait été perdue. Ce cas illustre malheureusement les conséquences du non-respect des conditions nécessaires à l'importation de carnivores domestiques en provenance d'un pays endémique de rage. Le vétérinaire de Casablanca n'a pas informé la propriétaire du chaton des règles d'importation d'un carnivore domestique en France qui pourtant existent depuis 2003, à savoir au minimum une identification de l'animal, une vaccination anti-rabique en cours de validité¹ conformément au règlement (CE) n° 998/2003 du Parlement et du Conseil du 26 mai 2003 concernant les conditions de police sanitaire applicables aux mouvements non commerciaux d'animaux de compagnie, et modifiant la directive 92/65/CEE du Conseil.

Dans le cas présent, l'application stricte de la directive européenne excluait la possibilité de ramener sur le territoire français un animal trouvé quelques jours auparavant.

Cet épisode rappelle que le risque de voir apparaître sur le territoire national un cas de rage importé est réel. La sensibilisation doit s'appliquer à toutes les étapes des voyages et avec tous les intervenants, des compagnies de transport aux vétérinaires. En parallèle, il est nécessaire de travailler avec les services de contrôle à l'aéroport et notamment le personnel des douanes, pour renforcer des contrôles au départ et aux arrivées des vols en provenance des pays à risque. Des discussions sont en cours à la Commission européenne sur ce sujet.

1 <http://agriculture.gouv.fr/informations-aux-voyageurs>

Brève. Peste porcine africaine en Sardaigne en 2014 – de l'enzootie à l'épizootie ? Short item. African swine fever in Sardinia, 2014 – from enzootic to epizootic?

Ahead of print février 2014

Elena Arsevska (1) (elena.arsevska@cirad.fr) dans le cadre de la Veille internationale de la Plateforme ESA*

* Contributeurs: Didier Calavas (2), Morgane Dominguez (3), Pascal Hendrikx (3), Renaud Lancelot (1), Thierry Lefrancois (1), Marie-Frédérique Le Potier (4), Bruno Peiffer (5), Jean-Baptiste Perrin (6)

(1) Cirad, UMR CMAEE, Montpellier, France

(2) Anses, Unité Epidémiologie, Laboratoire de Lyon, France

(3) Anses, Unité Survepi, Direction scientifique des laboratoires, Maisons-Alfort, France

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

(5) Direction générale de l'alimentation, Bureau de l'appui scientifique et technique, Paris, France

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

Mots-clés: peste porcine africaine, Sardaigne, épidémiologie / Keywords: African swine fever, Sardinia, epidemiology

La peste porcine africaine (PPA) est une maladie hémorragique très contagieuse des suidés domestiques et sauvages, causée par un virus de la famille des Asfaviridae (Asfivirus). Ce virus à ADN est très résistant dans les carcasses et les produits animaux. Outre la transmission directe ou par contact avec des produits infectés, il peut être transmis par plusieurs espèces de tiques molles du genre *Ornithodoros* (Acari, Argasidae) dont certaines sont présentes en Europe, comme *O. erraticus* (Espagne, Portugal, mais pas en Sardaigne) (Boinas *et al.*, 2004). Le virus est très répandu en Afrique sub-saharienne. Il a fait précédemment des incursions en Europe, dans la région Caraïbe et au Brésil. Il a été introduit dans le Caucase en 2007

(Costard *et al.*, 2009), d'où il se propage notamment vers l'Europe (Perrin, 2014), où il vient de faire son apparition en Lituanie en janvier 2014 (http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?page_refer=MapFullEventReport&reportid=14690).

En Europe de l'Ouest, la maladie est uniquement présente en Sardaigne, depuis 1978. Après l'épizootie initiale, la PPA a connu deux pics épizootiques en 1995 (145 foyers) puis en 2004 (248 foyers) et 2005 (195 foyers) (Le Potier and Bronner, 2010). Une recrudescence est observée depuis 2012 (Figures 1 et 2). Cent nouveaux foyers (1273 cas) ont été déclarés en 2012 (OIE, 2014), la plupart situés dans les provinces d'Olbia-Tempio, Sassari, Cagliari, et de Nuoro (SCoFAH, 2012).

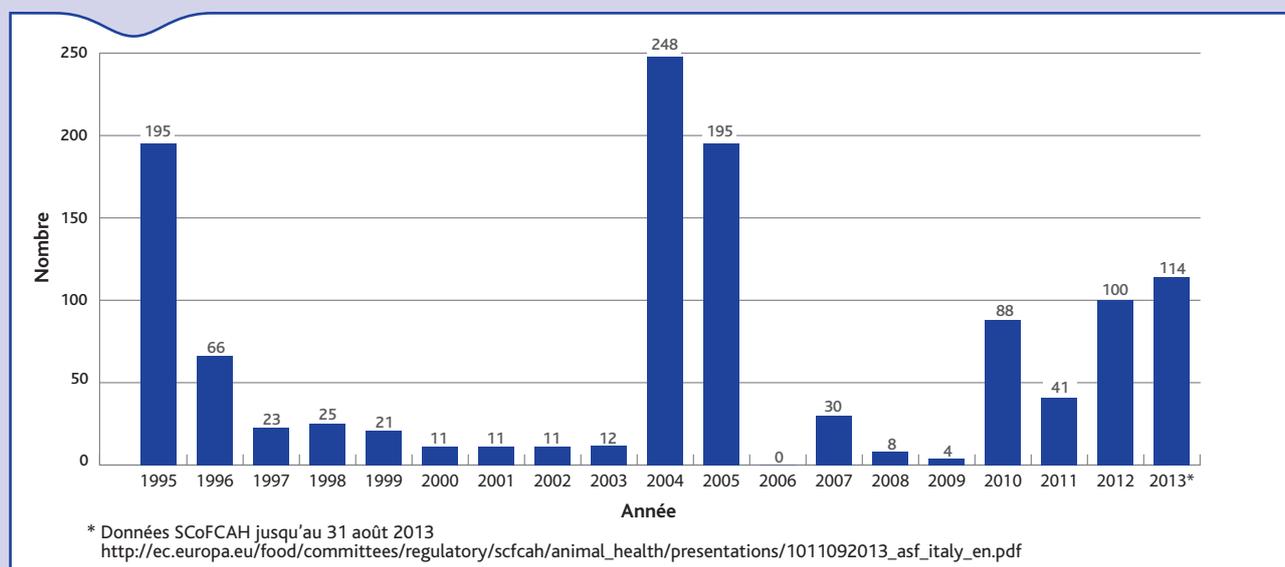


Figure 1. Nombre de foyers incidents annuels de peste porcine africaine en Sardaigne entre 1995 et le 31 août 2013* (De Mia, 2013 ; SCoFAH, 2013; OIE, 2014)

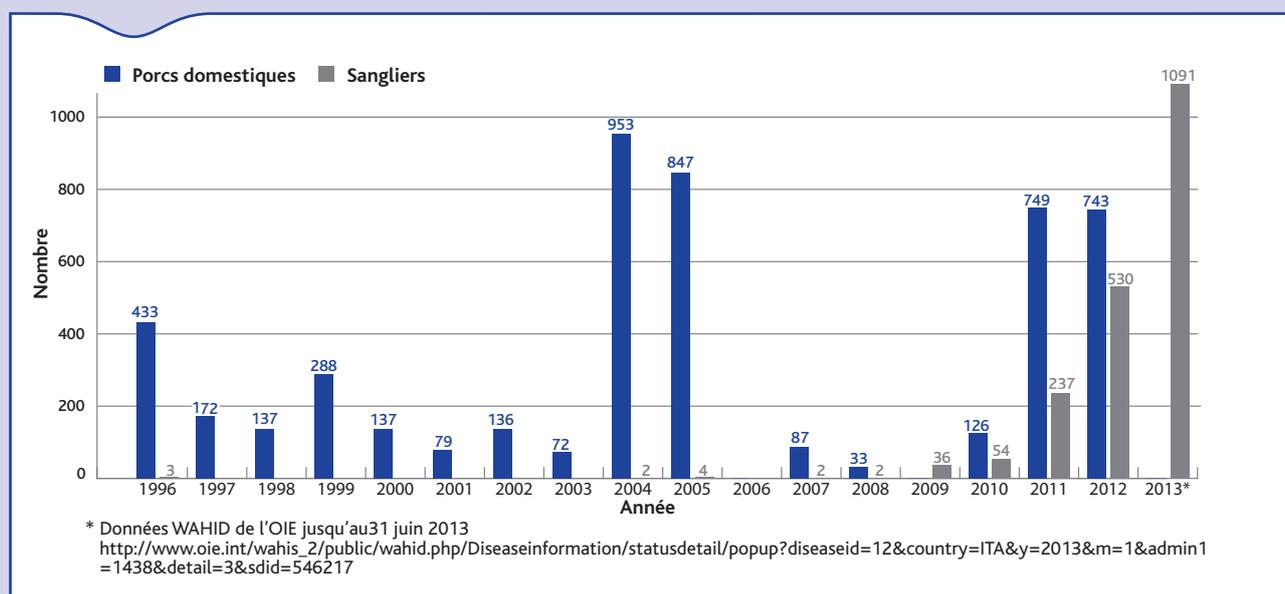


Figure 2. Nombre de cas annuels de peste porcine africaine en Sardaigne entre 1996 et le 31 juin 2013* (OIE, 2014)

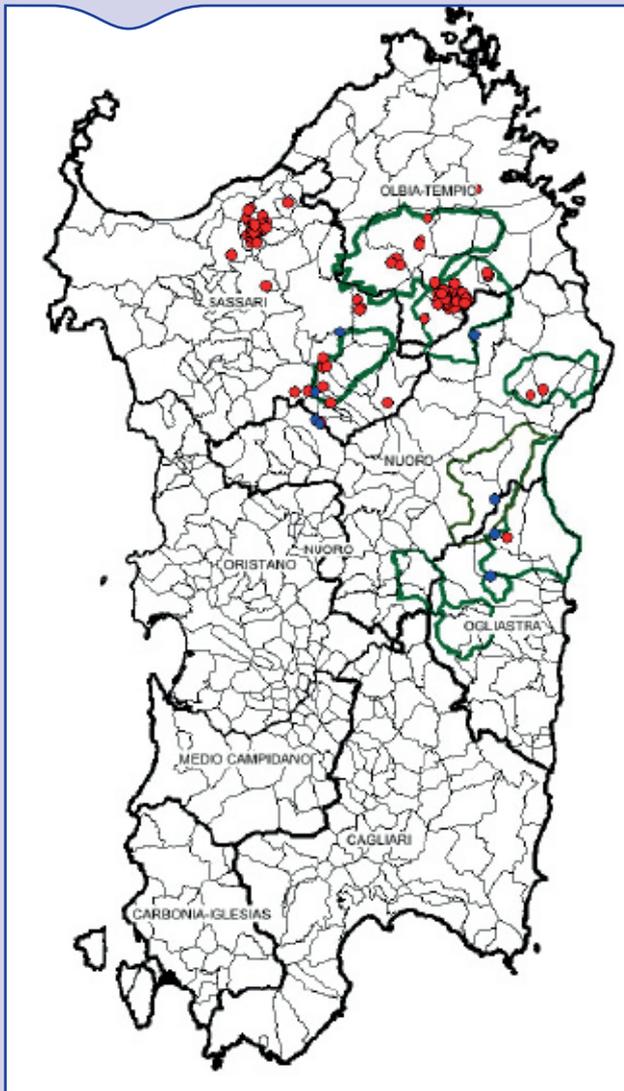


Figure 3. Foyers incidents de peste porcine africaine en Sardaigne du 1^{er} janvier au 31 août 2013. Les foyers domestiques sont identifiés par des points rouges et les foyers sangliers par des points bleus. La zone d'infection chez les sangliers est délimitée par la couleur verte. Les limites de provinces sont en noir (SCoFCAH, 2013)

Depuis début 2013, la totalité de l'île est infectée par le virus de la PPA. Le bilan à la fin août 2013 faisait état de 105 foyers dans la population porcine domestique et de neuf foyers chez les sangliers. Le pic épidémiologique a été observé à la fin du printemps 2013 (44 en mai, et 31 en juin) surtout dans les provinces d'Olbia-Tempio, Sassari, Ogliastra et Nuoro (Figure 3) (SCoFCAH, 2013). Les enquêtes sérologiques ont révélé une circulation virale dans toutes les provinces sauf celles de Medio-Campidano et de Carbonia-Iglesias (SCoFCAH, 2013). La modification du plan de surveillance active en 2012 a permis de détecter beaucoup de nouveaux élevages infectés qui n'étaient pas investigués auparavant. La surveillance active ciblait en effet essentiellement la zone qualifiée à haut risque depuis 2009. Le nombre d'élevages contrôlés est passé de 4888 en 2009, à 2958 en 2010, 4089 en 2011 et 13214 en 2012 sur 13949 recensés.

En l'absence de vecteurs connus, la persistance de la PPA en Sardaigne est attribuée à l'insuffisance de la politique d'éradication et de contrôle de la maladie surtout chez les porcs domestiques élevés en liberté et les sangliers (European Commission, 2013). Le mode d'élevage extensif et semi-extensif des porcs, des mouvements de porcs non-contrôlés entre élevages et de faibles mesures de biosécurité ont contribué à maintenir le virus. Ainsi en 2012, 700 exploitations non autorisées ont élevé entre 13000 et 15000 porcs, principalement dans les provinces d'Ogliastra et de Nuoro. En 2013, dans ces provinces et celles de Cagliari, d'Oristano et de Sassari, 330 troupeaux représentant 3600 porcs « clandestins » ont été signalés (SCoFCAH, 2013).

Des mesures de contrôle renforcé sont mises en œuvre depuis 2013, comprenant (i) la délimitation des zones à haut risque, (ii) le

recensement et le géo-référencement des exploitations porcines (2000 exploitations nouvellement enregistrées en mars 2013 et 11000 supplémentaires devant l'être au 30 juin 2013) et (ii) l'abattage des animaux clandestins repérés (moins de 1 % abattu au 31 mars 2013). L'élevage de porcs en divagation « pascolo brado » est interdit. La superficie des élevages semi-fermés « pascolo semi brado » est limitée à trois hectares et des mesures de biosécurité renforcée sont imposées (SCoFCAH, 2013). Toutefois, l'identification individuelle des porcs (boucle auriculaire) n'est pas encore faite, seul moyen d'assurer la traçabilité des animaux. L'évolution de la maladie dans l'avenir va dépendre de l'application des mesures de contrôle et biosécurité, essentielles pour prévenir la transmission du virus entre élevages.

Suite à l'évolution de la PPA en Sardaigne, susceptible de mettre en péril l'élevage porcin dans d'autres régions d'Italie et chez d'autres États membres, la Commission européenne a modifié fin 2011 la décision 2005/363/CE relative aux mesures de police sanitaire contre la PPA en Sardaigne. Toutes les zones de l'île sont considérées comme infectées et les mouvements de porcs vivants, de viande de porc et de tout produit contenant de la viande de porc sont interdits depuis la Sardaigne (European Commission, 2011). Cependant, des produits à base de porc provenant de porcs élevés hors de Sardaigne et abattus en Sardaigne peuvent ensuite être commercialisés à partir de la Sardaigne (voir l'annexe de la Décision de la Commission du 2 mai 2005).

Références bibliographiques

- Boinas F.S., Hutchings G.H., Dixon L.K., Wilkinson P.J., 2004. Characterization of pathogenic and non-pathogenic African swine fever virus isolates from *Ornithodoros erraticus* inhabiting pig premises in Portugal. *J. Gen. Virol.* 85, 2177–2187.
- Costard S., Wieland B., de Glanville W., Jori F., Rowlands R., Vosloo W., Roger F., Pfeiffer D.U., Dixon L.K., 2009. African swine fever: how can global spread be prevented? *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* 364, 2683–2696.
- De Mia G., 2013. IZS-UM Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Perugia (Italy). African swine fever in Sardinia: updated epidemiological situation NSFL Meeting, Brussels 3rd June 2013.
- European Commission, 2011. Commission Implementing Decision of 15 December 2011 amending Decision 2005/363/EC concerning animal health protection measures against African swine fever in Sardinia, Italy [WWW Document]. URL <http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2011:335:0109:01:EN:HTML> (accessed 2.4.14).
- European Commission, 2013. Final report of an audit carried out in Italy from 11 to 20 March 2013 in order to evaluate implementation of animal health controls on African swine fever and the operation of the eradication programme for the disease in Sardinia.
- OIE, 2014. World Animal Health Information System [WWW Document]. URL http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Diseaseinformation/statusdetail (accessed 1.3.14).
- Perrin J.B., 2014. Foyer de peste porcine africaine en Lituanie [WWW Document]. URL http://www.platforme-esa.fr/index.php?option=com_content&view=article&id=347&Itemid=257 (accessed 2.5.14).
- Le Potier M.-F., Bronner A., 2010. Brève. Situation de la peste porcine africaine en Sardaigne. *Bull. Épid. Santé Anim. Alim.* 39, 15.
- SCoFCAH, 2012. Standing Committee on the Food Chain and Animal Health. African Swine Fever in Sardinia Epidemiological situation 30 November 2012 [WWW Document]. URL http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal_health/presentations/04122012_african_swine_fever_sardinia_italy.pdf (accessed 1.3.14).
- SCoFCAH, 2013. Standing Committee on the Food Chain and Animal Health. African swine fever in Sardinia. Epidemiological situation, September 2013 [WWW Document]. URL http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal_health/presentations/1011092013_asf_italy_en.pdf (accessed 1.2.14).

Brève. Fièvre catarrhale ovine en Sardaigne – un point épidémiologique pour les années 2012 et 2013 *Short item. Bluetongue in Sardinia – epidemic features for 2012 and 2013*

Ahead of print février 2014

Elena Arsevska (elena.arsevska@cirad.fr) (1) dans le cadre de la Veille internationale de la Plateforme ESA*

* Contributeurs: Didier Calavas (2), Morgane Dominguez (3), Hélène Guis (1), Pascal Hendriks (3), Renaud Lancelot (1), Bruno Peiffer (4), Jean-Baptiste Perrin (5)

(1) Cirad, UMR CMAEE, Montpellier, France

(2) Anses, Unité Epidémiologie, Laboratoire de Lyon, France

(3) Anses, Unité Survepi, Direction scientifique des laboratoires, Maisons-Alfort, France

(4) Direction générale de l'alimentation, Bureau de l'appui scientifique et technique, Paris, France

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

Mots-clés: fièvre catarrhale ovine, sérotype, Sardaigne / Keywords: bluetongue, serotype, Sardinia

La Sardaigne, île voisine de la Corse, est souvent confrontée à des introductions de virus de la fièvre catarrhale ovine (FCO). Selon le système d'information WAHID de l'OIE, plusieurs sérotypes de ce virus (bluetongue virus, BTV) y ont été identifiés depuis 2006: BTV-1, 2, 4, 8, 9 et 16. Certains sont aussi présents en Afrique du Nord (BTV-1, 2 et 4) et en Europe du Sud-est (BTV-9). Le nombre de foyers ainsi que les sérotypes de BTV déclarés depuis 2006 sont représentés sur la [Figure 1](#).

Entre janvier et septembre 2012, seule une faible circulation des sérotypes BTV-1 (province Nuoro, 1 animal) et BTV-16 (province Olbia-Tempio, 1 animal) avait été rapportée, sur la côte Nord de la Sardaigne (SCoFCAH, 2012). Le 23 octobre 2012, des signes cliniques évocateurs de FCO ont été signalés dans des troupeaux ovins situés sur la côte Est de la Sardaigne (province d'Ogliastra) (Lorusso *et al.*, 2013). Trois cent seize foyers cliniques essentiellement localisés dans les provinces d'Ogliastra, Cagliari, Carbonia-Iglesias et Medio-Campidano ont été déclarés ([Figure 2](#)). Parmi 82 052 animaux sensibles, 4 812 ont été affectés (morbidity de 5 %), dont 2 651 cas mortels (mortalité de 3,5 %; létalité de 55 %). Trois sérotypes ont été déclarés: BTV-1, 2 et 4 (OIE, 2014). L'article de Lorusso (Lorusso *et al.*, 2013) ne mentionne pas le BTV-2.

Selon cet article, tous les cas (identifiés par PCR et isolement viral) déclarés en 2012 (et au début de 2013) étaient dus aux sérotypes BTV-1 (85 %) et BTV-4 (9 %), avec des co-infections dans 3 % des cas (Lorusso *et al.*, 2013). Les analyses phylogénétiques ont révélé une étroite proximité avec les souches de BTV-1 et BTV-4 ayant récemment circulé dans le bassin méditerranéen (Algérie, Tunisie, Maroc, Portugal, Espagne, Italie et France). La souche BTV-4 trouvée en Sardaigne est probablement une souche réassortante de BTV-1 et BTV-4. Des vaccins atténués plurivalents ont été utilisés en Italie jusqu'en 2005, rendant ainsi possible le réassortiment entre souches vaccinales et sauvages en Sardaigne. Il est toutefois possible que des souches aient été introduites depuis le sud de la Méditerranée. En effet, le Maroc et la Tunisie utilisent des vaccins vivants respectivement depuis 2005 et 2006. Ces souches pourraient être introduites par des *Culicoides* transportés par le vent (Lorusso *et al.*, 2013).

Le bilan de la surveillance événementielle pour 2013 est de 5 277 foyers cliniques pour l'ensemble de la Sardaigne, avec 275 742 animaux touchés (multiplication par un facteur 20 par rapport à 2012), dont 102 568 cas d'infection mortels (létalité de 37 %) (SCoFCAH, 2014) ([Figure 3](#)). Les sérotypes déclarés présents en Sardaigne à l'OIE entre janvier et juin 2013 sont BTV-1, 2, 4 et 9; l'information officielle pour le second semestre 2013 n'est pas encore disponible.

En 2013, des séroconversions contre cinq sérotypes - BTV-1, 2, 4, 8 et 16, ont été observées chez des animaux sentinelles dans les provinces de Cagliari (BTV-1), Carbonia-Iglesias (BTV-1, 2, 4), Oristano (BTV-1), Sassari (BTV-1), Nuoro (BTV-1), Olbia-Tempio (BTV-1, 2, 8, 16), Ogliastra (BTV-1) et Medio-Campidano (BTV-1, 2) (SCoFCAH, 2014). Toutefois, les sérotypages ont été obtenus par un test de séroneutralisation virale (SNT) effectués pour confirmer des résultats positifs obtenus suite à des tests immuno-enzymatiques (ELISA). L'expérience montre que l'interprétation des SNT est délicate, avec des problèmes de spécificité, notamment liés à des réactions partiellement croisées entre les différents sérotypes de BTV. Des résultats de SNT non négatifs ont notamment régulièrement été obtenus en Corse pour les sérotypes 1, 4, 8, et 16 dans le cadre de la surveillance programmée menée jusqu'en 2012 en abattoir, sans que la présence formelle du virus ait pu être démontrée (aucun foyer clinique n'a été déclaré entre 2006 et 2013).

Le BTV-2 circule en Sardaigne depuis 2001 (Purse *et al.*, 2006); il a été identifié dans les foyers chaque année depuis 2007 (OIE, 2014). Le BTV-4 a été introduit en Sardaigne pour la première fois en 2003 et le BTV-1 en 2006. Une vaccination obligatoire contre le BTV-2 a été mise en place en 2002, contre le BTV-4 en 2004 et contre le BTV-1 en 2007 (Lorusso *et al.*, 2013). La déclaration à l'OIE du BTV-9 en 2013 (OIE, 2014) est surprenante car la Sardaigne n'est pas reconnue comme une zone réglementée vis-à-vis de ce sérotype par la Commission européenne (http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/bluetongue_restrictedzones-map.jpg). Ce sérotype circule actuellement en Grèce et en Sicile (OIE, 2014). Si elle était confirmée par des analyses virologiques, il s'agirait de la première observation en Sardaigne (Purse *et al.*, 2006; OIE, 2014).

La réapparition de la FCO en 2012 et 2013 en Sardaigne coïncide avec un faible taux de couverture vaccinale: depuis 2008, en Italie et notamment en Sardaigne, la proportion d'animaux vaccinés contre la FCO a constamment diminué, et est actuellement de moins de 10 %.

En conclusion, l'analyse de la situation actuelle montre qu'une vigilance particulière doit être exercée vis-à-vis de la situation épidémiologique de la FCO en Sardaigne, et qu'il serait utile d'améliorer les échanges d'informations sanitaires avec ce territoire (notamment pour obtenir des informations plus claires sur les sérotypes 2 et 9) et les autres pays voisins.

Références bibliographiques

- Lorusso A., Sghaier S., Carvelli A., Di Gennaro A., Leone A., Marini V., Pelini S., Marcacci M., Rocchigiani A.M., Puggioni G., Savini G., 2013. Bluetongue virus serotypes 1 and 4 in Sardinia during autumn 2012: New incursions or re-infection with old strains? *Infect. Genet. Evol.* 19, 81–87.
- OIE, 2014. World Organisation for Animal Health. World Animal Health Information System. Detailed country (ies) disease incidence (Bluetongue) [WWW Document]. URL http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Diseaseinformation/statusdetail (accessed 1.13.14).
- Purse B.V., Mellor P.S., Rogers D.J., Samuel A.R., Mertens P.P.C., Baylis M., 2006. Climate change and the recent emergence of bluetongue in Europe. *Nat. Rev. Microbiol.* 4.
- SCoFCAH, 2012. Standing Committee on the Food Chain and Animal Health. Bluetongue Epidemiological situation in Italy - Report from 01.01.2012 to 31.08.2012.
- SCoFCAH, 2014. Standing Committee on the Food Chain and Animal Health. Bluetongue Epidemiological situation in Italy - Report from 1.1.2013 to 10.01.2014.
- Wikimedia, 2014. Sardinia Provinces [WWW Document]. URL http://commons.wikimedia.org/wiki/File:Sardinia_Provinces.png (accessed 1.27.14).

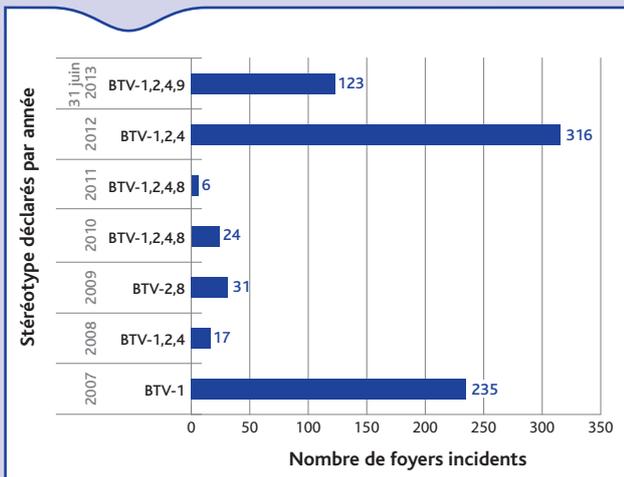


Figure 1. Nombre de foyers incidents de FCO en Sardaigne entre le 1^{er} janvier 2006 et le 31 juin 2013 (OIE, 2014)



Figure 2. Provinces de Sardaigne (Wikimedia, 2014)

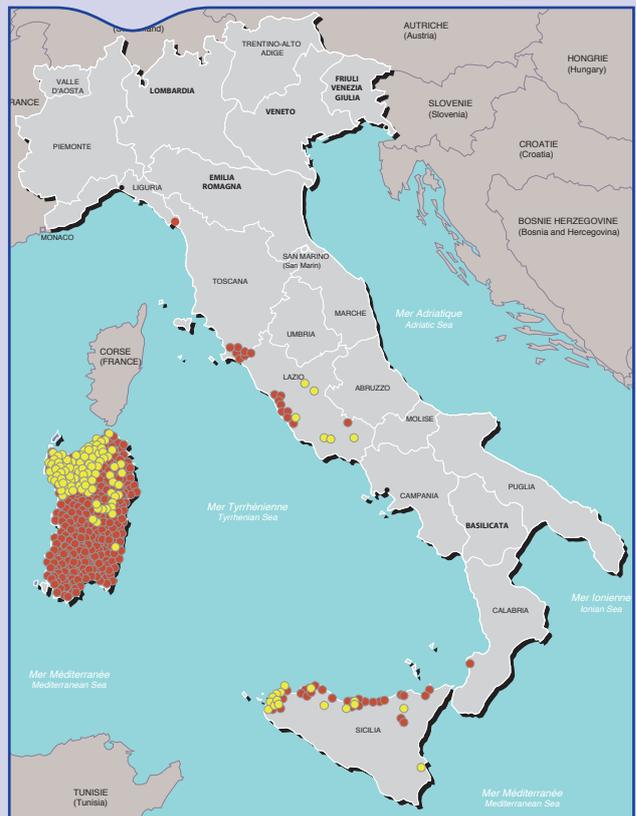


Figure 3. Foyers en Sardaigne entre le 1^{er} janvier 2013 et le 10 janvier 2014. Les points rouges sont des foyers confirmés et les points jaunes sont des foyers suspectés (SCoFAH, 2014)

Brève. Coronavirus du Syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV) : quel réservoir animal ? Short item. Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV): which animal reservoir?

Ahead of print février 2014

Elena Arsevska (elena.arsevska@cirad.fr) (1) dans le cadre de la Veille internationale de la Plateforme ESA*

* Contributeurs : Didier Calavas (2), Francisco Esmail de Sales Lima (1), Bernard Faye (3, 4), Pascal Hendrikx (5), Renaud Lancelot (1), Thierry Lefrançois (1) Geneviève Libeau (1)

(1) Cirad, UMR CMAEE, Montpellier, France

(2) Anses, Unité Épidémiologie, Laboratoire de Lyon, France

(3) Cirad, UMR SELMET, Montpellier, France

(4) FAO, Al-Kharj Camel project, Arabie Saoudite

(5) Anses, Unité Survepi, Direction scientifique des laboratoires, Maisons-Alfort, France

Mots-clés: MERS-CoV, chauve-souris, dromadaire, Moyen Orient / **Keywords:** MERS-CoV, bat, camel, Middle East

De nouveaux Coronavirus émergents

Les infections à Coronavirus (CoV) sont généralement associées à des troubles respiratoires ou intestinaux bénins chez l'Homme et les animaux. Les Coronavirus sont divisés en quatre genres: Alpha-, Beta-, Gamma- et Delta-CoV. Les CoV humains connus à ce jour appartiennent aux genres Alpha- et Beta-CoV. Au cours de la dernière décennie, l'émergence de nouveaux Beta-CoV humains, également très représentés dans les populations animales (Anses, 2013), a été observée.

La pandémie de 2003 due au Syndrome respiratoire aigu sévère (due au SRAS-CoV, un Beta-CoV), a provoqué plus de 8000 infections pulmonaires dont 800 décès dans trente pays (WHO, 2003). On considère que les chauves-souris sont des réservoirs naturels du virus et la civette aurait servi de relai, permettant le contact de ce virus avec l'Homme. Un SRAS-like-CoV a été détecté chez une civette palmiste (*Paguma larvata*) et un chien viverrin (*Nyctereutes procyonoides*) sur des marchés d'animaux vivants dans la province de Guangdong province en Chine, où la plupart de cas humains de cette pandémie ont été déclarés (Guan *et al.*, 2003). En 2012, deux nouveaux SRAS-like-CoV (99,9 % d'identité avec le SRAS-CoV humain) ont été isolés depuis des chauves-souris de la famille *Rhinolophidae* dans la province du Yunnan en Chine. L'isolement de ces virus de fèces de chauves-souris montre qu'elles peuvent également constituer une source d'infection directe pour l'Homme (Ge *et al.*, 2013).

En juin 2012, à Jeddah (Arabie Saoudite), un nouveau CoV a été isolé chez un patient décédé suite à un syndrome respiratoire aigu et une défaillance organique multiple (Zaki *et al.*, 2012). Après une caractérisation génétique approfondie, ce virus s'est avéré appartenir au genre Beta-CoV, lignée C, et le nom de Coronavirus du Syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV) a été validé (de Groot *et al.*, 2013). Cette lignée comporte plusieurs virus phylogénétiquement proches du MERS-CoV, retrouvés chez certaines familles de chauves-souris en Afrique, Asie, Amérique et Europe (Memish *et al.*, 2013).

Bilan épidémiologique du MERS-CoV

Au 9 janvier 2014, à l'échelle mondiale, 178 cas humains du MERS-CoV confirmés au laboratoire, parmi lesquels 75 décès, ont été déclarés à l'OMS. La létalité apparente s'élève à plus de 40 %. La plupart des cas ont été identifiés au Moyen-Orient: Arabie Saoudite (n = 143), Émirats Arabes Unis (n = 11), Jordanie (n = 2), Koweït (n = 2), Qatar (n = 6) et Oman (n = 2) (Figure 1). Selon les informations de l'OMS, certains des cas primaires ont été en contact avec des animaux de ferme, dont des dromadaires, des moutons et des volailles (WHO, 2014). Cependant, aucune enquête de type cas-témoins n'a été faite pour estimer si ce facteur était associé à la survenue de cas chez l'Homme. Les cas secondaires, très représentés dans les zones urbaines et périurbaines, sont survenus après un contact étroit avec des cas primaires au niveau de la famille ou de l'hôpital. Des cas importés ont été notifiés par l'Allemagne (n = 2), la France (n = 2), l'Italie (n = 1), le Royaume-Uni (n = 4) et la Tunisie (n = 3). La plupart de ces infections ont été contractées au Moyen-Orient (antécédent de voyage dans la région); quelques cas sont survenus suite à des contacts étroits avec des malades revenant du Moyen-Orient. Cet article dresse le bilan des résultats d'études orientées vers l'identification des sources potentielles d'exposition des cas humains.

Le MERS-CoV et les chauves-souris

L'hypothèse que les chauves-souris puissent être une source potentielle d'infection pour l'Homme a été testée par la collecte de prélèvements d'écouillons pharyngés, de sérum, d'urine et de fèces de chauves-souris (n = 96 individus appartenant à sept espèces) dans

les régions d'Arabie Saoudite où des cas humains ont été rapportés. Sur l'ensemble des échantillons testés, un fragment de génome du MERS-CoV a été détecté dans un prélèvement de fèces de *Taphozous perforatus*, à proximité du domicile d'un cas primaire (prévalence apparente de 3,5 %) (Memish *et al.*, 2013). Ce résultat n'est pas suffisant pour conclure que cette espèce ait été la source directe de l'infection humaine.

Les contacts directs entre les chiroptères et l'Homme étant peu fréquents, le passage à l'Homme pourrait s'envisager par contact indirect (urine, fèces) ou par l'existence d'un hôte intermédiaire en contact avec des chiroptères et avec l'Homme. La phylogénie du MERS-CoV le place en position éloignée des CoV aviaires, mais très proche de certains CoV de mammifères, hôtes qui pourraient jouer ce rôle d'espèce-passerelle avec l'Homme (Anses, 2013).

Le MERS-CoV et le dromadaire

Un titre élevé en anticorps obtenu par le test de neutralisation du virus MERS-CoV a été trouvé chez des dromadaires dans certains des pays où des cas humains ont été rapportés: Qatar (n = 14; tous positifs avec des titres d'anticorps entre 1/160 et 1/5 120), Oman (n = 50; tous positifs avec des titres d'anticorps entre 1/320 et 1/2 560 et plus) et Jordanie (n = 11; tous positifs avec des titres d'anticorps entre 1/120 et 1/180). Ces résultats signeraient une infection récente et répandue chez ces animaux dans certaines régions du Moyen-Orient (Haagmans *et al.*, 2013, Reusken *et al.*, 2013a, Reusken *et al.*, 2013b) (Figure 2).

Des résultats sérologiques positifs mais avec un titre en anticorps MERS-CoV entre 20 et 1 280 (test de neutralisation virale) ont été trouvés chez certains dromadaires dans des pays sans déclaration de cas humains. En Égypte, 103 dromadaires sur 110 animaux importés du Soudan et d'autres pays d'Afrique de l'Est, destinés à l'abattage au Caire et dans le Gouvernorat de Qalyubia (région du Delta du Nil) ont été trouvés positifs (Perera *et al.*, 2013). Dix dromadaires sur 105 animaux nés et élevés aux Canaries ont été également trouvés positifs (Reusken *et al.*, 2013b). Ces titres faibles pourraient être liés à une exposition faible à un réservoir du virus, ou à une infection ancienne par le MERS-CoV, ou un virus MERS-like-CoV. Des Beta-CoV virus, phylogénétiquement proches du MERS-CoV sont retrouvés chez *Pipistrellus spp.*, des chauves-souris également présentes dans les Canaries. Un contact éventuel avec des chauves-souris infectées n'est pas exclu. Compte tenu des particularités immunologiques du dromadaire (Muyldermans, 2013), il conviendrait cependant d'établir la spécificité du marquage sérologique.

Quelques études sérologiques ont été faites chez d'autres espèces d'animaux. Dans le gouvernorat de Zarqa (Jordanie), aucune trace sérologique du MERS-CoV (par le test de neutralisation virale) n'a été trouvée chez des chèvres (n = 150), des moutons (n = 126) et des bovins (n = 91) (Reusken *et al.*, 2013b). D'autres animaux testés en Égypte (buffles d'eau, bovins, moutons et chèvres), à Hong-Kong (porcs et canards), aux Pays-Bas (vaches, moutons et chèvres) et en Espagne (chèvres) ont tous donné des résultats négatifs (Perera *et al.*, 2013). Ces résultats sont-ils dus à une résistance naturelle de ces espèces au MERS-CoV? Les études dans l'avenir apporteront probablement des réponses à ces questions.

Une étude publiée le 16 décembre 2013, a annoncé la première détection du MERS-CoV dans des écouillons nasaux chez des dromadaires (n = 14) dans une ferme au Qatar. La séquence nucléotidique de fragments de la protéine d'enveloppe virale S chez trois d'entre eux est très similaire à celle du virus MERS-CoV obtenue dans les deux cas humains observés dans cette ferme la même

année. Tous les animaux étaient asymptomatiques au moment où les échantillons ont été prélevés; leur état n'a pas évolué dans les quarante jours qui ont suivi la détection (Haagmans *et al.*, 2013). Ces premiers résultats virologiques, combinés aux résultats sérologiques, montrent que le dromadaire peut être infecté par le MERS-CoV, les séquences virales provenant du dromadaire et de l'Homme étant génétiquement très proches. Par ailleurs, un autre Beta-CoV peut être fréquemment retrouvé dans les prélèvements de diarrhée du chamelon (Wünschmann *et al.*, 2002), mais ne doit pas être confondu avec le MERS-CoV.

Les études effectuées jusqu'alors n'ont pas permis d'identifier des cas de MERS-CoV humains chez les populations bédouines d'Arabie Saoudite, qui vivent en contact étroit avec leurs dromadaires. Si les dromadaires sont effectivement responsables de l'infection primaire, il pourrait donc s'agir d'animaux importés depuis la corne de l'Afrique, voués à l'abattage et donc à même de se retrouver à proximité immédiate des villes. De nombreux dromadaires sont en effet importés chaque année pour satisfaire la demande en viande en

Arabie Saoudite et dans les Emirats Arabes Unis (Abdullah, 2011; Faye *et al.*, 2013). Une analyse phylogénétique de vingt-et-un cas de MERS-CoV provenant d'Arabie Saoudite a montré que le virus aurait émergé en juillet 2011 à la suite d'introductions multiples depuis un réservoir géographiquement diffus, un produit animal, ou un mouvement des personnes infectées (Cotten *et al.*, 2014).

Conclusion

Jusqu'à présent, le MERS-CoV n'a formellement été isolé et identifié d'aucune source animale (Haagmans *et al.*, 2013). Les recherches préliminaires suggèrent un rôle probable du dromadaire en tant qu'hôte intermédiaire du MERS-CoV; un contact étroit avec ces animaux pourrait constituer une source d'infection pour l'Homme. Mais des études plus approfondies seraient nécessaires pour vérifier le rôle potentiel de différentes espèces animales, notamment le dromadaire, dans l'épidémiologie de la maladie (Eckerle *et al.*, 2013). L'analyse phylo-géographique et la mise en évidence de liens épidémiologiques pourraient révéler la distribution spatio-temporelle de ce virus, son origine et les facteurs de son émergence.

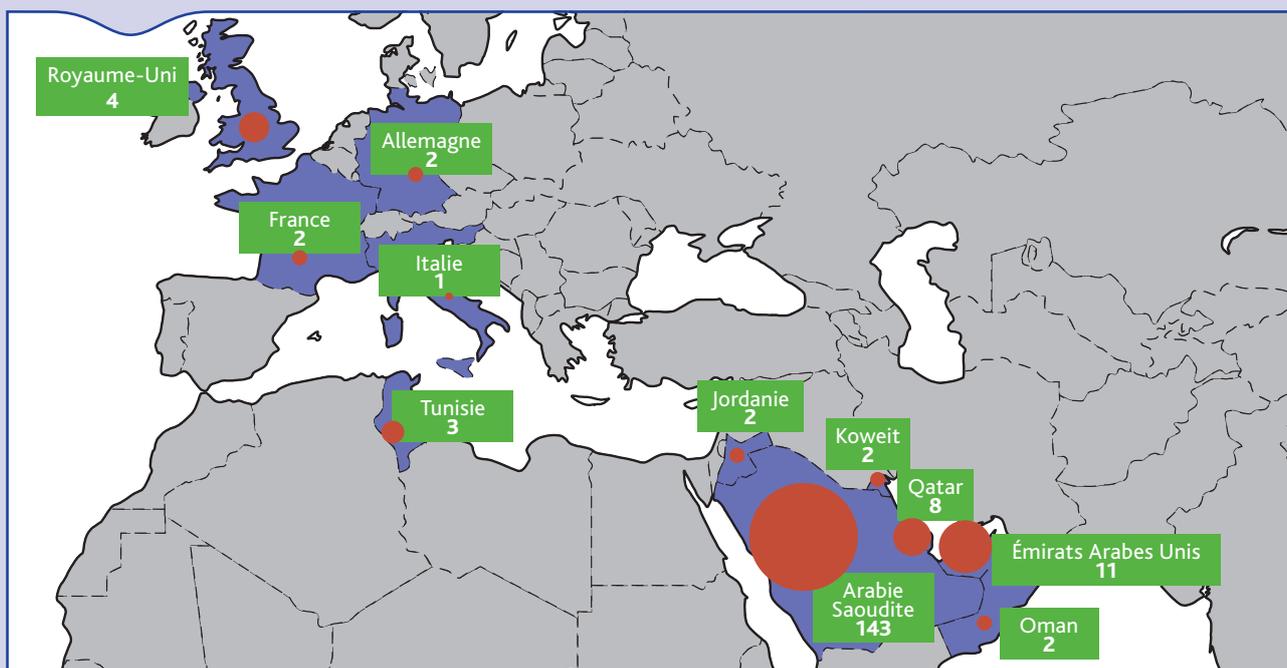


Figure 1. Cas humains confirmés d'infections à MERS-CoV au 9 janvier 2014 (ECDC, 2013; WHO, 2014)



Figure 2. Résultats d'études sérologiques faites chez les dromadaires (Haagmans *et al.*, 2013; Perera *et al.*, 2013; Reusken *et al.*, 2013a; Reusken *et al.*, 2013b). Les histogrammes représentent le nombre des animaux prélevés par pays (en vert) et le nombre des animaux qui ont donné des résultats sérologiques positifs (en rouge)

Références bibliographiques

- Abdullah S., 2011. The epidemiology of Rift Valley Fever in Yemen and the risk of re-introduction from the Horn of Africa. L'épidémiologie de la fièvre de la Vallée du Rift au Yémen et le risque de réintroduction à partir de la corne de l'Afrique [WWW Document]. URL <http://bictel.ulg.ac.be/ETD-db/collection/available/ULgetd-02282011-175331/>.
- Anses, 2013. Avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif à l'évaluation de la possibilité du caractère zoonotique du nouveau coronavirus MERS-CoV (NCoV). <http://www.anses.fr/sites/default/files/documents/SANT2013sa0079.pdf>.
- Cotten M., Watson S.J., Kellam P., Al-Rabeeh A.A., Makhdoom H.Q., Assiri A., Al-Tawfiq J.A., Alhakeem R.F., Madani H., AlRabiah F.A., Hajjar S.A., Al-Nassir W.N., Albarak A., Flemban H., Balkhy H.H., Alsubaie S., Palser A.L., Gall A., Bashford-Rogers R., Rambaut A., Zumla A.I., Memish Z.A., 2014. Transmission and evolution of the Middle East respiratory syndrome coronavirus in Saudi Arabia: a descriptive genomic study. *The Lancet* 382, 1993–2002.
- De Groot R.J., Baker S.C., Baric R.S., Brown C.S., Drosten C., Enjuanes L., Fouchier R.A.M., Galiano M., Gorbalenya A.E., Memish Z.A., Perlman S., Poon L.L.M., Snijder E.J., Stephens G.M., Woo P.C.Y., Zaki A.M., Zambon M., Ziebuhr J., 2013. Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV): Announcement of the Coronavirus Study Group. *J. Virol.* 87, 7790–7792.
- ECDC, 2013. Severe respiratory disease associated with Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) 6th update, 19 July 2013 [WWW Document]. URL <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/RRA-ECDC-MERS-CoV-Sixth-update.pdf> (accessed 1.20.14).
- Eckerle I., Müller M.A., Kallies S., Gotthardt D.N., Drosten C., 2013. In-vitro renal epithelial cell infection reveals a viral kidney tropism as a potential mechanism for acute renal failure during Middle East Respiratory Syndrome (MERS) Coronavirus infection. *J. Virol.* 10, 359.
- Faye B., Abdelhadi O., Raiymbek G., Kadim I., Hocquette J.-F., 2013. La production de viande de chameau : état des connaissances, situation actuelle et perspectives [WWW Document]. URL <https://www6.inra.fr/productions-animales/2013-Volume-26/Numero-3-2013-pp.-237-300/La-production-de-viande-de-chameau> (accessed 1.29.14).
- Ge X.-Y., Li J.-L., Yang X.-L., Chmura A.A., Zhu G., Epstein J.H., Mazet J.K., Hu B., Zhang W., Peng C., Zhang Y.-J., Luo C.-M., Tan B., Wang N., Zhu Y., Crameri G., Zhang S.-Y., Wang L.-F., Daszak P., Shi Z.-L., 2013. Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature* 503, 535–+.
- Guan Y., Zheng B.J., He Y.Q., Liu X.L., Zhuang Z.X., Cheung C.L., Luo S.W., Li P.H., Zhang L.J., Guan Y.J., Butt K.M., Wong K.L., Chan K.W., Lim W., Shortridge K.F., Yuen K.Y., Peiris J.S.M., Poon L.L.M., 2003. Isolation and Characterization of Viruses Related to the SARS Coronavirus from Animals in Southern China. *Science* 302, 276–278.
- Haagmans B.L., Al Dhahiry S.H.S., Reusken C.B.E.M., Raj V.S., Galiano M., Myers R., Godeke G.-J., Jonges M., Farag E., Diab A., Ghobashy H., Alhajri F., Al-Thani M., Al-Marri S.A., Al Romaihi H.E., Al Khal A., Birmingham A., Osterhaus A.D.M.E., AlHajri M.M., Koopmans M.P.G., 2013. Middle East respiratory syndrome coronavirus in dromedary camels: an outbreak investigation. *Lancet Infect. Dis.* 14, 140–145.
- Memish Z.A., Mishra N., Olival K.J., Fagbo S.F., Kapoor V., Epstein J.H., Alhakeem R., Durosinloun A., Al Asmari M., Islam A., Kapoor A., Briese T., Daszak P., Al Rabeeh A.A., Lipkin W.I., 2013. Middle East respiratory syndrome coronavirus in bats, Saudi Arabia. *Emerg. Infect. Dis.* 19, 1819–1823.
- Perera R.A., Wang P., Gomaa M.R., El-Shesheny R., Kandeil A., Bagato O., Siu L.Y., Shehata M.M., Kayed A.S., Moatasim Y., Li M., Poon L.L., Guan Y., Webby R.J., Ali M.A., Peiris J.S., Kayali G., 2013. Seroepidemiology for MERS coronavirus using microneutralisation and pseudoparticle virus neutralisation assays reveal a high prevalence of antibody in dromedary camels in Egypt, June 2013 [WWW Document]. URL <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20574>
- Reusken C., Ababneh M., Raj V., Meyer B., Eljarah A., Abutarbush S., Godeke G., Bestebroer T., Zutt I., Muller M., Bosch B., Rottier P., Osterhaus A., Drosten C., Haagmans B., Koopmans M., 2013a. Middle East Respiratory Syndrome coronavirus (MERS-CoV) serology in major livestock species in an affected region in Jordan, June to September 2013 [WWW Document]. URL <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20662>
- Reusken C., Haagmans B.L., Müller M.A., Gutierrez C., Godeke G.-J., Meyer B., Muth D., Raj V.S., Smits-De Vries L., Corman V.M., Drexler J.-F., Smits S.L., El Tahir Y.E., De Sousa R., van Beek J., Nowotny N., van Maanen K., Hidalgo-Hermoso E., Bosch B.-J., Rottier P., Osterhaus A., Gortázar-Schmidt C., Drosten C., Koopmans M.P.G., 2013b. Middle East respiratory syndrome coronavirus neutralising serum antibodies in dromedary camels: a comparative serological study. *Lancet Infect. Dis.* 13, 859–866.
- WHO, 2003. Consensus document on the epidemiology of severe acute respiratory syndrome (SARS) [WWW Document]. URL <http://www.who.int/csr/sars/en/WHOconsensus.pdf> (accessed 12.31.13).
- WHO, 2013. Récapitulatif et informations publiées sur le coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV) – au 22 novembre 2013.
- WHO, 2014. Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) - update 9 January 2014 [WWW Document]. URL http://www.who.int/csr/don/2014_01_09/en/index.html (accessed 1.20.14).
- Wünschmann A., Frank R., Pomeroy K., Kapil S., 2002. Enteric Coronavirus Infection in a Juvenile Dromedary (*Camelus Dromedarius*). *J. Vet. Diagn. Invest.* 14, 441–444.
- Zaki A.M., van Boheemen S., Bestebroer T.M., Osterhaus A.D.M.E., Fouchier R.A.M., 2012. Isolation of a Novel Coronavirus from a Man with Pneumonia in Saudi Arabia. *N. Engl. J. Med.* 367, 1814–1820.

Brève. Epizootie de diarrhée épidémique porcine (DEP) aux États-Unis et au Canada : question sur une éventuelle origine alimentaire

Short item. Epizootic of porcine epidemic diarrhoea in the United States and Canada: questions on a possible food origin

Nicolas Rose (1) (nicolas.rose@anses.fr), Béatrice Grasland (2) dans le cadre de la Veille internationale de la Plateforme ESA*

* Contributeur: Didier Calavas (3)

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Epidémiologie et bien-être du porc, France

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Génétique Virale, Biosécurité, France

(3) Anses, Laboratoire de Lyon, Unité Epidémiologie, France

Mots-clés: diarrhée épidémique porcine, Canada, États-Unis / **Keywords:** Porcine epidemic diarrhoea virus, USA, Canada

Depuis avril 2013, les États-Unis sont confrontés à une épizootie de diarrhée épidémique porcine sans précédent dans le pays, à l'origine de la mort de plusieurs millions de porcelets (voir *Bulletin épidémiologique* 58, 21-22). Plus de 3 500 élevages ont été touchés dans vingt-cinq états depuis le début de l'épizootie et la maladie s'est maintenant propagée au Canada, ce qui ne constitue pas une surprise étant donné les échanges et la proximité entre les deux pays (16 élevages touchés en Ontario, 1 dans le Manitoba, 1 récemment sur l'Île du prince Edward et 1 au Québec). L'incidence des élevages confirmés positifs aux États-Unis est représentée en Figure 1. Durant la première partie de l'épizootie (de début avril au 10 juin 2013), le R_0^1 de propagation de l'épizootie inter-élevages a été estimé à 48,3 [28,9 ; 81,6] (Figure 2). Ceci suggère une contamination groupée de

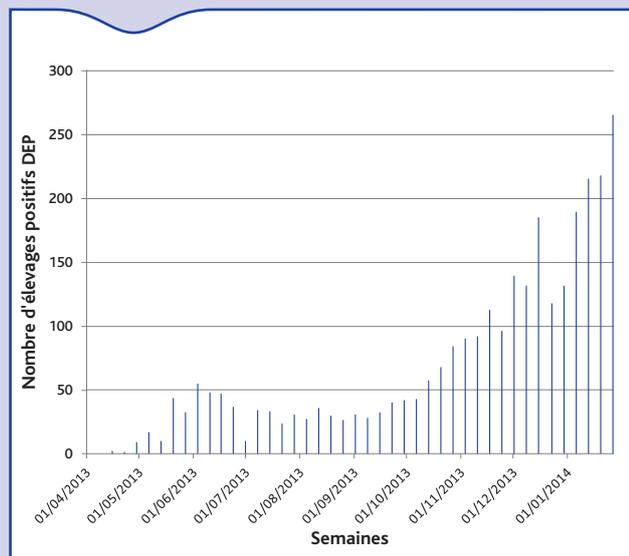


Figure 1. Incidence hebdomadaire des élevages confirmés positifs aux États-Unis (AASW, 2014)

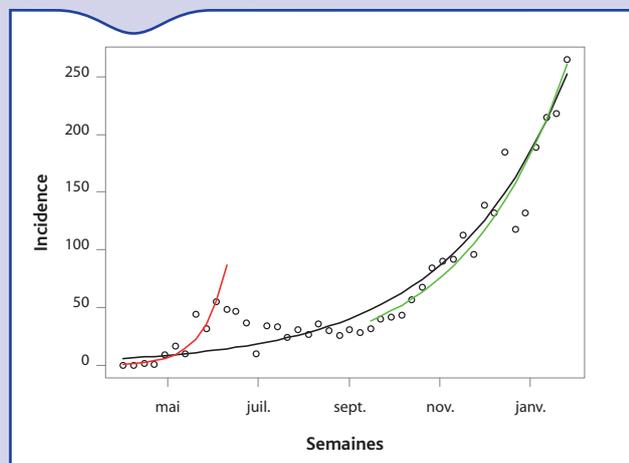


Figure 2. Modélisation de l'accroissement de l'incidence sur différentes périodes pour estimation du R_0

1. Le R_0 (taux de reproduction de base) est le nombre d'élevages secondairement infectés à partir d'un premier élevage infecté.

plusieurs élevages via une exposition commune dans les premiers temps de l'épizootie. Sur la partie la plus récente de la courbe épidémique (de septembre 2013 à fin janvier 2014) le R_0 était de 2,4 [2,2 ; 2,6]. Cette estimation suggère quant à elle une propagation inter-troupeaux efficace de la maladie, ce qui est cohérent avec un mode de propagation par un transport mécanique du virus par des vecteurs (véhicules, personnels, etc.), des échanges d'animaux ou éventuellement des aérosols pour des élevages voisins.

La maladie est due à un alpha-coronavirus porcine différent de celui impliqué dans la gastro-entérite transmissible (GET). La maladie ne pose aucun risque pour la santé humaine ou la sécurité alimentaire. Les souches de virus circulant aux États-Unis ont été séquencées et présentent plus de 99 % d'identité avec le génome d'un virus de DEP isolé en Chine en 2012 (Song and Park, 2012). Certaines pistes quant à l'origine de l'infection sont suggérées par les enquêtes épidémiologiques en cours (origine alimentaire via des matières premières ou des compléments alimentaires contaminés) mais sans certitude. Au Canada, des composés entrant dans l'alimentation des porcs (plasma) ont cependant été détectés contaminés par du virus infectieux, sans que l'origine des matières premières contaminées ait été précisée (matières premières importées ou produites localement, pouvant constituer une recirculation du virus par voie alimentaire) (Government of Canada, 2014).

Sur le plan clinique, le virus de la DEP est responsable d'une diarrhée profuse, aqueuse pouvant toucher différentes classes d'âges (animaux adultes, porcelets sous la mère, porcs en croissance). Des vomissements peuvent aussi être observés sur les porcelets ou même les truies. Au pic de l'épizootie, le taux de morbidité peut atteindre 100 % et le taux de mortalité est souvent très élevé chez les porcelets sous la mère (50 % en moyenne, pouvant atteindre 100 %).

Pour confirmer un cas de DEP et notamment le différencier d'une infection par le virus de la GET, l'approche classique est de combiner une détection directe de l'antigène ou du virus, associée à une réponse sérologique. Les échantillons biologiques pour la recherche du virus sont les fèces ou les cellules épithéliales du petit intestin prélevé chez le jeune porcelet 24 h après le début de diarrhée aiguë. Le virus peut être mis en évidence par microscopie électronique dans les fèces par sa morphologie caractéristique et identifié par agrégation avec des antisérums spécifiques de porcs convalescents. Toutefois, la visualisation et l'identification des particules virales nécessitent une expertise technique peu disponible en Europe vu que ce type d'affection a disparu depuis plus de vingt ans. L'isolement viral sur culture cellulaire est difficile mais possible sur cellules Vero ou PK15. La RT-PCR reste la méthode la plus sensible et la plus spécifique, en routine en Corée et au Japon (Kim *et al.*, 2001). La détection d'anticorps spécifiques peut se faire par IPMA (immunoperoxidase monolayer assay) ou ELISA (Saif *et al.*, 2012).

En Europe, les derniers cas de diarrhée épidémique porcine ont été décrits en 2006 en Italie (Martelli *et al.*, 2008). Le potentiel de diffusion de cette nouvelle souche de virus dans la population porcine européenne n'est pas connu.

L'hypothèse d'une exposition commune au début de l'épizootie, l'homologie avec un virus circulant récemment en Chine, la détection du virus infectieux dans un sous-produit d'abattoir utilisé pour l'alimentation des porcs, le statut immunitaire incertain de la population porcine en Europe vis-à-vis de ce nouveau variant de DEP appellent à exercer une grande vigilance sur l'évolution de cette épizootie et de son origine.

Références bibliographiques

AASW, 2014. American Association of Swine Veterinarians. Porcine Epidemic Diarrhea [WWW Document]. URL <http://www.aasv.org/aasv%20website/Resources/Diseases/PorcineEpidemicDiarrhea.php> (accessed 3.11.14).

Government of Canada, C.F.I.A., 2014. Update: Canadian Food Inspection Agency Investigation into Feed as a

Possible Source of Porcine Epidemic Diarrhea (PED) [WWW Document]. URL <http://www.inspection.gc.ca/animals/terrestrial-animals/diseases/other-diseases/ped/2014-03-03/eng/1393891410882/1393891411866> (accessed 3.11.14).

Kim, S.Y., Song, D.S., Park, B.K., 2001. Differential Detection of Transmissible Gastroenteritis Virus and Porcine Epidemic Diarrhea Virus by Duplex RT-PCR. *J. Vet. Diagn. Invest.* 13, 516–520.

Martelli, P., Lavazza, A., Nigrelli, A.D., Merialdi, G., Alborali, L.G., Pensaert, M.B., 2008. Epidemic of diarrhoea caused by porcine epidemic diarrhoea virus in Italy. *Vet. Rec.* 162, 307–310. doi:10.1136/vr.162.10.307.

Saif, L., Pensaert, M.B., Sestak, K., Yeo, S.G., and Jung, K., 2012. Coronaviruses. *Diseases of swine*, 10th edition. Edited by Zimmerman J, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW. 501-524.

Song, D., Park, B., 2012. Porcine epidemic diarrhoea virus: a comprehensive review of molecular epidemiology, diagnosis, and vaccines. *Virus Genes* 44, 167–175.

Conseils de lecture

Le BE vous recommande la lecture de deux articles, très faciles d'accès :



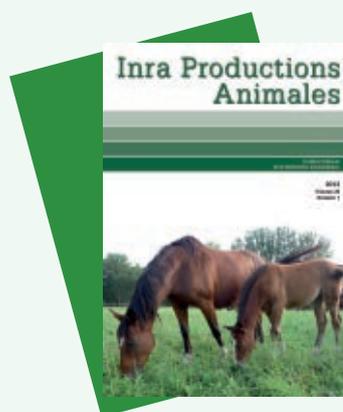
Vétérinaire praticien – vétérinaire acteur de la surveillance épidémiologique : deux activités, deux paradigmes à concilier

Les vétérinaires praticiens participent fréquemment à des dispositifs de surveillance épidémiologique, avec la mission de détecter les animaux suspects d'être atteints par les maladies surveillées, et de les inclure dans la surveillance. Or, ces deux activités de praticien et d'acteur de la surveillance reposent sur deux paradigmes différents. Face à un animal malade, le praticien essaie de maximiser la probabilité d'un diagnostic juste, tandis qu'il est demandé à l'acteur de la surveillance de maximiser l'inclusion de cas suspects dans les dispositifs de surveillance. L'analyse des difficultés et des problèmes qui naissent de la coexistence de ces deux activités permet aux auteurs de faire des propositions pour y pallier, tant au niveau de la formation initiale que de la formation continue des vétérinaires. Ces éléments doivent être pris en compte par les personnes en charge de la mise en œuvre et de l'animation des dispositifs de surveillance épidémiologique.

Cet article est paru dans la *Revue scientifique et technique de l'OIE* ; il est en accès libre :

http://web.oie.int/boutique/index.php?page=ficprod&id_prec=1186&id_produit=1338&lang=fr&fichrech=1

Rev. sci. tech. Off. int. Epiz., 2013, **32** (3) 619-628



Regard philosophique sur la causalité en épidémiologie – approche interdisciplinaire

Différentes pratiques et méthodes, depuis la conception de l'étude jusqu'à l'analyse statistique, permettent à l'épidémiologiste de cerner au mieux la nature causale de la relation entre facteur et maladie, mais celle-ci relève de l'interprétation, car des circonstances non causales peuvent aussi induire une relation, le hasard mais aussi l'effet d'autres facteurs connectés. La philosophie identifie trois niveaux de discussion dans l'usage de la notion de causalité : le problème kantien de la distinction entre réalité absolue et réalité perçue par l'Homme, étant donné ses facultés de connaissance ; le problème positiviste de la difficulté d'identifier des causes à partir de l'observation des phénomènes naturels, liaison entre phénomènes ne signifiant pas nécessairement succession causale ; le problème de l'induction, multiplier les expériences ne pouvant apporter de preuve définitive, les falsificationnistes proposant d'étudier la robustesse d'un résultat en le soumettant à de nouveaux tests visant à le réfuter. Il ressort de cette réflexion interdisciplinaire différents apports à la pratique de l'épidémiologie et plus généralement de la recherche en biologie : entre autres rechercher les contextes les plus à même de remettre en question le résultat ; établir une conjonction de résultats différents et complémentaires pour conforter l'hypothèse de causalité, ce qui est en lien avec les dix critères de causalité utilisés par les épidémiologistes pour évaluer et discuter la nature causale d'une relation. En définitive, avoir un regard critique sévère sur les résultats d'étude est la seule façon d'apporter du crédit à l'interprétation quant à la causalité d'une relation statistique significative.

Cet article est paru dans *Productions animales* ; il est en accès libre : <http://www6.inra.fr/productions-animales/2013-Volume-26/Numero-4-2013-pp.-301-384/Regard-philosophique-sur-la-causalite-en-epidemiologie-approche-interdisciplinaire>

Prod. Anim., 2013, **26** (4) 375-382

Erratum

Un lecteur attentif nous a signalé que les tableaux de l'article « Tuberculose bovine en France en 2012 : des signaux favorables mais une situation toujours complexe dans certaines zones » d'Alexandre Fediaevsky *et al.* du BE n° 59, spécial Maladies réglementées et émergences 2012, ne correspondaient pas aux données présentées dans le texte.

Ces tableaux ont été corrigés dans la version électronique en ligne, mais malheureusement le tirage papier avait déjà été réalisé et envoyé aux destinataires de la version papier.

Nous invitons donc les institutions qui ont diffusé des exemplaires papier à leurs administrés ou à leur réseau d'avertir les destinataires de cette erreur, et les inviter à se référer à la version mise en ligne.

Nous vous prions d'accepter toutes nos excuses pour cette erreur impardonnable.

Didier Calavas

Rédacteur en chef du BE

Directeur de publication: Marc Mortureux
Directeur associé: Patrick Dehaumont
Comité de rédaction: Sandrine Baron, Didier Boisseleau, Anne Brisabois, Corinne Danan, Françoise Gauchard, Pascal Hendrikx, Paul Martin, François Moutou, Sylvain Traynard
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
Webmaster du site du BE: Julien Vigneron
Anses - www.anses.fr
27-31 avenue du général Leclerc
94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel: bulletin.epidemie@anses.fr
Conception et réalisation: Parimage
Crédits photos : INRA, Fotolia
Impression: Bialec
65 boulevard d'Austrasie - 54000 Nancy
Tirage: 4000 exemplaires
Dépôt légal à parution/ISSN 1630-8018

