



# Bulletin épidémiologique

## Santé animale - alimentation

Juin 2016 trimestriel/numéro 74

### Page 2

Ré-émergence de la fièvre catarrhale ovine BTV-8 en France : bilan de la situation épidémiologique entre septembre et décembre 2015

### Page 8

Facteurs de risque de tuberculose bovine – une étude cas-témoins dans trois départements français (Ardennes, Côte d'Or et Dordogne)

### Page 12

Étude épidémiologique sur la tuberculose bovine chez le Chevreuil (*Capreolus capreolus*) en Dordogne

### Page 15

Évaluation du dispositif de surveillance épidémiologique d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard en France

### Page 19

Évaluation comparative de trois systèmes de surveillance de maladies infectieuses équine par la méthode Oasis flash et propositions d'améliorations

### Page 25

Situation épidémiologique de la fièvre de la Vallée du Rift en Afrique de l'Ouest et du Nord

### Page 31 - Brève

Situation épidémiologique de la peste des petits ruminants (PPR) en Europe de l'Est et au Moyen-Orient

### Page 32 - Brève

Cas de rage chez un chien en Guyane

## ÉDITORIAL

Dans ce numéro, un premier article fait une analyse détaillée des données de surveillance de l'épisode de fièvre catarrhale ovine (FCO) dû au virus BTV-8 détecté en France continentale à partir de septembre 2015, soit six ans après l'extinction de l'épizootie qui avait traversé le territoire entre 2006 et 2010. Les différentes modalités de surveillance développées très rapidement après la détection du premier foyer ont permis d'obtenir une vision assez précise de la situation épidémiologique. Cela a permis en connaissance de cause de mettre en place une surveillance adaptée pour l'année 2016.

Deux articles relatent des études épidémiologiques sur la tuberculose bovine. Le premier dresse un inventaire des facteurs de risque actuels d'introduction de la maladie dans les élevages de bovins en France, soulignant le rôle majeur des contacts directs ou indirects au pâturage ou dans des bâtiments d'élevage isolés, ce qui permettra de mieux cibler et adapter les mesures de surveillance, de biosécurité et de contrôle. Le second article confirme le rôle marginal du Chevreuil dans l'épidémiologie de la tuberculose bovine.

Développée par l'Anses, la méthode Oasis est la méthode adoptée par la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA) pour évaluer les dispositifs de surveillance. Elle est également utilisée au-delà de la Plateforme ESA, par exemple pour le dispositif de surveillance épidémiologique d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard en France ou encore pour évaluer de manière comparative trois systèmes de surveillance de maladies infectieuses équine, l'anémie infectieuse des équidés, l'artérite virale équine et la métrite contagieuse équine.

Dans le cadre de la Veille sanitaire internationale de la Plateforme ESA, deux articles font une synthèse de la situation épidémiologique pour deux maladies menaçant potentiellement le territoire, la fièvre de la vallée du Rift et la peste des petits ruminants.

Enfin, une brève relate un cas de rage desmodine en Guyane, démontrant le caractère protéiforme que peut prendre un cas de rage chez les carnivores, et la nécessaire vigilance au quotidien de la part des vétérinaires praticiens.

Le comité de rédaction

Le Bulletin épidémiologique est une publication conjointe de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail et de la Direction générale de l'Alimentation du ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt.



# Ré-émergence de la **fièvre catarrhale ovine BTV-8** en France : bilan de la situation épidémiologique entre septembre et décembre 2015

Laure Bournez (1)\* (laure.bournez@anses.fr), Corinne Sailleau (2), Emmanuel Bréard (2), Stéphan Zientara (2), Gina Zanella (3), Alexandra Troyano-Groux (4), Pascal Hendrikx (1)\*, Alexandre Fediaevsky (4)\*, Lisa Cavalerie (4)\*

(1) Anses, Unité de coordination et d'appui à la surveillance, Direction des laboratoires, Maisons-Alfort, France

(2) Anses, UPEC, Laboratoire de santé animale, UMR Anses, Inra, ENVA, Maisons-Alfort, France

(3) Anses, Unité d'épidémiologie, Laboratoire de santé animale de Maisons-Alfort, France

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

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

## Résumé

Un foyer de fièvre catarrhale ovine (FCO) dû au virus BTV-8 a été détecté en septembre 2015 dans un élevage de l'Allier, six années après le dernier cas détecté en France. Ce virus était apparu pour la première fois en Europe et en France en 2006 et s'était rapidement propagé sur l'ensemble du territoire en 2007 et 2008. Après plusieurs campagnes de vaccination et l'absence de détection du virus pendant deux années, la France avait été déclarée officiellement indemne de FCO en décembre 2012. Entre septembre et décembre 2015, la surveillance mise en place suite à la découverte du foyer de l'Allier (enquêtes programmées, renforcement de la surveillance événementielle, analyses sur les animaux sortant de la zone réglementée) a permis de détecter au total 149 foyers localisés au centre de la France. L'épizootie de 2015 est caractérisée par une faible circulation virale chez les animaux même au cœur de la zone infectée, induisant très peu de signes cliniques. La situation observée serait compatible avec une réémergence de la maladie.

## Mots-clés

Fièvre catarrhale ovine, surveillance, BTV-8, France

## Abstract

### **Re-emergence of BTV-8 bluetongue in France: review of the epidemiological situation between September and December 2015**

A bluetongue outbreak due to BTV-8 was detected in September 2015 on a farm in the Allier département, six years after the last BTV-8 outbreak. This virus appeared for the first time in Europe in 2006 and quickly spread throughout France in 2007 and 2008. After several vaccination campaigns and two years with no detected cases, France was officially declared "bluetongue-free" in December 2012. After the detection of BTV-8 virus in 2015, a new surveillance programme was launched (including national surveys, reinforcement of passive surveillance and tests on animals leaving restricted areas), which detected 149 outbreaks in central France between September and December 2015. This outbreak is characterised by low viral circulation and very few clinical signs in infected animals, which might suggest that it is in its initial phase.

## Keywords

Bluetongue disease, Surveillance, BTV-8, France

La fièvre catarrhale ovine (FCO) est une maladie vectorielle due au virus « Bluetongue » (BTV) transmise par des moucheron du genre *Culicoides*. Il existe 29 sérotypes du BTV (Zientara *et al.*, 2014; Maan *et al.*, 2015). Le BTV de sérotype 8 (BTV-8) est apparu pour la première fois dans le Nord de la France fin 2006 puis s'est rapidement propagé sur l'ensemble du territoire continental en infectant plus de 42 000 élevages entre 2007 et 2009 (Perrin *et al.*, 2015). La maladie a affecté les ruminants domestiques (bovins, ovins, caprins) et sauvages (essentiellement les cervidés). Deux campagnes de vaccination obligatoire (2008-2010) puis deux autres à l'initiative des éleveurs (2010-2012) ont été mises en place. Le dernier cas de FCO a été détecté en décembre 2009 et la France a été déclarée officiellement indemne de la maladie en décembre 2012. Le 2 septembre 2015, le

Laboratoire national de référence (LNR) de l'Anses Maisons-Alfort a confirmé un cas de FCO dû au virus BTV-8 dans l'Allier chez un bélier présentant des signes cliniques. Suite à la détection de ce foyer, une première enquête a été réalisée dans les 2 km autour du foyer afin d'évaluer l'étendue de la circulation virale autour de ce foyer. Les résultats de cette enquête ayant mis en évidence la présence du virus dans 11 des élevages sur 12 analysés dans cette zone, il a été décidé de mener une enquête à l'échelle nationale entre septembre et octobre 2015, afin de déterminer la distribution spatiale du virus BTV-8 en France. En parallèle, ont été renouvelés les messages de vigilance pour renforcer la surveillance événementielle (suspensions cliniques). Des zones réglementées avec restriction des mouvements ont été définies suite à la découverte de nouveaux foyers, conformément à la réglementation européenne. Des analyses réalisées sur des animaux lors de leur sortie de la zone réglementée ont permis de détecter une partie des foyers. L'objectif de cet article est de présenter l'ensemble des résultats de la surveillance de la FCO sur la période de septembre à décembre 2015 et de faire un bilan de la situation sanitaire.

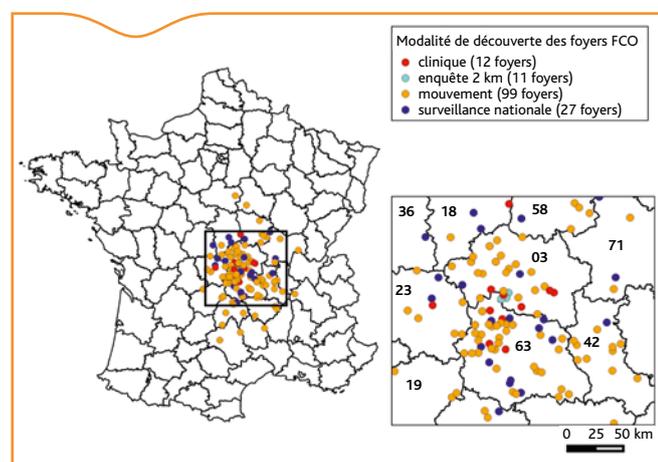


Figure 1. Répartition géographique des foyers de FCO BTV-8 détectés entre septembre et décembre 2015 par modalité de surveillance

## Découverte du premier foyer et enquête dans les élevages situés à proximité du premier foyer début septembre 2015

Le premier foyer a été découvert suite à une suspicion clinique chez un bélier de cinq ans dans un élevage mixte bovin-ovin de l'Allier (Sailleau *et al.*, 2015). Ce bélier a présenté le 21 août des signes cliniques évocateurs de la FCO : jetage, troubles pulmonaires et œdème de la face. Aucun autre animal de l'élevage n'a présenté de signes cliniques.

Afin de déterminer l'étendue et l'intensité de la circulation virale dans les élevages situés à proximité du premier foyer, des prélèvements

ont été réalisés sur tous les animaux du premier foyer et dans douze élevages situés dans une zone de 2 km autour du foyer. Tous les bovins et ovins du premier foyer ont été analysés en RT-PCR et en ELISA: 18 % des bovins (n=147) et 4 % des ovins étaient positifs en RT-PCR (n=175). Dans les douze autres élevages (huit élevages bovins, deux élevages ovins et deux élevages mixtes bovin et ovin), la proportion d'animaux analysés en RT-PCR par élevage a varié entre 9 et 100 %. Le virus a été détecté dans onze élevages. La prévalence animale, calculée en tenant compte de l'échantillonnage à deux degrés (sélection des élevages puis des animaux) avec le package survey du logiciel R, était de 10,3 % (IC 95 % [6,2 % - 14,3 %]) chez les bovins et de 3,9 % (IC95 % [1,8 % - 7,2 %]) chez les ovins. La médiane de la prévalence intra-troupeau était de 8 % chez les bovins et variait de 3 à 26 %, et de 4,8 % chez les ovins variant entre 3,4 et 7,7 %.

## Résultats de la surveillance mise en place entre septembre et décembre 2015

### Matériels et méthodes

#### Enquête programmée nationale du 16 septembre au 20 octobre 2015

Afin d'évaluer l'étendue géographique de l'infection par le virus BTV-8 en France, une enquête a été réalisée à l'échelle nationale. Elle a été réalisée entre le 16 septembre et le 20 octobre 2015 sur la base de prélèvements pour recherche virale par RT-PCR dans soixante élevages bovins par région administrative et trente bovins par élevage. Cette taille d'échantillonnage a été choisie afin de détecter avec une probabilité de 95 % la présence du virus: i) dans un troupeau si la prévalence intra-troupeau était d'au moins de 10 %, ii) dans la région administrative si la prévalence troupeau était supérieure à 5 % (en supposant une répartition géographique du virus homogène sur le territoire). Les élevages et les bovins ont été sélectionnés par tirage au sort. Le choix de l'enquête s'est porté sur les bovins étant donné la prévalence plus élevée chez cette espèce par rapport aux ovins ou caprins (Durand *et al.* 2010).

#### Renforcement de la surveillance événementielle

La surveillance événementielle a été renforcée par des messages de sensibilisation des éleveurs et vétérinaires. Elle repose sur l'analyse par RT-PCR de tout animal présentant des signes cliniques suspects de FCO (cf. l'instruction technique DGAL/SDSPA/2015-785).

Le nombre d'élevages pour lesquels au moins un animal a présenté des signes cliniques et a fait l'objet d'une recherche du virus BTV a été déterminé en croisant différentes sources d'informations: la liste des élevages suspects cliniques pour lesquels un mail d'alerte a été envoyé par la DDPP à la Mission des urgences sanitaires (MUS) de la DGAL, la liste extraite de Sigal (système d'information de la DGAL) des élevages mis sous arrêté préfectoral de mise sous surveillance (APMS) pour suspicion clinique, la liste des analyses réalisées pour suspicion clinique par le LNR et la liste des analyses réalisées pour suspicion clinique par les laboratoires départementaux d'analyse (LDA), enregistrées dans Sigal et transmises au CSD-ESA<sup>(1)</sup>.

#### Analyses des animaux en sortie de zone réglementée

Des zones réglementées (ZR) ont été définies, en application du règlement CE 1266/2007, suite à la découverte des foyers afin d'empêcher la diffusion du virus par les mouvements d'animaux infectés hors de la zone infectée. Du 2 septembre au 15 octobre, elles étaient constituées de périmètres d'interdiction de 20 km de rayon autour des foyers, d'une zone de protection coalescente de 100 km de rayon autour des foyers, prolongée d'une zone de surveillance de 50 km de large. À compter du 15 octobre, il a été décidé de fusionner

les différentes zones en une seule zone de 150 km de rayon autour des foyers, au sein de laquelle les mouvements de ruminants ont été autorisés. La ZR a ensuite été étendue à la faveur de la détection de foyers dans de nouveaux territoires. Elle couvrait respectivement 29 % (188984 km<sup>2</sup>) et 45 % (289921 km<sup>2</sup>) de la superficie de la France continentale au 15 octobre et 31 décembre 2015.

La sortie des ruminants hors de la ZR n'a été autorisée que sous certaines conditions comme prévu par le règlement 1266/2007. Certaines d'entre elles impliquaient des analyses PCR sur les animaux: i) mouvements nationaux de la ZR vers la zone indemne (ZI) pour les animaux destinés à l'élevage ou à l'engraissement, ii) les petits ruminants en transhumance, iii) les animaux reproducteurs à destination d'un centre de sélection ou utilisés pour la collecte de semence, iv) certains animaux destinés à l'exportation en fonction des conditions de certification des pays destinataires. Seuls les résultats des élevages ayant au moins un animal testé positif sont présentés ici.

### Analyses de laboratoire et définition d'un foyer

Un élevage a été considéré comme infecté si au moins un animal présentait un résultat positif en RT-PCR de groupe (détectant tous les sérotypes de virus BTV). Les analyses ont été réalisées par les LDA et ont consisté en une analyse par RT-PCR de groupe et en cas de résultat positif, une analyse par RT-PCR type 8, spécifique du BTV-8. Dans les départements pour lesquels aucun foyer n'avait encore été détecté, les prélèvements positifs ont été envoyés au LNR pour confirmation. Dans les départements infectés, un élevage était considéré comme infecté sur la base de résultats positifs en RT-PCR de groupe rendus par le LDA. À partir du 13 novembre, il a été décidé que les échantillons présentant des résultats RT-PCR faiblement positif (valeur du Ct supérieure à 35) devaient être envoyés au LNR pour confirmation. Si nécessaire, des analyses supplémentaires ont été conduites sur les animaux de l'élevage suspect afin de déterminer son statut. En cas de suspicion clinique chez des animaux localisés dans des départements non infectés, les prélèvements devaient être envoyés directement au LNR.

### Résultats

#### Nombre total de foyers

Au total, 149 foyers ont été détectés dans seize départements entre fin août et décembre 2015: onze lors de la première enquête initiale réalisée dans les 2 km autour du premier foyer, 27 lors de l'enquête nationale, onze par la surveillance événementielle sur des suspicions cliniques, 100 lors des tests réalisés à l'exportation ou lors de rassemblements d'animaux (Figure 1). Ces foyers représentaient 138 élevages de bovins, trois élevages d'ovins, sept élevages mixtes bovin-ovin ou bovin-ovin-caprin et un élevage ovin-caprin.

En moyenne neuf foyers (entre 0 et 23) ont été détectés chaque semaine entre septembre et décembre 2015 (Figure 2). En septembre, les foyers ont principalement été détectés par les enquêtes programmées alors

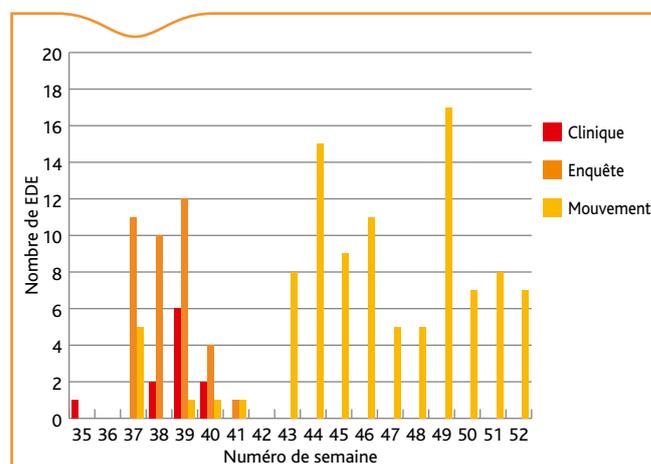
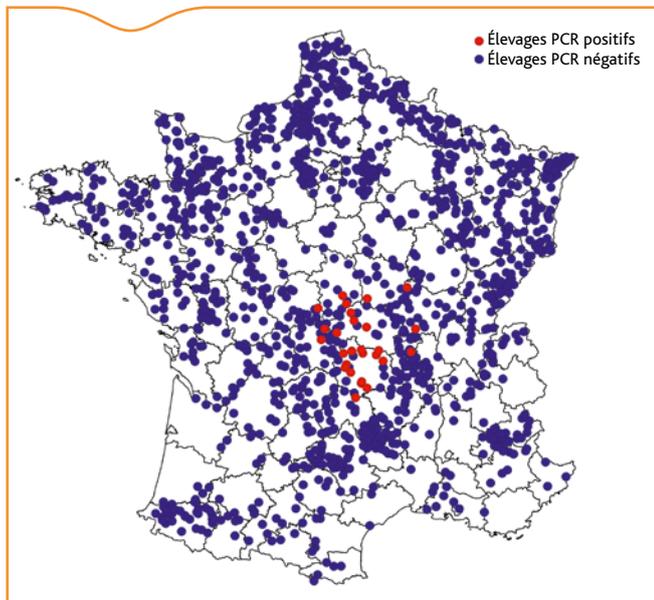


Figure 2. Nombre de foyers détectés par semaine et par modalité de surveillance entre début septembre (semaine 36) et fin décembre (semaine 53) 2015 en France

(1) Le Centre de service des données de la Plateforme ESA permet d'accéder aux données de Sigal issues des EDI-SACHA (échanges de données informatisés sur les analyses de laboratoire) pour certaines maladies dont la FCO.



**Figure 3.** Résultats de la surveillance programmée réalisée entre le 16 septembre et le 20 octobre 2015

qu'à partir de mi-octobre des foyers ont été détectés à partir des analyses réalisées sur les animaux en procédure d'autorisation de sortie de la zone réglementée.

Hormis deux foyers trouvés dans le Loiret et l'Yonne, les foyers étaient situés dans une zone de 300 à 350 km de diamètre englobant le Puy-de-Dôme, l'Allier, la Creuse, le Cantal, le Cher, l'Indre, la Loire, la Haute-Loire, la Nièvre, la Saône-et-Loire, la Corrèze, l'Aveyron, l'Isère et la Lozère (Figure 1 et Tableau 1).

#### Enquête programmée nationale du 16 septembre au 20 octobre 2015

Dans le cadre de cette surveillance nationale programmée, les résultats de dépistage FCO sont disponibles pour 1338 élevages et 39 513 bovins situés dans 89 départements (Figure 3). Le taux de réalisation a été supérieur à 88 % dans toutes les régions. Sur les 21 régions administratives concernées, le nombre d'élevages à prélever a été atteint voire dépassé dans dix-sept régions (entre 60 et 80 élevages prélevés). Seuls onze prélèvements réalisés étaient de mauvaise qualité et n'ont pas pu être analysés (soit 0,03 %). La répartition géographique

des élevages prélevés (Figure 3) reflète les variations géographiques de la densité des élevages bovins en France (Figure 4). Pour 93 % des élevages (1243/1338), le nombre d'animaux analysés était situé entre 27 et 33, et donc conforme au protocole d'enquête. Pour les 95 élevages restants, le nombre d'analyses est largement supérieur au nombre prévu dans onze élevages ou inférieur dans 84 élevages dont quatre élevages avec moins de dix animaux analysés.

Dans le cadre de cette enquête, 27 élevages (56 animaux) situés dans neuf départements, le Puy-de-Dôme, l'Allier, la Creuse, le Cantal, le Cher, l'Indre, la Loire, la Nièvre et la Saône-et-Loire ont été trouvés positifs en PCR BTV-8 (Figure 3). La prévalence troupeau était la plus élevée dans le Puy de Dôme (50 %, IC95 % [29,9 %-70,1 %]) et dans l'Allier (26,7 %, IC95 % [7,8 % - 55,1 %]) (Tableau 1). À l'échelle animale, la prévalence, calculée en tenant compte du plan de sondage à deux degrés (sélection des élevages dans les départements puis sélection des animaux dans les élevages) avec le package survey du logiciel R (Lumley, 2014; R Core Team, 2015), était inférieure à 5 % dans ces deux départements.

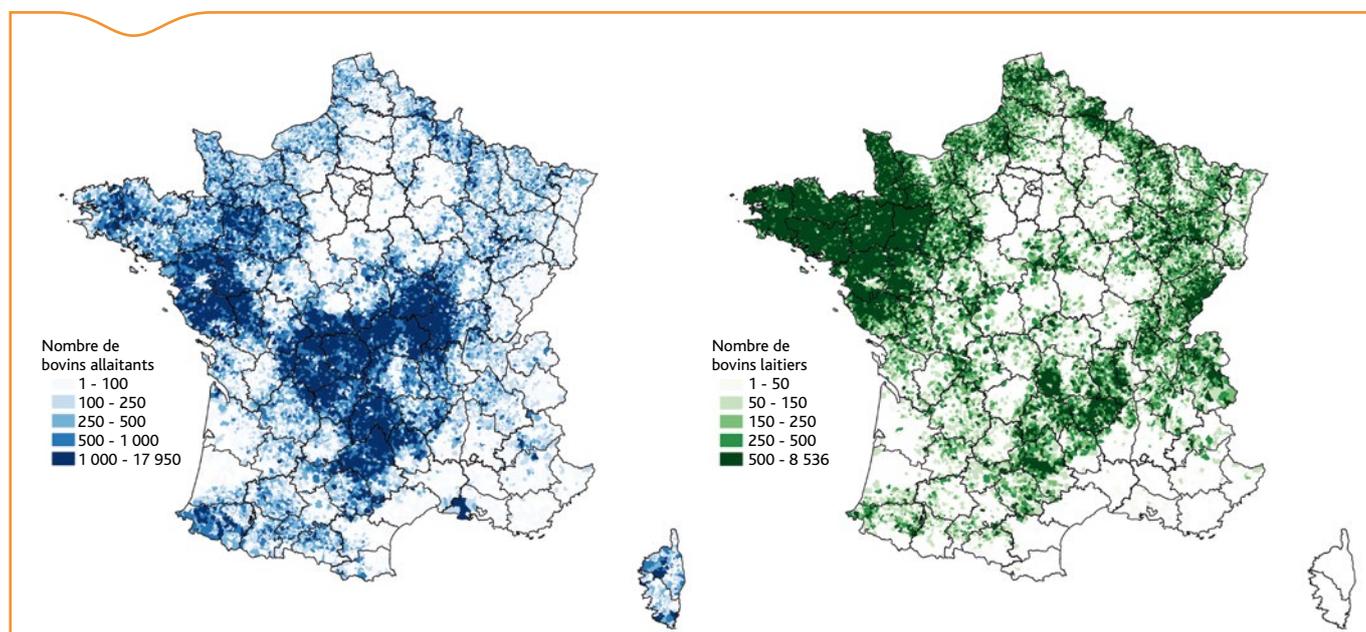
L'objectif de l'enquête n'était pas de déterminer le taux de prévalence intra-troupeau. Toutefois, le nombre d'animaux positifs détecté dans les élevages échantillonnés est un indicateur du degré d'atteinte intra-troupeau. Ce nombre varie entre un et dix dans les élevages infectés avec un ou deux animaux détectés positif dans la majorité des élevages (21 élevages, soit 78 % des élevages infectés). Dans ces élevages, la prévalence intra-troupeau était donc inférieure à 10 % en tenant compte de l'intervalle de confiance, calculé par la loi hypergéométrique.

#### Résultats de la surveillance événementielle

Entre le 1<sup>er</sup> septembre et le 31 décembre 2015, des animaux issus de 421 élevages de 74 départements ont présenté des signes cliniques évocateurs de FCO. Trois ovins et huit bovins issus de onze élevages dans l'Allier, la Creuse, le Puy-de-Dôme et le Cher ont été ainsi confirmés infectés par le virus BTV-8.

Les animaux suspects des 409 autres élevages étaient négatifs. Les résultats d'analyses ou les renseignements sur l'espèce et le nombre d'animaux étaient disponibles pour 366 élevages (87 % des élevages suspects). Pour ces élevages, des analyses ont été réalisées sur 382 bovins, 196 ovins et deux caprins. Pour 88 % des élevages, un à deux animaux par élevage ont été analysés lors d'une suspicion clinique.

De mi-septembre à fin novembre 2015, le nombre d'animaux suspects cliniques par semaine et ayant fait l'objet d'une analyse PCR pour la FCO a varié entre 20 et 70, avec un pic du nombre de suspicions situé



**Figure 4.** Densités de bovins allaitants (à gauche) et laitiers en France (à droite)

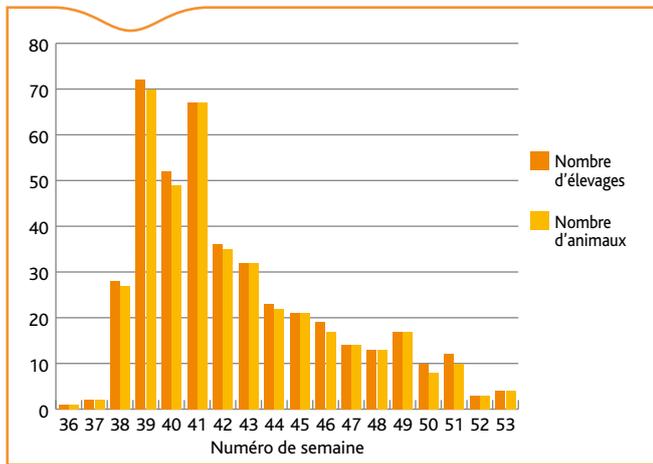


Figure 5. Nombre d'élevages et d'animaux suspects cliniques de FCO par semaine, pour lesquels une analyse a été réalisée entre début septembre (semaine 36) et fin décembre (semaine 53) 2015

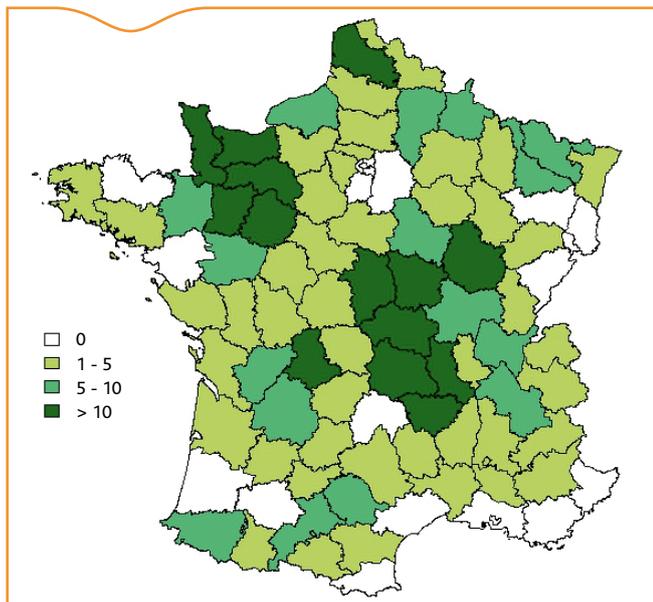


Figure 6. Résultats de la surveillance événementielle: nombre d'élevages ayant été testés pour la FCO suite à une suspicion clinique entre le 1<sup>er</sup> septembre et le 31 décembre 2015

entre mi-septembre et mi-octobre (Figure 5). Le nombre de suspicions cliniques analysées a donc sensiblement augmenté en comparaison de 2014, où à la même période, entre septembre et décembre, seulement 104 animaux faisant l'objet d'une suspicion clinique avaient été analysés. Cette augmentation de la vigilance a concerné l'ensemble du territoire métropolitain puisque 85 % des départements (sans compter les départements de l'Île-de-France) ont rapporté et analysé au moins un animal présentant des signes cliniques évocateurs de FCO (Figure 6). Le nombre de suspicions cliniques analysées a été plus important (entre 10 et 20 élevages analysés) dans deux zones géographiques: dans les départements du bassin allaitant du centre de la France (Allier, Nièvre, Cher, Puy-de-Dôme, Loire, Haute-Loire) situés au cœur de la zone infectée et dans les départements de la Normandie et du nord de la région Pays de la Loire, situés en zone indemne de FCO.

## Discussion

La FCO est une maladie à transmission vectorielle, par les culicoïdes, qui ont une activité saisonnière marquée par une quasi-absence d'adultes durant la période hivernale. Une surveillance entomologique des populations de culicoïdes a été mise en place sur toute la France à partir du 16 novembre et a montré l'absence de femelles pares pouvant transmettre le virus d'un animal à l'autre à partir de début décembre dans une partie de la zone réglementée et à partir du 6 janvier 2016 dans toute la zone réglementée, à l'exception du département de l'Aude. Ainsi, entre septembre et décembre (début ou fin décembre selon les zones géographiques), le virus a pu continuer à circuler et être dispersé par les culicoïdes. Durant cette période, 149 foyers de FCO à BTV-8 ont été détectés dans le centre de la France par RT-PCR, au cœur du bassin bovin allaitant, dans une zone de 350 à 400 km de diamètre (16 départements infectés au total). La date d'infection de ces animaux positifs en RT-PCR ne peut pas être déterminée avec précision, et se situerait entre quatre jours et six mois avant la date du prélèvement. En effet, la durée de détection du génome viral du virus BTV-8 par RT-PCR est longue, de quatre à six mois après infection, d'après des études expérimentales et de suivi en conditions d'élevage d'animaux ayant présenté des signes cliniques (Di Gialleonardo *et al.*, 2011; Zanella *et al.*, 2013). Les valeurs du Ct de la RT-PCR ne permettent pas non plus de dater l'infection. Ainsi, l'infection des élevages détectés a pu avoir lieu entre avril et décembre.

L'enquête nationale réalisée en septembre et octobre 2015 avait pour objectif de déterminer les zones géographiques concernées par une circulation virale. Considérant la prévalence troupeau élevée mise

Tableau 1. Résultats de l'enquête nationale FCO à BTV-8 (RT-PCR) de septembre à octobre 2015 par département

Département	Nombre de foyers au 31 décembre 2015*	Nombre d'élevages		Nombre d'animaux		Prévalence au niveau troupeau (%) (IC 95 %)	Prévalence au niveau animal (%) (IC 95 %)
		Analysés	Positifs	Analysés	Positifs		
Allier	41	15	4	450	15	26,7 [7,8-55,1]	1,8 [0 - 4]
Aveyron	2	16	0	476	0	0 [0 - 20]	
Cantal	7	21	1	621	1	4,8 [0,1 - 23,8]	0,2 [0 - 0,7]
Cher	4	15	2	450	2	13,3 [1,7 - 40,5]	0,2 [0 - 0,7]
Corrèze	2	21	0	600	0	0 [0 - 16,1]	
Creuse	9	18	2	537	2	11,1 [1,4 - 34,7]	0,3 [0 - 0,8]
Indre	1	20	1	588	1	5 [0,1 - 24,9]	0,1 [0 - 0,4]
Isère	1	9	0	239	0	0 [0 - 33,6]	
Loire	11	28	1	821	4	3,6 [0,1 - 18,3]	0,1 [0 - 0,3]
Haute-Loire	3	10	0	299	0	0 [0 - 30,8]	
Loiret	1	5	0	140	0	0 [0 - 60]	
Lozère	1	42	0	1240	0	0 [0 - 8,4]	
Nièvre	7	16	1	469	5	6,3 [0,2 - 30,2]	0,3 [0 - 0,9]
Puy-de-Dôme	53	26	13	791	24	50 [29,9 - 70,1]	2,8 [0,2 - 5,4]
Saône-et-Loire	5	30	2	901	2	6,7 [0,8 - 22,1]	0,2 [0 - 0,7]
Yonne	1	6	0	179	0	0 [0 - 45,9]	

\*cumul des trois modalités de surveillance (clinique, enquêtes programmées, mouvements d'animaux)

en évidence par la première série de prélèvements effectués dans le rayon de 2 km autour du cas index, l'hypothèse a été faite que l'infection avait pu circuler largement et que le cas index n'était pas nécessairement au centre de la zone infectée. L'échantillonnage a donc été défini pour détecter un seuil de prévalence limite de 5 % à l'échelle régionale en faisant l'hypothèse d'un risque géographique régional homogène. Les résultats obtenus ont permis de mettre en évidence l'hétérogénéité du risque géographique avec un cœur de zone infectée à un niveau de prévalence plus élevé (Allier et Puy-de-Dôme) que la périphérie (Cantal, Cher, Creuse, Indre, Loire, Nièvre, Saône-et-Loire). Il est intéressant de noter que le premier foyer détecté est situé dans ce cœur de zone infectée. La délimitation spatiale de la circulation virale obtenue par ce plan de surveillance trouve ses limites dans le seuil de détection de la prévalence prévu par le dispositif et le fait que tous les troupeaux de la région n'étaient pas en réalité soumis au même risque d'infection. Ainsi, il est donc possible que dans certaines zones la présence du virus n'ait pas été détectée s'il circulait à une trop faible intensité. À partir de fin octobre, les contrôles réalisés sur des animaux quittant la zone réglementée ont permis de détecter des foyers dans neuf autres départements, et en particulier un nombre plus important de foyers situés dans la zone au sud et sud-est (Cantal, Lozère, Aveyron, Isère, Loire, Haute-Loire) de celle qui avait été identifiée comme infectée lors de l'enquête programmée. Il est cependant difficile de savoir si dans ces départements, le virus y était déjà présent et circulait à bas bruit ou bien si ces foyers reflètent une dispersion plus récente du virus par les vecteurs ou par les mouvements d'animaux infectés. On peut cependant noter la relativement bonne concordance des résultats de l'enquête programmée de septembre-octobre avec la localisation des foyers détectés par la suite : dans les départements où aucun foyer n'avait été détecté lors de l'enquête programmée, seuls un ou deux foyers ont été détectés par la suite suggérant une circulation virale très faible dans ces départements.

Le nombre de foyers détectés en 2015 est faible en comparaison du nombre de foyers détectés en 2007 et 2008 (plus de 15 000 foyers par an). En septembre-octobre 2015, le département du Puy-de-Dôme a été le plus infecté avec une prévalence troupeau estimée de 50 % (IC 95 % [29,9 % - 70,1 %]) et une prévalence au niveau animal de 2,8 % (IC 95 % [0,2 % - 5,4 %]). Il est cependant probable que localement la prévalence puisse être plus élevée comme dans la zone située dans les 2 km autour du premier foyer où la prévalence animale chez les bovins était plus élevée, estimée à 10,3 % (IC 95 % [6,2 % - 14,3 %]). Le niveau de prévalence estimée en 2015 reste inférieur au niveau de prévalence observée précédemment dans les zones les plus infectées comme dans le Nord de la France pendant l'hiver 2007-2008 (Durand *et al.*, 2010) ou en Belgique pendant l'hiver 2006-2007 (Méroc *et al.*, 2008). Alors que le virus avait été détecté à la même période de l'année dans ces zones (juillet-août) et y avait circulé pendant au moins cinq à six mois, le niveau de séroprévalence troupeau durant l'hiver suivant était de 80 à 100 % et la séroprévalence au niveau animal de 60 à 100 %. Ainsi, le niveau de prévalence PCR et la distribution spatiale du virus observée en 2015 semblent indiquer que l'on pourrait être au début d'une nouvelle épizootie qui s'amplifiera probablement en 2016. L'immunité partielle du cheptel due à la fois à l'infection naturelle des animaux de 2006 à 2009 et à la vaccination jusqu'en 2012 a probablement réduit la dynamique de l'épizootie et donc le nombre de foyers constatés. En effet, une proportion élevée (>70 %) de résultats séropositifs a été constatée chez des animaux nés avant juillet 2010 (période de fin de la campagne de vaccination obligatoire) lors d'analyses réalisées au cours de la surveillance sérologique entre 2013 et avril 2015 ou d'investigations dans quelques élevages en 2015. Des études complémentaires sont actuellement en cours pour estimer le niveau de protection immunitaire des bovins. Compte-tenu du nombre très limité de doses vaccinales disponibles sur le marché au mois de septembre 2015, une vaccination à visée de contrôle sanitaire n'a pas pu être mise en œuvre. Les doses disponibles ont alors été orientées vers les animaux destinés à l'exportation ou aux échanges intra-communautaires. Il est donc très peu probable que la vaccination réalisée en 2015 ait pu avoir un effet sur la circulation et

la dispersion du virus. En revanche, il est attendu qu'en 2016 des doses soient disponibles pour une vaccination volontaire pour protéger de façon individuelle les cheptels (en priorité ovins) ce qui pourra avoir une incidence sur la dynamique de la maladie.

Bien que le nombre de suspicions cliniques analysées pour la FCO ait augmenté fortement après la découverte du premier foyer et en particulier dans les zones infectées, très peu de foyers ont été détectés suite à ces suspicions en 2015 (7 % des foyers). Le taux de confirmation suite à une suspicion clinique a été faible de septembre à décembre à l'échelle de la France (3 %) et de 23 % (10 foyers sur 44 suspicions cliniques) dans les quatre départements situés au cœur de la zone infectée (Puy-de-Dôme, Allier, Creuse et Loire). Seulement douze animaux atteints cliniquement par la FCO ont été détectés (un animal par élevage) et aucune mortalité liée à la FCO n'a été décrite. Ces chiffres sont également confortés par les observations remontées du terrain sur l'absence de signes cliniques apparents dans les foyers de FCO détectés par la surveillance programmée. En 2007 et 2008, les foyers étaient principalement détectés suite à des suspicions cliniques. Cependant, des études *a posteriori* ont montré que seule une faible proportion des élevages et des animaux infectés était en réalité cliniquement atteinte. Ainsi, moins de 8 % des élevages infectés en Belgique durant l'hiver 2006-2007 (Méroz *et al.* 2008) et dans quatre départements en France sur cinq étudiés durant l'hiver 2007-2008 (Durand *et al.* 2010) ont présenté des signes cliniques. De même, en Allemagne, il a été estimé un taux de morbidité chez les bovins de 2 % et chez les ovins de 6 % en 2006 et 2007 (Conraths *et al.*, 2009). En France, en 2015, le nombre total d'élevages et d'animaux infectés en 2015 n'est pas connu précisément. Il est donc difficile de déterminer si cette nouvelle épizootie entraîne moins de signes cliniques chez les bovins en comparaison de celle de 2007-2008 étant donné les sous-estimations éventuelles du nombre de cas cliniques et du nombre d'animaux infectés.

En conclusion, les données de la surveillance FCO en France métropolitaine en 2015 indiquent une circulation virale de faible intensité chez les animaux, délimitée géographiquement, avec un épigéocentre qui serait situé entre l'Allier et le Puy-de-Dôme, entraînant actuellement peu de signes cliniques. Cette image est compatible avec un début de ré-émergence de la maladie localisée initialement dans la zone Allier et Puy-de-Dôme. Le séquençage du virus montre une homologie à 99,9 % avec la souche qui a circulé en Europe en 2007 et 2008. Le virus n'étant pas actuellement détecté dans d'autres pays, il est très probable qu'il se soit maintenu à bas bruit chez les ruminants domestiques en France depuis 2008. La circulation du virus a pu passer inaperçue du fait, d'une part, de l'absence de signes cliniques chez les animaux : une grande partie de la population bovine et ovine était immunisée (par une infection naturelle ou par la vaccination), et d'autre part, de l'impossibilité de détecter une très faible circulation virale par le dispositif de surveillance programmée mis en place. Les conditions actuelles, liées à la proportion grandissante d'hôtes naïfs vis-à-vis du BTV-8 (renouvellement de la population) et éventuellement aux conditions météorologiques favorables aux populations de culicoides, ont probablement permis une amplification de la circulation virale en 2015. Le rôle de la faune sauvage dans l'épidémiologie du virus BTV-8, et notamment des cerfs (seule espèce sensiblement infectée par le virus BTV-8), n'est pas connu précisément mais des premières études suggéraient un rôle limité dans la persistance de la circulation du virus BTV-8 (Rossi *et al.*, 2014). Des études complémentaires sont nécessaires pour savoir si le virus a persisté à bas bruit uniquement au cœur de la zone infectée actuelle ou également dans d'autres régions, pour préciser le rôle éventuel de la faune sauvage notamment comme relais dans la transmission du virus, et étudier les facteurs qui ont favorisé la ré-émergence du virus dans cette zone.

Avec la reprise de l'activité des vecteurs au printemps, il est probable que l'on observe en 2016, une extension de la distribution du virus, même s'il est difficile de prédire actuellement à quelle vitesse, étant donné qu'une partie des animaux sera protégée (ayant été naturellement infectés ou vaccinés lors de la dernière épizootie, ou bien vaccinés en 2016). L'enquête programmée réalisée en septembre-octobre a permis d'avoir une première estimation de la distribution du

virus. Cette dernière a pu être sous-évaluée dans les zones où le virus circulait à faible intensité ou a pu évoluer depuis l'enquête réalisée. La nouvelle surveillance programmée mise en place durant l'hiver 2015-2016 a pour objectifs: d'actualiser la connaissance de la distribution spatiale du virus durant l'hiver 2015-2016, de démontrer l'existence de zones saisonnièrement indemnes de FCO dans la zone réglementée, et d'estimer la séroprévalence sur le territoire national afin de préciser le statut immunologique du cheptel et son niveau de protection vis-à-vis du sérotype 8. Il est également intéressant de noter l'absence de détection d'autres sérotypes de FCO dans les prélèvements analysés, en particulier du sérotype 1 qui était présent sur le territoire français entre 2007 et 2010.

## Remerciements

Les auteurs remercient l'ensemble des partenaires et acteurs impliqués dans la surveillance de la FCO, en particulier Jean-Baptiste Perrin, Philippe Gay et Séverine Rautureau (DGAL-BSA), ainsi que les membres du groupe de suivi de cette thématique au niveau de la Plateforme ESA.

## Références bibliographiques

Conraths, F.J., Gethmann, J.M., Staubach, C., Mettenleiter, T.C., Beer, M., Hoffmann, B., 2009. Epidemiology of bluetongue virus serotype 8, Germany. *Emerg. Infect. Dis.* 15, 433.

Di Gialleonardo, L., Migliaccio, P., Teodori, L., Savini, G., 2011. The length of BTV-8 viraemia in cattle according to infection doses and diagnostic techniques. *Res. Vet. Sci.* 91, 316-320.

Durand, B., Zanella, G., Biteau-Coroller, F., Locatelli, C., Baurier, F., Simon, C., Le Dréan, E., Delaval, J., Prengère, E., Beauté, V., 2010. Anatomy of bluetongue virus serotype 8 epizootic wave, France, 2007-2008. *Emerg. Infect. Dis.* 16, 1861.

Lumley, T. (2014). Survey: analysis of complex survey samples. R package version 3.30.

Maan, S., Maan, N.S., Belaganahalli, M.N., Rao, P.P., Singh, K.P., Hemadri, D., Putty, K., Kumar, A., Batra, K., Krishnajyothi, Y., Chandel, B.S., Reddy, G.H., Nomikou, K., Reddy, Y.N., Attoui, H., Hegde, N.R., Mertens, P.P., 2015. Full-Genome Sequencing as a Basis for Molecular Epidemiology Studies of Bluetongue Virus in India. *PLoS One* 10, e0131257

Méroc, E., Faes, C., Herr, C., Staubach, C., Verheyden, B., Vanbinst, T., Vandebussche, F., Hooyberghs, J., Aerts, M., De Clercq, K., 2008. Establishing the spread of bluetongue virus at the end of the 2006 epidemic in Belgium. *Vet. Microbiol.* 131, 133-144.

Perrin, J.-B., Desvaux, S., Sailleau, C., Bréard, E., Viarouge, C., Bournez, L., Zientara, S., 2015. Fièvre catarrhale ovine en 2014: maintien du statut indemne en France continentale, maîtrise de l'épizootie de sérotype 1 en Corse. *Bull. Épid. Santé Anim. Alim.* 71, 41-44.

R Development Core team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing; 2015. <http://www.R-project.org/>.

Rossi, S., Pioz, M., Bréard, E., Durand, B., Gibert, P., Gauthier, D., Klein, F., Maillard, D., Saint-Andrieux, C., Saubusse, T., 2014. Bluetongue dynamics in French wildlife: exploring the driving forces. *Transbound. Emerg. Dis.* 61, e12-e24.

Sailleau, C., Bréard, E., Viarouge, C., Vitour, D., Romey, A., Garnier, A., Fablet, A., Lowenski, S., Gorna, K., Caignard, G., 2015. Re Emergence of Bluetongue Virus Serotype 8 in France, 2015. *Transbound. Emerg. Dis.* doi: 10.1111/tbed.

Zanella, G., Martinelle, L., Guyot, H., Mauroy, A., De Clercq, K., Saegerman, C., 2013. Clinical Pattern Characterization of Cattle Naturally Infected by BTV-8. *Transbound. Emerg. Dis.* 60, 231-237.

Zientara, S., Sailleau, C., Viarouge, C., Höper, D., Beer, M., Jenckel, M., Hoffmann, B., Romey, A., Bakkali-Kassimi, L., Fablet, A., 2014. Novel bluetongue virus in goats, Corsica, France, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 20, 2123.

# Facteurs de risque de tuberculose bovine – une étude cas-témoins dans trois départements français (Ardennes, Côte d'Or et Dordogne)

Maud Marsot (1), Benoit Durand (1), Axelle Scoizec (2), Marina Béral (3), Yoann Mathevon (4), Aurélie Courcou (1) (aurelie.courcou@anses.fr)

(1) Université Paris-Est, Anses, Laboratoire de santé animale, Unité Epidémiologie, Maisons-Alfort, France

(2) DRAAF Aquitaine, Cellule inter-régionale d'épidémiologie vétérinaire, Bordeaux, France

(3) DRAAF Bourgogne-Franche-Comté, Service régional de l'alimentation, Dijon, France

(4) GDS Dordogne, Périgueux, France

## Résumé

La France fait face à une augmentation du nombre de foyers incidents de tuberculose bovine (TB) dans certaines zones. L'éradication de la TB dans ces zones nécessite la connaissance des facteurs de risque d'infection de la maladie. Bien que plusieurs études aient été menées pour identifier ces facteurs de risque, aucune n'a été réalisée en France. L'objectif de ce travail était d'étudier les facteurs de risque d'infection par la TB des élevages bovins des Ardennes, de Côte-d'Or et de Dordogne. Une étude cas-témoins a été menée à partir d'un questionnaire principalement axé sur les pratiques d'élevage, et les contacts directs et indirects entre troupeaux. D'autres variables d'intérêt ont été collectées en lien avec les mouvements d'animaux entre élevages et le contact entre bovins et faune sauvage. Une régression logistique a été réalisée sur 216 élevages (72 cas et 144 témoins). Les principaux facteurs de risque étaient le voisinage de pâtures avec des troupeaux ayant été récemment infectés et la présence de bâtiments d'élevage ou de stockage éloignés de zones habitées. Ces résultats soulignent l'importance majeure de la contamination des bovins par la TB au pâturage et des contacts directs et indirects entre bovins et faune sauvage dans la circulation de la TB des trois départements étudiés. Cette étude permet de cibler et d'adapter les mesures de surveillance, de biosécurité et de contrôle de la TB.

## Mots-clés

Tuberculose bovine, facteur de risque, étude cas-témoins, bovins, France

## Abstract

### **Risk factors for bovine tuberculosis – A case-control study in three French départements (Ardennes, Côte d'Or and Dordogne)**

*France is experiencing an increase in the incidence and geographical spread of bovine tuberculosis (bTB). To eradicate bTB from infected regions, it is essential to accurately know the infection risk factors. Although several studies identifying bTB risk factors were conducted, no information was available in France up to date. The objective of this work was to study the factors associated with the risk of bTB in cattle herds in the three French départements. A case-control study was conducted based on a questionnaire on farming practices and direct and indirect between-herd contacts. Other variables of interest related to animal movements between farms and to contacts between herds and wildlife were collected. A multivariate logistic regression was then implemented on 216 herds (72 cases and 144 controls). The two main risk factors identified were having a neighboring herd at pasture that had been recently infected and having a remote farm building. These results highlighted the major influence of cattle contamination at pastures and of direct or indirect contacts between wildlife and cattle on the bTB spread in the French departments studied. This study could help the decision-makers to implement adapted and targeted surveillance, biosecurity and control measures in France.*

## Keywords

*Bovine tuberculosis, Risk factors, Case-control study, Cattle, France*

La tuberculose bovine (TB) est une infection zoonotique causée principalement par *Mycobacterium bovis*. Même si la France est officiellement indemne de tuberculose bovine depuis 2001, l'infection n'est pas absente du territoire. Depuis quelques années, les autorités vétérinaires font face à une augmentation du nombre de foyers incidents qui sont passés d'une cinquantaine à une centaine par an, avec une concentration dans certaines zones de Côte d'Or, de Dordogne, des Ardennes, des Pyrénées-Atlantiques et des Landes. L'infection a été également mise en évidence chez certaines espèces d'animaux sauvages (sangliers, cerfs et blaireaux, Fediaevsky *et al.*, 2014), ce qui rend son contrôle plus complexe. Début 2014, la situation était globalement stationnaire; il n'y avait pas de diffusion importante de l'infection mais des difficultés subsistaient pour la contrôler dans les zones infectées. L'éradication de la TB de ces territoires semble donc nécessiter une meilleure connaissance des facteurs de risque d'infection dans ces zones.

Plusieurs études ayant pour objectif de déterminer les facteurs de risque d'infection par *Mycobacterium bovis* en élevage bovin ont été menées, notamment au Royaume-Uni et en Espagne (Humblot *et al.*, 2009; Skuce *et al.*, 2012). Les facteurs de risque mis en évidence concernent le plus souvent les mouvements de bovins (Bessell *et al.*, 2012), le voisinage au pâturage (Humblot *et al.*, 2010; White *et al.*, 2013; Wright *et al.*, 2015), les pratiques d'élevage (Johnston *et al.*, 2011; Martínez-López *et al.*, 2014), les antécédents de tuberculose bovine (Bessell *et al.*, 2012) et la faune sauvage (Bessell *et al.*, 2012; Martínez-López *et al.*, 2014). Étant donné que les situations britannique, espagnole et française

sont différentes (configurations et pratiques d'élevage, modalités de surveillance de la TB, densités des populations et prévalence d'infection chez les animaux domestiques et dans la faune sauvage), il est apparu nécessaire de déterminer si les facteurs de risque mis en évidence à l'étranger étaient retrouvés en France et si certaines caractéristiques ou pratiques des élevages français représentaient de nouveaux facteurs de risque d'infection non identifiés jusqu'à présent. De plus, les risques liés à la présence de blaireaux sont souvent perçus sur le « terrain » comme étant les plus importants, surtout dans les zones à forte incidence, où la faune sauvage et les bovins partagent les mêmes souches de TB et où l'abattage des blaireaux est perçu comme la mesure de contrôle la plus efficace. Face à une infection aux déterminants multiples, il apparaît donc nécessaire d'étudier les facteurs de risque associés à l'infection des élevages par la TB, afin de cibler les stratégies les plus susceptibles de réduire l'incidence de la maladie.

L'objectif de cette étude était donc d'identifier et de hiérarchiser les facteurs de risque d'infection des troupeaux bovins par la TB dans les zones infectées des Ardennes, de Côte d'Or, et de Dordogne, trois départements à forte incidence de TB. Nous nous sommes focalisés sur les potentiels facteurs d'introduction de la TB dans les élevages bovins, en lien avec les bovins (mouvements, voisinage sur pâture, contacts indirects entre troupeaux) ou la faune sauvage (proximité avec des blaireaux ou des sangliers). Les facteurs de risque de persistance de l'infection dans un troupeau ou son environnement après un premier épisode de tuberculose bovine et les facteurs de détection de l'infection n'ont pas été étudiés.

## Protocole de l'étude cas-témoins mise en œuvre

Une étude cas-témoins a été réalisée au sein des élevages bovins des zones infectées par la TB des trois départements sélectionnés. Ces départements présentent des caractéristiques d'élevage similaires (il s'agit principalement d'élevages allaitants utilisant le pâturage une grande partie de l'année). L'effectif ciblé par l'enquête était de 240 élevages (80 cas et 160 témoins). Tous les élevages bovins répertoriés dans les zones infectées des trois départements sélectionnés et déclarés comme foyer de TB entre février 2012 et juillet 2014 ont été invités à participer à l'étude. Pour chaque cas ayant accepté de faire partie de l'étude, deux témoins ont été tirés au sort parmi les élevages ayant le même type de production (laitier, allaitant ou mixte), situés dans le même département, n'ayant jamais été foyer de TB entre 2004 et 2014 ou n'ayant jamais fait l'objet d'une suspicion forte de TB entre 2012 et 2014. La taille des élevages, souvent identifiée comme un facteur de risque de TB, a été prise en compte dans l'analyse statistique (comme facteur de confusion) et non dans l'appariement. Nous n'avons pas apparié les élevages en fonction de la taille de façon à pouvoir inclure dans l'étude des élevages de taille hétérogène, pour disposer de la plus grande variété possible de pratiques et caractéristiques d'élevage. Une suspicion forte de TB est définie comme le fait d'avoir un animal positif en intradermotuberculination comparative ou non-négatif en intradermotuberculination simple et/ou positif à l'interféron-gamma, qui soit non confirmé comme infecté par les tests au laboratoire. Les trois élevages (un cas et deux témoins appariés) forment un triplet. Pour chaque triplet, la date de référence a été définie comme la date de détection de l'infection dans l'élevage cas. La période d'étude correspondait aux deux ans précédant la date de référence.

Les 41 variables (les variables étant les expositions, caractéristiques ou pratiques dont on cherche à savoir si elles sont ou non facteur de risque de TB) prises en compte dans cette étude sont présentées de manière détaillée dans la publication de Marsot *et al.* (2016). Les variables considérées peuvent être classées en cinq grandes catégories, des variables en lien avec: (i) l'introduction d'un bovin dans le troupeau (e.g. achat de bovins – n = 4), (ii) le contact direct ou indirect de voisinage au pâturage (n = 6), (iii) les contacts indirects (e.g. matériel échangé ou en copropriété – n = 3), (iv) les contacts directs temporaires entre troupeaux (e.g. pension, prêt de bovins – n = 4), et (v) les contacts indirects avec un animal non-bovin (y compris la faune sauvage, e.g. abondance de blaireaux – n = 24). Les variables relatives au nombre et à l'origine des animaux achetés par les élevages enquêtés ont été obtenues à partir de la BDNI (Base de données nationale d'identification). Un statut de risque a été défini pour chaque éleveur vendeur. Un vendeur était considéré « à risque » s'il était devenu foyer entre la date de vente et la date de référence, et « pas à risque » dans le cas contraire. Les variables relatives au voisinage de pâture ont été obtenues à partir du registre parcellaire graphique (RPG, données disponibles dans les DRAAF). Comme pour les vendeurs, un statut de risque a été défini pour les voisins de pâture et les troupeaux partageant un point d'abreuvement avec les élevages enquêtés: ils ont été considérés « à risque » s'ils avaient été foyer pendant la période d'étude, et « pas à risque » dans le cas contraire. À partir de données bibliographiques, un questionnaire sur les caractéristiques et les pratiques d'élevage incluant les facteurs de risque potentiels d'introduction de la TB dans les élevages bovins a été créé. Nous avons inclus des questions concernant les achats de bovins (e.g. mode de transport des animaux achetés), les contacts directs temporaires (e.g. location d'animaux ou animaux en copropriété) ou indirects (e.g. partage d'équipement) entre troupeaux, les contacts directs ou indirects au pâturage (e.g. points d'eau en commun, type de clôtures), et les possibilités de contacts entre bovins et d'autres animaux (e.g. présence d'animaux domestiques dans l'exploitation, attractivité des pâtures pour la faune sauvage) pendant la période d'étude. Nous avons fait l'hypothèse que les cerfs ne jouaient pas un rôle majeur dans la circulation de la TB dans les trois départements sélectionnés, car

très peu de cerfs infectés ont été identifiés dans ces zones. Les cerfs n'ont donc pas été pris en compte dans cette étude. Les questionnaires ont été administrés en entretien en face-à-face par quatre étudiantes vétérinaires de 3<sup>e</sup> ou 4<sup>e</sup> année entre les mois de juillet et août 2014. Par ailleurs, les variables relatives à l'abondance de sangliers ont été obtenues à partir des tableaux de chasse des zones enquêtées. Ces données ont été fournies par les fédérations des chasseurs (FDC) ou par les directions départementales des territoires (DDT). La densité de blaireaux par petite région agricole (PRA) a été évaluée à partir de la publication de Calenge *et al.* (2015). Les variables relatives au paysage ont été déterminées à partir d'une base de données IGN appelée BD TOPO® VEGETATION. La variable relative à la prévalence d'infection des sangliers a été calculée à partir de la base de données nationale de surveillance de la TB au sein de la faune sauvage (Sylvatub).

Un modèle logistique multivarié a été développé pour analyser les données en considérant le statut par rapport à la TB comme variable à expliquer et l'élevage comme unité épidémiologique. L'analyse a été réalisée en plusieurs étapes: un test de linéarité pour identifier la forme adéquate des variables quantitatives, une analyse univariée entre la variable à expliquer et chaque variable explicative en retenant les variables en dessous du seuil de significativité de 20 %, un test de colinéarité pour les variables retenues à l'étape précédente et l'analyse multivariée en prenant en compte dans le modèle la taille d'élevage comme facteur de confusion, et les deux variables d'appariement entre cas et témoins, à savoir le département et le type de production. La sélection de modèle a été effectuée à partir du critère d'information d'Akaike (AIC) corrigé pour les petits échantillons en ayant recours à de l'inférence multi-modèles, aboutissant à un modèle moyen (Nicolas *et al.*, 2014). Les résultats sont exprimés à l'aide des odds-ratios (OR) auxquels sont associés les intervalles de confiance à 95 %. Une courbe ROC a été utilisée pour tester la qualité du modèle. Finalement, la fraction attribuable de chaque facteur de risque a été calculée. Cela correspond à la proportion de cas de TB dans la population qui sont dus à l'exposition considérée.

## Facteurs de risque d'infection par la TB dans les zones étudiées

Sur les 289 élevages sélectionnés pour l'étude, certains n'ont pas pu être enquêtés ou analysés pour différentes raisons: 64 éleveurs ont refusé de participer à l'enquête (Tableau 1) et neuf avaient plus de 30 % de pâtures en dehors du département, pâtures pour lesquelles on ne disposait d'aucune donnée). Nous avons comparé la taille d'élevage et le type d'élevage des éleveurs enquêtés et des éleveurs ayant refusé de participer à l'étude. Nous avons constaté qu'il n'y avait pas de différence entre les deux catégories d'éleveurs (enquêtés vs refus), garantissant ainsi l'absence de biais au moment de la sélection. Au total, 216 élevages (72 cas et 144 témoins) ont été analysés. Le Tableau 1 fait une synthèse des caractéristiques (type de production et département) des élevages analysés. Quarante et

**Tableau 1.** Caractéristiques des élevages enquêtés par département et type de production

	Ardennes		Côte-d'Or		Dordogne	
	Cas	Témoins	Cas	Témoins	Cas	Témoins
Refus (n)	0	0	3	27	5	29
Inclus dans l'étude (n)	9	18	27	54	36	72
Type: nombre d'élevages par catégorie (% du nombre total d'élevages)						
Allaitant	8 (4)	16 (7)	24 (11)	48 (22)	28 (13)	56 (26)
Laitier	1 (0,5)	2 (1)	2 (1)	4 (2)	6 (3)	12 (5)
Mixte	0 (0)	0 (0)	1 (0,5)	2 (1)	2 (1)	4 (2)
Taille d'élevage: nombre de vaches à la date de référence						
Moyenne	38,4	40,6	94,5	47,3	52,2	42,8
SE	6,9	7	8,8	4,4	5,9	4,1

SE: erreur standard de la moyenne

**Tableau 2.** Odds ratios, fractions attribuables (%) et intervalles de confiance à 95 %, obtenus à partir du modèle moyen de l'infection par la TB des troupeaux bovins enquêtés des zones infectées de TB des Ardennes, de Côte d'Or et de Dordogne.

Variable	Estimation (SE)	Odds ratio	Intervalle de confiance à 95 %		Fraction attribuable	Intervalle de confiance à 95 %	
			minimum	maximum		minimum	maximum
Intercept	-2,2 (0,7)	-	-	-	-	-	-
<b>Achat de bovins dans des élevages « à risque » au cours des six dernières années</b>	<b>0,6 (0,4)</b>	<b>1,9</b>	<b>0,9</b>	<b>4,2</b>	-	-	-
Au moins un voisin de pâture « à risque »	1,3 (0,4)	3,6	1,5	8,5	30,7	11,8	49,7
Au moins un abreuvement commun avec un élevage « à risque »	1,4 (0,7)	4,1	1,1	15,1	16,2	0	33,9
<b>Achat d'herbe sur pied</b>							
pas d'achat	-	-	-	-	-	-	-
achat pour faucher	0,1 (0,5)	1,1	0,5	2,9	-	-	-
achat pour pâturer	0,9 (0,6)	2,5	0,8	7,5	-	-	-
Au moins un salarié embauché par un groupement d'employeurs et/ou utilisation du service de remplacement	0,2 (0,5)	1,2	0,5	3	-	-	-
Score d'abondance de blaireaux (longueur de lisières dans une zone de 500 m autour des pâtures de l'élevage)	0,3 (0,4)	1,3	0,6	2,8	-	-	-
Score de prévalence de TB des sangliers	0,6 (0,4)	1,8	0,8	3,9	-	-	-
Superficie des zones boisées dans les pâtures de l'élevage	0,2 (0,4)	1,2	0,5	2,9	-	-	-
Alimentation au pâturage parfois distribuée le soir	0,3 (0,4)	1,4	0,7	3	-	-	-
Présence de points d'alimentation au pâturage de type auges, nourrisseurs à veaux ou alimentation à même le sol	0,7 (0,8)	1,9	0,4	8,8	-	-	-
Au moins un bâtiment d'élevage ou de stockage des aliments à plus de 300 m des zones habitées (hameau, village, etc.)	0,9 (0,4)	2,3	1,1	4,8	27,6	6,5	48,7
Taille d'élevage	0,01 (0,005)	-	-	-	-	-	-
<b>Type d'élevage</b>							
allaitant	-	-	-	-	-	-	-
laitier	0,02 (0,5)	-	-	-	-	-	-
mixte	-1,0 (1,0)	-	-	-	-	-	-
<b>Département</b>							
Ardennes	-	-	-	-	-	-	-
Côte d'Or	-0,9 (0,6)	-	-	-	-	-	-
Dordogne	-0,2 (0,6)	-	-	-	-	-	-

SE: erreur standard de la moyenne

une variables ont été testées dans l'analyse univariée. À partir des variables associées au statut des élevages pour la TB (n = 15), quatre (présence d'auges, de râteliers, de nourrisseurs à veaux au pâturage) ont été supprimées à cause de leur colinéarité avec une autre variable (présence de points d'alimentation au pâturage). Le modèle moyen final a permis de retenir trois variables associées au statut TB de l'élevage (Tableau 2): (i) avoir des voisins de pâture « à risque » (OR = 3,6 [1,5 ; 8,5]<sub>95%</sub>), (ii) avoir un abreuvement en commun avec un élevage « à risque » (OR = 4,1 [1,1-15,1]<sub>95%</sub>), et (iii) avoir des bâtiments d'élevage ou de stockage des aliments éloignés de plus de 300 m de zones d'habitation (OR = 2,3 [1,1 ; 4,8]<sub>95%</sub>). Par ailleurs, si nous avons considéré les intervalles de confiance à 90 %, deux variables seraient à la limite de la significativité: l'achat de bovins dans des élevages « à risque » (OR = 1,9 [1,0-3,7]<sub>90%</sub>) et l'achat d'herbe sur pied pour pâturer (OR = 2,5 [1,0-6,2]<sub>90%</sub>). L'aire sous la courbe ROC du modèle final était de 0,80 [0,73 ; 0,86]<sub>95%</sub>, ce qui signifie que le modèle est de bonne qualité. La fraction attribuable pour le voisinage de pâture « à risque », l'abreuvement en commun « à risque » et les bâtiments isolés étaient respectivement de 31 % [12 ; 51]<sub>95%</sub>, 16 % [1 ; 34]<sub>95%</sub> et 28 % [7 ; 49]<sub>95%</sub>.

## Privilégier les mesures de biosécurité pour réduire la circulation de la TB

Ainsi, d'après les résultats de notre étude, la voie de transmission majeure de la TB semble être au pâturage *via* des contacts entre troupeaux bovins par-dessus la clôture ou *via* une source de

contamination externe (faune sauvage, environnement), et dans une moindre mesure *via* des contacts autour des points d'abreuvement en commun. Comme, dans cette étude, nous avons pris en compte un grand nombre de variables indicatrices des contacts bovins-faune sauvage au pâturage, cela privilégie l'importance prépondérante des contacts entre bovins au pâturage par-dessus la clôture dans la contamination par la TB. Les contacts entre troupeaux bovins par-dessus les clôtures ont déjà été identifiés au Royaume-Uni comme des facteurs de risque associés à l'apparition de foyers de TB (White *et al.*, 2013). Par contre, c'est la première fois que l'on identifie le partage de points d'abreuvement comme facteur de risque. En ce qui concerne le voisinage au pâturage, nous observons que les pâtures des élevages enquêtés, notamment des élevages cas, sont regroupées dans une zone précise. Il serait alors intéressant d'étudier plus amplement les facteurs de risque liés au voisinage, en testant par exemple si la structure spatiale des pâtures des élevages enquêtés influence les relations de voisinage mises en évidence dans notre étude.

Le modèle montre également le fort impact de la présence de bâtiments éloignés des zones habitées dans une exploitation sur le risque d'introduction de TB dans l'élevage. Ce résultat pourrait s'expliquer par une plus grande attractivité de ces bâtiments pour la faune sauvage, comparée à celle des bâtiments proches de zones habitées. Des blaireaux notamment, qu'ils soient infectés ou non, peuvent utiliser les bâtiments de l'exploitation comme refuge ou pour chercher de la nourriture, entrant donc en contact direct ou indirect avec les bovins. Ce facteur de risque est identifié comme étant aussi important que le voisinage de pâture d'un élevage récemment infecté, avec une fraction

attribuable de 28 % (contre 31 % pour les contacts sur pâture). Cette valeur élevée peut être expliquée par la forte fréquence d'exposition à ce facteur (32 % des élevages enquêtés possédait au moins un bâtiment à distance des zones habitées), malgré l'OR plus faible que celui lié au voisinage de pâtures (3,6 pour les contacts au pâturage contre 2,3 pour les bâtiments isolés). Ces résultats pourraient, sous l'hypothèse que les bâtiments isolés attirent plus la faune sauvage, être mis en rapport avec d'autres études qui soulignent l'importance de la faune sauvage dans la circulation de la TB (Garnett *et al.*, 2002; Martínez-López *et al.*, 2014).

Le manque de puissance de l'étude étant relatif, nous avons regardé les variables en limite de significativité. Ainsi, en considérant les intervalles de confiance à 90 %, il semblerait que les achats de bovins soient une autre voie d'introduction de la TB à considérer. Ce facteur de risque est largement identifié dans la littérature comme étant un facteur de risque d'infection par la TB (Bessell *et al.*, 2012). Notre résultat va dans ce sens, même si l'étude n'a pas pu le confirmer à proprement parler. Il en est de même avec l'achat d'herbe sur pied, facteur potentiel d'introduction de la TB dans les élevages bovins de la population d'étude. Cette exposition regrouperait plusieurs risques, comme la survie de la bactérie dans l'environnement ou un contact additionnel avec des voisins de pâture et/ou la faune sauvage. La limite majeure de cette étude est de n'avoir pas pu prendre en compte la prévalence d'infection des blaireaux dans les variables explicatives. En effet, nous n'avons pas de données suffisantes pour calculer une prévalence d'infection chez les blaireaux dans les zones étudiées. Ceci est lié au fait que les blaireaux analysés pour la TB sont localisés autour des foyers bovins, et que très peu d'analyses sont réalisées autour des élevages non-foyers (ici les élevages témoins). Cependant, la bonne qualité du modèle permet d'être confiant dans le fait que nous ayons identifié et, par le biais des fractions attribuables, hiérarchisé les principaux facteurs de risque d'introduction de la TB dans les zones infectées des trois départements étudiés.

L'ensemble de ces résultats suggèrent donc l'importance majeure de la contamination des bovins par la TB au pâturage et du contact direct ou indirect entre bovins et faune sauvage, notamment *via* des bâtiments isolés, dans la circulation de la TB dans les Ardennes, en Côte d'Or et en Dordogne. L'ensemble de ces résultats conforte l'importance capitale des mesures de biosécurité pour réduire la transmission de la maladie. Il est essentiel d'empêcher, dans les zones infectées, les contacts entre troupeaux voisins de pâture (par exemple, par la mise en place de doubles clôtures), ainsi que les contacts entre troupeaux aux points d'abreuvement. Enfin, il est important de limiter le plus possible l'accès aux bâtiments d'élevage et de stockage d'aliments, notamment isolés, à la faune sauvage. Nous conseillons d'éviter l'achat d'herbe sur pied pour pâturer pour limiter le risque potentiel associé pour la TB. Par contre, il semble difficile d'identifier des vendeurs de bovins « à risque », et donc d'agir sur ce potentiel facteur de risque. Ces différentes précautions sont à appliquer en les adaptant au cas par cas et selon le contexte épidémiologique de la zone. Finalement, cette étude va permettre de mieux cibler les mesures de surveillance, de biosécurité et de contrôle de la TB. En effet, limiter le nombre de recommandations et cibler les plus efficaces semble être un prérequis pour garder les éleveurs et les acteurs locaux motivés et impliqués dans le programme d'éradication de la TB en France.

## Remerciements

Les auteurs remercient la DGAL pour le financement de cette étude, ainsi que le groupe de suivi de l'étude et tous les organismes impliqués dans la conception de l'étude et le soutien logistique (les DRAAF Aquitaine, Bourgogne et Champagne-Ardenne, les GDS, GTV, DDecPP des Ardennes, de Côte d'Or et de Dordogne). Nous remercions également l'ensemble des éleveurs enquêtés, Lydia Bellecave, Fanny Carez, Hélène Dupire, Yolaine Lebordais (enquêtrices terrain), ainsi qu'Ariane Payne, Sandrine Ruettes et Clément Calenge (ONCFS) pour leur aide dans la création des variables liées à la faune sauvage. Nous remercions les FDC et les DDT des Ardennes, de Côte d'Or et de Dordogne pour la transmission de données ayant servi à l'élaboration de variables utilisées dans cette étude.

## Références bibliographiques

- Bessell, P.R., Orton, R., White, P.C.L., Hutchings, M.R., Kao, R.R., 2012. Risk factors for bovine tuberculosis at the national level in Great Britain. *BMC Vet. Res.* 8, 51.
- Calenge, C., Chadoeuf, J., Giraud, C., Huet, S., Julliard, R., Monestiez, P., Piffady, J., Pinaud, D., Ruettes, S., 2015. The spatial distribution of Mustelidae in France. *PLoS one* 10, e0121689.
- Fediaevsky, A., Courcou, A., Boschioli, M.L., Reveillaud, E., 2014. Bovine tuberculosis in France in 2013: results of a more proactive strategy. *Bul. Epid. Santé Anim. Alim.*, 4-11.
- Garnett, B.T., Delahay, R.J., Roper, T.J., 2002. Use of cattle farm resources by badgers (*Meles meles*) and risk of bovine tuberculosis (*Mycobacterium bovis*) transmission to cattle. *Proceedings of the Royal Soc. Biol. Sci.* 269, 1487-1491.
- Humblet, M.-F., Boschioli, M.L., Saegerman, C., 2009. Classification of worldwide bovine tuberculosis risk factors in cattle: a stratified approach. *Vet. Res.* 40, 50.
- Humblet, M.-F., Gilbert, M., Govaerts, M., Fauville-Dufaux, M., Walravens, K., Saegerman, C., 2010. New assessment of bovine tuberculosis risk factors in Belgium based on nationwide molecular epidemiology. *J. Clin. Microbiol.* 48, 2802-2808.
- Johnston, W.T., Vial, F., Gettinby, G., Bourne, F.J., Clifton-Hadley, R.S., Cox, D.R., Crea, P., Donnelly, C.A., McInerney, J.P., Mitchell, A.P., Morrison, W.I., Woodroffe, R., 2011. Herd-level risk factors of bovine tuberculosis in England and Wales after the 2001 foot-and-mouth disease epidemic. *Int. J. Inf. Dis.* 15, e833-e840.
- Marsot, M., Béal, M., Scoizec, A., Mathevon, Y., Durand, B., Courcou, A., 2016. Herd-level risk factors for bovine tuberculosis in French cattle herds. *Prev. Vet. Med.* submitted
- Martínez-López, B., Barasona, J.A., Gortázar, C., Rodríguez-Prieto, V., Sánchez-Vizcaíno, J.M., Vicente, J., 2014. Farm-level risk factors for the occurrence, new infection or persistence of tuberculosis in cattle herds from South-Central Spain. *Prev. Vet. Med.* 116, 268-278.
- Nicolas, G., Chevalier, V., Tantely, L.M., Fontenille, D., Durand, B., 2014. A spatially explicit metapopulation model and cattle trade analysis suggests key determinants for the recurrent circulation of Rift Valley Fever virus in a pilot area of Madagascar highlands. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 8, e3346.
- Skuce, R.A., Allen, A.R., McDowell, S.W.J., 2012. Herd-level risk factors for bovine tuberculosis: a literature review. *Vet. Med. Int.* 2012, e621210.
- White, P.W., Martin, S.W., De Jong, M.C.M., O'Keeffe, J.J., More, S.J., Frankena, K., 2013. The importance of 'neighbourhood' in the persistence of bovine tuberculosis in Irish cattle herds. *Prev. Vet. Med.* 110, 346-355.
- Wright, D.M., Reid, N., Ian Montgomery, W., Allen, A.R., Skuce, R.A., Kao, R.R., 2015. Herd-level bovine tuberculosis risk factors: assessing the role of low-level badger population disturbance. *Sci. Rep.* 5, 13062.

# Étude épidémiologique sur la tuberculose bovine chez le Chevreuil (*Capreolus capreolus*) en Dordogne

Jean Hars (1), Sébastien Lambert (1), Jean-Louis Moyen (2), Hélène Gares (2), Aurélien Viau (3), Matthieu Salvaudon (4), Maria Laura Boschiroli (5), Céline Richomme (celine.richomme@anses.fr) (6)

(1) Office national de la chasse et de la faune sauvage, Direction études et recherche, Unité sanitaire de la faune, Gières, France

(2) Laboratoire d'analyses et de recherche de Dordogne, Périgueux, France

(3) ONCFS, Service départemental de Dordogne, Périgueux, France

(4) Fédération départementale des chasseurs de Dordogne, Périgueux, France

(5) Anses, Laboratoire de santé animale, Unité Zoonoses bactériennes, Maisons-Alfort, France

(6) Anses, Laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy, Unité Surveillance et éco-épidémiologie des animaux sauvages (SEEpIAS), Malzéville, France

## Résumé

Tant en France que dans d'autres pays d'Europe, le Chevreuil a rarement été trouvé infecté par *Mycobacterium bovis*, semblant jouer un rôle marginal dans l'épidémiologie de la tuberculose bovine (TB). Toutefois, la détection de trois chevreuils porteurs de lésions et infectés de TB dans la zone d'infection bovine de Dordogne en 2011, 2012 et 2013 a motivé la réalisation de l'étude décrite dans cet article. Cent quatre-vingt-un chevreuils, prélevés dans une zone où des cas de TB sont observés depuis plusieurs années chez les bovins, les sangliers, les blaireaux et quelques cerfs, ont été examinés et analysés (PCR et mise en culture des nœuds lymphatiques céphaliques, pulmonaires et mésentériques). Tous se sont révélés négatifs. En raison de la prévalence d'infection observée (inférieure à 2,8 %) dans cette zone considérée comme très infectée, mais aussi du comportement social peu grégaire de l'espèce (comparé à d'autres ongulés) et son type de comportement alimentaire (majoritairement brouteur-cueilleur), le Chevreuil n'apparaît pas comme un hôte de maintien de la TB à lui seul. Néanmoins, très sensible à la maladie une fois infecté, il développe des lésions traduisant une réelle capacité d'excrétion bactérienne et donc de transmission par contact, le plus vraisemblablement indirect, de la TB à d'autres espèces, constituant alors un hôte de liaison possible. Il est donc important de maintenir une surveillance chez cette espèce dans le cadre du dispositif Sylvatub, basée sur le dépistage de lésions suspectes par les chasseurs lors de l'examen initial des venaisons.

## Mots-clés

*Mycobacterium bovis*, tuberculose bovine, chevreuil, hôte de liaison

## Abstract

**Epidemiological study on bovine tuberculosis in roe deer (*Capreolus capreolus*) in Dordogne département**  
In France, as in other European countries, roe deer have rarely been found to be infected by *Mycobacterium bovis*, and appear to play a marginal role in the epidemiology of bovine tuberculosis (bTB). However, the detection in Dordogne (one of France's bTB-endemic areas) in 2011, 2012 and 2013 of three infected roe deer exhibiting gross lesions motivated the study described in this article. One hundred and eighty-one hunter-harvested roe deer from an area where cases of bTB have been observed for several years in cattle, wild boars, badgers and some other deer were examined and analysed (PCR and bacteriology on pooled cephalic, pulmonary and mesenteric lymph nodes). All were negative. Due to the estimated prevalence (< 2.8%) in roe deer in what is considered to be a highly infected area, but also the species' social behaviour (it being less gregarious than other ungulates) and food behaviour (mainly picker), the roe deer alone does not appear to be a reservoir of bTB. However, roe deer are very susceptible to the disease and once infected, develop lesions reflecting their capacity for bacterial excretion and therefore transmission to other species, most likely by indirect contact. In an endemic area, it thus appears to be a spill-over host able to form part of the whole wildlife reservoir. In the framework of Sylvatub, the French national surveillance programme for bTB in wildlife, it is thus important to continue monitoring this species based on the detection of suspicious lesions by hunters during the examination of venison.

## Keywords

*Mycobacterium bovis*, Bovine tuberculosis, Roe deer, Spill-over host

Malgré le programme de lutte en vigueur, la tuberculose bovine (TB) persiste dans les cheptels de plusieurs départements français depuis le début des années 2000 (Fediaevsky *et al.* 2010). Les premiers cas de tuberculose à *Mycobacterium bovis* dans la faune sauvage ont été découverts en 2001 chez des cerfs (*Cervus elaphus*) tués à la chasse en forêt de Brotonne (Seine-Maritime) (Hars *et al.*, 2010). Des cas groupés de TB ont ensuite été trouvés principalement chez les sangliers (*Sus scrofa*), les blaireaux (*Meles meles*) et les cerfs de plusieurs départements (Hars *et al.*, 2012) où la TB évolue dans un système multi-hôtes impliquant les bovins, plusieurs espèces d'animaux sauvages et leur environnement (Payne *et al.*, 2014).

En Dordogne, le nombre de foyers bovins a augmenté depuis 2004 (avec 226 cheptels infectés entre 2004 et 2014 et un pic de 32 foyers en 2013), la TB semblant se pérenniser sans que le programme de lutte donne les résultats escomptés. Les foyers sont principalement situés dans la moitié nord du département où un cerf tuberculeux porteur de lésions a été découvert en 2010, puis quatre sangliers et 18 blaireaux début 2011. À partir de cette date, le dispositif national Sylvatub, basé sur une surveillance événementielle chez les ongulés et les blaireaux (réseau Sagir et examen initial de la venaison par les chasseurs) et sur une surveillance programmée chez les sangliers et les blaireaux, a permis de détecter entre les saisons de chasse 2011-2012

et 2014-2015, 38 sangliers, 60 blaireaux et trois chevreuils infectés (précédemment cités plus haut) mais aucun cas chez les cerfs. Tous les animaux infectés provenant de la zone d'infection bovine du nord du département étaient dus à *M. bovis* avec le même génotype défini par spoligotypage, le type SB0120 ou « BCG », qui semble donc circuler au sein du système multi-hôtes évoqué plus haut.

Cervidé connu comme sensible à l'infection par *Mycobacterium bovis* (Encadré), le Chevreuil (*Capreolus capreolus*) était jusqu'en 2011 très rarement trouvé infecté en France (Lambert, 2015) : un seul chevreuil tuberculeux en 2005 sur 591 examinés depuis 2001 en forêt de Brotonne (alors que les prévalences dépassaient 20 % chez les cerfs et 30 % chez les sangliers), aucun positif parmi les 46 chevreuils analysés en surveillance programmée entre 2004 et 2006 en Côte d'Or et les 196 individus analysés en 2005-2006 en Dordogne en surveillance programmée également. Ces résultats obtenus dans trois contextes épidémiologiques différents en France ainsi que les données de la littérature sur l'infection du chevreuil dans les pays voisins (Encadré) concordent pour indiquer qu'il était plutôt un hôte marginal dans l'épidémiologie de la TB. Pourtant, la détection par les chasseurs de trois chevreuils tuberculeux porteurs de lésions dans la zone d'infection bovine de Dordogne en 2011, 2012 et 2013 (Réveillaud, 2013) en surveillance événementielle a de nouveau soulevé la question du rôle

## Encadré. La tuberculose chez les cervidés sauvages dans le monde

Les cervidés sont sensibles à la tuberculose et capables de développer des lésions macroscopiques ganglionnaires, pulmonaires et mésentériques souvent étendues et potentiellement excrétrices. Des réservoirs de tuberculose à *M. bovis* ont été décrits en Amérique du Nord chez le Cerf de Virginie (*Odocoileus virginianus*) et le Wapiti (*Cervus canadensis*) (Fitzgerald et Kaneene, 2013), chez le Cerf élaphe et le Daim (*Dama dama*) en Espagne (Aranaz *et al.*, 2004; Gortázar *et al.*, 2008), chez le Cerf élaphe (*Cervus elaphus*) en France en forêt de Brotonne (Zanella *et al.*, 2012). Au Royaume-Uni, les cervidés en général sont plutôt considérés comme des hôtes de liaison. Concernant le Chevreuil, deux études anglaises ont permis d'isoler *M. bovis* chez six (n=695) (Delahay *et al.*, 2002) et neuf individus (n=885) (Delahay *et al.*, 2007) respectivement. Ailleurs en Europe, de très rares cas de chevreuils tuberculeux ont été décrits dans la littérature : deux en Pologne (Pavlik *et al.*, 2005), un en Espagne et un en Italie (Balseiro *et al.*, 2009). Sur la base de ces constats, le rôle du Chevreuil dans l'épidémiologie de la tuberculose en Europe a jusqu'à maintenant toujours été considéré comme secondaire.

## Références bibliographiques

- Aranaz, A., De Juan, L., Montero, N., Sánchez, C., Galka, M., Delso, C., Alvarez, J., Romero, B., Bezos, J., Vela, A. I., Briones, V., Mateos, A., Dominguez, L., 2004. Bovine tuberculosis (*Mycobacterium bovis*) in wildlife in Spain. *J. Clin. Microbiol.*, 42, 2602-2608.
- Balseiro, A., À. Oleaga, R. Orusa, S. Robetto, L. Domenis, S. Zoppi, Dondo, A., Gorla, M., Gortázar, C., Marin, J. F. G., 2009. Tuberculosis in roe deer from Spain and Italy. *Vet. Rec.*, 164, 468-470.
- Delahay, R.J., De Leeuw, A.N.S., Barlow, A.M., Clifton-Hadley, R.S., Cheeseman, C.L., 2002. The Status of *Mycobacterium bovis* Infection in UK Wild Mammals: A Review. *Vet. J.* 164, 90-105.
- Delahay, R.J., Smith, G.C., Barlow, A.M., Walker, N., Harris, A., Clifton-Hadley, R.S., Cheeseman, C.L., 2007. Bovine tuberculosis infection in wild mammals in the South-West region of England: A survey of prevalence and a semi-quantitative assessment of the relative risks to cattle. *Vet. J.* 173, 287-301.
- Fitzgerald, S.D., Kaneene, J.B., 2013. Wildlife Reservoirs of Bovine Tuberculosis Worldwide: Hosts, Pathology, Surveillance, and Control. *Vet. Pathol. Online* 50, 488-499.
- Gortázar, C., Torres, M. J., Vicente, Acevedo, J.P., Reglero, M., de la Fuente, J., Negro, J. J., Aznar-Martin, J., 2008. Bovine tuberculosis in Doñana Biosphere Reserve: the role of wild ungulates as disease reservoirs in the last Iberian lynx strongholds. *PLoS One* 3, e2776.
- Pavlik, I., I. Trcka, I. Parmova, J. Svobodova, I. Melicharek, G. Nagy, Cvtenic, Z., Ocepek, M., Pate, M., Lipiec, M., 2005. Detection of bovine and human tuberculosis in cattle and other animals in six Central European countries during the years 2000-2004. *Veterinarni Medicina PRAHA* 50, 291-299.
- Zanella, G., Bar-Hen, A., Boschirola, M.L., Hars, J., Moutou, F., Garin-Bastuji, B., Durand, B., 2012. Modelling transmission of bovine tuberculosis in red deer and wildboar in Normandy (France). *Zoon. Pub. Health* 59, 170-178.

épidémiologique de cette espèce, dont les densités sont plus en plus fortes, et des méthodes de surveillance à lui appliquer, motivant la mise en œuvre d'une étude spécifique (dans le cadre d'une thèse de doctorat vétérinaire; Lambert, 2015).

Dans ce contexte, les objectifs de l'étude chez le Chevreuil mise en œuvre en Dordogne en 2014-2015 étaient d'estimer les prévalences d'infection chez des chevreuils et des lésions chez cette espèce dans une zone infectée où des cas avaient été observés, d'évaluer les voies d'exposition et d'excrétion, et les risques de transmission à d'autres espèces en fonction des facteurs populationnels locaux.

## Matériel et méthode

Afin de pouvoir détecter une prévalence attendue faible (2 % au risque d'erreur de type 1 alpha de 5 %), le protocole prévoyait d'examiner et d'analyser 200 chevreuils durant la saison de chasse 2014-2015

dans une zone d'étude comprenant 29 communes de la région du Ribérais (Figure 1), particulièrement infectée de TB (entre 2004 et 2014, présence 75 foyers bovins et de 18 blaireaux, 4 sangliers, un cerf et les trois chevreuils tuberculeux détectés). Le tableau de chasse annuel est de l'ordre de 700-750 chevreuils dans la zone d'étude. Les chevreuils prélevés à la chasse majoritairement entre novembre et février étaient transportés et examinés au laboratoire départemental d'analyses et de recherche de la Dordogne, où les nœuds lymphatiques rétropharyngiens, trachéobronchiques, médiastinaux et mésentériques ainsi que d'éventuelles lésions organiques évocatrices de tuberculose étaient prélevés pour mise en culture (sur pools de nœuds lymphatiques) et pour extraction des ADN envoyés au LNR de l'Anses à Maisons-Alfort pour analyse PCR (IS6110 et IS1081, spécifiques du complexe *M. tuberculosis*). Chaque nœud lymphatique pouvait être repris individuellement en cas de pool positif.

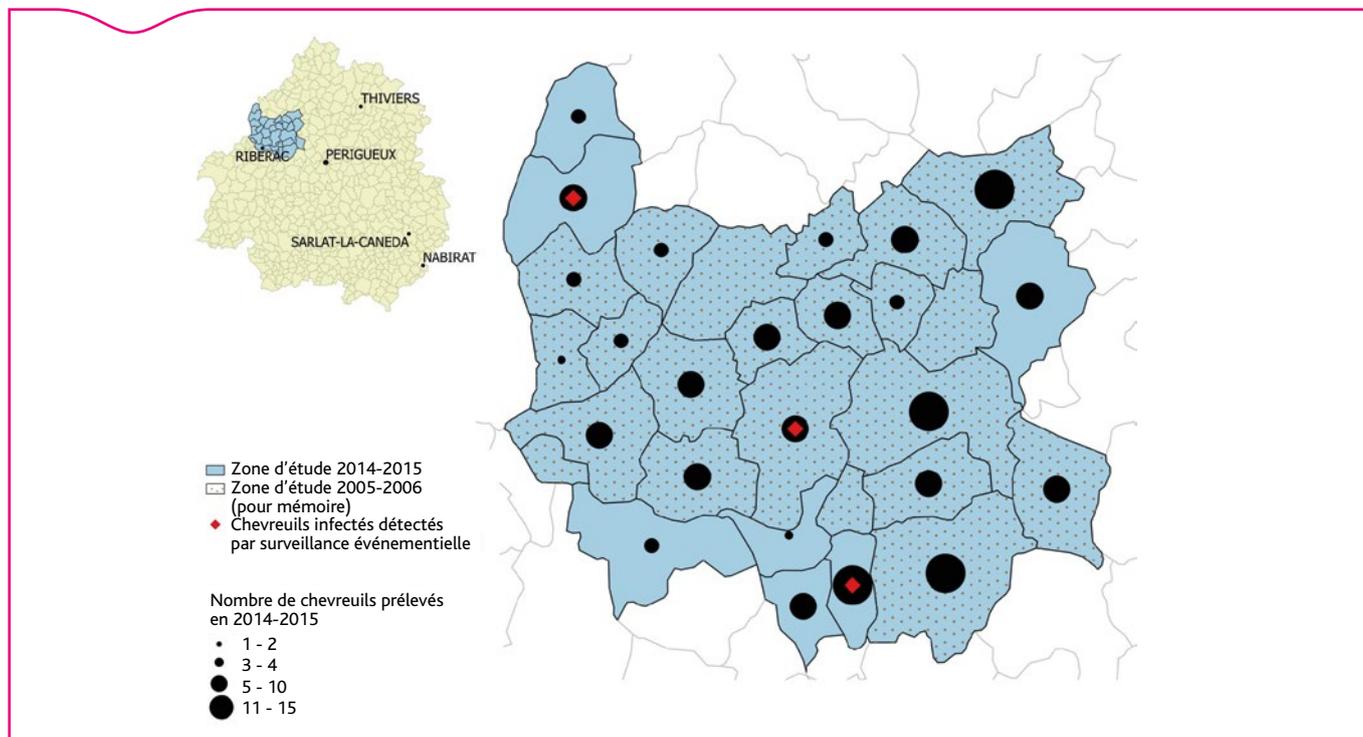
## Résultats

Au total, 181 chevreuils répartis dans la zone d'étude ont été analysés (Figure 1). Un seul individu (femelle) présentait des lésions (abcès d'un nœud lymphatique mésentérique) qui se sont avérées non tuberculeuses. L'ensemble des cultures et PCR se sont révélées négatives, ce qui, en tenant compte d'une sensibilité de la PCR estimée à 75 % (méthode de diagnostic direct la plus sensible), indique que la prévalence d'infection est inférieure à 2,8 % dans la population de chevreuils étudiée. On notera toutefois que durant la saison de chasse 2014-2015, un quatrième chevreuil tuberculeux a été découvert dans la zone infectée de Dordogne mais hors de la zone d'étude (commune de Villars située à une vingtaine de km à l'est et où plusieurs cas de TB ont été enregistrés chez les bovins et les animaux sauvages); ce chevreuil présentait lors de l'examen de carcasse par les chasseurs des nœuds lymphatiques mésentériques de taille augmentée sur lesquels la PCR s'est avérée positive (spoligotype SB0120/BCG).

## Discussion

Cette étude montre que la prévalence d'infection chez les chevreuils n'a pas évolué depuis l'enquête de 2005-2006 (aucun positif parmi les 196 individus testés dans quasiment la même zone; prévalence inférieure à 1,9 %), contrairement à ce qui a été observé parallèlement chez les sangliers et les blaireaux, et qu'elle demeure faible, y compris dans une des zones les plus infectées de Dordogne, comme cela a été observé en Angleterre, en Espagne et en Italie (Encadré). Les quatre cas de chevreuils détectés par surveillance événementielle en Dordogne, où de l'ordre de 16000 chevreuils sont chassés par an, sont ainsi très certainement le reflet d'une circulation faible de *M. bovis* dans cette espèce, inférieure au seuil de détection de la surveillance programmée, mais révélant un environnement contaminé (voir paragraphe suivant). Ces animaux présentaient pour la plupart des lésions étendues de l'appareil respiratoire (Figure 2), confirmant la sensibilité du chevreuil à *M. bovis* (Encadré) et indiquant une possible excrétion de *M. bovis* par voie aérienne.

Malgré des populations de plus en plus denses (tableaux de chasse multipliés par près de deux en vingt ans à l'échelle nationale, avec de l'ordre de 7 chevreuils/km<sup>2</sup> actuellement en Dordogne avec des variations entre quatre et onze selon les massifs), le Chevreuil est une espèce dont le comportement social, peu grégaire (comparé à d'autres cervidés ou au sanglier), et alimentaire, davantage cueilleur que brouteur (comme le Cerf) et non fouisseur (comme le Sanglier), ne le prédispose semble-t-il pas à devenir un réservoir persistant de TB à lui seul. Toutefois, les chevreuils, même s'ils ont plus tendance que les sangliers, les cerfs ou les blaireaux à éviter le contact proche avec les bovins, visitent les pâtures et peuvent consommer des aliments dans des auges comme attesté en Côte d'Or par piégeage photographique (Payne *et al.*, 2015) ou venir au point d'abreuvement ou sur les zones d'agrainage. Ils peuvent alors s'infecter à partir d'un environnement fortement contaminé en partageant les ressources et les habitats des autres espèces infectées par *M. bovis* (bovins, sangliers et blaireaux),



**Figure 1.** Zone d'étude en 2014-2015 (et pour mémoire en 2005-2006), effectifs de chevreuils échantillonnés par commune en 2014-2015 et localisation des chevreuils détectés infectés par surveillance événementielle en 2011, 2012 et 2013



**Figure 2.** Lésions pulmonaires étendues de tuberculose à *M. bovis* observées chez un chevreuil tué à la chasse en 2011 en Dordogne

Une fois infectés, au vu des lésions observées, les chevreuils expriment alors une réelle capacité d'excrétion, et peuvent alors participer au système multi-hôtes en tant qu'hôte de liaison<sup>(1)</sup> représentant un danger potentiel de re-contamination des autres animaux sauvages ou domestiques.

## Conclusion

Les résultats de cette étude amènent à considérer le Chevreuil comme un hôte de liaison occasionnel dans l'épidémiologie de la TB, jouant très certainement un rôle moins important que le Blaireau et le Sanglier (voire le Cerf dans certaines conditions comme en forêt de Brotonne) dans le réservoir environnemental de TB, mais étant capable une fois infecté d'excréter des bacilles. Aussi, dans les zones où le compartiment environnemental au sens large (espèces domestiques et sauvages et environnement) est considéré comme fortement infecté, les mesures

(1) Hôte de liaison: hôte réceptif et sensible à un agent pathogène, capable de le transmettre mais incapable de maintenir l'infection de manière autonome sans source extérieure de contamination

de biosécurité préconisées dans les élevages situés en zone infectée devraient donc viser également la prévention de contaminations liées au Chevreuil. Cette étude et la revue de littérature associée démontrent également qu'il n'apparaît pas utile d'intégrer le Chevreuil dans les protocoles de surveillance programmée du dispositif Sylvatub, mais qu'il est important de détecter les chevreuils infectés par le maintien d'une surveillance événementielle basée sur le dépistage de lésions suspectes par les chasseurs lors de l'examen initial des venaisons auquel nombre d'entre eux ont été formés.

## Remerciements

Les auteurs remercient Christophe Constant et les agents de la DDecPP, Célia Lesage et le GDS de la Dordogne, les chasseurs ayant participé à l'étude, Mickaël Balaine, Yann Dumas, Franck Vernet et la Fédération départementale des chasseurs de la Dordogne, le personnel du Laboratoire d'analyses et de recherche de la Dordogne, les agents du Laboratoire national de référence tuberculoses de l'Anses à Maisons-Alfort, Carole Peroz, maître de conférence à Oniris tuteur de la thèse de Sébastien Lambert et Edouard Réveillaud animateur national Sylvatub.

## Références bibliographiques

- Fediaevsky, A., Bénet, J., Boschirol, M. L., Hars, J., 2010. La tuberculose bovine en France en 2010, surveillance et détection accrues. Bull. Épid. Santé Anim. Alim., 46, 3-9.
- Hars, J., Richomme, C., Boschirol, M.L., 2010. La tuberculose bovine dans la faune sauvage en France. Bull. Épid. Santé Anim. Alim. 38, 25-27.
- Lambert, S., 2015. Tuberculose bovine chez les cervidés sauvages: étude du rôle épidémiologique du Chevreuil. Thèse de doctorat vétérinaire, Nantes, 131 p.
- Payne, A., Hars, J., Fossot, C., Barbier, E., Hartmann, A., Boschirol, M-L., Gueneau, E., Dufour, B., Gilot-Fromont, E., 2014. Rôle des populations sauvages dans le système multi-hôtes de *Mycobacterium bovis* en Côte d'Or: évaluation du risque de transmission-retour aux bovins et du risque de constitution de réservoir sauvage, Épidémiol. Santé Anim., 65, 133-150.
- Payne, A., 2014. Rôle de la faune sauvage dans le système multi-hôtes de *Mycobacterium bovis* et risque de transmission entre faune sauvage et bovins. Étude expérimentale en Côte d'Or. Thèse d'université -Université Claude Bernard Lyon 1, 366 p.
- Payne, A., Chappa, S., Hars, J., Dufour, B., Gilot-Fromont, E., 2015. Wildlife visits to farm facilities assessed by camera traps in a bovine tuberculosis-infected area in France. Eur. J. Wildl. Res. doi 10.1007/s10344-015-0970-0
- Réveillaud, E., 2013. Sylvatub, un dispositif de surveillance de la tuberculose bovine dans la faune sauvage en France. Nouveau Praticien Vét. 6, 33-40.

# Évaluation du dispositif de surveillance épidémiologique d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard en France

Lucie Collineau (1) (lucie.collineau@safoso.ch), Benoit Combes (2), Franck Boué (3), Pascal Hendrikx (4), Corinne Danan (5)

(1) SAFOSO AG, Liebefeld, Suisse

(2) Entente de lutte interdépartementale contre les zoonoses (Eliz), Malzéville, France

(3) Anses, Laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy, Unité Surveillance et éco-épidémiologie des animaux sauvages (SEEPiAS), Malzéville, France

(4) Anses, Direction scientifique des laboratoires, Unité de coordination et d'appui à la surveillance (UCAS), Maisons-Alfort, France

(5) Direction générale de l'Alimentation, Bureau d'Appui à la surveillance de la chaîne alimentaire, Paris, France

## Résumé

Chez l'Homme, l'échinococcose alvéolaire est une maladie rare mais grave, faisant partie de la liste des zoonoses à surveiller obligatoirement en Europe dans le cadre de la directive 2003/99/CE. En France, une surveillance active du parasite chez le Renard est réalisée par l'Entente de lutte interdépartementale contre les zoonoses (Eliz). L'objectif de cette étude était d'évaluer le dispositif de surveillance d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard mis en œuvre par l'Eliz. Des représentants de chaque catégorie d'acteurs ont été rencontrés en novembre 2015 et l'utilisation d'outils d'évaluation existants (Oasis et Risksur) a permis d'identifier les points forts et faibles du dispositif et de formuler des recommandations. L'évaluation a montré que le dispositif mis en œuvre par l'Eliz repose sur des compétences techniques et scientifiques solides, permettant de réaliser des enquêtes de terrain à grande échelle. L'Eliz assure également une excellente communication sur les résultats obtenus. En revanche, il semble indispensable de renforcer l'ancrage national du dispositif afin d'assurer sa pérennité et son intégration dans la stratégie nationale de gestion des risques de l'échinococcose alvéolaire. Si le dispositif actuel était étendu à l'échelle nationale, il serait également nécessaire d'améliorer sa couverture géographique et sa représentativité.

## Mots-clés

Echinococcose alvéolaire, gestion du risque, zoonose, faune sauvage

## Abstract

### **Evaluation of the Echinococcus multilocularis surveillance system for foxes in France**

*Alveolar echinococcosis is a rare but severe disease in humans, belonging to the list of zoonoses to be monitored in EU countries in the framework of directive 2003/99/EC. In France, the surveillance of Echinococcus multilocularis in foxes is carried out by the Entente for the Control of Zoonoses (ELIZ). This study was designed to evaluate the French surveillance system for Echinococcus multilocularis in foxes implemented by ELIZ. Representatives from all groups of stakeholders were interviewed in November 2015. Existing tools were used to identify the current system's strengths and weaknesses and propose recommendations for improvement. The evaluation showed that ELIZ has the technical and scientific competencies to implement field studies over a widespread geographical area, and is very active in disseminating research findings to a broad audience. However, it appears critical to strengthen the integration of Echinococcus multilocularis surveillance in national surveillance activities in order to make sure it is both durable and fully in line with the national alveolar echinococcosis risk management strategy. Should the current surveillance system be expanded to the whole French territory, its coverage and representativeness would need to be further improved.*

## Keywords

Alveolar echinococcosis, Risk management, Zoonosis, Wildlife

L'échinococcose alvéolaire est une zoonose parasitaire due à l'infestation par le cestode *Echinococcus multilocularis*. Le cycle de transmission a lieu principalement entre le Renard (hôte définitif) et les rongeurs (hôtes intermédiaires).

## L'échinococcose alvéolaire : une maladie rare mais grave chez l'Homme

L'Homme est un hôte accidentel et s'infeste par ingestion d'œufs du parasite, soit de façon directe par contact avec les animaux infestés (renard, chien), soit de façon indirecte par consommation de végétaux (baies sauvages, fruits et légumes du potager) souillés par les œufs du parasite contenus dans les fèces de Renards. En France, 607 cas humains ont été rapportés entre 1989 et 2014, dont 25 cas en 2014 (Centre national de référence, 2015). Ces cas se situent principalement dans la partie est de la France, zone de présence endémique du parasite. Si les cas humains sont rares, leur pronostic est généralement grave étant donné le diagnostic souvent tardif des lésions hépatiques causées par le parasite (Gottstein *et al.*, 2015). Le traitement passe par un traitement médicamenteux lourd et prolongé, une prise en charge chirurgicale (57 % des cas), voire une transplantation hépatique (8 % des cas) (Piarroux *et al.*, 2011). L'échinococcose alvéolaire n'est pas une maladie à déclaration obligatoire en France, ni chez l'Homme ni chez l'animal, et ne fait pas partie de la liste des dangers sanitaires de première ou deuxième catégorie en santé animale (arrêté du 29 juillet 2013).

## Contexte de la surveillance menée en France

La directive européenne 2003/99/EC précise qu'*Echinococcus spp* est un agent zoonotique à surveiller. Ainsi, la Direction générale de l'Alimentation (DGAL) doit rapporter à l'Autorité européenne de sécurité des aliments (Efsa) les données issues de la surveillance d'*Echinococcus multilocularis* en France dans la population animale (les données de la surveillance du parasite chez l'Homme sont transmises au Centre européen de prévention et de contrôle des maladies par l'Institut de veille sanitaire). L'EFSA ne donne aujourd'hui aucune précision quant aux modalités de la surveillance à mettre en œuvre dans les pays endémiques; elle recommande seulement de surveiller le parasite chez le Renard (EFSA, 2015). En France, l'Entente de lutte interdépartementale contre les zoonoses (Eliz) est aujourd'hui la principale organisation active dans le domaine de la surveillance d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard ([www.e-l-i-z.com/](http://www.e-l-i-z.com/)). L'Eliz met en œuvre une surveillance programmée de la répartition géographique et de la prévalence du parasite via la réalisation d'enquêtes au sein de ses départements adhérents (40 départements du Nord-Est français). Une première enquête de cartographie du parasite à grande échelle a eu lieu en 2002-2003 (enquête sérologique sur fèces de renards), puis en 2005-2010 (recherche du parasite adulte dans les intestins de renards) (Combes *et al.*, 2012). Lors de ces enquêtes, la collecte des échantillons était déléguée aux fédérations départementales des chasseurs, en collaboration avec les associations départementales des piégeurs, déterreurs et lieutenants de louveterie;

les laboratoires départementaux d'analyse réalisaient les analyses de première intention et le cas échéant, le diagnostic était confirmé par le laboratoire national de référence *Echinococcus spp* (LNR). Les conseils départementaux étaient chargés de valider le budget des enquêtes. L'Eliz souhaiterait mener une nouvelle enquête en 2016-2017. De façon à encourager la mission de santé publique de l'Eliz, la DGAL a signé avec l'Eliz une convention cadre pour 2013-2017 et contribue à son budget à hauteur de 60 000 euros par an (soit 22 % du budget de l'Eliz en 2015).

## Objectifs de l'évaluation

L'objectif de cette étude mandatée par la DGAL était d'évaluer le dispositif de surveillance épidémiologique d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard mis en œuvre par l'Eliz. On entend ici par dispositif de surveillance épidémiologique un dispositif visant à l'obtention de données régulières sur l'évolution de la présence du parasite dans l'espace et dans le temps en vue d'adopter, si nécessaire, des mesures appropriées de prévention ou de lutte (Dufour et Hendriks, 2011). Plus spécifiquement, l'évaluation visait, au travers d'une description détaillée du fonctionnement des activités de l'Eliz, à identifier les points forts et les points faibles du dispositif actuel, et à produire des recommandations pour les activités de surveillance à venir, à la fois sur le territoire de l'Eliz et dans la perspective d'une extension du dispositif à l'échelle nationale. La Loi d'avenir pour l'Agriculture, l'Alimentation et la Forêt 2014-1170 (art.55) précisée par l'ordonnance 2015-1242 relative à l'organisation de la surveillance biologique du territoire, constitue par ailleurs le cadre réglementaire à cette évaluation, puisqu'elle promeut l'évaluation des dispositifs de surveillance épidémiologique en place à travers l'existence des plateformes d'épidémiologie-surveillance.

## Méthodologie d'évaluation

### Outils utilisés

L'évaluation a reposé sur l'utilisation de plusieurs outils complémentaires. D'une part, l'outil Oasis (version « Flash ») a permis de réaliser une analyse approfondie du fonctionnement et de la qualité du dispositif et d'identifier des pistes d'amélioration (Hendriks *et al.*, 2011). Cet outil s'appuie sur un questionnaire articulé autour de dix sections qui explorent chacune un ensemble d'activités du dispositif de surveillance. Chaque section est synthétisée par plusieurs critères auxquels sont attribuées des notes de 0 (critère pas du tout satisfait) à 3 (critère totalement satisfait). Trois sorties graphiques permettent ensuite de visualiser les résultats de l'évaluation, d'identifier les points critiques de la surveillance et de formuler des recommandations.

D'autre part, deux outils développés par le consortium européen Risksur ([www.fp7-risksur.eu/](http://www.fp7-risksur.eu/)) ont été utilisés: i) l'outil EVA a servi d'appui à la définition du contexte et des objectifs de l'évaluation, en amont de l'évaluation Oasis, et ii) l'outil de conception et re-conception d'un dispositif de surveillance (<https://surveillance-design-framework.wikispaces.com>) a permis de formuler des recommandations pour améliorer les attributs du dispositif (par exemple: la représentativité) identifiés comme étant des points faibles par l'outil Oasis. En effet, une fois la description du dispositif saisie dans un fichier Excel, l'outil de conception et re-conception permet de guider l'utilisateur vers les modalités du dispositif influençant le plus l'attribut à améliorer.

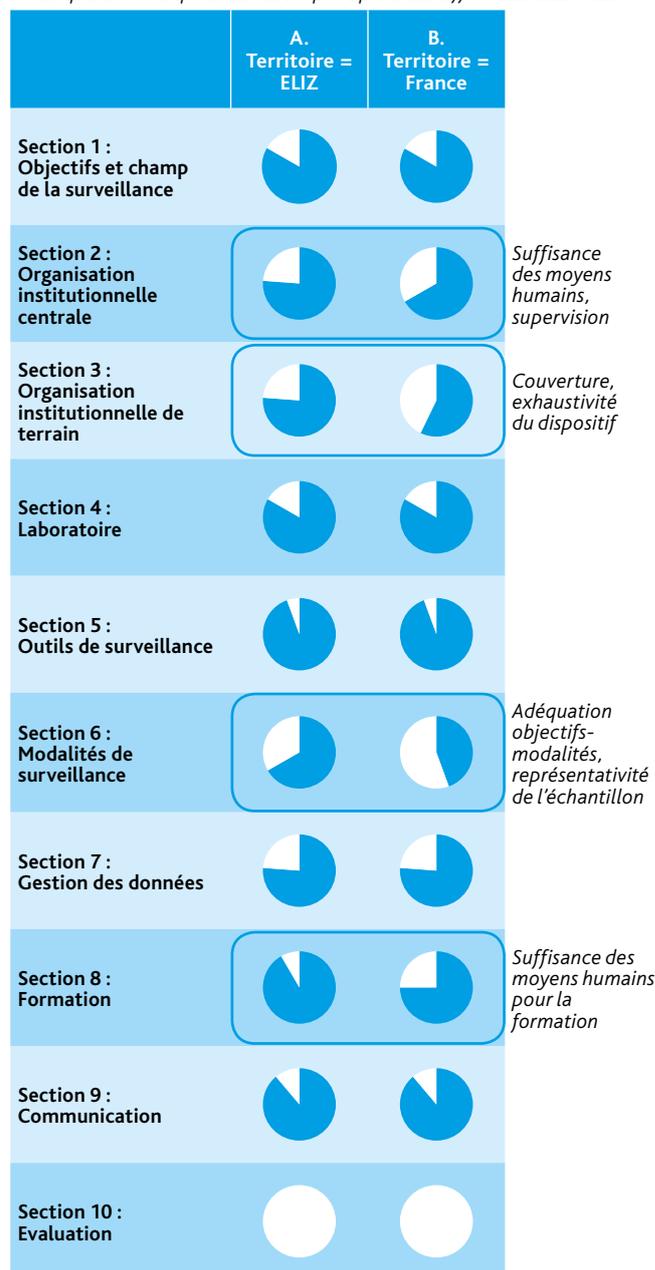
### Déroulement pratique de l'évaluation

L'utilisation de l'outil EVA a apporté un appui à la définition du contexte et des motifs de l'évaluation. Celle-ci visant avant tout à évaluer le fonctionnement global du dispositif, les attributs de type organisationnel ont été ciblés en priorité dans la suite de l'étude. En novembre 2015, des entretiens semi-directifs et individuels ont été organisés auprès de 38 acteurs directement ou indirectement impliqués dans les activités du dispositif de surveillance d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard en France. Le choix s'est porté vers des représentants de toutes les catégories d'acteurs: comité de

pilotage (Eliz, LNR, UMR Chrono-environnement de l'université de Franche-Comté), unité centrale (Eliz), unités intermédiaires (conseils départementaux, laboratoires départementaux d'analyse, fédérations départementales des chasseurs) et comité scientifique et technique. Des avis complémentaires ont également été pris auprès d'acteurs d'autres dispositifs de surveillance de la faune sauvage afin de comparer leurs modes de fonctionnement avec ceux du dispositif de surveillance mené par l'Eliz. Les acteurs départementaux présentaient des profils diversifiés, des plus actifs aux moins actifs dans les activités de l'Eliz, voire localisés dans des départements non adhérents de l'Eliz (afin d'identifier leurs freins et motivations), et couvraient des départements aux situations épidémiologiques variées (départements où le parasite est endémique, émergent ou supposé absent). À la suite de ces entretiens, une première notation a été proposée par les deux évaluateurs externes au dispositif et validée lors d'une journée au cours de laquelle neuf acteurs clés du dispositif se sont mis d'accord sur les notes attribuées aux 78 critères de l'outil Oasis, ainsi que sur les raisons justifiant ces notes. Des recommandations pour l'amélioration du dispositif ont ensuite été formulées à l'aide des outils Oasis et Risksur.

**Figure 1.** Comparaison de l'analyse par section fonctionnelle de la surveillance d'*Echinococcus multilocularis* ayant pour objectif A. la surveillance sur le territoire de l'Eliz et B. la surveillance sur le territoire français

Les sections encadrées sont celles dont les scores diffèrent entre les deux dispositifs; en italiques sont indiquées les raisons principales des différences observées.



## Résultats de l'évaluation du dispositif de surveillance mis en œuvre par l'Eliz

L'évaluation a été menée dans un premier temps en considérant que l'objectif du dispositif correspondait à l'objectif des enquêtes menées par l'Eliz, à savoir de déterminer la progression géographique du parasite, de décrire la prévalence du parasite chez le Renard et de suivre son évolution sur le territoire de l'Eliz. Les résultats de l'évaluation Oasis sont présentés sur les Figures 1A, 2A et 3A.

L'évaluation a montré que le dispositif de surveillance d'*Echinococcus multilocularis* mis en œuvre par l'Eliz fonctionne globalement bien : un des points forts de l'Eliz est lié à ses compétences techniques pour mettre en œuvre des enquêtes de terrain sur un vaste territoire ; elle s'appuie pour cela sur un réseau d'acteurs actifs au niveau des départements, tant pour la collecte des données que pour l'analyse de laboratoire. Le LNR a un rôle central et garantit la qualité des analyses réalisées (Figure 1A) ; la définition des cas repose sur un test diagnostique très spécifique (Figure 3A). L'animation du dispositif ainsi que la supervision des enquêtes par l'Eliz sont excellentes. Les modalités de surveillance mises en œuvre sont en adéquation avec les objectifs des enquêtes. Il est à noter que d'autres modalités pourraient être envisagées pour répondre à des objectifs différents ou complémentaires (Figures 1A et 2A). L'Eliz a également su associer des équipes compétentes pour l'analyse plus avancée des données (Figure 2A). Elle réalise enfin une très bonne communication interne et externe des résultats issus des enquêtes, et met en œuvre des campagnes d'information sur l'échinococcose alvéolaire à destination du grand public et des professionnels, ce qui illustre la bonne valorisation des résultats de la surveillance (Figures 1A et 2A).

Le dispositif présente néanmoins des faiblesses, notamment au niveau de l'organisation centrale et de terrain (Figure 1A). Au niveau central, la DGAL n'est pas force de proposition des activités de surveillance à mener, et n'a pas exprimé précisément, jusqu'à présent, ses attentes en termes d'objectifs de surveillance (objectif de détection du parasite et/ou d'évaluation de la prévalence, sur quel territoire et à quelle fréquence). Si les données issues des enquêtes menées par l'Eliz permettent de répondre aux exigences européennes, l'utilisation de ces données par la DGAL et la Direction générale de la santé (DGS), gestionnaires du risque lié aux zoonoses en France, semble limitée. La signature de la convention cadre 2013-2017 entre l'Eliz et la DGAL montre néanmoins que la DGAL souhaite encourager les activités de surveillance d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard. Au niveau départemental, les conseils départementaux ont principalement un rôle politique de validation du budget des activités proposées, mais n'interviennent pas dans le déroulement des enquêtes. Leur adhésion à l'Eliz et leur participation aux enquêtes est volontaire, remettant sérieusement en cause la pérennité et la stabilité du

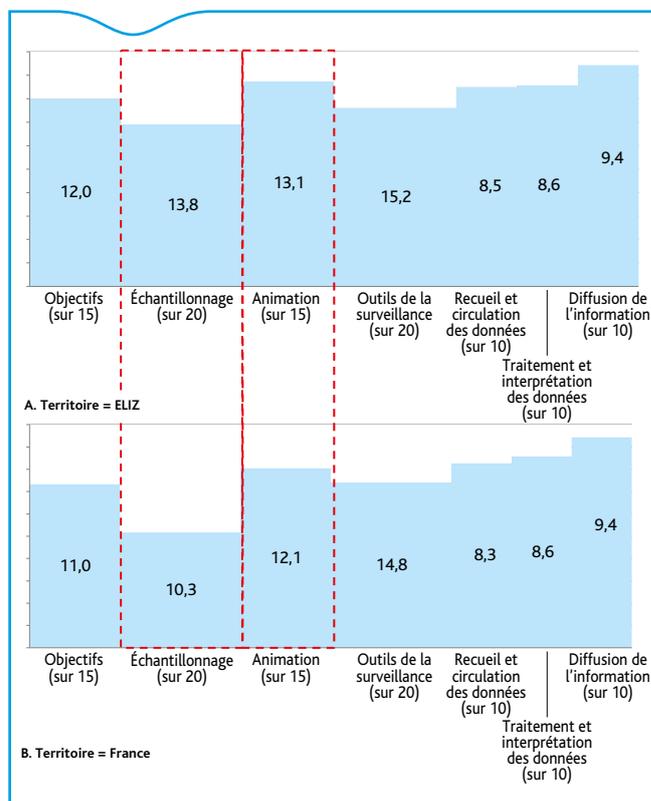


Figure 2. Comparaison de l'analyse par points critiques de la surveillance d'*Echinococcus multilocularis* ayant pour objectif A. la surveillance sur le territoire de l'Eliz et B. la surveillance sur le territoire français

Les sections encadrées en pointillés sont celles dont les scores diffèrent entre les deux dispositifs.

dispositif (Figure 3A). Enfin, les données sont collectées via des enquêtes ponctuelles qui ne permettent pas d'obtenir une information « en continu ». Ces données sont limitées au territoire de l'Eliz, qui représente aujourd'hui seulement 42 % du territoire métropolitain. Aucune surveillance de cette envergure n'est mise en œuvre sur le reste du territoire.

## Étude exploratoire : cas d'un dispositif de surveillance étendu au territoire français

En tant que gestionnaire du risque, la DGAL est néanmoins intéressée par la possibilité d'étendre le dispositif actuel à l'échelle nationale. Une étude exploratoire a été menée pour investiguer les points forts et points faibles du dispositif actuel, si son objectif était de déterminer

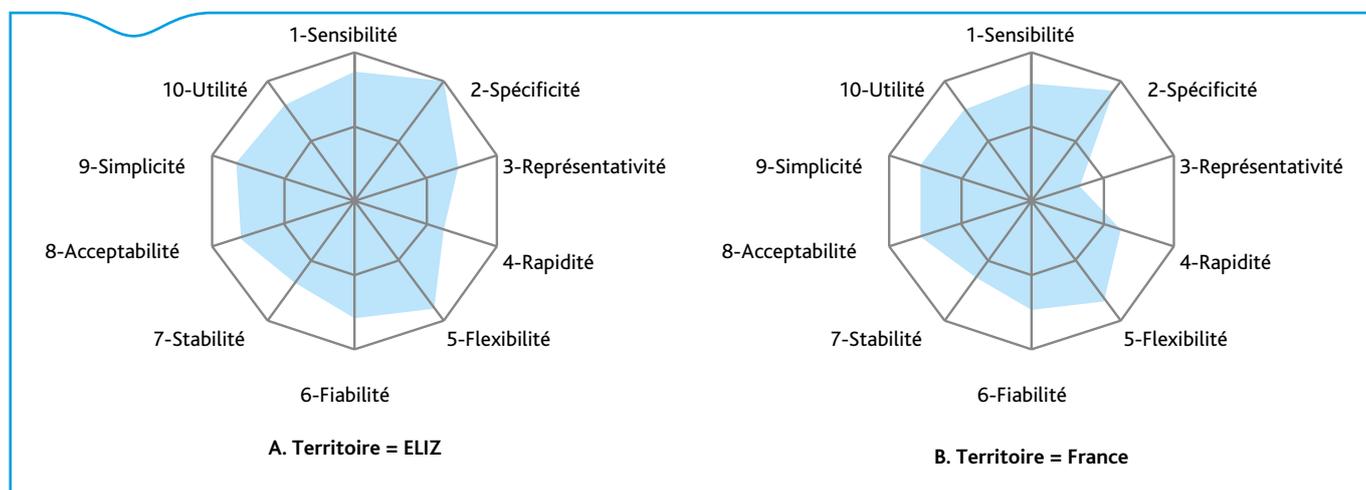


Figure 3. Comparaison de l'analyse selon les attributs de la surveillance d'*Echinococcus multilocularis* ayant pour objectif A. la surveillance sur le territoire de l'Eliz et B. la surveillance sur le territoire français

la progression géographique du parasite, de décrire la prévalence du parasite chez le Renard et de suivre son évolution sur le territoire français.

Dans cette perspective, les notes de certains critères de notation Oasis seraient dégradées, en particulier celles liées à la qualité de l'échantillonnage (Figure 2B), en lien avec une couverture partielle du territoire et le manque de représentativité de l'échantillon (Figure 3B); ainsi, les modalités de surveillance actuelles ne seraient pas adaptées à un objectif de surveillance nationale (Figure 1B). De plus, les moyens de l'unité centrale seraient très probablement insuffisants si les activités de coordination, supervision et formation devaient être étendues à l'ensemble du territoire français (Figure 1B). Il convient de noter que cette nouvelle notation des critères Oasis a été proposée dans un but exploratoire mais n'a pas été validée par les acteurs du dispositif.

## Recommandations

L'évaluation réalisée a permis d'identifier plusieurs pistes d'amélioration du dispositif de surveillance d'*Echinococcus multilocularis* mis en œuvre par l'Eliz.

Tout d'abord, les discussions issues de l'évaluation Oasis ont montré la nécessité de renforcer l'ancrage national du dispositif, afin d'assurer sa pérennité et son intégration dans la stratégie nationale de gestion des risques. Plusieurs mesures concrètes pourraient ainsi être mises en œuvre:

- l'utilisation des données issues de la surveillance d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard pour la gestion du risque par la DGAL et la DGS devrait être mieux formalisée (par exemple: quel seuil d'action et quelle stratégie de communication auprès du grand public et des professionnels),
- il serait judicieux de réfléchir à une organisation intégrée de la surveillance de la faune sauvage au regard des objectifs spécifiques des acteurs compétents dans ce domaine, au niveau national et local. Au cours de cette évaluation, en particulier, il a été souligné que les activités programmées de l'Eliz sont complémentaires des activités événementielles menées dans le cadre du réseau Sagir, sous la tutelle des ministères en charge de l'Agriculture et de l'Écologie,
- la DGAL et la DGS devraient renforcer l'expression de leurs attentes auprès des conseils départementaux afin de les inciter à s'engager dans les activités de surveillance menées par l'Eliz. En effet, dans une optique de gestion du risque à l'échelle nationale, il serait utile d'étendre la surveillance à l'ensemble des départements français; la pérennité du dispositif ne sera cependant pas garantie tant que la participation des conseils départementaux sera volontaire,
- la DGAL pourrait être intégrée au comité de pilotage de l'Eliz; elle pourrait ainsi mieux formaliser ses attentes en termes de surveillance.

En plus des recommandations présentées ci-dessus, l'outil de re-conception Risksur a permis d'explorer des pistes d'amélioration de la couverture et de la représentativité du dispositif; il serait particulièrement important d'améliorer ces deux attributs si le dispositif actuel était étendu à l'ensemble du territoire français.

Pour améliorer la couverture du dispositif, il pourrait être envisagé d'utiliser un test moins coûteux ou un autre type d'échantillon (test qPCR sur fèces développé par le LNR par exemple) pour collecter plus facilement des données sur un territoire plus vaste; cette approche paraît adaptée à l'évaluation de la répartition géographique du parasite mais n'est pas considérée adaptée à une étude de prévalence (puisque'il est difficile d'estimer la proportion de renards contaminés à partir d'une étude sur des fèces). D'autre part, si la technique diagnostique est disponible, il reste à identifier les acteurs qui seraient en charge de la collecte des fèces de renards. En effet, l'acceptabilité et l'intérêt de la collecte de cette nouvelle matrice d'analyse apparaît faible pour les acteurs actuels du dispositif.

Afin de pouvoir mieux apprécier la représentativité de l'échantillon de renards étudié, il serait également utile de collecter davantage de données sur la population cible de renards du dispositif. Ceci permettrait d'adapter l'échantillonnage en amont des enquêtes ou, au moment de l'analyse des données, de corriger les estimations de la prévalence en tenant compte de l'effet de sur- ou sous-représentation de certaines parties de la population. Des données nationales de répartition des populations de renards ont été publiées récemment par l'ONCFS (Albaret *et al.* 2014; Ruettes *et al.* 2015). D'autres données sont disponibles auprès des directions départementales des territoires qui gèrent la classification du Renard comme espèce nuisible. À notre connaissance, ces données ne sont cependant pas centralisées à ce jour, ce qui appuie la nécessité d'intégrer ces institutions dans l'organisation nationale. La DGAL est en charge de définir un nouveau plan d'action pour la surveillance d'*Echinococcus multilocularis* chez le Renard, qui pourra prendre en compte les recommandations issues de cette évaluation.

## Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier l'ensemble des acteurs ayant contribué à l'étude, dont la liste est trop longue pour être reproduite ici, mais est disponible dans le rapport d'évaluation.

## Références bibliographiques

- Albaret, M., Ruettes, S., Guinot-Ghestem, M., 2014. Nouvelle enquête sur la destruction des espèces classées nuisibles en France. URL [http://www.oncfs.gouv.fr/IMG/pdf/FS\\_305\\_enquete\\_destruction\\_nuisibles.pdf](http://www.oncfs.gouv.fr/IMG/pdf/FS_305_enquete_destruction_nuisibles.pdf) (consulté le 12 décembre 2015).
- Arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales | Legifrance. URL <http://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=JORFTEXT000027831750> (consulté le 17 décembre 2015).
- Centre National de Référence, 2015. Rapport annuel d'activité 2015. URL [http://cnr-echino-alveolaire-ccoms.univ-fcomte.fr/IMG/pdf/Rap\\_Act\\_annee\\_d\\_exercice\\_2014.pdf](http://cnr-echino-alveolaire-ccoms.univ-fcomte.fr/IMG/pdf/Rap_Act_annee_d_exercice_2014.pdf) (consulté le 17 décembre 2015).
- 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, 2059-62.
- Directive 2003/99/CE du Parlement Européen et du Conseil du 17 novembre 2003 sur la surveillance des zoonoses et des agents zoonotiques. URL <http://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/TXT/PDF/?uri=CELEX:32003L0099&from=fr> (consulté le 29 février 2016)
- Dufour, B., Hendrikx, P., 2011. Surveillance épidémiologique en santé animale. Éditions Quae, pp. 341.
- Efsa, 2015. Scientific opinion on *Echinococcus multilocularis* infection in animals. *Efsa Journal* 13, 4373-502.
- Gottstein, B., Stojkovic, M., Vuitton, D.A., Millon, L., Marcinkute, A., Deplazes, P., 2015. Threat of alveolar echinococcosis to public health - a challenge for Europe. *Trends Parasitol.* 31, 407-12.
- Hendrikx, P., Gay, E., Chazel, M., Moutou, F., Danan, C., Richomme, C., Boue, F., Souillard, R., Gauchard, F., Dufour, B., 2011. OASIS: an assessment tool of epidemiological surveillance systems in animal health and food safety. *Epidemiol. Infect.* 139, 1486-1496.
- Piarroux, M., Piarroux, R., Giorgi, R., Knapp, J., Bardonnnet, K., Sudre, B., Watelet, J., Dumortier, J., Gérard, A., Beytout, J., Abergel, A., Mantion, G., Vuitton, D.A., Bresson-Hadni, S., 2011. Clinical features and evolution of alveolar echinococcosis in France from 1982 to 2007: results of a survey in 387 patients. *J. Hepatol.* 55, 1025-33.
- Ruettes, S., Lieury, N., Albaret, M., Arnauduc, J.P., Devillard, S., 2015. Évolution des populations de Renards en France. URL [http://www.oncfs.gouv.fr/IMG/file/mammiferes/carnivores/petits/FS306\\_evolution\\_populations\\_Renards.pdf](http://www.oncfs.gouv.fr/IMG/file/mammiferes/carnivores/petits/FS306_evolution_populations_Renards.pdf) (consulté le 21 décembre 2015).

# Évaluation comparative de trois systèmes de **surveillance de maladies infectieuses équine** par la méthode Oasis flash et propositions d'améliorations

Jean-Philippe Amat (1)(2) (jean-philippe.amat@anses.fr), Pascal Hendrixx (3), Jackie Tapprest (1), Marie Grandcollot-Chabot (4), Bénédicte Ferry (5), Christel Marcillaud-Pitel (6), Aymeric Hans (7), Sandrine Petry (8), Agnès Leblond (2), Barbara Dufour (9)

(1) Anses, Laboratoire de pathologie équine de Dozulé, Unité Épidémiologie et anatomie pathologique, Goustranville, France

(2) Inra Clermont-Ferrand - Theix, UR346 Épidémiologie animale, Saint-Genès-Champagnelle, France

(3) Anses, Direction des laboratoires, Lyon, France

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

(5) Institut français du cheval et de l'équitation (IFCE), Paris, France

(6) Réseau d'épidémiosurveillance en pathologie équine (Respe), Caen, France

(7) Anses, Laboratoire de pathologie équine de Dozulé, Unité Virologie, Goustranville, France

(8) Anses, Laboratoire de pathologie équine de Dozulé, Unité Bactériologie et parasitologie, Goustranville, France

(9) ENVA, Unité Épidémiologie des maladies animales infectieuses (EPIMAI) USC Anses, Maisons-Alfort, France

## Résumé

Les systèmes de surveillance doivent être évalués régulièrement pour s'assurer qu'ils fournissent des informations de qualité permettant des prises de décision. Dans la filière équine française, il existe plusieurs systèmes dédiés à la surveillance de maladies infectieuses. Une évaluation comparative des systèmes de surveillance de l'anémie infectieuse des équidés, de l'artérite virale équine et de la métrite contagieuse équine a été conduite avec la méthode Oasis flash pour identifier leurs forces et faiblesses et proposer des pistes d'amélioration. Les principales recommandations issues de cette évaluation portent sur le renforcement des liens entre les dispositifs de surveillance existants, une meilleure structuration de l'organisation institutionnelle centrale, et l'amélioration de la gestion et de l'exploitation épidémiologique des données. De plus, plusieurs outils, équipes et compétences existants seraient à mutualiser afin de créer des synergies pour une amélioration à moindre coût de l'ensemble de la surveillance. Dans le contexte actuel de ressources limitées, il serait pertinent d'améliorer la mise en cohérence des dispositifs de surveillance afin de coordonner la surveillance par maladie, par exemple dans le cadre de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale, afin de rendre la surveillance plus efficace et plus efficiente et de mieux protéger la population équine française.

## Mots-clés

Surveillance, système de surveillance, évaluation, Oasis, interconnexion, anémie infectieuse des équidés, artérite virale équine, métrite contagieuse équine

## Abstract

**Comparative evaluation by the OASIS flash method of three surveillance systems for infectious equine diseases and suggested improvements**

*It is necessary to regularly assess the surveillance systems for infectious diseases to ensure they meet their objectives and provide high-quality health information that allows decision-making. Various surveillance systems for equine infectious diseases are currently implemented in France. Although the surveillance activities are similar, they are operated separately. We assessed three of them — for equine infectious anaemia, equine viral arteritis and contagious equine metritis — using the OASIS flash method to identify strengths and weaknesses. We then compared the results in order to propose mutual and specific improvements. The main recommendations relate to strengthening the relationships between existing surveillance activities and improving the central institutional organisation, data management and analysis. Furthermore, the comparative assessment highlighted many possible synergies that could improve surveillance as a whole, including the implementation of shared tools or the pooling of existing teams, tools or skills. Combining the activities dedicated to each disease would be especially helpful in improving the effectiveness and efficiency of surveillance in the context of current limitations on resources. This may be possible, for instance, within the French epidemiological surveillance (ESA) platform for animal health.*

## Keywords

*Surveillance, Surveillance system, Assessment, Oasis, Interconnection, Equine infectious anaemia, Equine viral arteritis, Contagious equine metritis*

L'anémie infectieuse des équidés (AIE), l'artérite virale équine (AVE) et la métrite contagieuse équine (MCE) sont trois maladies actuellement présentes en France (Encadré), affectant uniquement les équidés et pouvant être à l'origine de pertes économiques importantes pour la filière (Hans and Marcé, 2012; Hans *et al.*, 2015; Petry and Marcé, 2012).

Des systèmes de surveillance propres à chacune de ces trois maladies mais reposant en partie sur les mêmes dispositifs<sup>(1)</sup> de surveillance ont été mis en place en France afin d'évaluer la situation sanitaire, d'adapter les mesures de lutte si nécessaire et de garantir la sécurité sanitaire des échanges internationaux, des ventes et de la monte. L'objectif de cette étude était d'évaluer comparativement les trois systèmes afin

de proposer des pistes d'améliorations communes et d'identifier les synergies pouvant être mises en place.

## Systèmes et dispositifs de surveillance

La surveillance de chacune des trois maladies, que l'on appellera système de surveillance de l'AIE, de l'AVE ou de la MCE, est assurée par plusieurs dispositifs de surveillance, souvent communs aux trois maladies, présentés dans le Tableau 1. Ces derniers ont été créés successivement et pour répondre à des besoins différents et légitimes. Ces dispositifs ont pour modalité la surveillance événementielle pour certains (déclaration des suspicions et cas cliniques), et la surveillance programmée pour d'autres. La surveillance programmée a pour objet la surveillance d'animaux apparemment sains: surveillance des reproducteurs, surveillance avant l'export ou la vente. Certains dispositifs sont gérés par des autorités publiques, qui sont la DGAL et l'Institut français du cheval et de l'équitation (IFCE). C'est le cas

(1) Un dispositif (« *component* » en anglais) comprend une ou plusieurs activités de surveillance (collecte et centralisation des données, information des acteurs, animation...) conduites de manière continue selon des protocoles formalisés avec un certain niveau de coordination, pour une modalité de surveillance donnée (surveillance événementielle, programmée, syndromique...). Un système (« *system* » ou « *network* » en anglais) de surveillance regroupe l'ensemble des dispositifs de surveillance ciblés sur la (ou les) même(s) maladie(s) (Bronner 2016).

**Tableau 1. Dispositifs de surveillance de l'anémie infectieuse des équidés (AIE), de l'artérite virale équine (AVE) et de la métrite contagieuse équine (MCE) en France**

Dispositifs de surveillance	Maladies surveillées	Gestionnaire du dispositif	Modalité de surveillance	Population cible
Surveillance événementielle réglementaire (suspensions cliniques et nécropsiques)	AIE, AVE, MCE	DGAL	Événementielle / obligatoire	Toute la population équine
Surveillance des reproducteurs	AIE, AVE, MCE	IFCE et studbooks	Programmée / volontaire	Reproducteurs de certaines races et étalons utilisés pour l'insémination artificielle
Surveillance événementielle volontaire	AVE	Respe	Événementielle / volontaire	Population équine surveillée par les « vétérinaires sentinelles » volontaires
Surveillance avant la vente	AIE, AVE, MCE	Partenaires privés	Programmée / volontaire	Équidés achetés
Surveillance avant export	AIE, AVE, MCE*	DGAL (TRACES)	Programmée / obligatoire	Équidés destinés à l'export

\* Les agents pathogènes faisant l'objet d'un dépistage varient selon le pays de destination et le type d'export, temporaire ou permanent.

de la déclaration obligatoire des suspicions et des cas cliniques et nécropsiques, mais aussi des tests avant export et de la surveillance obligatoire des étalons utilisés en insémination artificielle. La surveillance des animaux exportés et des animaux importés repose sur le système européen TRACES (Trade control and expert system) auquel participent les autorités sanitaires (dont la DGAL et les DDecPP) et des opérateurs privés agréés. En revanche, les tests avant achat sont d'initiative exclusivement privée, de la part des acheteurs ou des sociétés organisant les ventes aux enchères. Par ailleurs, un dispositif de surveillance événementielle volontaire est gérée par le Réseau d'épidémiosurveillance en pathologie équine (Respe) auquel participent près de 600 vétérinaires à travers le pays (Valon *et al.*, 2012). Ces vétérinaires déclarent les suspicions cliniques et réalisent les prélèvements en rapport avec une liste de syndromes, incluant les avortements et le syndrome respiratoire aigu dont le virus de l'AVE est l'une des causes<sup>(2)</sup>. Enfin, la surveillance des reproducteurs est gérée conjointement par des acteurs publics (IFCE) et privés (studbooks) (IFCE, 2015).

## Méthode d'évaluation

Les trois systèmes de surveillance ont été évalués avec la méthode Oasis (Outil d'analyse des systèmes de surveillance). Cette méthode semi-quantitative permet une analyse structurée, standardisée et approfondie du fonctionnement et de la qualité d'un système de surveillance (Hendriks *et al.*, 2011). Elle a déjà été utilisée pour évaluer des systèmes de surveillance en santé animale et en sécurité sanitaire des aliments et a été décrite à l'occasion de publications d'autres évaluations (Gorecki *et al.*, 2012; Hendriks *et al.*, 2013). Après une première phase de collecte d'informations, une équipe de notation a été constituée et s'est réunie afin d'évaluer (noter) les systèmes à l'aide d'une grille de 78 critères relatifs aux objectifs, à l'organisation et au fonctionnement de la surveillance. Ce travail a été réalisé pour chacun des trois systèmes de surveillance courant 2014. Les trois équipes de notation comportaient huit ou neuf membres, environ la moitié étant interne au système et l'autre moitié étant des experts externes, épidémiologistes et spécialistes de la maladie. La variante Oasis « flash » a été utilisée. Cette variante est plus rapide que la méthode conventionnelle pour l'étape de recueil des données (Plateforme ESA, 2014). Avec la méthode conventionnelle, le recueil est réalisé par une équipe d'évaluation de deux ou trois personnes qui rencontre des membres de chaque échelon du système de surveillance : acteurs de terrain, organisations institutionnelles centrales et unités intermédiaires. Avec la méthode flash, les informations sont collectées par une seule personne, lors de revues documentaires, et de rencontres et échanges téléphoniques avec des acteurs des organisations institutionnelles centrales uniquement. Chaque session de notation a duré une journée et les résultats de chaque évaluation

(2) Début 2014, le Respe a mis en place un nouveau sous-réseau visant à renforcer la surveillance événementielle de l'AIE et d'autres agents responsables du « syndrome piro-like » (Respe, 2014), mais compte-tenu de sa date de création très récente au moment de l'évaluation il n'a pas été évalué dans le cadre de ce travail.

ont été validés par l'équipe correspondante (Amat *et al.*, 2015). Les résultats synthétiques des évaluations se présentent sous la forme de trois sorties graphiques complémentaires qui permettent une mise en évidence directe des points forts et des points à améliorer du système de surveillance :

- analyse par sections fonctionnelles d'un système de surveillance (Figure 1),
- analyse selon sept points critiques d'un système de surveillance (Figure 2),
- analyse selon dix attributs d'un système de surveillance (Figure 3).

Chaque résultat chiffré représente un niveau de satisfaction mesuré par une proportion (exprimée en %), qui est calculée en faisant le rapport entre le score obtenu et le score maximum possible. Chaque sortie graphique représente une combinaison différente des critères notés. Les résultats des trois évaluations ont ensuite été comparés pour identifier les forces et faiblesses communes à tous les systèmes mais aussi les particularités, afin de proposer des améliorations globales et de mettre en évidence les synergies pouvant être mises en place.

## Principales forces communes aux trois systèmes de surveillance

La qualité du travail des laboratoires est un des points forts que partagent les systèmes de surveillance de l'AIE, de l'AVE et de la MCE (Figure 1). Pour chaque maladie, il existe un réseau de laboratoires d'analyses agréés (LAA) pour les analyses de première intention ainsi qu'un laboratoire national de référence (LNR). Ces laboratoires

### Encadré. Trois maladies équine réglementées

L'AIE est un danger sanitaire de première catégorie, pouvant causer une anémie sévère et chronique, dont l'agent est un virus de la famille des *Retroviridae*, genre *lentivirus*. La transmission de l'AIE se fait par transfert de sang contaminé, essentiellement par le biais de vecteurs mécaniques (insectes piqueurs de type tabanidés, voie iatrogène). Les équidés infectés demeurent infectés à vie et sont une source durable de contamination pour les autres équidés. Par conséquent, et compte tenu du fait qu'il n'existe ni traitement ni vaccin, la réglementation impose notamment l'euthanasie des équidés infectés dans les 15 jours suivant le diagnostic (Toma and Pearson, 2010). L'AVE et la MCE sont des dangers sanitaires de deuxième catégorie associés à des troubles de la reproduction et transmissibles par voie vénérienne. Le virus de l'AVE, de la famille des *Arteriviridae*, peut, en outre, être transmis par voie respiratoire et par la semence y compris congelée. L'infection peut persister de façon inapparente chez certains étalons qui jouent alors le rôle de réservoir et peuvent excréter le virus dans leur semence durant plusieurs années. L'AVE est une cause d'avortements, de mortalité néonatale et d'affections respiratoires (Balasuriya *et al.*, 2013; Pronost *et al.*, 2010). La MCE est une maladie bactérienne due à *Taylorella equigenitalis*, un coccobacille Gram négatif à l'origine de manifestations cliniques uniquement chez les juments, telles que vaginite, endométrite et infertilité temporaire. Les équidés (juments et étalons) peuvent rester porteurs de *T. equigenitalis* durant plusieurs années, jouant le rôle de réservoir (Timoney, 2011).

**Figure 1.** Résultats de l'évaluation par la méthode Oasis de la surveillance de l'anémie infectieuse des équidés (AIE), de l'artérite virale équine (AVE) et de la métrite contagieuse équine (MCE) en France selon les dix sections fonctionnelles des systèmes de surveillance (représentation du taux de satisfaction de chaque section en noir, taux en % dans la colonne de droite)

	AIE	AVE	MCE
Section 1 : Objectifs et champ de la surveillance	58	67	67
Section 2 : Organisation institutionnelle centrale	19	14	10
Section 3 : Organisation institutionnelle de terrain	54	46	58
Section 4 : Laboratoire	92	85	90
Section 5 : Outils de surveillance	81	77	72
Section 6 : Modalités de surveillance	38	67	76
Section 7 : Gestion des données	52	48	48
Section 8 : Formation	80	67	60
Section 9 : Communication	67	56	56
Section 10 : Évaluation	0	0	0

**Tableau 2.** Principales recommandations communes pour l'amélioration des systèmes de surveillance de l'anémie infectieuse des équidés, l'artérite virale équine et la métrite contagieuse équine en France

Principales recommandations communes
Renforcer la cohérence entre les dispositifs de surveillance d'un même système de surveillance et la structuration de l'organisation institutionnelle centrale par la mise en place d'une unité centrale, d'un comité de pilotage, d'un comité scientifique et technique incluant le LNR, et d'un protocole de surveillance
Améliorer la gestion des données: centralisation/partage des données ou interopérabilité des bases de données
Renforcer l'exploitation épidémiologique des données (dont moyens humains et techniques) pour qu'elle soit plus détaillée et porte sur l'ensemble des données collectées par les différents dispositifs de surveillance
Mettre en place un tableau de bord d'indicateurs sanitaires et d'indicateurs de fonctionnement facilement vérifiables en routine, permettant respectivement le suivi « en continu » de la situation sanitaire et l'évaluation interne et l'amélioration de la surveillance
Harmoniser le fonctionnement des DDecPP/PIF pour la remontée des données sur les mouvements

travaillent de manière standardisée, ils recourent à l'assurance qualité et participent à des essais inter-laboratoires. Les méthodes de diagnostic sont pertinentes et généralement rapides à réaliser, et leur sensibilité et leur spécificité sont globalement bonnes.

Les outils de surveillance sont également satisfaisants (Figures 1 et 2), notamment les prélèvements qui sont plutôt faciles à réaliser (prises de sang, de sperme, écouvillons naso-pharyngés ou génitaux selon la maladie), transmis rapidement aux laboratoires et de suffisamment bonne qualité pour permettre leur analyse. Les procédures de déclaration des cas sont simples et accessibles, facilitant le recueil des données. La restitution des résultats d'analyses individuelles aux acteurs de terrain (détenteurs, étalonniers, vétérinaires) est efficace.

Outre la rapidité globale des systèmes de surveillance, leur spécificité est l'un des attributs les plus satisfaisants (Figure 3), au regard des analyses de laboratoire et des définitions de cas confirmés. La simplicité est aussi une qualité partagée par les trois systèmes, notamment pour les procédures de déclaration, la collecte des données et les définitions de cas.

## Faiblesses des systèmes de surveillance et principales recommandations

Pour les trois maladies, les dispositifs de surveillance mis en œuvre sont parfois gérés de manière indépendante les uns des autres. L'organisation institutionnelle centrale est un élément prioritaire à améliorer (Figure 1 et Tableau 2). L'échelon central doit généralement comprendre trois instances complémentaires: un comité de pilotage, une unité centrale ou d'animation et un comité scientifique et technique. Or, il n'existe pas d'instance de pilotage pour ces maladies, réunissant tous les partenaires impliqués dans la surveillance et décidant des grandes orientations du système. La mise en place de tels comités de pilotage permettrait une meilleure définition des objectifs (Figures 1 et 2), une meilleure coordination et une plus grande acceptabilité de la surveillance (Figure 3). Les fonctions d'animation et de coordination des acteurs, de centralisation et d'analyse des données mais aussi de diffusion des résultats ne sont pas prises en charge de manière claire et formalisée par un organisme ou un groupe d'acteurs qui feraient office d'unité centrale. Cette absence se traduit par les notes faibles attribuées à la communication (Figure 1) et surtout au point critique « animation » (Figure 2). Pour l'AIE, danger sanitaire de première catégorie, la DGAL a vocation à jouer le rôle d'unité centrale mais elle pourrait bénéficier de l'appui d'autres acteurs pour certaines missions, comme le réalise jusqu'à présent le LNR pour la diffusion annuelle d'une synthèse des résultats. D'autres acteurs tels que les LNR, l'IFCE, le Respe et les studbooks pourraient être impliqués de manière conjointe dans l'animation des systèmes de surveillance de l'AVE et de la MCE, dangers sanitaires de deuxième catégorie. Enfin, il n'existe pour aucune des maladies de comité scientifique et technique. L'absence d'instances centrales capables de faire évoluer facilement les systèmes de surveillance, ainsi que l'absence d'indicateurs de fonctionnement permettant d'identifier et de corriger les points faibles en routine expliquent par ailleurs le faible niveau de l'attribut « flexibilité » (Figure 3).

La gestion des données est un autre point faible majeur des systèmes de surveillance de l'AIE, de l'AVE et de la MCE et son amélioration est un enjeu prioritaire (Figure 1 et Tableau 2). Les résultats de la plupart des dispositifs de surveillance sont gérés dans des systèmes d'information différents qui, hormis pour les cas confirmés, ne sont que très rarement connectés. Certains dispositifs (ventes, exports) ne donnent pas lieu à un enregistrement centralisé des résultats d'analyses. Une centralisation des données, la mise en œuvre d'une interopérabilité entre les bases existantes (LAA, DDecPP-DGAL, LNR, IFCE, Respe) ou *a minima* un partage régulier et fiable des données serait donc à mettre en place. Quel que soit le dispositif de surveillance considéré, les analyses de laboratoire sont réalisées dans les mêmes LAA pour

une maladie donnée. Les bases de données des LAA constituent ainsi le premier (et parfois le seul) niveau de centralisation d'une partie des données. Il est donc important d'améliorer et de généraliser la transmission de données dès ce niveau. Par ailleurs, il est primordial de renforcer l'exploitation épidémiologique des données pour qu'elle soit complète et régulière (Figure 2). Celle-ci devrait s'appuyer sur les compétences déjà existantes dans les organismes impliqués dans la surveillance.

L'évaluation de la surveillance est également un point à améliorer (Figure 1), en particulier l'évaluation interne qui peut être réalisée « en continu » au moyen d'indicateurs de fonctionnement.

## Synergies à mettre en place

Au-delà des forces et faiblesses caractérisant les systèmes de surveillance de l'AIE, de l'AVE et de la MCE, l'évaluation a aussi mis en évidence des atouts spécifiques qui mériteraient d'être partagés (Tableau 3).

Une opportunité de création de synergies résiderait dans l'amélioration de la transmission des résultats d'analyses de laboratoire. Dans le cadre de la surveillance des équidés reproducteurs, la plupart des LAA sont à présent qualifiés pour transmettre directement les résultats des tests à la base de données de l'IFCE (base Sire) par échange de données informatisées (EDI). Les EDI ont l'avantage d'être sécurisés par cryptage, et d'être plus rapides et plus fiables que les saisies manuelles, qui était le seul mode de saisie dans Sire jusqu'à récemment. Il est donc recommandé de généraliser les EDI à toutes les activités de surveillance et pour les trois maladies, afin d'obtenir un transfert rapide et exhaustif des résultats obtenus par les LAA.

Un rapport annuel faisant le bilan de la surveillance de l'AIE est réalisé chaque année conjointement par le LNR et la DGAL et publié dans le numéro spécial « Maladies réglementées et émergentes » du *Bulletin épidémiologique Santé animale – alimentation*. Il est disponible en ligne mais n'est activement diffusé qu'à une partie des acteurs internes et externes de la surveillance. Il est recommandé que des bilans annuels soient également produits pour l'AVE et la MCE. Pour les trois maladies, ces rapports devraient être rédigés conjointement par les organismes en charge des activités de surveillance et comporter une analyse épidémiologique suffisamment détaillée de l'ensemble des résultats. Leur transmission serait assurée à tous les acteurs de la surveillance y compris les acteurs de terrain et les partenaires externes, contribuant ainsi à améliorer l'implication et la vigilance des acteurs, l'acceptabilité des systèmes de surveillance et leur visibilité.

Certains organismes acteurs de la surveillance ont par ailleurs mis au point des outils de surveillance qu'il serait utile de généraliser. Par exemple, le Respe (pour l'AVE –et plus récemment pour l'AIE) et l'IFCE (pour les trois maladies) ont créé des formulaires de recueil de données, outils permettant de standardiser les informations collectées (Tableau 3).

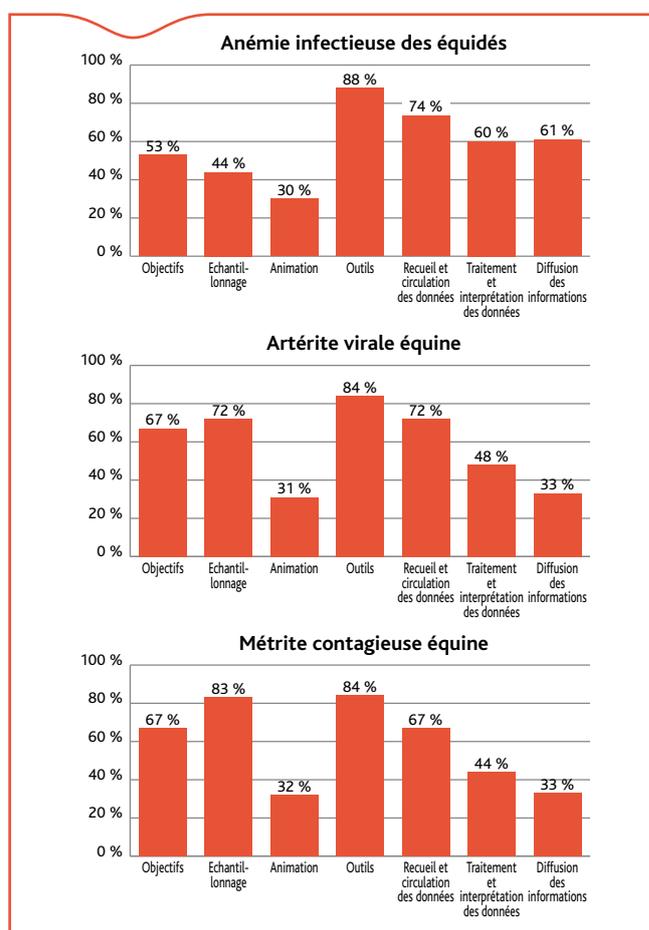


Figure 2. Résultats de l'évaluation par la méthode Oasis de la surveillance de l'anémie infectieuse des équidés, de l'artérite virale équine et de la métrite contagieuse équine en France selon les sept points critiques des systèmes de surveillance (représentation du taux de satisfaction de chaque point critique)

Il existe diverses équipes d'investigation mobilisables en cas de foyer, par la DGAL pour l'AIE, par l'IFCE avec les studbooks pour l'AVE et la MCE, et par le Respe pour l'AVE. Toutefois, selon la race et l'utilisation des animaux atteints, des cas d'AVE et de MCE ne sont pas investigués. À l'avenir, ces équipes pourraient être fusionnées ou mieux coordonnées en profitant des compétences complémentaires existantes, en incluant notamment les LNR (Tableau 3).

L'échantillonnage et les modalités de surveillance de l'AVE et de la MCE sont plus satisfaisants que ceux de l'AIE. Ce constat est à relier au manque de précision des objectifs généraux de la surveillance de l'AIE (Figures 1 et 2), en particulier pour la surveillance événementielle réglementaire. Les dispositifs de surveillance programmée existants ont pour finalité de garantir la sécurité sanitaire de la monte, des échanges internationaux et des ventes d'équidés. S'ils remplissent

Tableau 3. Principaux outils, équipes et compétences à mettre en commun pour améliorer la surveillance de l'anémie infectieuse des équidés (AIE), l'artérite virale équine (AVE) et la métrite contagieuse équine (MCE) en France

Point fort à mettre en commun	Système/organisme dont le point fort est à partager	Principaux critères pouvant être améliorés grâce au partage du point fort
Bilan annuel	Système de surveillance de l'AIE	Communication Diffusion de l'information Acceptabilité
Formulaire de collecte de données	IFCE (pour la surveillance des trois maladies chez les reproducteurs), Respe (pour la surveillance événementielle volontaire de l'AVE)	Collecte de données Outils de surveillance
Échanges de données informatisées (EDI)	IFCE (pour les trois maladies), Respe (pour l'AVE)	Gestion des données Fiabilité Rapidité
Equipes d'investigations	Système de surveillance de l'AIE, studbooks (pour les trois maladies), Respe (pour l'AVE)	Fiabilité Rapidité

plutôt bien ces missions pour les trois maladies, ils ne s'inscrivent pas dans un but de surveillance de l'ensemble de la population équine. C'est au contraire le cas de la surveillance événementielle réglementaire, essentiellement pour l'AIE, danger sanitaire de première catégorie. Or, le système de surveillance de l'AIE ne permet pas, à ce jour, de connaître précisément la prévalence ni l'incidence de la maladie dans la population équine générale. Les mesures de police sanitaire mises en place lorsqu'un cas est confirmé (euthanasie des équidés infectés, mouvements interdits, enquête épidémiologique, annulation des rassemblements et compétitions) tendent à indiquer que l'objectif est la maîtrise stricte, voire l'éradication de l'AIE, mais la confirmation d'un tel but nécessiterait l'adaptation et l'élargissement des mesures de surveillance actuelles. En particulier, l'échantillonnage actuel est peu efficace pour détecter le virus dans certaines sous-populations telles que les chevaux de loisir, de trait, de boucherie et les ânes. Une meilleure précision des objectifs, une vérification de l'adéquation des activités de surveillance existantes avec ces objectifs et l'adaptation des activités le cas échéant permettraient d'améliorer la sensibilité et la représentativité de la surveillance de l'AIE, deux attributs importants des systèmes de surveillance.

## Discussion

La méthode Oasis flash utilisée pour ce travail présente des avantages mais aussi des limites qui ont été discutées par ailleurs (Amat *et al.*, 2015). À l'avenir, ces évaluations pourraient être complétées par des analyses économiques et des évaluations quantitatives. Ces analyses permettraient d'estimer les progrès qui seraient potentiellement réalisés grâce aux mesures proposées, notamment en termes de rapidité et de sensibilité de la surveillance, et de hiérarchiser ces mesures en fonction de leur balance coûts-bénéfices.

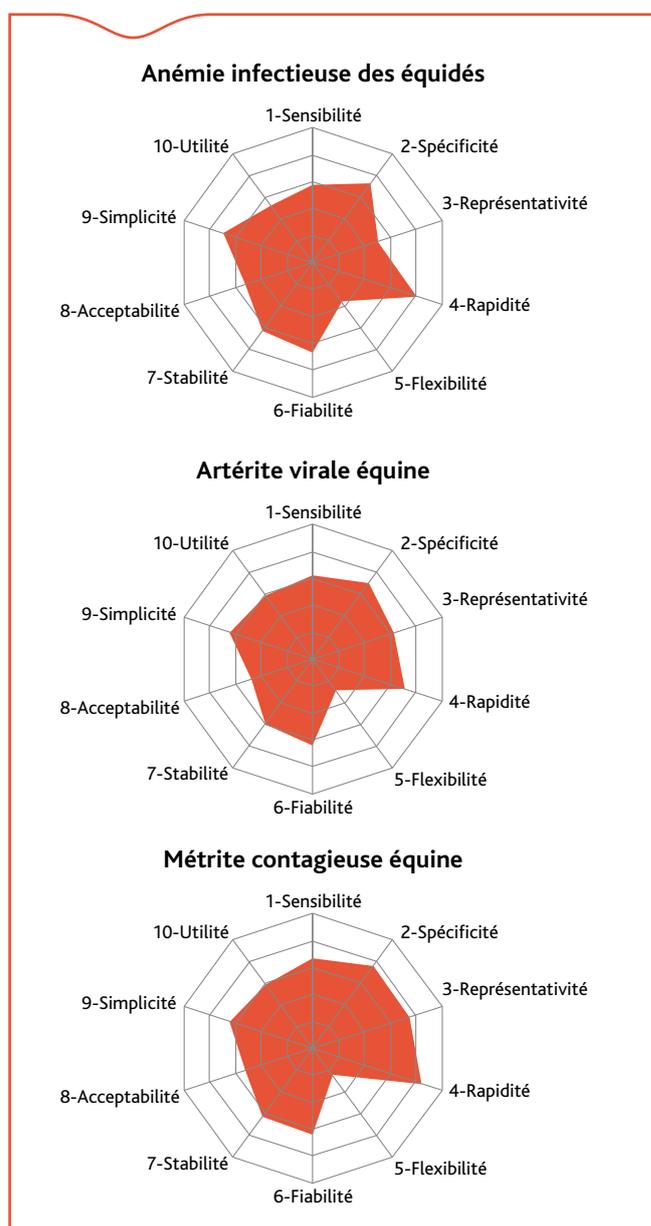
Les trois systèmes de surveillance évalués reposent en grande partie sur les mêmes acteurs et les mêmes dispositifs. Dans un souci de cohérence et d'efficacité, il semblerait donc pertinent de mettre en place une organisation institutionnelle centrale commune aux trois systèmes et d'envisager une mutualisation des compétences et outils. Ces évolutions renforceraient la cohésion entre les acteurs, la stabilité et la flexibilité des systèmes de surveillance. Elles permettraient de mieux valoriser les données sanitaires obtenues indépendamment et d'améliorer l'efficacité de la surveillance à long terme, ce qui s'avère particulièrement nécessaire en période de contraintes budgétaires.

## Conclusion

L'évaluation comparative des systèmes de surveillance de l'AIE, de l'AVE et de la MCE a mis en évidence des points forts, tels que les laboratoires, les outils, la rapidité, la simplicité et la spécificité de la surveillance. Malgré les faiblesses relevées portant sur le défaut de mise en cohérence des activités de surveillance au sein de chaque système, sur l'organisation institutionnelle centrale, ainsi que sur la gestion et l'exploitation épidémiologique des données, la qualité globale de la surveillance de ces trois maladies est plutôt bonne. Cette évaluation a permis de dégager des pistes communes d'amélioration, mais aussi des opportunités de synergies, certainement plus rapides et moins coûteuses à mettre en place car s'appuyant sur des outils ou des équipes déjà existants. Cette réflexion sur une meilleure mutualisation de la surveillance de ces trois maladies doit inévitablement conduire à s'interroger plus largement sur les mutualisations possibles avec la surveillance d'autres maladies équines. L'intégration des acteurs de la surveillance des équidés dans la Plateforme d'épidémiologie en santé animale (Plateforme ESA) serait sans doute une excellente opportunité pour réfléchir plus avant à cette mutualisation.

## Références bibliographiques

Amat, J.P., Hendriks, P., Tapprest, J., Leblond, A., Dufour, B., 2015. Comparative evaluation of three surveillance systems for infectious equine diseases in France and implications for future synergies. *Epidemiol. Infect.* 143, 3122-3133.



**Figure 3.** Résultats de l'évaluation par la méthode Oasis de la surveillance de l'anémie infectieuse des équidés, de l'artérite virale équine et de la métrite contagieuse équine en France selon dix attributs des systèmes de surveillance (représentation du pourcentage de satisfaction de chaque attribut)

Balasuriya, U.B.R., Go, Y.Y., MacLachlan, N.J., 2013. Equine arteritis virus. *Vet. Microbiol.* 167, 93-122.

Bronner, A., Calavas, D. 2016. Analyse de quatre indicateurs indirects de survenue d'avortements chez les bovins: évaluation de leurs performances et perspectives d'utilisation. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 73, 7-10.

Gorecki, S., Calavas, D., Fediaevsky, A., Chevalier, F., Hendriks, P., 2012. Évaluation du dispositif national de surveillance épidémiologique de la tuberculose bovine en France à l'aide de la méthode OASIS. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 51, 9-12.

Hans, A., Marcé, C., 2012. Etat des lieux de l'artérite virale équine (AVE) en France en 2011. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 54, 62-63.

Hans, A., Jean-Baptiste, S., Amat, J.P., Chevé, F., Amelot, G., Guyot, J.-J., Dalgaz, F., Lecouturier, F., Courcoul, A., Gay, P., Gaudaire, D., Grandcollot-Chabot, M., 2015. Surveillance de l'anémie infectieuse des équidés: deux foyers détectés dans le Sud de la France en 2014. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 71, 72-76.

Hendriks, P., Souillard, R., Benkacimi, M., Boisseleau, D., Sadonès, H., 2013. Évaluation du dispositif national de surveillance épidémiologique des pestes aviaires en France à l'aide de la méthode OASIS. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 60, 22-26.

Hendriks, P., Gay, E., Chazel, M., Moutou, F., Danan, C., Richomme, C., Boué, F., Souillard, R., Gauchard, F., Dufour, B., 2011. OASIS: an assessment tool

- of epidemiological surveillance systems in animal health and food safety. *Epidemiol. Infect.* 139, 1486-1496.
- IFCE, 2015. Monte 2016 : Dépistages et vaccinations sur les étalons et juments selon les règlements des stud-books [http://www.ifce.fr/wp-content/uploads/2015/08/SIRE-depistages\\_vaccinations\\_etalons\\_juments\\_MONTE\\_2016.pdf](http://www.ifce.fr/wp-content/uploads/2015/08/SIRE-depistages_vaccinations_etalons_juments_MONTE_2016.pdf).
- Petry, S., Marcé, C., 2012. Etat des lieux de la métrite contagieuse équine (MCE) en France en 2011 : deux cas sur des femelles trotteurs français. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 54, 64-65.
- Plateforme ESA, 2014. Procédure d'évaluation d'un dispositif de surveillance selon la méthode OASIS Flash [http://www.plateforme-esa.fr/sites/default/files/images/documents/oasis/procedure\\_oasis\\_flash\\_v3.pdf](http://www.plateforme-esa.fr/sites/default/files/images/documents/oasis/procedure_oasis_flash_v3.pdf).
- Pronost, S., Pitel, P.H., Miszczak, F., Legrand, L., Marcillaud-Pitel, C., Hamon, M., Tapprest, J., Balasuriya, U.B., Freymuth, F., Fortier, G., 2010. Description of the first recorded major occurrence of equine viral arteritis in France. *Equine Vet. J.* 42, 713-720.
- RESPE, 2014. Sous-Réseau Syndrome Piro-Like <http://www.respe.net/sousreseau/pirolike>.
- Timoney, P.J., 2011. Contagious equine metritis. In: McKinnon, A.O., Squires, E.L., Vaala, W.E., Varner, D.D., *Equine Reproduction*. John Wiley & Sons, Hoboken, 2399-2409.
- Toma, B., Pearson, J.E., 2010. Equine infectious anaemia. In: Lefèvre, P.C., Blancou, J., Chermette, R., Uilenberg, G., *Infectious and Parasitic Diseases of Livestock*. CABI, Oxfordshire, 613-626 p.
- Valon, F., Marcillaud-Pitel, C., Fortier, G., Chaffaux, S., Tritz, P., D'Ablon, X., Hendrikx, P., Leblond, A., 2012. Le RESPE: réseau d'épidémiosurveillance en pathologie équine. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 49, 11-16.

# Situation épidémiologique de la fièvre de la Vallée du Rift en Afrique de l'Ouest et du Nord

Elena Arsevska (1,2) (elena.arsevska@cirad.fr), Renaud Lancelot (1,2), Bezeid El Mamy (3), Catherine Cêtre-Sossah (2,4)

Cirad, UMR CMAEE, Montpellier, France

(2) Inra, UMR1309 CMAEE, Montpellier, France

(3) Centre national d'élevage et de recherche vétérinaire (CNERV), Nouakchott, Mauritanie

(4) Cirad, UMR CMAEE, Sainte-Clotilde, La Réunion, France

## Résumé

La fièvre de la Vallée du Rift (FVR) est une arbovirose pouvant affecter gravement différentes espèces de ruminants domestiques et sauvages, notamment les ovins, bovins, caprins, dromadaires ainsi que l'Homme. Le virus de la FVR est présent dans la plupart des pays d'Afrique ainsi qu'au Moyen-Orient (Arabie Saoudite, Yémen). Ces dernières années, il est particulièrement actif en Mauritanie (foyers en 2010, 2012, 2015) et au Sénégal (foyers en 2013, 2014). Des études sérologiques récentes de 2008 et de 2014 conduites dans des pays du Maghreb laissent penser que le virus serait présent dans certaines régions d'Algérie, du Maroc et de Tunisie. Au-delà des aspects économiques, l'enjeu de la surveillance et du contrôle de cette maladie est la préservation de la santé publique. La seule mesure réellement efficace est la vaccination du bétail pour interrompre les cycles épidémiologiques vecteurs – ruminants – et limiter/éviter la transmission à l'Homme. Même avec la disponibilité de vaccins vétérinaires fiables, l'irrégularité dans l'espace et dans le temps des épizooties de FVR rend peu probable l'organisation de campagnes de vaccination de masse sur plusieurs années consécutives sur de grandes populations animales (bovins, petits ruminants, dromadaires). Dans ces conditions, il est nécessaire de mettre en place une stratégie régionale d'alerte précoce, de surveillance et de contrôle basée sur le risque épizootique.

## Mots-clés

Fièvre de la Vallée du Rift, Afrique de l'Ouest, Afrique du Nord, cas humains, foyers animaux

## Abstract

### *Epidemiological situation of Rift Valley fever in western and northern Africa*

*Rift Valley fever (RVF) is an arbovirose affecting both domestic and wild ruminants, especially sheep, cattle, goats and humans (zoonosis). The RVF virus is present in most African countries and the Middle East (Saudi Arabia and Yemen). In recent years, the virus has been particularly active in Mauritania (outbreaks in 2010, 2012 and 2015) and Senegal (outbreaks in 2013 and 2014). Recent studies from 2008 and 2014 conducted in the Maghreb countries indicate that the RVF virus could be present in certain regions of Algeria, Morocco and Tunisia. Besides economic aspects, the challenge related to controlling RVF is the preservation of human and animal health. The only efficient measure is the vaccination of susceptible animals in order to interrupt the epidemiological cycle vectors – ruminants – and limit transmission to humans. Even though reliable veterinary vaccines are available, the irregularity in space and time of RVF outbreaks decreases the likelihood of an efficient organisation of massive vaccination campaigns in cattle, small ruminants and camels over several consecutive years. In these conditions, there is a need for a regional early-warning strategy combined with a surveillance and control system based on the risk of an outbreak.*

## Keywords

*Rift Valley fever, West Africa, North Africa, Human cases, Animal outbreaks*

La fièvre de la Vallée du Rift (FVR) est une arbovirose pouvant affecter gravement différentes espèces de ruminants domestiques et sauvages, notamment les ovins, bovins, caprins, dromadaires, ainsi que l'Homme (Chevalier *et al.*, 2010). Le virus est transmis de façon vectorielle aux animaux par plusieurs espèces de moustiques (dont les genres *Aedes* et *Culex*). La transmission chez l'Homme se fait principalement par les contacts directs qu'il peut avoir avec le sang ou tout autre fluide corporel issus d'animaux virémiques.

Les manifestations cliniques varient selon l'espèce animale et d'autres facteurs tels que l'âge et l'état physiologique (gestation). Les caractéristiques principales définissant la maladie pendant les épizooties sont l'apparition de vagues d'avortements ainsi qu'une mortalité élevée de jeunes animaux (notamment les agneaux). Chez les populations immunologiquement naïves qui sont infectées par le virus FVR, les femelles gravides avortent quasi-systématiquement (80-100 %) (OIE, 2016).

Chez l'Homme, les formes asymptomatiques (50 %) ou pseudo-grippales (fièvre, myalgie, céphalée et arthralgie) sont les plus fréquentes. Les formes graves (rétinite, encéphalite, fièvre hémorragique) représentent environ 1 % des patients (Pépin, 2011). Les éleveurs, vétérinaires ou auxiliaires d'élevage, le personnel des abattoirs et les bouchers sont les populations particulièrement à risque.

La FVR se manifeste souvent par des flambées épizootiques suivies de phases de silence inter-épizooties pouvant durer plusieurs années. En Afrique orientale et australe, les épizooties sont déclenchées par les pluies automnales intenses (en lien avec les pullulations de moustiques qui en résultent), liées par exemple aux épisodes El

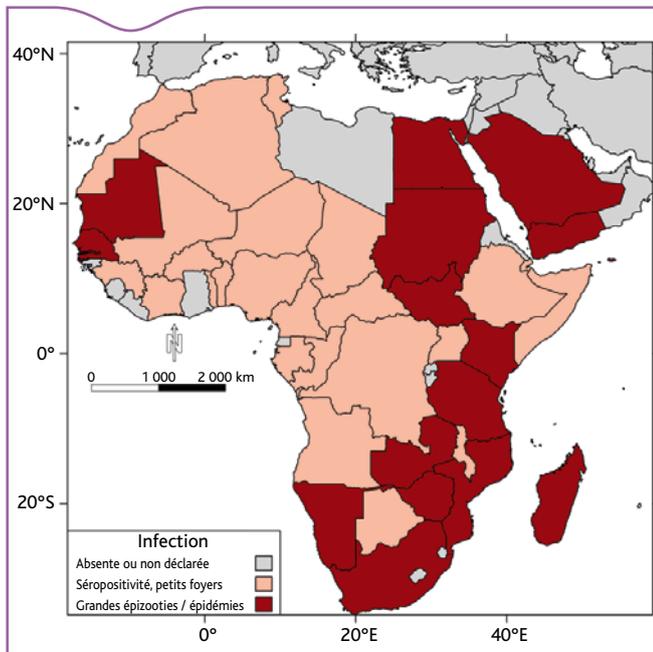
Niño (Linthicum *et al.*, 1999). La situation est plus complexe pour les autres régions.

En plus des effets directs sur la santé animale et humaine, la FVR a des conséquences économiques importantes en affectant notamment le commerce des animaux (Nin-Pratt *et al.*, 2005). La maladie est à notification obligatoire à l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) et à l'Organisation mondiale de la santé (OMS).

## Situation récente en Afrique subsaharienne

Le virus de la FVR est présent dans la plupart des pays d'Afrique ainsi qu'au Moyen-Orient (Arabie Saoudite, Yémen) (Figure 1). Ces dernières années, il est particulièrement actif en Mauritanie et au Sénégal. La Figure 2 présente une synthèse du nombre de foyers humains et animaux observés depuis l'automne 1987, date de la première épidémie observée dans la Vallée et le Delta du Fleuve Sénégal. Les données proviennent des déclarations des pays à l'OIE, de la compilation des données des réseaux nationaux de surveillance, et d'une revue de la littérature scientifique. En 1987, plus de 1 200 cas cliniques humains dont 224 décès sont survenus entre les mois de septembre à décembre (Jouan *et al.*, 1988). L'épidémie s'est poursuivie en 1988 puis l'activité virale s'est progressivement atténuée. En 1993, 1998 et 2003, des foyers d'ampleur variable se sont produits, avec des cas humains et animaux (Lancelot, 2009).

En 2010, la Mauritanie a notifié à l'OMS un total de 63 cas humains, dont treize décès (El Mamy *et al.*, 2011). Ces cas sont survenus dans l'Adrar,



**Figure 1.** Pays connus comme étant infectés par le virus de la fièvre de la Vallée du Rift en 2016. Source des données: CDC (USA), OIE, revue de la littérature scientifique

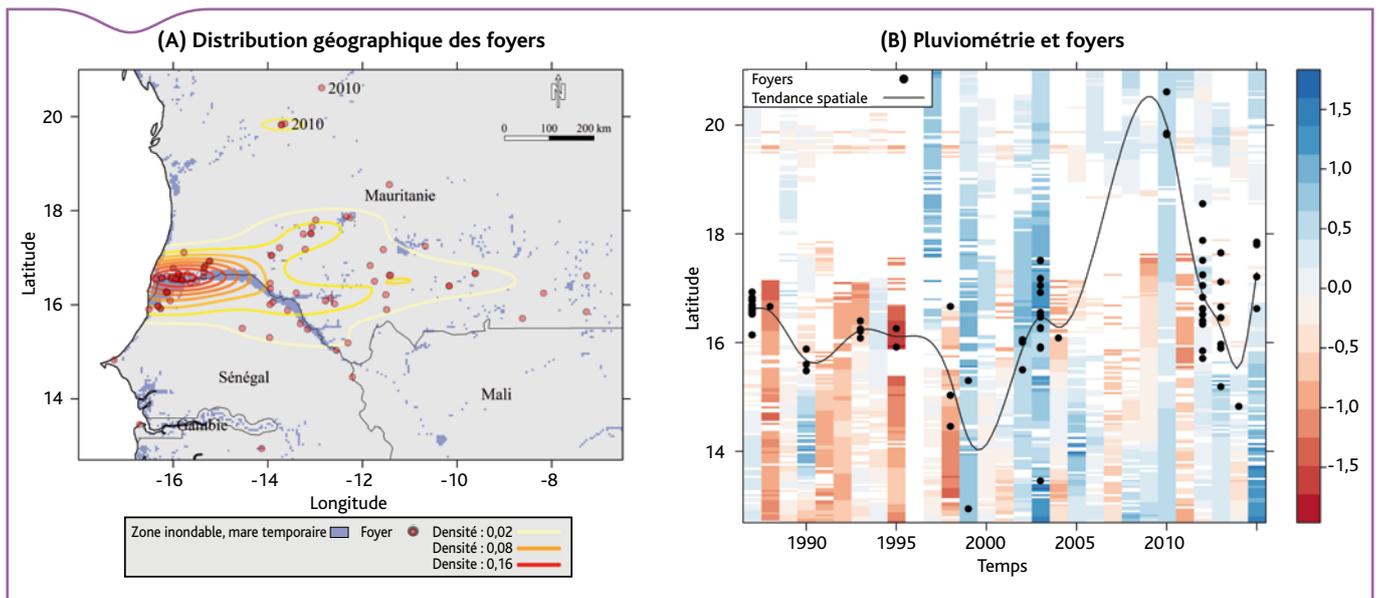
région désertique du Nord de la Mauritanie. Ce foyer inattendu compte tenu de sa localisation septentrionale, dans une région désertique (Figure 2A: foyers annotés « 2010 »), a été consécutif à un épisode pluvieux exceptionnel survenu en septembre 2010 ayant entraîné l'apparition de mares temporaires et de pâturages suffisamment conséquents pour décider les éleveurs de dromadaires et de petits ruminants d'y déplacer leurs animaux. Certains de ces animaux ont été transportés par camion depuis les régions plus méridionales et notamment la vallée du fleuve Sénégal. Le virus a probablement été introduit à cette occasion et un cycle local s'est établi puis amplifié grâce aux populations de moustiques qui ont rapidement colonisé les mares temporaires (El Mamy *et al.*, 2014a).

Une autre épidémie a touché la Mauritanie en 2012, avec 36 cas graves dont dix-neuf décès, répartis dans six régions du Sud-Est de

la Mauritanie (El Mamy *et al.*, 2014b). Une enquête épidémiologique menée en octobre et novembre 2012 dans la région du Tagant chez 212 personnes répondant à la définition du cas (syndrome fébrile et hémorragique ne rétrocedant pas aux traitements antipaludéens), a révélé 26 cas positifs (12 %) pour le virus de la FVR, par détection d'immunoglobulines de type M (IgM) et/ou de génome viral (Boushab *et al.*, 2015a; Boushab *et al.*, 2015b). Les derniers cas humains de FVR signalés en Mauritanie datent d'octobre 2015 et proviennent de la région du Tagant (un décès) ou du centre et du sud-est (huit décès) (ProMed-mail, 2015). En 2013, l'infection s'est propagée au Sénégal où elle a touché pour la première fois les régions très peuplées de Thiès et de Dakar. Des foyers animaux ont également été rapportés en 2014 (ProMed-mail, 2014; OIE WAHID, 2016).

Il est difficile de comprendre les raisons de cette réémergence du virus de la FVR dans cette région. La Figure 2B montre que les foyers n'émergent pas forcément lors des années qui ont eu une plus forte pluviométrie que la normale. La plupart des foyers se produisent à proximité de points d'eau, en cohérence avec le rôle des vecteurs dans la transmission du virus entre animaux.

Sur le plan climatique, on assiste toutefois depuis une trentaine d'années à un reverdissement du Sahel, avec des précipitations plus abondantes mais aussi plus intenses et plus irrégulières (Anyamba *et al.*, 2014). Les raisons de ce phénomène seraient liées à un réchauffement des eaux de surface de l'Atlantique Nord, lui-même consécutif à une réduction de la pollution atmosphérique au-dessus de cette région (Giannini *et al.*, 2013). Des pluies intenses avec des pauses pluviométriques entraînent des variations rapides du niveau des mares temporaires du Centre-Nord du Sénégal (région du Ferlo) et du Sud-Est de la Mauritanie (région des Hodhs). Ces phénomènes hydrologiques sont très favorables à une forte dynamique des populations d'*Aedes* (Mondet *et al.*, 2005); par ailleurs la persistance d'eau dans les mares favorise les populations de *Culex*. Globalement, l'abondance des populations de moustiques semble donc augmenter. Sur la même échelle temporelle, les populations animales augmentent également avec l'amélioration des ressources fourragères et des eaux de surface (Anyamba *et al.*, 2014). Enfin, le commerce d'animaux sur pied s'intensifie suite à l'accroissement des populations humaines et à l'urbanisation. Tout concourt ainsi dans cette région à des conditions plus favorables à l'occurrence de foyers de FVR et à la diffusion du virus.



**Figure 2.** Foyers de FVR en Mauritanie, au Sénégal et en Gambie, 1987-2015. (A) Distribution géographique des foyers. La densité de probabilité d'occurrence des foyers a été estimée à l'aide d'un kernel gaussien bivarié et représentée par des isocones de couleur allant du jaune (densité faible) au rouge (densité élevée). (B) Pluviométrie et occurrence des foyers. Chaque colonne représente une année. L'axe des y représente la latitude, avec la même étendue que sur le panel (A). La valeur est l'écart standardisé à la moyenne 1983-2013. Les pixels bleus (rouges) correspondent à un excès (déficit) pluviométrique par rapport à la moyenne sur 30 ans. Les foyers de FVR observés de 1987 à 2015 ont été projetés à leur latitude d'occurrence. Source des données de pluviométrie: Tamsat (Tarnavsky *et al.*, 2014).

## Situation en Afrique du Nord

L'Égypte a connu en 1977-78 la première grande épidémie de FVR, le virus ayant été introduit depuis le Soudan (Hoogstraal *et al.*, 1979) : environ 200 000 personnes ont été infectées, conduisant à 600 décès (Gerdes, 2004). Par la suite, des épidémies de moindre ampleur sont survenues en 1993-94, 1996-97, et 2003. Diverses enquêtes sérologiques chez l'animal et l'Homme ont révélé la circulation du virus en dehors de ces épisodes épidémiques (Kamal, 2011; Youssef, 2009). Le virus de la FVR peut ainsi être considéré comme enzootique dans ce pays. Les campagnes de vaccination pour le contrôle de certaines de ces épizooties ont été réalisées, soit à l'aide de vaccins atténués produits à partir de la souche Smithburn, soit à l'aide de vaccins inactivés (Kamal, 2011). L'utilisation de ce type de vaccin atténué en lien avec les possibilités connues de réversion de virulence n'est cependant pas recommandée surtout en situation d'enzootie (Botros *et al.*, 2006; El-Ballal *et al.*, 1999; Imam and Darwish, 1977).

Des études sérologiques (chez l'Homme et les ruminants) récentes conduites dans d'autres pays du Maghreb laissent penser que le virus serait présent dans certaines régions.

Dans le sud du Maroc, une étude sérologique conduite en 2009 a montré une séroprévalence de 15 % ( $n=100$ ) chez les dromadaires des provinces de Dakhla et Smara-Laayoune, régions proches de la Mauritanie, avec des mouvements transfrontaliers illégaux réguliers de ce pays vers le Maroc, signalés par les services vétérinaires mauritaniens (El-Harrak *et al.*, 2011).

Dans le sud de l'Algérie et du Sahara occidental, les 982 échantillons collectés en 2008 ont montré une séroprévalence de 1 à 5 % chez les chèvres, moutons et dromadaires de la wilaya de Tindouf d'Algérie et de 5 à 10 % dans les régions de Bir Lahlou, Tifariti et Mehaires, autour des lacs salés (chotts) du Sahara occidental (Di Nardo *et al.*, 2014). Ces régions sont frontalières de la Mauritanie et la mobilité animale y est forte (Nanyingi *et al.*, 2015).

Une enquête sérologique a été effectuée pendant l'été 2014 dans les régions de Sousse, Sfax et Mahdia en Tunisie. Quatorze sérums sur 181 prélevés chez des patients qui avaient connu un épisode fébrile inexplicable soit 8 % de l'échantillon présentaient des IgM, signant une infection récente par le virus de la FVR; d'autre part, trois sérums sur 38 prélevés chez des employés d'abattoirs (8 %) présentaient des IgG contre ce virus. Aucun lien n'a pu être établi entre la séropositivité de ces employés et l'abattage d'animaux directement importés depuis l'étranger (Bosworth *et al.*, 2016). Malgré l'absence de détection du virus lui-même dans les prélèvements réalisés à partir des patients fébriles et des employés d'abattoirs, ces résultats suggèrent fortement une circulation locale du virus de la FVR. Cette occurrence, à confirmer par d'autres études, s'est produite dans l'une des zones à risque identifiée par des travaux récents (Arsevska *et al.*, 2015).

## Origine, installation et propagation du virus

Selon une étude phylogénétique récente (Bird *et al.*, 2007) l'émergence du virus de la FVR au plan mondial daterait du 19<sup>e</sup> siècle. Elle serait liée aux fronts pionniers d'Afrique australe et orientale, et à l'introduction de bétail d'origine exotique (bovins, ovins) dans des zones jusque-là non peuplées par ce type d'animaux et/ou d'espèces. Au contact d'un cycle selvatique (cycle animal sauvage – moustique) mal connu (Olive *et al.*, 2012), le virus se serait répliqué chez les ruminants domestiques, puis se serait transmis et propagé progressivement par les moustiques et les mouvements, commerciaux et de transhumance, du bétail.

Le risque d'introduction du virus de la FVR en Afrique du Nord est lié aux importations d'animaux infectés en provenance de zones d'endémie, à l'occasion de mouvements commerciaux ou de transhumance, ou encore suite à des conflits socio-politiques (EFSA, 2013). L'épidémie qui a touché l'Égypte en 1977-78 était ainsi consécutive à une épidémie survenue au Soudan en 1976 (Eisa *et al.*, 1980), le virus ayant été

probablement introduit en Égypte par les importations d'animaux pour la consommation de viande (Hoogstraal *et al.*, 1979). Bien que le risque soit moins grand (en lien avec les flux commerciaux plus limités), il ne semble pas nul entre la Mauritanie et le Maroc, et demande à être surveillé. Enfin, la situation difficile en Libye et les demandes importantes en viande rouge des populations côtières de ce pays ont conduit à des importations massives et non contrôlées de ruminants depuis le Tchad, avec des risques majeurs d'introduction de virus de la FVR, présent dans ce pays (Ringot *et al.*, 2004).

De plus, en raison des besoins alimentaires croissants, les surfaces agricoles irriguées ont sensiblement augmenté ces dernières années dans les pays du Maghreb, offrant ainsi des gîtes supplémentaires de reproduction et de repos pour les vecteurs potentiels du virus FVR. Après son introduction, le virus peut ainsi s'installer grâce à des cycles d'amplification virale optimaux si les conditions environnementales sont favorables (Barhoumi *et al.*, 2015) comme en saison pluvieuse, c'est-à-dire en automne sur la rive Sud de la Méditerranée (Arsevska *et al.*, 2015).

## Alerte précoce, surveillance et contrôle

En matière de contrôle, la seule mesure réellement efficace est la vaccination du bétail pour interrompre les cycles épidémiologiques vecteurs – ruminants et limiter/éviter la transmission à l'Homme. En effet, au stade épidémique, de très nombreuses espèces de moustiques avec des écologies variées (gîtes de ponte et de repos, périodes d'activité, préférences trophiques) peuvent intervenir dans la transmission. Il est alors peu efficace de recourir à de la lutte anti-vectorielle, qu'elle soit larvicide ou adulticide, à l'exception des traitements insecticides topiques ou systémiques appliqués sur bovins. De nombreux vecteurs du virus de la FVR et d'autres agents pathogènes humains se nourrissent préférentiellement sur ces hôtes (Diallo *et al.*, 2008; Poché *et al.*, 2015). Plusieurs types de vaccins sont commercialisés avec leurs avantages et leurs inconvénients (FAO, 2011) :

- des vaccins inactivés par la formaline avec une bonne innocuité mais une faible immunogénicité, et nécessitant deux injections de primo-vaccination et des rappels annuels. Leur coût de production est plus élevé que les vaccins dits atténués (Mansfield *et al.*, 2015),
- plusieurs vaccins atténués :
  - le vaccin atténué neurotrope « Smithburn » dérivé de la souche virulente Entebbe atténuée par de nombreux passages intracérébraux sur souris (Smithburn, 1949). Ce vaccin conserve un pouvoir pathogène résiduel chez l'animal (avortement) et chez l'Homme (syndrome fébrile). Il est encore utilisé au Kenya et en Afrique du Sud,
  - un vaccin atténué avirulent, le clone 13, avec un bon pouvoir immunogène notamment chez les petits ruminants a récemment été mis sur le marché (Njenga *et al.*, 2015),
  - un autre vaccin dérivé de la souche MP-12 est disponible seulement aux États-Unis (Mansfield *et al.*, 2015).

D'autres vaccins alternatifs à base de vecteurs recombinants ou de particules virales sont par ailleurs toujours à l'état de recherche et développement (Mansfield *et al.*, 2015).

Même avec la disponibilité de vaccins vétérinaires fiables, l'irrégularité dans l'espace et dans le temps des épizooties de FVR rend peu probable l'organisation de campagnes de vaccination de masse sur plusieurs années consécutives sur de grandes populations animales (bovins, petits ruminants, dromadaires). Dans ces conditions, il est nécessaire de mettre en place une stratégie régionale d'alerte précoce, de surveillance et de contrôle basée sur le risque épizootique avec notamment :

- identification et notification de phénomènes météorologiques susceptibles de déclencher des épizooties : fortes pluies, inondations ;
- identification des zones à risque d'introduction (marchés à bétail) et d'installation (zones humides) du virus ;

- enquêtes sérologiques répétées avec mise en place d'animaux sentinelles dans ces zones à risque, et;
- mise en place d'un diagnostic différentiel de la FVR en cas de suspicion chez l'Homme (rétinite, encéphalite, fièvre hémorragique).

## Remerciements

Cette étude a été financée par la Direction générale de l'Alimentation (ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt) et par le projet du 7<sup>e</sup> PCRDT VMerge de l'Union européenne (<http://www.vmerge.eu>). Le comité de pilotage de VMerge lui a attribué le n°VMERGE016. Le contenu de cette publication est de la seule responsabilité des auteurs et ne reflète pas nécessairement l'avis de la Commission européenne.

## Références bibliographiques

Anyamba, A., Small, J., Tucker, C., Pak, E., 2014. Thirty-two Years of Sahelian Zone Growing Season Non-Stationary NDVI3g Patterns and Trends. *Remote Sens.* 6, 3101-3122. doi:10.3390/rs6043101

Arsevska, E., Hellal, J., Mejri, S., Hammami, S., Marianneau, P., Calavas, D., Hénaux, V., 2015. Identifying Areas Suitable for the Occurrence of Rift Valley Fever in North Africa: Implications for Surveillance. *Transbound. Emerg. Dis.* doi:10.1111/tbed.12331

Barhoumi, W., Qualls, W.A., Archer, R.S., Fuller, D.O., Chelbi, I., Cherni, S., Derbali, M., Arheart, K.L., Zhioua, E., Beier, J.C., 2015. Irrigation in the arid regions of Tunisia impacts the abundance and apparent density of sand fly vectors of *Leishmania infantum*. *Acta Trop.* 141, 73-78. doi:10.1016/j.actatropica.2014.10.008

Bird, B.H., Khristova, M.L., Rollin, P.E., Ksiazek, T.G., Nichol, S.T., 2007. Complete genome analysis of 33 ecologically and biologically diverse Rift Valley fever virus strains reveals widespread virus movement and low genetic diversity due to recent common ancestry. *J Virol* 81, 2805-2816.

Bosworth, A., Ghabbari, T., Dowall, S., Varghese, A., Fares, W., Hewson, R., Zhioua, E., Chakroun, M., Tiouiri, H., Ben Jemaa, M., Znazen, A., Letaief, A., 2016. Serologic evidence of exposure to Rift Valley fever virus detected in Tunisia. *New Microbes New Infect.* 9, 1-7. doi:10.1016/j.nmni.2015.10.010

Botros, B., Omar, A., Elian, K., Mohamed, G., Soliman, A., Salib, A., Salman, D., Saad, M., Earhart, K., 2006. Adverse response of non-indigenous cattle of European breeds to live attenuated Smithburn Rift Valley fever vaccine. *J. Med. Virol.* 78, 787-791. doi:10.1002/jmv.20624

Boushab, B.M., Savadogo, M., Sow, S.M., Soufiane, S., 2015a. Enquête d'investigation sur des cas de fièvre de la vallée du Rift au Tagant, Mauritanie. *Rev. D'Épidémiologie Santé Publique* 63, 213-216. doi:10.1016/j.respe.2015.03.124

Boushab, M.B., Savadogo, M., Sow, M.S., Fall-Malick, F.Z., Seydi, M., 2015b. Forme hémorragique grave de la fièvre de la Vallée du Rift en Mauritanie. *Bull. Société Pathol. Exot.* 108, 102-106. doi:10.1007/s13149-015-0417-y

Chevalier, V., Pépin, M., Lancelot, R., 2010. Rift Valley fever - a threat for Europe? *Euro Surveill* 15, pii=19506.

Diallo, D., Ba, Y., Dia, I., Lassana, K., Diallo, M., 2008. [Use of insecticide-treated cattle to control Rift Valley fever and West Nile virus vectors in Senegal]. *Bull. Société Pathol. Exot.* 1990 101, 410-417.

Di Nardo, A., Rossi, D., Saleh, S.M.L., Lejlifa, S.M., Hamdi, S.J., Di Gennaro, A., Savini, G., Thrusfield, M.V., 2014. Evidence of rift valley fever seroprevalence in the Sahrawi semi-nomadic pastoralist system, Western Sahara. *BMC Vet. Res.* 10, 1.

EFSA, 2013. Scientific Opinion on Rift Valley fever. *EFSA J.* 11, 3180.

Eisa, M., Kheir el-Sid, E.D., Shomein, A.M., Meegan, J.M., 1980. An outbreak of Rift Valley fever in the Sudan-1976. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 74, 417-419.

El-Ballal, S., Elian, K., El-Gamal, B., Zaghawa, A., 1999. Histopathological and Ultrastructural investigations on the pathogenesis of virulent and attenuated Rift Valley Fever virus in mice, in: 5th Sci. Cong., Egyptian Society for Cattle Diseases. Assiut, Egypt, pp. 28-30.

El-Harrak, M., Martín-Folgar, R., Llorente, F., Fernández-Pacheco, P., Brun, A., Figuerola, J., Jiménez-Clavero, M.A., 2011. Rift Valley and West Nile virus antibodies in camels, North Africa. *Emerg. Infect. Dis.* 17, 2372-2374.

El Mamy, A.B., Lo, M.M., Thiongane, Y., Diop, M., Isselmou, K., Doumbia, B., Baba, M.O., El Arbi, A.S., Lancelot, R., Kane, Y., Albina, E., Cêtre-Sossah, C., 2014a. Comprehensive Phylogenetic Reconstructions of Rift Valley Fever Virus: The 2010 Northern Mauritania Outbreak in the *Camelus dromedarius* Species. *Vector-Borne Zoonotic Dis.* 14, 856-861. doi:10.1089/vbz.2014.1605

El Mamy, A.B.O., Baba, M.O., Barry, Y., Isselmou, K., Dia, M.L., Hampate, B.,

Diallo, M.Y., El Kory, M.O.B., Diop, M., Lo, M.M., Thiongane, Y., Bengoumi, M., Puech, L., Plée, L., Claes, F., de La Rocque, S., Doumbia, B., 2011. Unexpected Rift Valley fever outbreak, northern Mauritania. *Emerg. Infect. Dis.* 17, 1894-1896.

El Mamy, B.O., Kane, Y., El Arbi, A.S., Barry, Y., Bernard, C., Lancelot, R., Cêtre-Sossah, C., 2014b. L'épidémie de fièvre de la Vallée du Rift en Mauritanie en 2012. *RASPA* 12, 169-173.

FAO (Ed.), 2011. Rift Valley fever vaccine development, progress and constraints: GF-TAD's meeting January 2011 [held at FAO headquarters in Rome, Italy from 19 to 21 January 2011. Workshop Entitled "Rift Valley Fever Vaccine Development, Progress and Constraints"], FAO animal production and health proceedings. Rome.

Gerdes, G.H., 2004. Rift valley fever. *Rev. Sci. Tech.-Off. Int. Epizoot.* 23, 613-624.

Giannini, A., Salack, S., Lodoun, T., Ali, A., Gaye, A.T., Ndiaye, O., 2013. A unifying view of climate change in the Sahel linking intra-seasonal, interannual and longer time scales. *Environ. Res. Lett.* 8, 024010. doi:10.1088/1748-9326/8/2/024010

Hoogstraal, H., Meegan, J.M., Khalil, G.M., Adham, F.K., 1979. The Rift Valley fever epizootic in Egypt 1977-78. 2. Ecological and entomological studies. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 73, 624-629.

Imam, I.Z., Darwish, M.A., 1977. A preliminary report on an epidemic of Rift Valley Fever (RVF) in Egypt. *J. Egypt. Public Health Assoc.* 52, 417-418.

Jouan, A., Le Guenno, B., Digoutte, J.P., Philippe, B., Riou, O., Adam, F., 1988. An RVF epidemic in southern Mauritania. *Ann Inst Pasteur Virol* 139, 307-308.

Kamal, S.A., 2011. Observations on rift valley fever virus and vaccines in Egypt. *Virol. J.* 8, 1.

Lancelot, R., 2009. Animaux sentinelles en milieu tropical: vers un système intégré de surveillance. *Epidémiol Santé Anim* 56, 27-34.

Linthicum, K.J., Anyamba, A., Tucker, C.J., Kelley, P.W., Myers, M.F., Peters, C.J., 1999. Climate and satellite indicators to forecast Rift Valley fever epidemics in Kenya. *Science* 285, 397-400.

Mansfield, K.L., Banyard, A.C., McElhinney, L., Johnson, N., Horton, D.L., Hernández-Triana, L.M., Fooks, A.R., 2015. Rift Valley fever virus: A review of diagnosis and vaccination, and implications for emergence in Europe. *Vaccine* 33, 5520-5531. doi:10.1016/j.vaccine.2015.08.020

Mondet, B., Diaité, A., Ndione, J.A., Fall, A.G., Chevalier, V., Lancelot, R., Ndiaye, M., Ponçon, N., 2005. Rainfall patterns and population dynamics of *Aedes (Aedimorphus) vexans arabiensis*, Patton 1905 (Diptera: Culicidae), a potential vector of Rift Valley fever virus in Senegal. *J. Vector. Ecol.* 30, 102-106.

Nanyingi, M.O., Munyua, P., Kiama, S.G., Muchemi, G.M., Thumbi, S.M., Bitek, A.O., Bett, B., Muriithi, R.M., Njenga, M.K., 2015. A systematic review of Rift Valley Fever epidemiology 1931-2014. *Infect. Ecol. Epidemiol.* 5. doi:10.3402/iee.v5.28024

Nin-Pratt, A., Bonnet, P., Jabbar, M., Ehui, S., de Haan, C. (Eds.), 2005. Benefits and costs of compliance of sanitary regulations in livestock markets: the case of Rift Valley fever in the Somali Region of Ethiopia. International Livestock Research Institute, Nairobi.

Njenga, M.K., Njagi, L., Thumbi, S.M., Kahariri, S., Githinji, J., Omondi, E., Baden, A., Muriithi, M., Paweska, J., Ithondeka, P.M., Ngeiywa, K.J., Dungu, B., Donadeu, M., Munyua, P.M., 2015. Randomized Controlled Field Trial to Assess the Immunogenicity and Safety of Rift Valley Fever Clone 13 Vaccine in Livestock. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 9, e0003550. doi:10.1371/journal.pntd.0003550

Olive, M.-M., Goodman, S.M., Reynes, J.-M., 2012. The role of wild mammals in the maintenance of Rift Valley fever virus. *J. Wildl. Dis.* 48, 241-266. doi:10.7589/0090-3558-48.2.241

Pépin, M., 2011. Fièvre de la vallée du Rift. *Médecine Mal. Infect.* 41, 322-329. doi:10.1016/j.medmal.2010.12.010

Poché, R.M., Burruss, D., Polyakova, L., Poché, D.M., Garlapati, R.B., 2015. Treatment of livestock with systemic insecticides for control of *Anopheles arabiensis* in western Kenya. *Malar. J.* 14. doi:10.1186/s12936-015-0883-0

Ringot, D., Durand, J.-P., Tolou, H., Boutin, J.-P., Davoust, B., others, 2004. Rift Valley fever in Chad. *Emerg. Infect. Dis.* 10, 945-947.

Smithburn, K.C., 1949. Rift Valley Fever: The Neurotropic Adaptation of the Virus and the Experimental Use of this Modified Virus as a Vaccine. *Br. J. Exp. Pathol.* 30, 1-16.

Tarnavsky, E., Grimes, D., Maidment, R., Black, E., Allan, R.P., Stringer, M., Chadwick, R., Kayitakire, F., 2014. Extension of the TAMSAT Satellite-Based Rainfall Monitoring over Africa and from 1983 to Present. *J. Appl. Meteorol. Climatol.* 53, 2805-2822. doi:10.1175/JAMC-D-14-0016.1

Youssef, B.Z., 2009. The potential role of pigs in the enzootic cycle of rift valley Fever at Alexandria Governorate, Egypt. *J. Egypt. Public Health Assoc.* 84, 331-344.

ProMed-mail, 2014. Rift Valley Fever in Senegal. Consulté le 10/03/2016 sur: <http://www.promedmail.org/>

ProMed-mail, 2015. Rift Valley Fever in Mauritania. Consulté le 10/03/2016 sur: <http://www.promedmail.org/>

OIE WAHID. Consulté le 10/03/2016 sur: [http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home)

OIE. Fiche d'information sur la Fièvre de la Vallée du Rift. Consulté le 10/03/2016 sur: <http://www.oie.int/doc/ged/D13964.PDF>

OMS, 2016a. Fièvre de la Vallée du Rift. Consulté le 24/06/2015 sur: <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs207/fr/>

OMS, 2016b. Fièvre de la Vallée du Rift en Mauritanie. Consulté le 10/03/2016 sur: [http://www.who.int/csr/don/2012\\_11\\_01/en/](http://www.who.int/csr/don/2012_11_01/en/)

FAO. Atelier sous régional sur la Fièvre de la Vallée du Rift. Consulté le 24/06/2015 sur: [http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/documents/docs/agenda\\_RVF\\_Marocco\\_2014.pdf](http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/empres/documents/docs/agenda_RVF_Marocco_2014.pdf)

FAO EMPRES-i. Consulté le 10/03/2016 sur: <http://empres-i.fao.org/eipws3g/>

## Brève. Situation épidémiologique de la peste des petits ruminants (PPR) en Europe de l'Est et au Moyen-Orient

### Short item. Epidemiologic situation of Peste des petits ruminants (PPR) in Eastern Europe and in the Middle East

Alizé Mercier (1,2) (alize.mercier@cirad.fr), Elena Arsevska (1,2), Renaud Lancelot (1,2), Adama Diallo (1,2), Geneviève Libeau (1,2)

(1) Cirad, UMR CMAEE, Montpellier, France

(2) Inra, UMR1309 CMAEE, Montpellier, France

**Mots-clés:** Peste des petits ruminants, Europe de l'Est, Moyen-Orient/**Keywords:** Peste des petits ruminants, Eastern Europe, The Middle East

La peste des petits ruminants (PPR) est une maladie contagieuse virale des caprins et des ovins qui se caractérise par de la fièvre, des lésions buccales, de la diarrhée, une pneumonie et parfois la mort (OIE, 2016). La maladie est causée par un morbillivirus (Paramyxoviridae) apparenté aux virus de la peste bovine, de la maladie de Carré et de la rougeole. La transmission du virus de la PPR (PPRV) se fait exclusivement par contact direct entre animaux infectés excréteurs et animaux sains. Une des conséquences de cette caractéristique est que la dissémination de la maladie n'est assurée qu'à travers les mouvements d'animaux infectés et excréteurs de virus: transhumance et commerce (EFSA, 2015; OIE, 2016).

La PPR est présente en Afrique - de l'Afrique du Nord jusqu'à une ligne allant de l'Angola à la Tanzanie -, au Moyen-Orient et en Asie. La maladie a été signalée pour la première fois en Chine en 2007 (Tibet), puis s'est étendue au reste du pays en 2013 où elle sévit toujours malgré des campagnes de vaccination. Elle a été signalée pour la première fois en Turquie en 1999 et récemment en Géorgie où trois foyers ont été déclarés en janvier 2016, ce qui constitue une première déclaration pour l'Europe de l'Est (Figure 1).

Les foyers de PPR en Géorgie correspondent probablement à une introduction récente du virus. Pour deux des trois foyers, les troupeaux infectés revenaient d'alpages situés à proximité de la frontière avec la Turquie. Il est donc vraisemblable qu'il s'agisse d'une introduction venant de ce pays. Le virus responsable de l'épizootie a été identifié par PCR sur les échantillons prélevés sur des animaux malades. L'analyse phylogénétique de l'acide nucléique amplifié a révélé que la souche de PPRV en cause était de la lignée IV, la seule lignée identifiée pour l'instant en Asie et en Turquie (Şevik and Sait, 2015).

Compte tenu du fait qu'un foyer de PPR avait déjà été notifié en 2013 dans la partie occidentale de la Turquie à proximité de la frontière grecque, le risque d'introduction de la PPR dans l'Union européenne est donc élevé (EFSA, 2015).

Enfin, outre la Géorgie, la PPR est présente dans d'autres pays proches de la Turquie (Figure 1), mais la Russie, l'Azerbaïdjan et l'Arménie ne l'ont jamais déclarée (OIE WAHID, 2016).

L'exemple de l'émergence de la PPR au Maroc en 2008 a montré que cette maladie pouvait être contrôlée par des campagnes de vaccination de masse, pour autant que des moyens suffisants soient accordés. Toutefois, dans des zones d'enzootie et de mouvements d'animaux transfrontaliers non contrôlés, une vigilance continue est nécessaire pour réagir rapidement et de façon appropriée en cas de nouvelle introduction (Albina *et al.*, 2013).

## Références

Albina, E., Kwiatek, O., Minet, C., Lancelot, R., Servan de Almeida, R., Libeau, G., 2013. Peste des Petits Ruminants, the next eradicated animal disease? *Vet. Microbiol.* 165, 38-44. doi:10.1016/j.vetmic.2012.12.013

Baron, M.D., Diallo, A., Lancelot, R., Libeau, G., 2016. Chapter One – Peste des Petits Ruminants Virus, in: *Advances in Virus Research*. 1-42. doi:10.1016/bs.aivir.2016.02.001

EFSA, 2015. Scientific Opinion on peste des petits ruminants, *EFSA Journal*. doi:10.2903/j.efsa.2015.3985

OIE, 2016. Fiche d'information sur la Peste de petits ruminants. Consulté le 21/04/2016 sur: <http://www.oie.int/doc/ged/D13985.PDF>

OIE WAHID, 2016. Peste des Petits Ruminants. Consulté le 20/04/2016 sur: <http://www.oie.int/fr/sante-animale-dans-le-monde/status-officiels-des-maladies/peste-des-petits-ruminants-fr/>

FAO EMPRES-i. Consulté le 20/04/2016 sur: <http://empres-i.fao.org/eipws3g/>

Şevik, M., Sait, A., 2015. Genetic characterization of peste des petits ruminants virus, Turkey, 2009-2013. *Res. Vet. Sci.* 101, 187-95. doi:10.1016/j.rvsc.2015.05.005

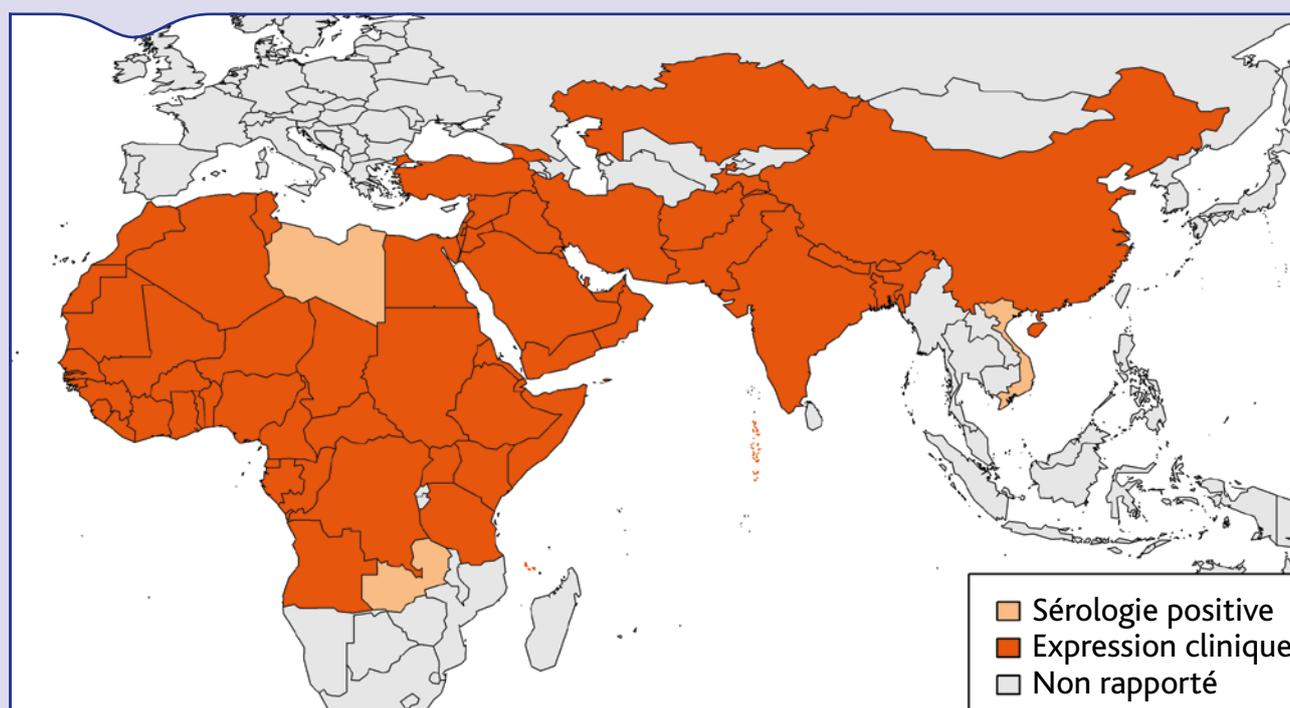


Figure 1. Pays infectés par le virus de la peste des petits ruminants (d'après Baron *et al.* 2016)

## Brève. Cas de rage chez un chien en Guyane Short item. Canine rabies case in French Guiana

Xavier Rosières (xavier.rosieres@agriculture.gouv.fr) (1), Franck Foures (2), Alexandra Troyano-Groux (3), Hervé Bourhy (4), Florence Cliquet (5), Luisiane Carvalho (6)

- (1) Direction générale de l'Alimentation, Mission des urgences sanitaires-Paris, France
- (2) Direction de l'Alimentation, de l'Agriculture et de la Forêt en Guyane, France
- (3) Direction générale de l'Alimentation, Bureau de la santé animale-Paris, France
- (4) Centre national de référence pour la rage, Institut Pasteur, France
- (5) Anses, Laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy, France
- (6) Cellule de l'Institut de veille sanitaire en régions Antilles-Guyane, antenne de Guyane, France

**Mots-clés:** Chien, Guyane, rage desmodine/**Keywords:** Dog, French Guiana, Desmodine rabies

Le 28 août 2015, le Centre national de référence (CNR) pour la rage à l'institut Pasteur de Paris, annonçait un cas de rage positif chez un chien originaire de Cayenne en Guyane. Il s'agissait d'un résultat partiel obtenu à partir de la technique d'immunofluorescence directe. Le 31 août, un résultat définitif basé sur la technique d'immunofluorescence directe et l'isolement viral sur culture cellulaire, était transmis par le CNR pour la rage. Les résultats du typage du virus effectué par séquençage complet du gène de la nucléoprotéine virale ont démontré qu'il s'agissait d'un *Lyssavirus* appartenant à l'espèce virus de la rage et à l'un des groupes de virus de rage desmodine identifié à ce jour en Guyane française (Encadré). Les investigations déclenchées immédiatement pour retrouver les propriétaires de ce chien, connaître sa provenance et identifier les contacts, ont alors mobilisé la direction de l'Alimentation, de l'Agriculture et de la Forêt (DAAF) de la Guyane et la Cellule de l'InVS en région Antilles-Guyane.

### Rappels des faits

Le 25 août 2015, la DAAF est contactée par un vétérinaire praticien de Rémiré-Montjoly, commune mitoyenne de Cayenne, pour le décès d'un chien de six mois, survenu le 22 août 2015. L'animal avait été présenté une première fois en consultation pour une baisse d'appétit le 20 août 2015 sans signe neurologique. Le 21 août 2015, il était présenté une deuxième fois en consultation suite à une dégradation de son état général avec crise convulsive, agressivité, perte de la vision et difficulté à se déplacer.

Compte tenu du contexte épidémiologique en Guyane vis à vis de la rage et du fait que le chien avait léché le visage d'un enfant, la tête

### Encadré. La rage en Guyane, un contexte particulier

La rage est endémique en Guyane. Elle est due à un virus de génotype 1 type desmodin. Son réservoir est constitué des chauves-souris hématothrophes et notamment le vampire commun (*Desmodus rotundus*) qui représente un risque pour l'Homme et pour les animaux. En mai 2008, un premier cas de rage humaine a été identifié en Guyane chez un homme adulte décédé à l'hôpital de Cayenne et chez qui un virus rabique de type desmodin a été isolé.

Plusieurs cas de rage ont été confirmés en Guyane notamment sur la zone côtière chez des bovins, des chiens et des chats. L'existence des frontières avec le Brésil et le Surinam ainsi que la proximité immédiate d'Haïti et de la République Dominicaine, constituent un risque important d'introduction de la rage canine en Guyane. Ainsi la surveillance et la lutte contre la rage en Guyane reposent sur le dispositif suivant :

- la surveillance d'une part des cheptels de bovins, ovins, caprins et équidés par les éleveurs eux mêmes, qui en grande partie, ont été sensibilisés au risque rabique, et d'autre part des carnivores domestiques via les vétérinaires praticiens. Le nombre de suspicion annuel est en moyenne de 10 par an ;
- la vaccination antirabique rendue obligatoire par arrêté ministériel du 5 septembre 2008 chez les bovins, ovins, caprins, équins et carnivores domestiques ;
- le contrôle des importations illégales notamment des carnivores domestiques qui proviennent du Brésil, du Surinam et de la République Dominicaine. Chaque année, les agents des douanes, de la police, de la gendarmerie et de la DAAF saisissent plusieurs animaux ;
- la mise en place de fourrières qui sont en mesure d'accueillir les chiens errants susceptibles d'être à l'origine d'une propagation de la rage canine.

de l'animal décédé chez le vétérinaire praticien a été immédiatement envoyée au CNR pour la rage à l'Institut Pasteur de Paris.

### L'enquête épidémiologique

Compte tenu de la date d'apparition des signes cliniques, le début de la période à risque de transmission du virus rabique a été fixé au 5 août 2015. La DAAF ainsi que la Cellule de l'InVS en région Antilles-Guyane (Cire Antilles-Guyane) ont commencé l'enquête épidémiologique chacun en ce qui les concerne. Le chien était hébergé dans une maison entièrement clôturée dont le portail était le plus souvent fermé selon les dires de la propriétaire. L'animal n'était pas fugueur et ne se serait pas échappé entre le 5 août et la date de sa mort. Seules quelques promenades en laisse dans le quartier ont été signalées. Les propriétaires ne savaient pas d'où venait le chien.

Au sein du foyer, le chien n'était pas mordeur. Cependant, du fait de son âge, l'animal pouvait mordiller ou bien lécher des plaies ou le visage. La propriétaire du chien gardait des enfants. Par ailleurs, quatre personnes avaient été invitées par celle-ci pour un repas. Onze personnes ayant fréquenté le foyer ont été potentiellement en contact avec le chien. Dans le cabinet vétérinaire qui a accueilli le chien en consultation, le vétérinaire, les deux assistantes ainsi que la femme de ménage qui avait nettoyé la cage de l'animal, ont été considérés comme ayant été en contact avec le chien. Au total, ce sont quinze personnes contacts qui ont été invitées à se rendre pour consultation au centre antirabique situé à l'hôpital de Cayenne.

Par ailleurs une enquête a été menée dans un périmètre défini par la DAAF, pour retrouver les carnivores qui auraient été en contact avec le chien contaminé. Un périmètre de restriction a été défini pour une durée de six mois par arrêté préfectoral. Les dispositions prévues dans cet arrêté visaient la réduction du risque de diffusion de la rage chez l'animal et l'Homme via le recensement des carnivores domestiques de la zone, l'interdiction de tout rassemblement et la limitation des mouvements au sein de la zone des chiens et des chats (et des furets), le piégeage des animaux errants. Des visites de repérage ont eu lieu. Les responsables de la fourrière de la communauté de communes du centre littoral (CCCL) ont posé des cages pour capturer les animaux errants. Un recensement des carnivores domestiques présents dans les habitations a été réalisé. Au total, ce sont 33 chiens et cinq chats qui ont été recensés.

En fonction de leur statut vis à vis de la vaccination contre la rage, cinq carnivores ont été placés sous surveillance pendant une période de six mois. Il s'agissait d'animaux soit importés illégalement, soit ayant divagué pendant la période à risque, soit dont le propriétaire souhaitait les faire sortir de la zone de restriction.

Une deuxième catégorie d'animaux trouvés morts ou non, a donné lieu le plus souvent à une demande de diagnostic de la rage au LNR (laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy, Anses) ou bien au CNR (Institut Pasteur) selon qu'ils aient été en contact ou non avec des humains. Toutes les analyses de diagnostic de rage se sont révélées négatives. Dans cette catégorie d'animaux, il y avait des carnivores (six chats et trois chiens) mais il faut également signaler une chauve-souris frugivore trouvée morte ainsi qu'un opossum commun (*Didelphis marsupialis*) encore appelé « pian » en Guyane.

### La communication et l'information: deux étapes incontournables

La Direction générale de l'Alimentation (DGAL), la Direction générale de la santé (DGS), la Cire Antilles-Guyane, le préfet ainsi que le directeur de la mairie de Cayenne ont été informés des actions menées sur le terrain. Un communiqué de presse rédigé conjointement par la DAAF et l'agence régionale de santé (ARS) a été proposé au Préfet qui reste maître de la communication locale. Le communiqué visait à

rappeler le contexte et sensibiliser les propriétaires de carnivores sur l'importance de certaines mesures de précautions pour lutter contre la rage.

La diffusion du communiqué de presse a été le point de départ de l'information relayée par la radio locale et le journal télévisé du soir sur Guyane première.

En complément de cette communication, une note d'information à l'attention des riverains a été diffusée au sein de la zone de restriction. En plus des consignes nécessaires pour éviter la propagation de la rage, cette note comportait un coupon réponse permettant aux habitants de la zone, de déclarer la possession de carnivores domestiques et de préciser leur statut vaccinal vis-à-vis de la rage.

#### **Bilan des investigations et discussion**

Aux termes des investigations, il n'y a pas eu de mise en évidence de nouveaux cas de rage. L'origine de la contamination du chien est à ce jour non élucidée. Le chien avait été adopté auprès d'un médecin travaillant anciennement à la Croix-Rouge. La mère du chien est toujours vivante. L'animal avait tendance à consommer des animaux morts (souris, rats). La piste d'une morsure non détectée (le cadavre de l'animal ne comportait pas de morsure) ou d'une contamination par ingestion d'un cadavre de chauve-souris font partie des hypothèses. Le propriétaire du chien a signalé que de nombreuses chauves-souris nichaient dans le manguiers du jardin.

À travers ce cas, il s'avère que le risque de rage est toujours présent en Guyane et qu'une vigilance s'impose en termes de prévention vis-à-vis des chauves-souris qui constituent le réservoir du virus desmodin. La mise en place d'une vaccination antirabique obligatoire pour les carnivores domestiques, les ovins, caprins, bovins et équins ainsi que l'amélioration de la gestion des animaux errants, contribuent

également à la lutte contre la rage. Les efforts dans ce sens doivent être poursuivis, notamment en ce qui concerne les carnivores domestiques pour lesquels le taux de couverture vaccinale est encore insuffisant.

Encore une fois, il faut souligner la parfaite collaboration entre la DAAF de Guyane et le CNR de la rage qui a rapidement abouti à l'identification et la caractérisation de ce cas, trois jours seulement après la communication de la suspicion à la DAAF. De même, l'excellente coopération entre la DAAF, l'ARS et la Cire Antilles-Guyane, a permis de part leur réactivité à identifier les personnes contacts dans des délais très courts et ainsi les diriger vers un centre antirabique.

Par ailleurs, les importations illégales en provenance des pays frontaliers de la Guyane (Brésil, Surinam, République dominicaine) sont toujours d'actualité comme le montrent les déclarations des vétérinaires dans le cadre de la procédure de régularisation mise en place afin d'éviter les non déclarations. À ce titre, les animaux en provenance de ces pays doivent continuer à être contrôlés *via* des actions conjuguées de la police, des douanes, de la gendarmerie et de la DAAF. À l'instar de ce qui est organisé dans huit métropoles françaises (Lyon, Toulouse, Paris, Nantes, Bordeaux, Lille, Marseille, Strasbourg) en 2015 et 2016, des séances d'information sur la rage ont été organisées en Guyane suite à ce cas notamment lors de l'organisation du salon de la sécurité organisé dans le principal centre commercial de Cayenne. Les vétérinaires sont également fréquemment sensibilisés pour maintenir un niveau de vigilance suffisant pour garantir une déclaration *ad hoc* des suspicions. Une formation spécifique sur la rage leur avait été dispensée fin 2014.

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

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

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

