





# Le virus de la Fièvre Catarrhale Ovine de sérotype 4 (FCO-4) circule-t-il toujours en France continentale ?

Corinne Sailleau<sup>1</sup>, Mathilde Turpaud<sup>1</sup>, Lydie Postic<sup>1</sup>, Moulay Ali Cherfa<sup>1</sup>, Damien Vitour<sup>1</sup>, Stéphan Zientara<sup>1</sup>, Sophia Denorre<sup>2</sup>, Benjamin Matt<sup>2</sup>, Emmanuel Bréard<sup>1</sup>

Auteur correspondant: corinne.sailleau@anses.fr

- <sup>1</sup> Anses, Laboratoire national de référence « Fièvre catarrhale ovine », UMR de Virologie, Laboratoire de santé animale, Maisons-Alfort, France
- <sup>2</sup> Direction générale de l'Alimentation, Bureau de la santé animale, Paris, France

#### Résumé

La France a été infectée par le sérotype 4 de la FCO pour la première fois en 2003 en Corse et en 2017 en Haute-Savoie à la suite de l'importation d'animaux infectés en provenance de Corse. Comme le témoigne la surveillance, les cas cliniques et les analyses de laboratoire, le virus continue de circuler activement en Corse, alors que sa présence en France continentale est largement questionnée. En effet, l'absence de cas cliniques, le non isolement du virus ainsi que les résultats de PCR depuis 2019 (très faibles charges virales) suggèrent fortement que ce sérotype ne circule plus en France continentale.

#### Mots-clés

Fièvre Catarrhale Ovine, Sérotype 4, souche, circulation.

#### **Abstract**

Is the BTV serotype 4 strain still circulating in mainland France in 2025?

France was infected by BTV-4 for the first time in 2003 in Corsica and in 2017 in Haute-Savoie following the importation of infected animals from Corsica. As shown by surveillance, clinical cases and laboratory analyses, the virus continues to circulate actively in Corsica, while its presence in mainland France is widely questioned. In fact, the absence of clinical cases, the fact that the virus has not been isolated and the PCR results since 2019 (very low viral load) strongly suggest that this serotype is no longer circulating in mainland France.

#### Keywords

Bluetongue, Serotype 4, strain, circulation.

Depuis maintenant 25 ans, le virus de la Fièvre Catarrhale Ovine (FCO) est présent dans le bassin méditerranéen et en Europe. De nombreuses souches de FCO, de sérotypes différents (sérotypes 1, 2, 3, 4, 6, 8, 9, 11, 12, 14, 16) ont été les causes d'épizooties avec une pathogénicité variable selon les souches virales (Kundlacz et al. 2019; Belbis et al. 2017). Pour certains de ces sérotypes, plusieurs souches ont été détectées (Gondard et al. 2024). C'est le cas notamment pour le sérotype 4 du virus de la FCO (FCO-4), pour lequel ont été observées des introductions en Europe et dans le bassin méditerranéen de souches de différentes origines (Figure 1).

En France continentale, la surveillance est organisée en deux axes: une surveillance programmée, qui prévoit la réalisation de prélèvements chaque hiver dans chaque département de France continentale pour dépister le virus et mettre en évidence l'éventuelle émergence d'une nouvelle

souche de FCO (Instruction technique DGAL/SDSBEA/2024-151) et une surveillance événementielle prévoyant, pour chaque suspicion clinique évocatrice de FCO, une analyse en laboratoire afin de confirmer ou infirmer la maladie et identifier le cas échéant le sérotype. Respectivement, en 2023 et en 2024, environ 300 000 prélèvements ont été réalisées dans le cadre de la surveillance sur le territoire de France continentale. En Corse le système de surveillance reposait, de 2013 à 2024, sur la surveillance évènementielle et sur une surveillance active par analyses PCR de 120 prélèvements effectués sur bovins à l'abattoir chaque mois.

En 1999, un virus de la FCO-4 est détecté en Grèce. Cette souche, dont l'origine est orientale (isolée en Turquie en 1999) circulera pendant plusieurs années en Grèce, à Chypre. En 2003, la détection d'une souche FCO-4, circulant en Afrique du Nord, est détectée d'abord en Sardaigne, puis en Corse et à

Minorque (Breard et al. 2007). En 2004, cette souche se propage et est isolée au Maroc, puis en Espagne et au Portugal. L'analyse du génome de ces différents isolats de BTV-4 a montré que les souches FCO-4 circulant en Corse, Maroc, Espagne et en Italie (2003-2004) étaient éloignées des souches grecques, confirmant la propagation de deux souches d'origine distinctes de FCO-4 dans le bassin méditerranéen et le sud de l'Europe de l'ouest (Breard et al. 2007). En Corse, deux campagnes de vaccination menées en 2003 et 2004 ont permis d'éradiquer cette souche de l'île.

En novembre 2016, des moutons en Corse ont présenté des signes cliniques évocateurs de la FCO. Les analyses en laboratoire ont permis d'identifier une souche FCO-4 isolée pour la 1<sup>re</sup> fois en Hongrie en 2014 (Hornyak et al. 2015), et qui a été ensuite responsable d'une importante épizootie de FCO-4 en Grèce, dans les pays des Balkans et en Italie (Sicile et Sardaigne). En 2017, cette souche s'est propagée en Corse, provoquant une maladie grave chez les moutons. Les bovins ont également été infectés, mais n'ont présenté que de rares cas cliniques (Sailleau, Breard, Viarouge, Gorlier, Quenault, et al. 2018). Depuis 2016, cette souche FCO-4 est toujours présente en Corse (derniers cas recensés pendant la saison 2024-2025), et est périodiquement détectée lors de cas cliniques de FCO sur ovins (Gondard et al. 2024). Pendant la saison 2020-2021, une autre souche de FCO-4, venant de Sardaigne, et précédemment détectée en Tunisie (Ben Salem et al. 2024), a induit des cas cliniques sur ovins dans trois cheptels en Haute-Corse (Gondard et al. 2024). Cette souche était génétiquement différente des autres souches de FCO-4 jusqu'alors recensées en Europe et n'a plus été détectée en Corse depuis.

En novembre 2017, la souche de FCO-4 d'origine balkanique est détectée pour la 1<sup>re</sup> fois en France métropolitaine. Le virus a été détecté par PCR sur un veau originaire de Haute-Savoie destiné à l'exportation. Il ne présentait pas de signe clinique (Sailleau, Breard, Viarouge, Gorlier, Leroux, et al. 2018). Une campagne de vaccination d'urgence a été mise en œuvre dans cette zone avec des vaccins inactivés disponibles dans le commerce. Le séquençage complet du génome de cette souche FCO-4 France 2017, a confirmé son origine et son lien étroit avec la souche FCO-4 qui circulait en Corse et en Italie au cours de la même année (Sailleau, Breard, Viarouge, Gorlier, Leroux, et al. 2018). L'origine de l'introduction de cette souche en France métropolitaine était probablement la Corse, à la suite d'importations de bovins par un groupe d'exploitations agricoles.

Après avoir mis en œuvre des mesures visant à l'éradication, des bovins positifs en PCR FCO-4 ont été signalés dans d'autres départements français (Figure 2). La vaccination dans ces nouvelles régions n'a pas été possible en raison du manque de disponibilité des doses de vaccin (des dizaines de millions auraient été nécessaires). Depuis 2018, le FCO-4 est considéré comme enzootique en France. Comme pour le BTV-8, des vaccins inactivés sont disponibles et sont principalement utilisés pour les besoins commerciaux (exportations).

Dans le détail, en 2017, 84 foyers de FCO-4 ont été signalés en France métropolitaine. La plupart d'entre eux (n = 74) ont été déclarés en Haute-Savoie, et les 10 autres dans les départements de la Savoie, de l'Ain, de la Haute-Saône, de la Saône-et-Loire, du Jura, du Maine-et-Loire et de l'Yonne (Figure 2).

Depuis 2018, aucun cas clinique dû à cette souche n'a été identifié en France métropolitaine, alors qu'en Corse cette même souche a circulé, et circule encore en 2025.

# Le virus de la FCO de sérotype 4 circule-t-il toujours en France continentale?

Le tableau 1 présente le nombre de prélèvements, provenant de France continentale, confirmés positifs en PCR de type FCO-4 (données LNR), reçus pendant la période 2019 - 2024. La grande majorité (85,8 % (182 / 212)) des prélèvements positifs en PCR FCO-4, le sont aussi en BTV-8 et au total, 86,8 % (158 / 182) de ces résultats de PCR FCO-4 et 8 positifs mettaient en évidence une quantité d'ARN viral très faible dans les sangs testés (Ct >34). Or il a été rapporté dans plusieurs études que lorsque les animaux sont vaccinés avec un vaccin FCO inactivé, il est possible de détecter, dans le sang de ces animaux pendant une courte période, le génome viral de la souche vaccinale (Steinrigl et al. 2010; Eschbaumer et al. 2010 ; De Leeuw et al. 2015). En France, les animaux sont généralement vaccinés simultanément contre les sérotypes 4 et 8. Nous émettons donc l'hypothèse que ces résultats de PCR faibles positifs FCO-4 et FCO-8 sont dus à la détection des ARN contenus dans les vaccins (après une vaccination récente) ou à une contamination prélèvements lors de manipulations concomitantes de flacons de vaccins et de tubes de prélèvement. Concernant les animaux positifs seulement en FCO-4, seuls deux animaux montrent des charges virales avec un Ct < 34.

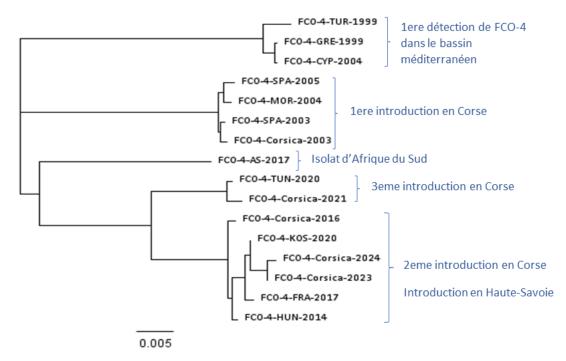
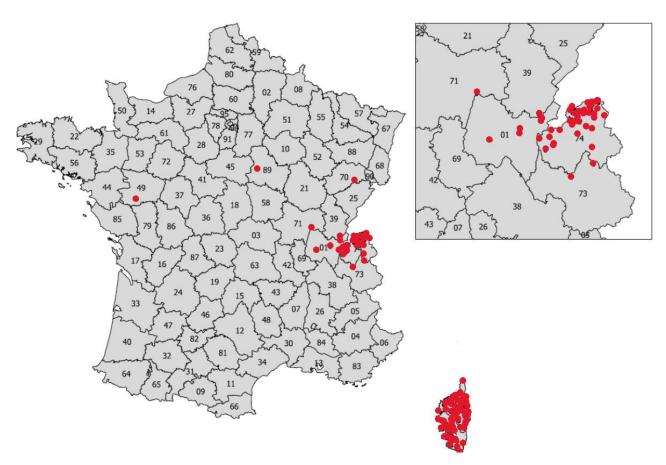


Figure 1. Arbre phylogénétique du segment 2 du virus de la FCO-4 montrant les relations entre la souche FCO-4 (ou BTV-4) France 2017 et les souches FCO-4 du bassin méditerranéen et en Europe. L'arbre phylogénétique des séquences nucléotidiques a été construit à l'aide de la méthode Neighbor-Joining tree nucleotide alignment (Geneious). BTV-4-XXX-YYYY: souche FCO-4 isolée en XXX (Pays) et (l'année) YYYY.



**Figure 2.** Localisation géographique de la souche FCO-4 détectée en France en 2017. Les départements sont représentés par leur n°: 74-Haute-Savoie, 73-Savoie, 01-Ain, 70-Haute-Saône, 71-Saône-et-Loire, 39-Jura, 49-Maine-et-Loire et 89-Yonne

**Tableau 1.** Nombre de prélèvements, provenant de France continentale, confirmés positifs en PCR FCO-4 au LNR entre 2019 et 2024. Ct: Cycle threshold (Cycle seuil). La valeur de Ct est inversement proportionnelle à la charge virale.

Animaux détectés positifs par PCR				
	FCO-4	dont Ct < 34	FCO-4 et FCO-8	dont Ct < 34
2019	7	1 (Ct: 33)	28	7
2020	5	0	37	4
2021	2	0	20	7
2022	3	0	24	7
2023	9	0	52	6
2024	4	1 (Ct : 28)*	22	2
Total	30	2	183	33

<sup>\*:</sup> animal prélevé début avril (pendant la période d'inactivité vectorielle). PCR FCO-4 négative sur un second prélèvement réalisé 6 semaines plus tard.

Tous les essais d'isolements viraux réalisés se sont avérés négatifs (tous les sangs dont le CT était inférieur à 34 ont été testés). Seuls les prélèvements réalisés en 2017 lors des premiers foyers en France métropolitaine ont permis l'isolement de la souche FCO-4.

La 1<sup>re</sup> détection de FCO-4 en France continentale en 2017 a été effectuée en novembre. On peut supposer que les conditions climatiques n'étaient pas propices à une diffusion généralisée du virus pendant, et d'autant moins, après cette période. Cependant, les 74 troupeaux infectés par le BTV-4 découverts en Haute-Savoie montrent que des culicoïdes autochtones peuvent être infectés par cette souche et la disséminer. Les autres cas de FCO-4 détectés ultérieurement, départements de la Savoie, de l'Ain, de la Haute-Saône, de la Saône-et-Loire, du Jura, du Maine-et-Loire et de l'Yonne ne semblent pas avoir été la source de réémergence dans ces régions en 2018, et depuis, aucun cas clinique de FCO attribuable à cette souche n'a pu être observé en France continentale.

Dans ce même temps, en Corse, cette souche FCO- 4, présente depuis 2016, circulait toujours en 2024 et était détectée régulièrement lors de suspicions cliniques de FCO sur ovins. Des PCR FCO-4 positives avec des charges virales importantes (Ct << 30) ont été obtenues à partir de cas cliniques et des isolements viraux ont pu être facilement réalisés. Le séquençage complet de génomes de ces souches FCO-4 corses a montré que jusqu'en 2024, cette souche était toujours identique (% homologie > 99) à la souche isolée en Corse en 2016 et, donc, à la souche isolée en Savoie en 2017. Ainsi l'absence de cas clinique imputable à cette souche de FCO-4 en France continentale entre 2019 et 2024, alors qu'elle a induit, pendant la même période de la clinique sur ovin en Corse est un argument supplémentaire qui suggère l'absence

de circulation de cette souche en France hexagonale.

### Conclusion

L'absence de cas cliniques, le non isolement du virus ainsi que les résultats de PCR depuis 2019 (très faibles charges virales) suggèrent fortement que ce sérotype ne circule plus en France continentale.

## Références bibliographiques

Belbis, G., S. Zientara, E. Bréard, C. Sailleau, G. Caignard, D. Vitour, et H. Attoui. 2017. « Bluetongue Virus: From BTV-1 to BTV-27. » *Advances in Virus Research* 99: 161-197. doi: 10.1016/bs.aivir.2017.08.003

Ben Salem, A., E. Ben Aicha, S. Kalthoum, A. Dhaouadi, H. Hajlaoui, B. Bel Haj Mohamed, I. Ben Slimen, W. Khalfaoui, R. Gharbi, K. Guesmi, M. Ben Ali, N. Fatnassi, C. Seghaier, T. Ben Hassine, et M. Gharbi. 2024. « Estimation of the economic impact of a bluetongue serotype 4 outbreak in Tunisia. » Frontiers in Veterinary Science 11: 1310202. doi: 10.3389/fvets.2024.1310202

Bréard, E., C. Sailleau, K. Nomikou, C. Hamblin, P. P. Mertens, P. S. Mellor, M. El Harrak, et S. Zientara. 2007. « Molecular epidemiology of bluetongue virus serotype 4 isolated in the Mediterranean Basin between 1979 and 2004. » *Virus Research* 125 (2): 191-197. doi: 10.1016/j.virusres.2007.01.002

De Leeuw, I., M. Garigliany, G. Bertels, T. Willems, D. Desmecht, et K. De Clercq. 2015. « Bluetongue virus RNA detection by real-time rt-PCR in post-vaccination samples from cattle. » *Transboundary and Emerging Diseases* 62 (2): 157-162. doi: 10.1111/tbed.12100

Eschbaumer, M., R. Wackerlin, B. Hoffmann, et M. Beer. 2010. « Re: Detection of bluetongue virus genome after vaccination with an inactivated

vaccine. » Vaccine 28 (4): 881-882. doi: 10.1016/j.vaccine.2009.10.138

Gondard, M., L. Postic, E. Garin, M. Turpaud, F. Vorimore, D. Ngwa-Mbot, M. L. Tran, B. Hoffmann, C. Warembourg, G. Savini, A. Lorusso, M. Marcacci, A. Felten, A. L. Roux, Y. Blanchard, S. Zientara, D. Vitour, C. Sailleau, et E. Bréard. 2024. « Exceptional Bluetongue virus (BTV) and Epizootic hemorrhagic disease virus (EHDV) circulation in France in 2023. » *Virus Research* 350: 199489. doi: 10.1016/j.virusres.2024.199489

Hornyak, A., P. Malik, S. Marton, R. Doro, D. Cadar, et K. Banyai. 2015. « Emergence of multireassortant bluetongue virus serotype 4 in Hungary. » *Infection, Genetics and Evolution* 33: 6-10. doi: 10.1016/j.meegid.2015.03.036

Kundlacz, C., G. Caignard, C. Sailleau, C. Viarouge, L. Postic, D. Vitour, S. Zientara, et E. Bréard. 2019. « Bluetongue Virus in France: An Illustration of the European and Mediterranean Context since the 2000s. » *Viruses* 11 (7). doi: 10.3390/v11070672

Sailleau, C., E. Bréard, C. Viarouge, A. Gorlier, A. Leroux, E. Hirchaud, P. Lucas, Y. Blanchard, D. Vitour, M. Grandcollot-Chabot, et S. Zientara. 2018. « Emergence of bluetongue virus serotype 4 in mainland France in November 2017. » *Transboundary and Emerging Diseases* 65 (5): 1158-1162. doi: 10.1111/tbed.12919

Sailleau, C., E. Bréard, C. Viarouge, A. Gorlier, H. Quenault, E. Hirchaud, F. Touzain, Y. Blanchard, D. Vitour, et S. Zientara. 2018. « Complete genome sequence of bluetongue virus serotype 4 that emerged on the French island of Corsica in December 2016. » *Transboundary and Emerging Diseases* 65 (1): e194-e197. doi: 10.1111/tbed.12660

Steinrigl, A., S. Revilla-Fernandez, M. Eichinger, J. Koefer, et P. Winter. 2010. « Bluetongue virus RNA detection by RT-qPCR in blood samples of sheep vaccinated with a commercially available inactivated BTV-8 vaccine. » *Vaccine* 28 (34): 5573-5581. doi: 10.1016/j.vaccine.2010.06.034

#### Pour citer cet article:

Sailleau C., Turpaud M., Postic L., Ali Cherfa M., Vitour D., Zientara S., Denorre S., Matt B., Bréard E. 2025. « Le virus de la Fièvre Catarrhale Ovine de sérotype 4 (FCO-4) circule-t-il toujours en France continentale ? » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 106 (2) : 1-5.

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Benoît Vallet Directeur associé : Maud Faipoux Directrice de rédaction : Emilie Gay Rédacteur en chef : Julien Cauchard Rédacteurs adjoints : Jean-Philippe Amat, Diane Cuzzucoli, Céline Dupuy, Viviane Hénaux Comité de rédaction : Martine Denis, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard Secrétaire de rédaction : Virginie Eymard Responsable d'édition : Fabrice Coutureau Vicaire **Anses -** www.anses.fr 14 rue Pierre et Marie Curie 94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel: bulletin.epidemio@anses.fr

Sous dépôt légal : CC BY-NC-ND

ISSN: 1769-7166