



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 de Maisons-Alfort, 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 150 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.

Abstract

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

Mots-clés : Fièvre catarrhale ovine, surveillance, BTV-8, France

Key words: 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.

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 évènementielle

La surveillance évènementielle 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-ESA¹.

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. A 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 % (188 984 km²) et 45 % (289 921 km²) 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.

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.

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. A 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, douze par la surveillance événementielle sur des suspicions cliniques, 99 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 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).

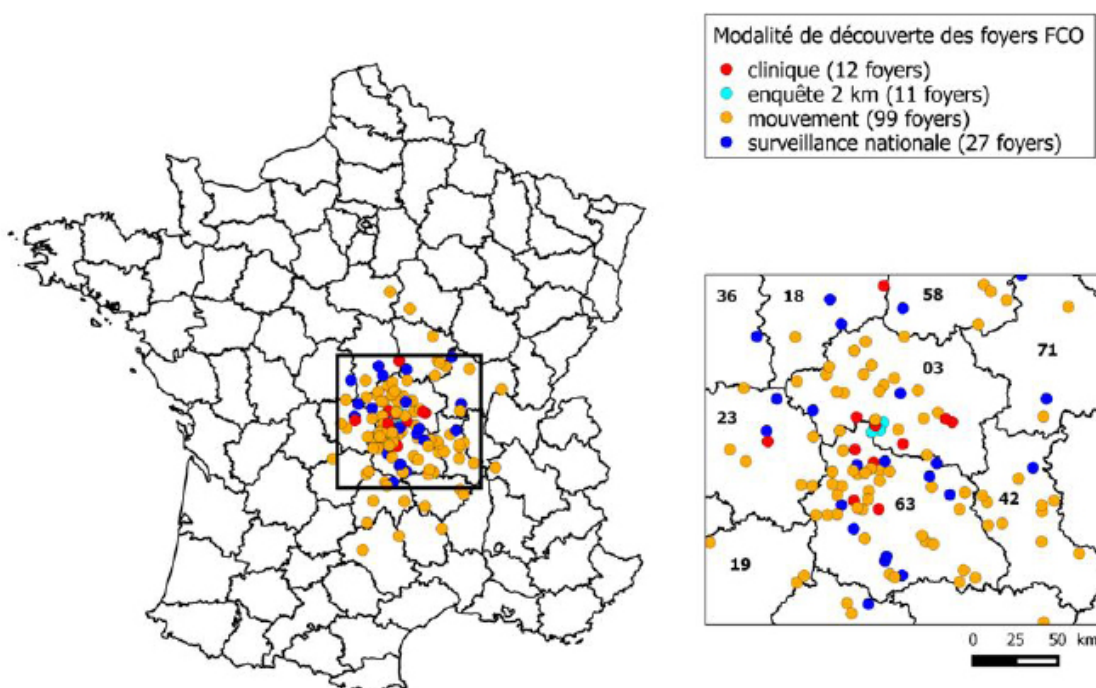


Figure 1. Répartition géographique des foyers de FCO BTV-8 détectés entre septembre et décembre 2015 par modalité de surveillance

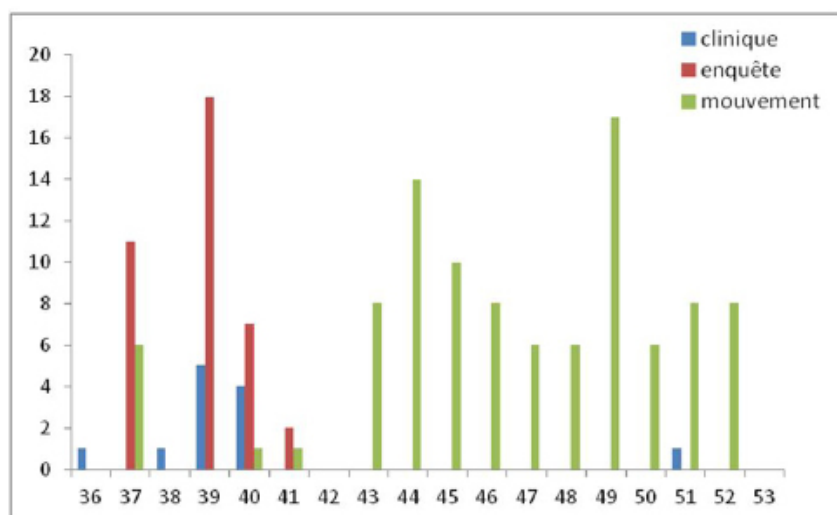


Figure 2. Nombre de foyers détectés par semaine et par modalité de surveillance entre début septembre (semaine 36) et fin décembre (semaine 53) 2015 en France

Tableau 1. Résultats de l'enquête nationale FCO à BTV-8 (RT-PCR) de septembre-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] |
| CORREZE | 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] |
| ISERE | 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] | |
| LOZERE | 1 | 42 | 0 | 1240 | 0 | 0 [0 - 8,4] | |
| NIEVRE | 7 | 16 | 1 | 469 | 5 | 6,3 [0,2 - 30,2] | 0,3 [0 - 0,9] |
| PUY-DE-DOME | 53 | 26 | 13 | 791 | 24 | 50 [29,9 - 70,1] | 2,8 [0,2 - 5,4] |
| SAONE-ET-LOIRE | 5 | 30 | 2 | 901 | 2 | 6,7 [0,8 - 22,1] | 0,2 [0 - 0,7] |
| YONNE | 89 | 1 | 6 | 179 | 0 | 0 [0 - 45,9] | |

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

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 1 338 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 (1 243/1 338), 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.

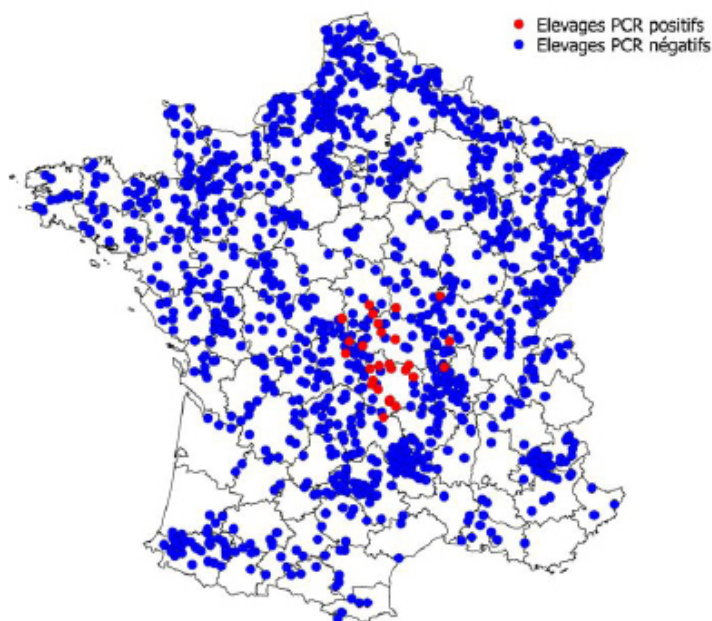


Figure 3. Résultats de la surveillance programmée réalisée entre le 16 septembre et le 20 octobre 2015

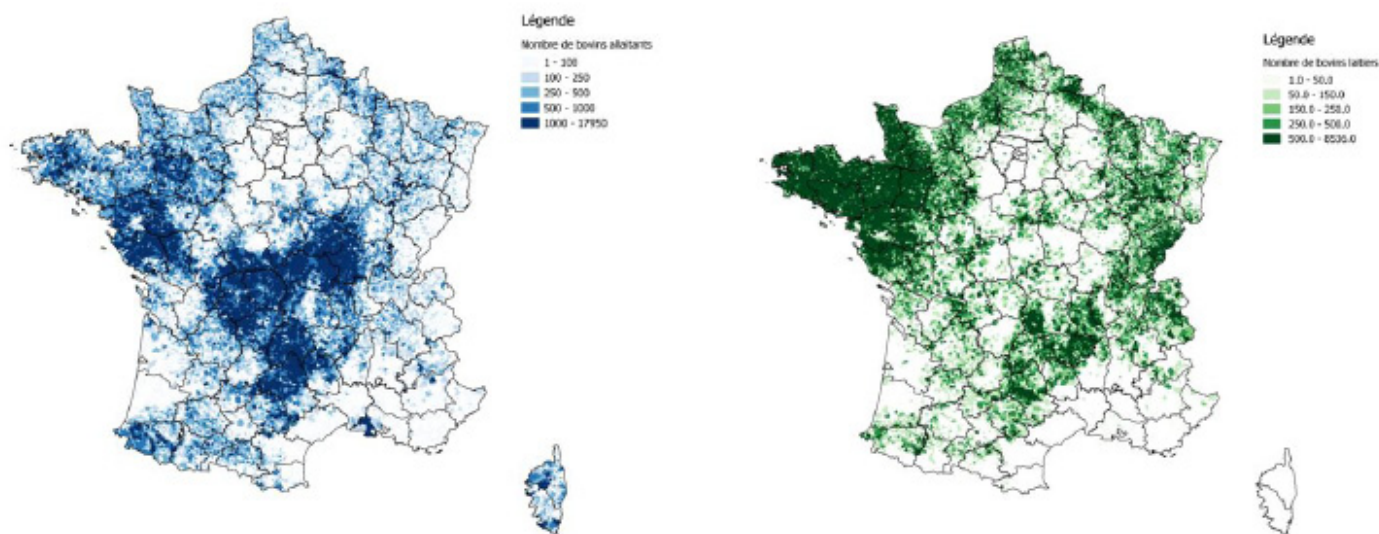


Figure 4. Densités de bovins allaitants et laitiers en France

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). A 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 évènementielle

Entre le 1er 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 neuf bovins issus de douze élevages dans l'Allier, la Creuse, le Puy-de-Dôme et le Cher ont été ainsi confirmés infectés par le virus BTV-8. Aucune mortalité liée à la FCO n'a été observée dans ces élevages.

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 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.

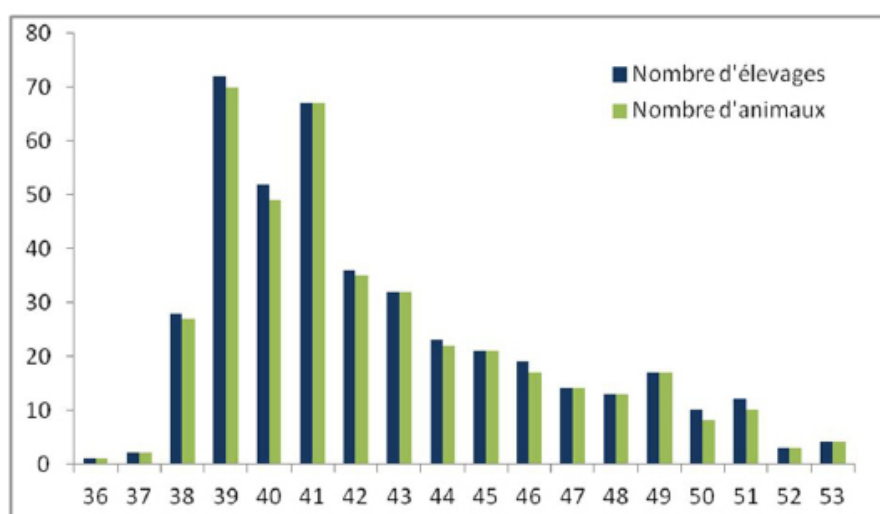


Figure 5. Nombre d'élevages et d'animaux suspects cliniques de FCO par semaine, pour lesquels une analyse a été réalisée entre début septembre (semaine 36) et fin décembre (semaine 53) 2015

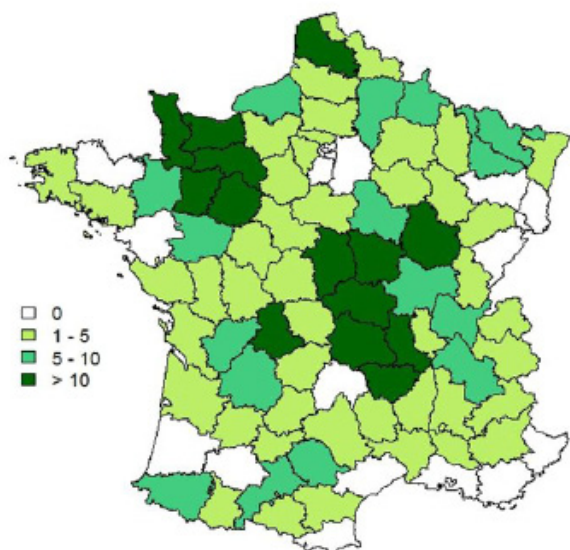


Figure 6. Résultats de la surveillance événementielle : nombre d'élevages ayant été testés pour la FCO suite à une suspicion clinique entre le 1^{er} septembre et le 31 décembre 2015

Discussion

La FCO est une maladie à transmission vectorielle, par les culicoïdes, qui ont une activité saisonnière marquée par une quasi-absence d'adulte 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 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. A 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 (8 % 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 25 % (11 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 épicode 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 culicoïdes, 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., Krishnajiyothe, 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.