



BE Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

Mars 2015 trimestriel/numéro 67

Page 2

Prévalence de l'infestation par *Diphyllbothrium latum* de différents poissons des lacs Léman, du Bourget et d'Annecy et évaluation de l'incidence des cas humains auprès des laboratoires d'analyse médicale de la région (2011-2013)

Page 6

Épisodes de mortalité massive de moules bleues observés en 2014 dans les Pertuis charentais

Page 10

Influenza aviaire dans le monde: situation au 31 janvier 2015

Page 15

Surveillance de l'infection congénitale par le virus Schmallenberg en France: une circulation moins intense en 2013

Page 19

Des saisons de transmission du virus West Nile contrastées en Europe – situation épidémiologique fin 2014

Page 22 - Brève

Anémie infectieuse des équidés 2014: deux nouveaux cas asymptomatiques dans le département du Gard

Page 23 - Brève

Épizootie de fièvre catarrhale ovine à sérotype-1 en Corse: bilan 2013 et 2014

Page 24

SIZA, premier logiciel national de recueil des données d'inspection en abattoir d'animaux de boucherie: vers une meilleure valorisation des données sanitaires collectées en abattoir

Page 27 - Note sur rapport

Zoonoses, agents zoonotiques et toxoinfections alimentaires collectives en Europe en 2013

Page 28

Stratégies de contrôle optimales en cas d'épizootie de fièvre aphteuse en France en fonction de l'impact considéré, du niveau géographique et de la prise de risque des décideurs

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.

ÉDITORIAL

Dans ce premier numéro très fourni de 2015, un premier article présente des résultats originaux sur la prévalence d'un parasite zoonotique, *Diphyllbothrium latum*, chez les poissons des lacs subalpins en France. Il est intéressant de constater que l'entretien du cycle épidémiologique entre les poissons de lac et l'Homme est très certainement dû aux évolutions des pratiques alimentaires, avec la mode actuelle de consommation de poissons crus.

Deux articles font la synthèse de la situation épidémiologique de dangers sanitaires, absents actuellement de France métropolitaine, très évolutifs en ce moment dans le reste de l'Europe et dans le monde: les virus *influenza* aviaires hautement pathogènes et le virus de West-Nile. Ces synthèses, produites dans le cadre de l'activité de veille sanitaire internationale de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA) montrent bien la nécessaire vigilance vis-à-vis des dangers sanitaires exotiques. Pour West-Nile, l'article précise la synthèse qui vient d'être publiée dans le numéro spécial du *BE* consacré à ce sujet.

Les autres articles de ce numéro, qu'il est impossible de présenter en détail, sont tout aussi intéressants et utiles et couvrent des domaines et des filières variés en santé animale (analyse d'un épisode de mortalité chez les moules en Charente, situation épidémiologique de la fièvre catarrhale ovine en Corse en 2014, de la maladie de Schmallenberg lors de la troisième saison de surveillance 2013-2014, épisode d'anémie infectieuse équine dans le Gard ou encore modélisation d'épizooties de fièvre aphteuse dans un but d'aide aux décisions de gestion) ou en hygiène alimentaire (projet d'informatisation des données sanitaires en abattoir ouvrant la voie à des possibilités de surveillance syndromique).

Pour finir, vous aurez pu constater que la page internet du *BE* sur le site de l'Anses était en cours de rénovation. La possibilité de télécharger chaque article séparément a été réactivée, et progressivement les articles de l'ensemble des numéros publiés depuis la création du *BE* en 2001 seront disponibles. Couplé avec la possibilité de rechercher un article par nom d'auteur ou par mots des titres, cela constitue une base de connaissances unique sur l'épidémiologie en santé animale et en hygiène alimentaire pour notre pays.

Le comité de rédaction



Prévalence de l'infestation par *Diphyllbothrium latum* de différents poissons des lacs Léman, du Bourget et d'Annecy et évaluation de l'incidence des cas humains auprès des laboratoires d'analyse médicale de la région (2011-2013)

Jean Dupouy-Camet (1) (jean.dupouy-camet@cch.aphp.fr), Malak Haidar (1), Eduardo Dei-Cas (2), Hélène Yera (1), Laurent Espinat (3), Amine Benmostefa (1), Jean Guillard (3), Cécile-Marie Aliouat-Denis (2)

(1) Hôpital Cochin AP-HP, Université Paris Descartes, Laboratoire de parasitologie-mycologie, Paris, France.

(2) Inserm U1019, CNRS UMR 8204, Institut Pasteur, Centre d'immunité et d'infection de Lille (CIIL), Biologie et diversité de pathogènes eucaryotes émergents (BDPEE), Lille, France

(3) UMR CARTELE, Inra - Université de Savoie, Thonon-les-Bains, France

Résumé

Plusieurs enquêtes ont été réalisées sur les lacs Léman, d'Annecy et du Bourget de 2011 à 2013 pour estimer la prévalence des larves de *Diphyllbothrium latum* chez des poissons d'intérêt commercial. L'examen de 960 filets de perche du lac Léman a retrouvé une prévalence globale de 0,93 % [0.3%-1.5%]. Des larves plérocercoïdes ont été trouvées dans les muscles ou dans la cavité générale de 62 poissons du Léman (chez 6 brochets sur 6, chez 7 perches sur 24 et chez 2 lottes de rivière sur 7). Aucune larve n'a été retrouvée dans les autres espèces examinées, ombles chevalier et corégones en particulier. Les densités les plus élevées de larves ont été observées chez le Brochet (jusqu'à 18 larves dans un seul poisson). Aucune larve plérocercoïde n'a pu être retrouvée chez les 25 poissons (et les 76 filets de perche) du lac d'Annecy et chez les 51 poissons du lac du Bourget. L'enquête auprès des laboratoires d'analyse médicale de Savoie et de Haute-Savoie a identifié six cas humains de 2011 à 2013, exclusivement en Haute-Savoie. La prévalence de la parasitose chez les poissons et l'incidence de la maladie humaine semblent en décroissance par rapport à d'autres enquêtes effectuées il y a quelques années.

Mots-clés

Diphyllbothriose, *Diphyllbothrium latum*, poisson de lac, perche, brochet

Abstract

Prevalence of *Diphyllbothrium latum* infestation in fishes from Lakes Geneva, Le Bourget and Annecy in France, and estimation of human case incidence based on data provided by medical laboratories of the region (2001-2013)

Several surveys were conducted on Lakes Geneva, Annecy and Bourget from 2011 to 2013 to estimate the prevalence of *Diphyllbothrium latum* larvae in fish of commercial interest. Examination of 960 perch filets from Lake Geneva showed an overall prevalence of 0.93% [0.3%-1.5%]. Plerocercoid larvae were found in the muscle or body cavity of 62 fish from Lake Geneva (6 out of the 6 pikes, 7 out of 24 perches and 2 out of 7 burbot). No larvae were found in the other species examined, char and whitefish in particular. The highest densities of larvae were observed in pike (up to 18 larvae in a single fish). No plerocercoid larvae were found either in the 25 fish (and 76 perch filets) from Lake Annecy or in the 51 fish from Lake Bourget. A survey of medical laboratories in Savoie and Haute-Savoie identified six human cases exclusively located in Haute-Savoie from 2011 to 2013. When compared to other surveys carried out a few years ago, the prevalence of this parasitic disease in fish and the incidence of its human form seem to be declining.

Keywords

Diphyllbothriosis, *Diphyllbothrium latum*, Lake fish, Perch, Pike

Diphyllbothrium latum ou « ténia » du poisson est un ver plat rubané de la classe des Cestodes, de l'ordre des Diphyllbothriidea et de la famille des Diphyllbothriidae. Ce parasite peut vivre plusieurs années dans l'intestin de l'Homme (von Bonsdorff 1977; Wicht *et al.* 2010). Il était antérieurement appelé bothriocéphale mais cette appellation doit être abandonnée car les *Bothriocephalus* font maintenant partie d'un ordre différent de celui des Diphyllbothriidea (Kuchta *et al.* 2008). *Diphyllbothrium* provoque une infection parasitaire appelée diphyllbothriose, acquise par l'ingestion de poisson cru contenant les larves plérocercoïdes infestantes. Le cycle biologique du parasite comprend un hôte définitif: l'Homme (et d'autres mammifères piscivores tels que renards, lynx et chiens) et au moins deux hôtes intermédiaires: un crustacé planctonique et un ou des poissons d'eau douce. Lors de conditions environnementales favorables, les œufs émis dans les eaux douces avec les matières fécales de l'hôte définitif terminent leur maturation en huit à douze jours puis éclosent et libèrent un embryon cilié. Celui-ci est ingéré par un crustacé microscopique du genre *Cyclops* ou *Eudiaptomus* et se transforme en larve procercoïde au sein de la cavité générale. Lorsqu'un poisson carnivore ingère ce crustacé planctonique, cette larve se transforme en un second type de larve dite plérocercoïde, longue de quelques millimètres. Celle-ci s'enchâsse dans la musculature ou reste à la surface des viscères du poisson. Si ces poissons sont consommés par des poissons carnivores plus gros, les larves plérocercoïdes se ré-enchassent dans les muscles et les viscères

de ce nouvel hôte. L'Homme et d'autres mammifères piscivores se contaminent alors, en ingérant la chair crue ou insuffisamment cuite de ces poissons d'eau douce. Une fois dans l'intestin de l'hôte définitif, la larve plérocercoïde grandit de plusieurs centimètres par jour et les premiers œufs sont émis avec les selles, environ un mois après



Figure 1. Principaux poissons présents dans le lac Léman (de gauche à droite: corégon (féra ou lavaret), perche, brochet, lottes, gardons). La règle mesure 40 cm



Figure 2. Détection des larves plérocercoïdes par grattage des filets de perche (l'aiguille de 30 mm donne l'échelle)



Figure 3. Détection d'une larve plérocercoïde de 4 mm dans un filet de perche sur une table de mirage

l'infestation. Cette parasitose est bien supportée par l'Homme et se traduit par l'émission spontanée de chaînes d'anneaux dans les selles ou par des épisodes de douleurs abdominales non caractéristiques provoquées par la présence de ce ver qui peut mesurer jusqu'à 10 m de long (Saarni *et al.* 1963). Le ver est connu par sa grande appétence pour la vitamine B12 (Scudamore *et al.* 1961), mais la classique anémie par carence en vitamine B12 décrite en Finlande après la deuxième guerre mondiale chez des populations dénutries et hyper-infestées, n'est plus observée (Nyberg *et al.* 1961; von Bonsdorff 1977). Il existe plusieurs espèces de ce parasite (Wicht *et al.* 2010), pathogènes pour l'Homme, mais seule l'espèce *D. latum* peut être contractée à partir de poissons d'eau douce métropolitains. Cependant, des cas de diphyllobothriose à *D. nihonkaiense* (espèce du Pacifique) ont été observés en France chez des consommateurs de saumons (*Onchorynchus sp.*) importés de la côte Pacifique du Canada (Yera *et al.* 2006; Paugam *et al.* 2009). Le diagnostic de la parasitose chez l'Homme se fait par l'observation des œufs operculés caractéristiques dans les selles. L'identification de l'espèce parasitaire se fait par génotypage (Yera *et al.* 2008; Dupouy-Camet & Yera 2009). Si la diphyllobothriose est en décroissance dans les pays baltes ou scandinaves qui constituaient les foyers historiques de la parasitose, elle semble être en émergence dans les zones francophones et italophones des lacs périalpins où une pêche professionnelle existe souvent (Dupouy-Camet & Peduzzi 2004). Cette résurgence avait été constatée dès la fin des années 1980 (Peduzzi, 1990) et confirmée

depuis (Golay et Mariaux 1995; Peduzzi et Boucher-Rodoni 2001). Depuis 1987, plus de 200 cas ont été signalés ou publiés autour des lacs Léman, de Morat, de Biemme, Majeur, de Côme, d'Iseo et de Garde. Dans le lac Léman, les travaux précédents de notre équipe (Nicoulaud *et al.* 2005), avaient signalé une prévalence de 4 à 10 % des plérocercoïdes dans les filets de perche (*Perca fluviatilis*) entre les années 2003 et 2005. Cette prévalence élevée chez les perches était concomitante à l'existence de cas humains. Depuis au moins une quinzaine d'années, aucun cas humain de diphyllobothriose n'a pu être rattaché à la consommation de poisson des lacs d'Annecy et du Bourget, et aucune étude n'y a jamais été effectuée chez les poissons. Le présent travail, un volet du programme ANR-10-ALIA-004, visait à évaluer l'évolution de la prévalence des larves plérocercoïdes dans les filets de perche, d'estimer la prévalence de ce parasite chez les poissons entiers de différentes espèces et provenant des trois principaux lacs subalpins français.

Matériel et méthodes

Poissons échantillonnés

Pour le lac Léman, les poissons ont été obtenus auprès de pêcheurs professionnels sous forme de poissons entiers ou de filets pour les perches. Dans la plupart des cas, les poissons avaient été pêchés dans les heures précédentes. Les échantillonnages se sont déroulés de 2011 à 2013 (novembre 2011, mars 2012, avril et septembre 2013). Pour les lacs du Bourget et d'Annecy, les poissons ont été obtenus pour la plupart lors de pêches scientifiques organisées en septembre 2013 par l'UMR CARTELE (Centre alpin de recherche sur les réseaux trophiques des écosystèmes limniques), associant l'Université de Savoie et l'Inra, dans le cadre du SOERE OLA (Système d'observation et d'expérimentation pour la recherche en environnement-Observatoire des lacs alpins: <http://www6.inra.fr/soere-ola>). Les poissons pêchés la nuit précédente ont été examinés au laboratoire de l'Inra (Thonon-Les-Bains), au laboratoire du SILA (Syndicat mixte du lac d'Annecy) à Annecy et au laboratoire de l'UMR CARTELE sur le campus de l'Université de Savoie au Bourget du Lac. Les poissons ont été mesurés, pesés et identifiés par leur aspect morphologique (Figure 1). Au total 1036 filets de perche (960 du lac Léman) ont été examinés et 138 poissons entiers disséqués.

Recherche et identification des larves plérocercoïdes

Les poissons ont été ouverts et la totalité de leur cavité générale a été examinée pour rechercher des larves plérocercoïdes libres sur les organes. Les filets (préparés par les pêcheurs professionnels ou levés des poissons entiers) ont été examinés à la recherche de plérocercoïdes par grattage de l'intégralité du filet ou par transillumination sur une table de mirage (Figure 2 et Figure 3). La transillumination a montré une efficacité identique à la technique du grattage. Les larves ont été identifiées par leur morphologie et par biologie moléculaire (pour la plupart) après amplification et séquençage de la cytochrome oxydase I selon une technique décrite ailleurs (Dupouy-Camet & Yera 2009).

Recherche de cas humains

Une enquête téléphonique et par courrier a été effectuée au dernier trimestre 2013, auprès de 36 laboratoires d'analyses médicales privés et des laboratoires des principaux hôpitaux des deux départements de Savoie et Haute-Savoie, pour savoir si des cas humains avaient été diagnostiqués au cours de la période 2011-2013.

Résultats

La parasitose est présente chez les poissons du lac Léman mais est absente des poissons des lacs du Bourget et d'Annecy. L'examen de 960 filets de perche du lac Léman (Tableau 1) conduit à l'estimation d'une prévalence globale de 0,93 % [0,3%-1,5%]. Les trois lots de filets de perche au sein desquels des larves plérocercoïdes ont été trouvées,

Tableau 1. Prévalence des larves plérocercoides dans 960 filets de perche d'origines géographiques différentes sur la rive Sud du lac Léman. Pas plus d'une larve n'a été retrouvée dans les filets parasités

Lieu et date d'achat	Poids moyen (g)	Nombre de filets parasités/ Nombre de filets examinés (%)
Sechex		
Septembre 2013	12	0/156
Avril 2013	6,5	2/308 (0,7)
Mars 2012	9	6/111 (5,4)
Lugrin		
Septembre 2013	13	0/65
Avril 2013	7,8	1/64 (1,6)
Mars 2012	7	0/62
La Meillerie		
Septembre 2013	9	0/57
Mars 2012	12	0/39
St Gingolph		
Septembre 2013	9	0/58
Thonon		
Septembre 2013	12	0/40
Total		9/960 (0,93 +/- 0,6)

Tableau 2. Prévalence des larves plérocercoides chez 138 poissons entiers d'intérêt commercial provenant des lacs Léman, d'Annecy et du Bourget (2011-2013).

Nom commun (nombre)	Nom latin	Poids (g)	Poissons parasités/Poissons examinés		
			Lac Léman	Lac d'Annecy	Lac du Bourget
Brochet (n=15)	<i>Esox lucius</i>	60-2600	6/6	0/6	0/3
Perche (n=75)	<i>Perca fluviatilis</i>	16-1500	7/24	0/9*	0/42
Lotte (n=12)	<i>Lotta lotta</i>	70-550	2/7	0/2	0/3
Ombre chevalier (n=16)	<i>Salvelinus alpinus</i>	220-620	0/8	0/7	0/1
Féra (ou lavaret) (n=13)	<i>Coregonus lavaretus</i>	220-720	0/13	0/0	0/0

* Par ailleurs 76 filets de perche du lac d'Annecy étaient tous négatifs

Autres espèces examinées et toutes négatives : *Squalius cephalus* ou chevesne, Léman (n=1), *Abramis brama* ou brème, Léman (n=1), *Tinca tinca* ou tanche, Léman (n=1), *Rutilus rutilus* ou gardon, Léman (n=1), *Salmo trutta* ou truite, Annecy (n=1), *Ameiurus melas* ou poisson chat, Bourget (n=2)

ont été obtenus en mars 2012 et avril 2013. Soixante-deux poissons du Léman (de 16 à 3000 grammes) ont été disséqués (Tableau 2). Des larves plérocercoides ont été trouvées dans les muscles ou dans la cavité générale des six brochets, de sept perches sur 24 et de deux lottes sur sept. Aucune larve n'a été trouvée dans les autres espèces examinées : ombles chevalier et féras en particulier. Les densités les plus élevées de larves ont été observées chez le Brochet (jusqu'à 18 larves dans un seul poisson). Aucune larve plérocercocide n'a pu être trouvée chez les 25 poissons (de 60 à 2600 grammes) et les 76 filets de perche du lac d'Annecy, ni chez les 51 poissons (de 80 à 760 grammes) du lac du Bourget (Tableau 2). L'enquête auprès des laboratoires d'analyse médicale a identifié six cas humains sur trois ans, exclusivement en Haute-Savoie (aucun cas en 2011, 4 cas à Thonon en 2012, 1 cas à Passy et 1 cas à Thonon en 2013).

Discussion

Au vu de ces résultats, le cycle du parasite existe toujours dans le lac Léman bien que le nombre de cas humains ainsi que la prévalence de l'infestation des filets de perche apparaissent en baisse par rapport à nos études antérieures. La parasitose n'a pas été retrouvée dans les poissons du lac d'Annecy ni du Bourget. En ce qui concerne le lac

Léman, la prévalence de la parasitose dans 960 filets de perche est inférieure à 1 % avec un intervalle de confiance à 95 % de 0,3 à 1,5 %. Seuls trois lots de filets de perche ont été trouvés parasités avec des prévalences de 0,7, 1,6 et 5,4 %. Cette prévalence contraste avec les prévalences comprises entre 4 et 10 % que nous avons observées entre 2003 et 2005 (Nicoulaud *et al.* 2005). Cela contraste aussi avec les prévalences variant entre 3 et 10 %, rapportées par Wicht (2009) entre 2007 et 2008 sur les berges suisses du Léman. Plus récemment, Renaud rapportait sur le lac Léman en juin 2011 une prévalence de 7,7 % et démontrait une corrélation entre le poids des filets et la présence du parasite (Renaud, 2011). Dans notre étude, une telle relation n'a pas été mise en évidence. Il faut noter que les trois lots de filets de perche parasités ont été obtenus en mars 2012 et avril 2013. Jusqu'à présent, aucune relation n'a pu être faite entre la saison du prélèvement et la prévalence du parasite (Wicht *et al.* 2009). Seules trois espèces de poissons ont été trouvées parasitées dans le lac Léman : les six brochets (avec 1 à 18 larves par individu parasité), sept des 24 perches (avec 1 à 3 larves par perche parasitée) et deux des sept lottes avec une larve par lotte parasitée. Ces larves se trouvaient principalement dans la cavité générale du poisson et parfois dans les filets. Ce maintien du cycle dans le lac Léman laisse supposer qu'une contamination fécale du lac existe toujours (défécation dans le lac par des pêcheurs peu délicats et à risque d'être eux-mêmes parasités, rejet de stations d'épuration non fonctionnelles...). Le maintien du cycle par des mammifères piscivores semble peu probable compte tenu d'une urbanisation importante des berges du lac mais qui n'est pas forcément défavorable aux renards. La Perche représente le principal danger épidémiologique car elle est souvent consommée sous forme de *carpaccio*. La lotte en revanche est consommée très cuite dans des soupes de poissons et ne représente *a priori* pas de risque de contamination pour l'Homme. Aucun des féras du lac Léman n'était porteur du parasite mais d'une façon générale, les *Coregonus* sp, réceptifs à l'espèce *D. dendriticum* sont peu sensibles à *D. latum* (Von Bonsdorf 1977). Aucun des ombles chevalier n'était porteur du parasite. Le brochet est habituellement consommé cuit ou en quenelles, mais plusieurs consommateurs nous ont dit le préparer sous forme de filets fumés crus. Un cas de diphyllbothriose, nous a été signalé récemment chez un pêcheur du lac du Bourget après consommation de filets fumés de très gros brochets. Des investigations vont être poursuivies sur le lac du Bourget car jusqu'à présent tous les brochets de ce lac que nous avons pu examiner étaient indemnes de cette parasitose (les trois de cette enquête plus deux autres de 1 et 2 kg examinés en septembre 2014). À noter que le lac du Bourget se déverse dans le Rhône par le canal de Savières, un des rares cours d'eau d'Europe dont le cours peut s'inverser sur toute sa longueur et de manière naturelle. Ce phénomène survient lorsque le Rhône est en crue et que son niveau dépasse celui du canal de Savières. L'eau du fleuve reflue alors en direction du lac du Bourget qui peut voir son niveau s'élever de plusieurs mètres. Peut-on imaginer, à cette occasion, un passage de brochets du Léman dans le Rhône puis dans le lac du Bourget ?

En ce qui concerne les cas humains, nous avons pu identifier de façon rétrospective, 27 cas entre 1993 et 2000 pour le seul département de Haute-Savoie (soit 2,75 cas/an (Desvois *et al.* 2001). Wicht (2009) identifiait dans le même département 44 cas (7,3 cas/an) entre 2002 et 2007. Dans le présent travail, nous n'avons pu identifier que cinq cas entre 2011 et 2013 (soit 2 cas/an). Bien entendu, un certain nombre de cas ont pu échapper à ces enquêtes dans la mesure où certains patients sont directement traités par leurs médecins traitants sans confirmation biologique. Une meilleure connaissance de la maladie par les professionnels, les consommateurs et les autorités sanitaires peut aussi expliquer cette décroissance de la prévalence chez les poissons et de l'incidence chez l'Homme. De fait, notre première enquête publiée en 2001 avait fait la une du Dauphiné Libéré, le quotidien régional. La Télévision suisse romande avait également réalisé une émission sur le sujet diffusée en 2006 à une heure de grande écoute et cette émission est toujours visible sur le web (le risque de manger des poissons crus : <http://www.rts.ch/emissions/abe/1375410-poissons crus ou peu-cuits-attention-aux-parasites.html>). L'examen des cartes des

restaurants locaux a montré que dans les recettes de carpaccio, la perche avait été remplacée par des poissons *a priori* indemnes de cette parasitose (gardon, corégone...). De même, les restaurateurs se sont probablement astreints à la réglementation imposant la congélation du poisson destiné à être mangé cru (Anses, 2012). Enfin, ces différentes enquêtes auprès des laboratoires d'analyses médicales ont pu sensibiliser les biologistes et les médecins prescripteurs à la prophylaxie de la parasitose.

Conclusion

La diphyllobothriose (*D. latum*) est toujours présente autour du lac Léman mais absente du lac d'Annecy et probablement aussi de celui du Bourget. Elle semble être en diminution depuis le début des années 2000 malgré la généralisation des comportements alimentaires qui tendent vers la consommation de poissons crus, tant indigènes qu'importés. Le brochet, au sommet de la pyramide alimentaire, concentre les larves plérocercoides et semble être une bonne sentinelle pour évaluer la présence ou l'absence de la parasitose dans le lac considéré. Une détection des larves plérocercoides dans les filets de perche pourrait facilement être effectuée par les professionnels par examen sur une table de mirage. Mais les meilleures préventions individuelles demeurent la cuisson suffisante du poisson (à 55°C à cœur pendant au moins 10 minutes) ou la congélation (la législation prévoit que tout poisson (local ou importé) destiné à être consommé cru au restaurant doit être préalablement congelé à une température inférieure à -20°C, pendant au moins 24 heures). Enfin, il faut diffuser le message selon lequel la salaison, la fumaison et le marinage ne sont pas efficaces contre les larves plérocercoides (Anses 2012).

Remerciements

À la mémoire d'Eduardo Dei-Cas (1945-2014) sans qui ce travail n'aurait pu aboutir. Les auteurs remercient également Alexis Champigneulle (Inra Thonon les Bains), Damien Zanella du laboratoire SILA d'Annecy et Annie Millery de l'UMR CARRTEL pour la mise à disposition de leurs laboratoires lors de nos enquêtes. Ce travail s'inscrit dans le cadre de l'ANR Fish Parasite ANR-10-ALIA-004.

Références bibliographiques

Anses; 2012, Fiche de description de danger biologique transmissible par les aliments *Diphyllobothrium latum*, http://www.anses.fr/sites/default/files/documents/MIC2012sa0059Fi_0.pdf

Desvois, L., Gregory, A., Ancelle, T., Dupouy-Camet, J., 2001. Enquête sur l'incidence de la bothriocéphalose en Haute-Savoie (1993-2000). Bull. Épidémiol. Hebd. 45, 1-5

Dupouy-Camet, J., Peduzzi, R., 2004. Current situation of human diphyllobothriasis in Europe. Euro. Surveill. 9, 31-5.

Dupouy-Camet, J., Yera, H., 2009. *Diphyllobothrium* in "Molecular Detection of Foodborne Pathogens" p 781-788, Don Liu ed., Taylor & Francis CRC Press, New York. 905 pp.

Golay, M., X Mariaux, J., 1995. Situation de *Diphyllobothrium latum*, L., 1758, dans quatre lacs du plateau suisse. Bull. Soc. Neuch. Sci. Nat. 118, 79-86.

Kuchta, R., Scholz, T., Brabec, J., Bray, R.A., 2008. Suppression of the tapeworm order Pseudophyllidea (Platyhelminthes: Eucestoda) and the proposal of two new orders, Bothriocephalidea and Diphyllobothriidea. Int. J. Parasitol. 38, 49-55.

Nicoulaud, J., Yera, H., Dupouy-Camet, J., 2005. Prevalence de l'infestation par *Diphyllobothrium latum*, L., 1758 chez les perches (*Perca fluviatilis*) du lac Léman. Parasite. 12, 362-364.

Nyberg, W., Gräsbeck, R., Saarni, M., Von Bonsdorff, B., 1961. Serum vitamin B12 levels and incidence of tapeworm anemia in a population heavily infected with *Diphyllobothrium latum*. Am. J. Clin. Nutr. 9, 606-12.

Paugam, A., Yera, H., Poirier, P., Lebuissou, A., Dupouy-Camet, J., 2009. Bothriocéphalose à *Diphyllobothrium nihonkaiense*: un nouveau risque lié à la consommation de saumon. Presse Med. 38, 675-7.

Peduzzi, R., 1990. Résurgence de la bothriocéphalose (parasitose à *Diphyllobothrium latum*) dans la région du lac Majeur. Med. Mal. Inf. 20, 493-497.

Peduzzi, R., Boucher-Rodoni, R., 2001. Resurgence of human bothriocéphalosis (*Diphyllobothrium latum*) in the subalpine lake region. J. Limnol. 60: 41-44.

Renaud, M., 2011. Étude épidémiologique de la diphyllobothriose: zoonose parasitaire en Haute-Savoie. Thèse de médecine vétérinaire, Université Claude Bernard-Lyon1, 177 pp.

Saarni, M., Nyberg, W., Gräsbeck, R., Von Bonsdorff, B., 1963. Symptoms in carriers of *Diphyllobothrium latum* and in non-infected controls. Acta Med. Scand. 173,147-154.

Scudamore, H.H., Thompson, J.H., Owen, C.A., 1961. Absorption of Co60-labeled vitamin B12 in man and uptake by parasites, including *Diphyllobothrium latum*. J. Lab. Clin. Med. 57,240-6.

Von Bonsdorff, B., 1977. Diphyllobothriasis in man. London: Academic Press, 189pp.

Wicht, B., 2009. Ecology, epidemiology and molecular identification of the genus *Diphyllobothrium* Cobbold, 1858 in the sub-alpine lakes region. Thèse d'université N° 4046, Faculté des sciences, Université de Genève 234 pp.

Wicht, B., Limoni, C., Peduzzi, R., Petrini, O. 2009. *Diphyllobothrium latum* (Cestoda: Diphyllobothriidea) in perch (*Perca fluviatilis*) in three sub-alpine lakes: influence of biotic and abiotic factors on prevalence. J. Limnol. 68,167-173.

Wicht, B., Peduzzi, R. Dupouy-Camet, J., 2010. Diphyllobothriose. In: Actualités permanentes en bactériologie clinique, vol. IX, Editions ESKA, Paris. http://congres.eska.fr/pdf/APBC_1_2010.pdf.

Yera, H., Estran, C., Delaunay, P., Gari-Toussaint, M., Dupouy-Camet, J., Marty, P., 2006. Putative *Diphyllobothrium nihonkaiense* acquired from a Pacific salmon (*Oncorhynchus keta*) eaten in France: genomic identification and case report. Parasitol. Int. 55, 45-49.

Yera, H., Nicoulaud, J., Dupouy-Camet, J., 2008. Use of nuclear and mitochondrial DNA PCR and sequencing for molecular identification of *Diphyllobothrium* isolates potentially infective for humans. Parasite. 15, 402-407.

Episodes de mortalité massive de moules bleues observés en 2014 dans les Pertuis charentais

Christian Béchemin (1), Patrick Soletchnik (1), Pierre Polsenaere (1), Olivier Le Moine (1), Fabrice Pernet (2), Martin Protat (2), Marine Fuhrman (2), Claudie Quéré (2), Sophie Goultquer (2), Charlotte Corporeau (2), Sylvie Lapègue (3), Agnès Travers (3), Benjamin Morga (3), Manon Garrigues (3), Céline Garcia (3), Philippe Haffner (3), Christine Dubreuil (3), Nicole Faury (3), Laury Baillon (3), Jean-Pierre Baud (4), Tristan Renault (3) (trenault@ifremer.fr)

(1) Ifremer, Département Océanographie et dynamique des écosystèmes, Laboratoire Environnement Ressources des pertuis charentais, La Tremblade
(2) Ifremer, Département Ressources biologiques et environnement, Unité Physiologie fonctionnelle des organismes marins, Laboratoire de physiologie des invertébrés, UMR LEMAR, Brest, France
(3) Ifremer, Département Ressources biologiques et environnement, Unité Santé, génétique et microbiologie des mollusques, Laboratoire de génétique et pathologie des mollusques marins, La Tremblade, France
(4) Ifremer, Département Ressources biologiques et environnement, Nantes

Résumé

Des épisodes de mortalité massive (90-100 %) ont été observés au sein des élevages de moules touchant à la fois les animaux adultes et les juvéniles au printemps 2014, dans les Pertuis charentais. Un ensemble de travaux a été réalisé afin d'analyser et de mieux comprendre ce phénomène en recherchant la présence d'agents infectieux, en décrivant les fluctuations environnementales associées et en étudiant l'état physiologique des animaux. Des bactéries identifiées comme appartenant à l'espèce *V. splendidus* ont été détectées chez les animaux moribonds et apparaissent capables d'induire des mortalités en laboratoire chez les moules bleues. De plus, des conditions environnementales particulières (apports importants d'eau douce, remise en suspension de sédiments au travers de tempêtes successives et temps de renouvellement des masses d'eau spécifiques du Pertuis breton élevé) ont été associées au déclenchement du phénomène.

Mots-clés

Mortalité, moules, Pertuis charentais, *Vibrio splendidus*, environnement

Abstract

Mass mortality outbreaks affecting blue mussels in 2014 along the French coast (Pertuis Charentais)

*Mass mortality outbreaks (90-100%) in both juvenile and adult blue mussels were reported in 2014 along the Pertuis Charentais area of the French Atlantic coast. A series of studies were carried out to learn more about the phenomenon through detecting pathogens, describing environmental conditions and establishing the physiological status of the animals. Bacteria identified as belonging to the *V. splendidus* species were detected in dying mussels and seem able to cause mortality in blue mussels in the laboratory. Unusual environmental conditions (large amounts of fresh water, re-suspension of sediments during a series of storms, and a high renewal rate of specific water masses in Brittany's Pertuis area) may be partially responsible for sparking the phenomenon.*

Keywords

Mortality, Mussels, Pertuis Charentais, Vibrio splendidus, Environment

Des épisodes de mortalité massive (90-100 %) ont été observés au sein des élevages de moules touchant à la fois les animaux adultes et les juvéniles au printemps 2014, dans les Pertuis charentais. Suite à une saisine de la Direction générale de l'alimentation (DGAL), l'Institut français de recherche pour l'exploitation de la mer (Ifremer) a réalisé un ensemble de travaux afin d'analyser et de mieux comprendre ce phénomène en recherchant la présence d'agents infectieux, en décrivant les fluctuations environnementales associées et en étudiant l'état physiologique des animaux.

Les premières mortalités ont été rapportées la première semaine de mars, dans un secteur « Centre-Sud » du Pertuis breton. Des mortalités ont ensuite été observées dans les différents sites mytilicoles, dans l'est du Pertuis breton et ont été constatées sur une période d'environ trois mois. Les constats de mortalités réalisés par les Directions départementales du territoire et de la mer (DDTM) de Vendée et de Charente-Maritime ont montré une spatialisation du phénomène, avec un secteur nord-ouest du Pertuis breton, très touché (88-100 %), un secteur est du Pertuis breton moins affecté (34-80 %) et le Pertuis d'Antioche considéré comme très peu touché par les mortalités de moules (3-10 %), durant la période mars-avril 2014 (Figures 1 et 2).

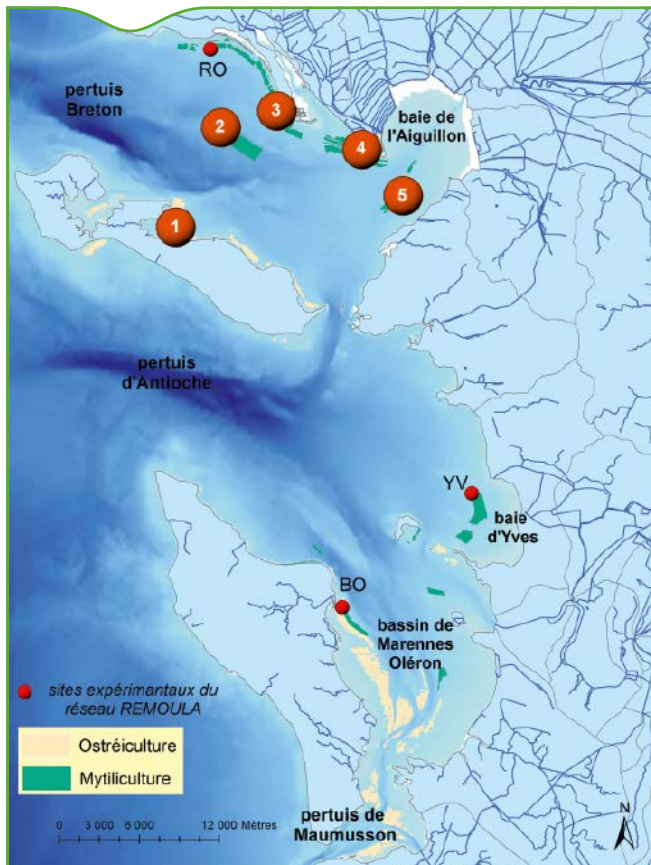
Caractérisation environnementale, hydrologique et hydrodynamique des zones d'élevage

Au cours de l'hiver/printemps 2014, les débits ont été exceptionnels pour la quasi-totalité des fleuves débouchant dans les Pertuis charentais. Ils ont été en nette augmentation par rapport à la série des hivers 2008-2012, et encore supérieurs aux forts débits de l'hiver 2013. La température de l'eau a été supérieure de 1 à 2 °C par rapport

à la médiane interannuelle (comprise entre 8,6 et 9,7 °C selon les sites). Ces températures caractérisent un hiver « chaud ».

Le point suivi dans le Pertuis breton a été caractérisé par plusieurs baisses successives de salinité et des pics importants de turbidité en relation avec les apports marins (panache des fleuves externes aux Pertuis) et terrigènes (fleuves internes au Pertuis breton), dont les effets se conjuguent dans ce secteur. Dans les Pertuis, les salinités observées se classent parmi les plus faibles depuis 24 ans (1994, 1995, 2001, 2007, 2014). La turbidité a été supérieure (de 1 à 6 mg/L) à la médiane au niveau de tous les sites de production de moules. Elle était proche de celles rencontrées au cours des hivers 2001, 2007, 2008 et 2009 à l'ouest du Pertuis breton. Au cours de l'hiver 2014, le littoral de la façade atlantique a présenté une turbidité très forte, supérieure de 10 mg/L à la normale saisonnière. Elle a été observée de façon très prononcée, en particulier, de la Gironde à la pointe Sud Bretagne. Cette forte turbidité est la conséquence probable de l'effet conjoint des forts régimes hydriques hivernaux (débits de fleuves), et surtout, des coups de vent et tempêtes de l'hiver 2014.

La concentration en chlorophylle (estimation des ressources trophiques) a été observée comme légèrement supérieure à la médiane dans les Pertuis charentais au cours de l'hiver 2014. Les blooms de diatomées (*Skeletonema costatum*) sont apparus dans le Pertuis breton au cours du mois de mars après les premiers constats de mortalité. Le réchauffement des masses d'eau et les conditions anticycloniques ensoleillées de la deuxième quinzaine de mars ont probablement favorisé ce développement. Les ressources trophiques (estimées par la chlorophylle *a*) sont dans la gamme des valeurs saisonnières rencontrées à l'échelle de la façade atlantique. Sur la base de cette expertise environnementale, aucune différence marquée n'a pu être notée entre les deux Pertuis, sachant que seules les moules du Pertuis breton ont subi des épisodes de mortalité massive en mars 2014.



Dates	Sites
5 mars 2014	1 Moules sauvages sur tables ostréicoles de l'île de Ré
10 mars 2014	2 Filières du Pertuis Breton
17 mars 2014	3 Bouchots de la pointe d'Arçay
27 mars 2014	4 Bouchots de l'Aiguillon (site de l'Eperon)
28 mars 2014	5 Bouchots de Marsilly

Figure 1. Spatialisation des déclarations de mortalités de moules dans les sites mytilicoles des Pertuis charentais au printemps 2014

Les résultats apportés par des essais de simulation avec le modèle « courantologique » en trois dimensions (MARS3D-PC) montrent que la chronologie, la spatialisation et les niveaux de mortalités observés dans les différents sites mytilicoles du Pertuis breton au cours du mois de mars 2014 sont cohérents avec un transport hydrodynamique simulé au travers des deux traceurs implémentés dans le modèle. Certaines zones (centre-sud) du Pertuis breton apparaissent fortement liées d'un point de vue hydrodynamique au travers des courants alors que d'autres secteurs (Aiguillon, Marsilly, La Rochelle...) semblent présenter moins de liens. Ces résultats sont en adéquation d'un point de vue spatial et quantitatif avec les épisodes de mortalité observés sur les différents secteurs mytilicoles.

Les conditions environnementales, bien que particulières pour l'hiver 2014, ne peuvent pas expliquer à elles seules les épisodes de mortalité massives de moules rapportées dans le Pertuis breton.

Recherche d'agents infectieux

L'Ifremer a reçu neuf lots collectés dans les Pertuis charentais en mars et avril 2014 pour analyses en pathologie dans le cadre de saisines du Réseau de pathologie des mollusques marins (Repamo; ce réseau de l'Ifremer assure pour le compte de la DGAL, une surveillance des maladies affectant les mollusques marins en France). L'ensemble des lots prélevés correspond à des animaux présentant des mortalités (de 10 à 32 %) au moment de la collecte (Pertuis breton, Baie de l'Aiguillon et Pertuis d'Antioche). Deux types d'analyses ont été mis en œuvre pour rechercher des agents pathogènes. D'une part, des

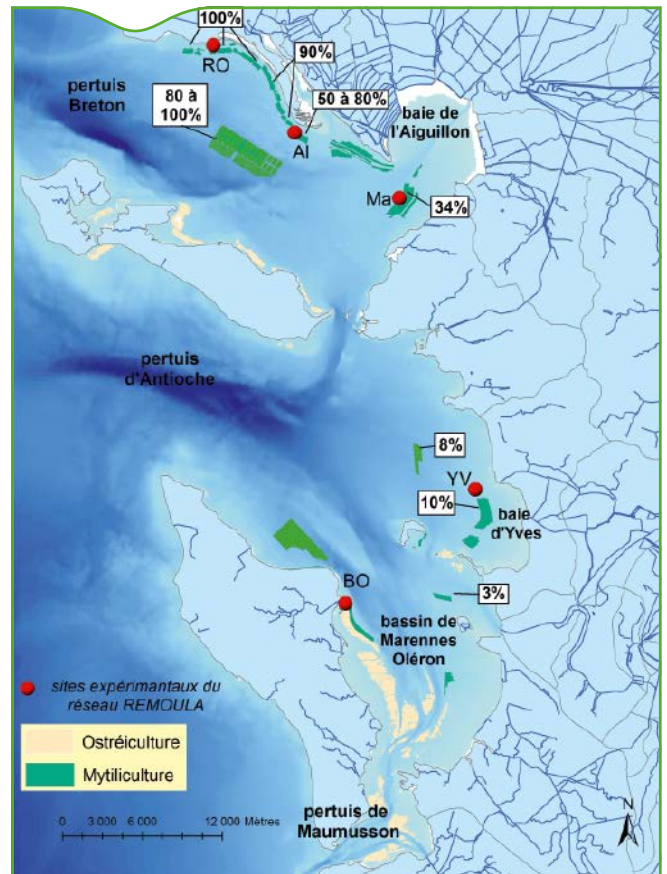


Figure 2. Bilan fin avril 2014 des mortalités de moules dans les Pertuis charentais: 80 à 100 % sur les filières⁽¹⁾; 100 % sur les Ecluseaux, les Roulières (RO), et la Belle Henriette (Sud Vendée); 90 % sur le Pas de Tranchais et la pointe de la Roche (Sud de l'estuaire du Lay); 50 à 80 % sur la pointe de l'Aiguillon (AI), 34 % sur Marsilly (MA), 8 % sur les filières d'Yves, 10 % sur les bouchots d'Yves (YV) et 3 % sur les bouchots d'Aix (d'après les constats de mortalités de moules des missions d'enquête des DDTM de Vendée et Charente-Maritime)

analyses moléculaires en PCR en temps réel ont été réalisées en ciblant trois agents infectieux: l'herpès virus OsHV-1 et les bactéries de l'espèce *Vibrio aestuarianus* et du groupe *Splendidus*, ces agents étant connus comme responsables d'infections chez différentes espèces de mollusques bivalves. Pour la détection des bactéries, une étape préalable de culture sur milieu Marine agar a été mise en œuvre. Les souches bactériennes majoritaires isolées en culture ont fait l'objet d'une identification par PCR en temps réel. D'autre part, des analyses histologiques ont également été effectuées pour une recherche non ciblée d'agents infectieux, tout particulièrement les parasites protozoaires.

Le premier type d'analyse a montré l'absence de détection d'ADN du virus OsHV-1 et de la bactérie *V. aestuarianus* pour les neuf lots. Des isolats bactériens identifiés comme appartenant au groupe *Splendidus* ont été détectés dans l'ensemble des échantillons analysés par PCR en temps réel. Cette dernière approche analytique n'a cependant pas permis d'identifier les bactéries en termes d'espèce. Des approches méthodologiques complémentaires (séquençage) ont été mises en œuvre dans ce but. Les analyses histologiques ont permis de détecter dans deux lots des parasites protozoaires à déclaration obligatoire (*Marteilia sp.*). Une analyse par hybridation *in situ* a permis de compléter l'identification des parasites détectés au niveau de l'espèce (*Marteilia refringens*). Sur les sept autres lots, ces analyses histologiques n'ont pas permis de détecter de parasites protozoaires, ni de détecter d'agents pathogènes inconnus observables grâce à cette technique.

1. Immergées en plein mer, les moules peuvent être élevées le long de cordes fixées à une haussière maintenue à la surface par des flotteurs.

Les travaux menés à l'Ifremer ont également intégré des essais d'induction de mortalité, afin de vérifier si le phénomène observé sur le terrain pouvait être reproduit en conditions expérimentales. Ces essais ont été réalisés en utilisant des moules prélevés dans le Pertuis breton en avril 2014 provenant de lots présentant des mortalités. Ces moules ont servi à préparer un broyat de tissus (branchies, manteau). Ce broyat, après filtration (8 µm et 0,22 µm), a été injecté à des moules saines. Une mortalité de 100 % a été observée vingt-quatre heures après injection chez les animaux ayant reçu le broyat filtré à 8 µm et aucune mortalité n'a été relevée après injection du broyat traité à 0,22 µm. L'expérience a été répétée en utilisant les animaux morts après injection lors du premier essai pour préparer le broyat et des résultats identiques ont été obtenus (mortalité totale des animaux injectés pour le broyat filtré 8 µm et aucune mortalité pour le broyat traité à 0,22 µm). Il a été ainsi possible de transmettre par injection un élément capable d'induire des mortalités massives et rapides chez des moules saines. Cet élément n'apparaît pas être une substance toxique/toxine dans la mesure où il n'a pas été observé un effet de dilution (résultats identiques obtenus dans les deux essais successifs), ni un organisme dont la taille est inférieure à 0,22 µm (virus). Les résultats obtenus suggèrent plutôt l'implication d'une ou de plusieurs bactéries. Il est important de noter que des huîtres creuses saines ont également été injectées avec les broyats préparés à partir des moules moribondes au cours des deux essais. Aucune mortalité n'a été observée chez les huîtres. Ce résultat pourrait s'expliquer par une sensibilité différente des huîtres et des moules à un ou des agents infectieux. Il est important de préciser que ces essais demanderaient à être répétés pour confirmer les résultats obtenus.

Les bactéries cultivables majoritairement (isolats) présentes dans les tissus des animaux moribonds analysés en 2014 et identifiées comme appartenant au groupe *Splendidus* ainsi que les isolats bactériens identifiés comme appartenant à ce même groupe disponibles à l'Ifremer (isolés de moules depuis 2010 dans le cadre de saisines Repamo), ont fait l'objet d'une caractérisation *via* le séquençage d'un gène de ménage (*gyraseB*). Ainsi, 144 isolats bactériens identifiés comme appartenant au groupe *Splendidus* issus de 24 lots prélevés entre 2010 et 2014, en Bretagne, Vendée, Charente-Maritime et Normandie ont été étudiés. Ces isolats ont été collectés : 1) lors de prélèvements réalisés suite à des hausses de mortalité de moules (saisines Repamo) en 2010, 2012, 2013 et 2014 (94 isolats dont 59 prélevés en 2014, 19 lots), 2) au cours d'un projet de recherche financé par la Commission européenne (Bivalife, coordonné par l'Ifremer) sur un site de Charente-Maritime hors épisodes de mortalité (2011-2012, 50 isolats, 5 lots). Suite à des extractions d'ADN total pour l'ensemble de ces souches (144), 130 séquences du gène *gyrB* ont été obtenues, alignées, et comparées entre elles et avec des séquences de référence.

L'analyse des 85 séquences obtenues pour le gène *gyrB* des isolats prélevés au cours d'épisodes de mortalité de moules a permis de mettre en évidence un ensemble regroupant la majorité des isolats (58 sur les 85 isolats). Ce groupe contient la souche type de *V. splendidus* ainsi que des isolats prélevés en 2014, 2013 et 2010. Ainsi, 100 % des lots collectés en 2014, 100 % des lots collectés en 2010, ainsi que le lot collecté en 2013 lors d'épisodes de mortalités de moule contiennent des isolats identifiés comme appartenant à l'espèce *V. splendidus*. Un second ensemble contenant la souche type de *V. atlanticus* regroupe sept isolats (six isolats de 2014 et un de 2012). Ainsi, 36 % des lots collectés en 2014 lors d'épisodes de mortalités de moules sont identifiés comme appartenant à l'espèce *V. atlanticus*. Enfin, des séquences d'isolats proches de celles des souches type de *V. lentus*, *V. tasmaniensis*, *V. cyclitrophicus*, *V. artaborum*, ou sans séquence type à proximité ont également été obtenues.

À partir des 50 isolats collectés hors mortalité sur des moules sauvages, 45 séquences partielles du gène *gyrB* ont été obtenues et comparées aux séquences de référence (souches type définissant les espèces du groupe *Splendidus*). Ces différentes séquences se répartissent à proximité de différentes espèces : *V. splendidus*, *V. lentus*/*V. atlanticus*, *V. crassostreae*, *V. cyclitrophicus*/*V. gigantis*, *V. artaborum*, *V. kanaloae*.

En conclusion, l'analyse des séquences des isolats prélevés au cours des épisodes de mortalité de moules depuis 2010 met en évidence une forte représentation d'isolats identifiés comme appartenant à l'espèce *V. splendidus* : 68 % des isolats du groupe *Splendidus* prélevés au cours d'épisodes de mortalité (2010-2014) appartiennent à l'espèce *V. splendidus* (58 isolats/85 isolats analysés). Il est important de noter que des bactéries appartenant à cette même espèce peuvent également être isolées sur des animaux sains hors mortalité, mais en moindre proportion : 18 % des isolats prélevés appartiennent à l'espèce *V. splendidus* (8 isolats/45 isolats analysés). Afin de mieux appréhender la diversité des souches appartenant à l'espèce *V. splendidus* (pendant/ hors mortalité; 2010/2014), il paraît important de poursuivre l'analyse de séquences plus discriminantes (hsp60) ou en typant ces bactéries par des techniques comme la recherche de Variable Number Tandem Repeat (VNTR). Des essais d'infections expérimentales apparaissent également nécessaires pour préciser la virulence des isolats bactériens identifiés comme appartenant à l'espèce *V. splendidus* collectées depuis 2010 lors d'épisodes de mortalité de moules. De telles approches devraient permettre de déterminer des espèces à risque au sein du groupe *Splendidus*.

Caractérisation de l'état physiologique des moules

L'état énergétique et nutritionnel des moules prélevées dans les élevages où les mortalités étaient encore en cours et dans des sites témoins exempts de mortalité anormale, ainsi que sur des gisements naturels ont été réalisées dans le Pertuis breton. Des échantillons (n=76) ont ainsi été prélevés et conditionnés. Les échantillons ont été divisés en sous échantillons pour l'analyse des sucres totaux, des triglycérides et des acides gras.

Les sucres qui constituent les principales réserves énergétiques des moules pendant la période de reproduction ont été analysés par spectrophotométrie. Les teneurs en sucres des moules prélevées sur les sites présentant 90 % de mortalité sont similaires à celles qui ont été prélevées sur les sites sans mortalité (216,2 *versus* 195,4 mg g⁻¹ tissu sec). De même, les moules prélevées sur des bouchots présentant 20 % de mortalité avaient des teneurs en sucres similaires à celles qui ont été prélevées sur des bouchots témoins. Les teneurs en sucre observées étaient comparables à celles obtenues dans d'autres études. Les lipides neutres de tous les échantillons prélevés ont été purifiés afin de quantifier les triglycérides, qui représentent un autre compartiment de réserve des moules. Leur composition en acides gras a été caractérisée par chromatographie en phase gazeuse, afin de déterminer les sources de nourriture des moules en fonction des sites de prélèvement. L'analyse qualitative des chromatogrammes suggère qu'il existe des différences importantes de sources de nourriture entre les sites.

Sur la base des analyses réalisées, il est apparu que les moules prélevées dans des sites où il y a eu des mortalités étaient de meilleure qualité, du point de vue énergétique et nutritionnel, que celles qui ont été échantillonnées sur des sites exempts de mortalité. Ce résultat apparemment paradoxal pourrait s'expliquer par le fait que les prélèvements réalisés dans les sites où les mortalités étaient encore en cours correspondent à des animaux survivants présentant des caractéristiques particulières liées à leur capacité d'avoir « résister » au phénomène.

Conclusion

Des bactéries identifiées comme appartenant à l'espèce *V. splendidus* ont été détectées chez les animaux moribonds et apparaissent capables d'induire des mortalités en laboratoire chez les moules bleues. De plus, des conditions environnementales particulières (apports importants d'eau douce, remise en suspension de sédiments au travers de tempêtes successives et temps de renouvellement des masses d'eau spécifiques du Pertuis breton élevé) ont été associées

au déclenchement du phénomène. Ces éléments suggèrent des modifications dans les équilibres microbiens favorisant la présence de bactéries appartenant à l'espèce *V. splendidus*. Des variations de salinité et de turbidité auraient pu modifier l'abondance de ces bactéries et le temps de renouvellement élevé des masses d'eau du Pertuis breton au cours de la période considérée aurait pu favoriser la rencontre de ces agents infectieux avec les moules.

La filière ostréicole française fait face à de très fortes mortalités d'huîtres creuses, *Crassostrea gigas*, depuis 2008. En 2014, des épisodes de mortalité massive de moules bleues ont été rapportées, en Charente-Maritime et en Vendée (Pertuis breton). Des phénomènes marquants de mortalités ont été également notés chez différentes espèces de bivalves fouisseurs comme le flion tronqué et la coque. Si des agents pathogènes ont été identifiés et apparaissent comme étant les causes directes induisant la mort des animaux, il reste à expliquer l'émergence de tels phénomènes.

Les fortes variations spatio-temporelles et physico-chimiques des environnements côtiers peuvent significativement influencer la physiologie des animaux (en matière de capacités de réponse au stress ou aux maladies infectieuses). De la même manière, ces variations peuvent être à l'origine de modifications des équilibres microbiens et parasitaires. Les fluctuations environnementales et l'hétérogénéité de la zone côtière, à l'interface terrestre-aquatique, apparaissent donc comme des variables majeures dans les équilibres qui peuvent exister entre les agents infectieux et leurs hôtes. Dans ce contexte, analyser des interactions multiples entre un (des) agent(s) infectieux, son (leur) hôte et l'environnement apparaît aujourd'hui comme une approche indispensable.

Remerciements

Les travaux réalisés ont bénéficié d'un soutien financier de la DGAL et de la Direction des pêches maritimes et de l'aquaculture (DPMA; conventions DGAL n° 14/1211521 et DPMA n° 14/1211522).

Influenza aviaire dans le monde: situation au 31 janvier 2015

Marisa Peyre (1,2) (marisa.peyre@cirad.fr), Nicolas Gaidet (1), Alexandre Caron (1,3), Julien Cappelle (1,2,4) Annelise Tran (1,5), François Roger (1)

(1) Cirad, Unité de recherche AGIRs, Montpellier, France

(2) Plateforme régionale GREASE, Bangkok, Thaïlande

(3) Plateforme RP-PCP, Harare, Zimbabwe

(4) Institut Pasteur du Cambodge, Phnom-Penh, Cambodge

(5) Cirad, UMR TETIS, Maison de la télédétection, Montpellier, France

Résumé

Une recrudescence des foyers de virus *influenza* aviaries hautement pathogène (IAHP) de type H5 est observée depuis novembre 2014, avec des foyers d'IAHP H5N8 et H5N1 observés en Europe, au Moyen-Orient, en Afrique et en Asie avec également des cas d'IAHP H5N2, H5N3, H5N6 et H7N9. Pour la première fois des cas d'infection par les virus H5N1, H5N2 et H5N8 ont été observés en Amérique du Nord chez des volailles domestiques et des oiseaux sauvages. Cette nouvelle vague d'IAHP H5N1 rappelle la panzootie de 2006 durant laquelle le virus s'était propagé en Europe et en Afrique suite à l'épizootie asiatique débutée en 2003. Ces nouvelles infections correspondent à l'apparition et la propagation d'une nouvelle souche d'IAHP H5N8 d'Asie vers l'Europe puis l'Amérique du Nord, qui en se recombinant avec des souches de virus faiblement pathogènes circulant localement en Amérique du Nord et en Asie a engendré de nouveaux variants d'IAHP H5N1, H5N2, H5N3. Cette souche est similaire à celle présente en Asie depuis 2010, sans cas humains déclarés. Elle s'apparente au virus IAHP H5N1 circulant toujours sous un mode endémique en Asie depuis 2003 et qui a infecté plus de 650 personnes avec un nombre probable de personnes exposées de plusieurs millions. Les risques de transmission du virus IAHP H5N8 sur de longues distances par les oiseaux sauvages ne peuvent être négligés, mais doivent être examinés de façon comparative aux autres voies d'introduction comme le commerce international de volailles. La gestion des risques liés aux virus H5 doit s'appuyer sur des études relatives aux mobilités animales et humaines et à des méthodes d'évaluation innovantes des systèmes de surveillance et de contrôle.

Mots-clés

Influenza aviaire, H5, Asie, Europe, avifaune, commerce, gestion

Abstract

Avian Influenza in Asia and Europe: update on 31 January 2015

The number of reported highly pathogenic avian influenza (HPAI) outbreaks has dramatically increased since November 2014. HPAI H5N8 and H5N1 have been detected in Europe, the Middle-East, Africa and Asia and H5N2, H5N3, H5N6 and H7N9 have also been found in Asia. For the first time, the H5N1 HPAI virus has been detected in North America along with H5N8 infection in domestic and wild birds. This new spread of H5N1 infection is reminiscent of the H5N1 panzootic of 2006 in which the virus was introduced into Europe and Africa following the mass 2003 epizootic in Asia. These newly reported cases are linked to the emergence in Asia and subsequent spread of a novel H5N8 strain in Europe and North America. Recombination of this novel strain with local LPAI circulating viruses has led to the emergence of novel HPAI H5N1, H5N2 and H5N3 variants. This strain is similar to the one occurring in Asia since 2010, for which no human cases have been reported. It is related to the HPAI H5N1 virus still circulating endemically in Asia since 2003, to which several million people have most likely been exposed and which has infected more than 650 people. The risk of transmission of HPAI H5N8 over long distances through the migration of wild birds cannot be ignored, but must be examined in relation to other pathways such as the international poultry trade. Risk management of H5 virus must be based on studies of animal and human mobility and innovative methods for assessing monitoring and control systems.

Keywords

Avian Influenza, H5, Asia, Europe, Wild birds, Trade, Management

Des foyers d'*influenza* aviaire hautement pathogène (IAHP) de type H5N8 ont été récemment déclarés dans des élevages avicoles de Grande-Bretagne, Allemagne, Pays-Bas et Italie. Cette souche s'apparente aux souches de H5N8 détectées et déclarées en Chine (depuis 2010), au Japon et en Corée (en 2014). Aucun cas de transmission à l'Homme n'a été documenté. Elle ne s'apparente pas à la souche IAHP H5N8 détectée en Europe (Irlande) en 1983.

La souche IAHP H5N1 vient d'être détectée pour la première fois en Amérique du Nord. Le virus a été isolé chez une sarcelle à ailes vertes (*Anas carolinensis*), dans l'État de Washington, dans le cadre d'un programme de surveillance (oiseau fourni par des chasseurs). Cette souche H5N1 diffère des souches asiatiques; c'est une souche plus proche génétiquement de la souche H5N8 détecté aux USA en décembre (faucon grefaut et canard pilet).

Une souche IAHP H5N1 a également été détectée en janvier 2015 au Proche-Orient (Israël et Territoires palestiniens), en Bulgarie et au Nigéria. Chacun de ces cas constitue une première détection d' IAHP H5N1 depuis plusieurs années dans ces régions.

En Asie, les souches IAHP H5N1, H5N2, H5N3, H5N6 ainsi que l'IAFP (faiblement pathogène) H7N9 circulent toujours et peuvent représenter une menace pour les élevages avicoles des pays de l'Europe du Nord.

Cet article présente les informations les plus récentes sur la circulation des virus *influenza* aviaire en Asie et discute des hypothèses

d'introduction des virus IAHP en Europe et en Amérique du Nord. Il présente également les grands axes des recherches menées par le Cirad ainsi que les besoins en recherche afin d'améliorer la surveillance et le contrôle de ces agents pathogènes.

H5N1 IAHP: endémique en Asie et en Égypte, de nouvelles infections en Europe de l'Est, au Moyen-Orient et au Nigéria

Le virus *influenza* IAHP H5N1 (lignée eurasiennne) circule en Asie depuis 2003. Au cours de l'année 2014 on a recensé 44 cas humains d'IAHP H5N1 officiellement déclarés dans le monde (Tableau 1) dont 29 en Égypte. Le nombre de foyers aviaries rapportés en Égypte a également augmenté avec plus de 260 cas d'IAHP H5N1 rapportés dans des élevages de volailles depuis novembre 2014 (dans 20 gouvernorats). Cependant, il est important de noter que la surveillance active du virus IAHP H5N1 en Égypte a été renforcée en 2014 au travers des activités de surveillance participatives (Community-based Animal Health and Outreach (CAHO)) et qu'une augmentation de l'activité virale des virus IAHP est annuellement observée à partir des mois de novembre et décembre en Égypte et dans tous les pays enzootiques. Des scientifiques égyptiens ont identifiés dans les souches d'IAHP

Tableau 1. Pays ayant déclaré des cas humains d'IAHP H5N1 en 2014 (au 31 janvier 2015)

Pays	Foyers aviaires (volailles) Nombre cumulé (date première déclaration- dernière déclaration)	Cas humains déclarés à l'OMS nombres cumulés (morts)	Foyers aviaires ou détection virale déclarés en 2014	Cas humains déclarés en 2014 (morts)
Vietnam	2 723 (2004-2014)	127 (64)	45	2 (2)
Chine	126 (2003-2014)	47 (30)	57	2 (0)
Indonésie	261 (2003-2006)*	197 (165)	Pas de déclaration	2(2)
Égypte	1 084 (2006-2014)**	177 (63)	46	29 (11)***
Cambodge	42 (2005-2014)	56 (37)	5	9 (4)

Sources:

OMS: http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/EN_GIP_20141002CumulativeNumberH5N1cases.pdf?ua=1

OIE, WAHIS database: http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Diseaseinformation/statusdetail

* Plus de déclaration de nouveaux foyers depuis le 26 septembre 2006, date à laquelle la situation endémique a été déclarée à l'OIE

** Situation endémique déclarée à l'OIE le 7 juillet 2008 mais poursuite de la déclaration de foyers

*** Dont 21 cas rapportés en novembre et décembre 2014

H5N1 isolées chez les volailles, deux nouvelles mutations associées avec une adaptation du virus aux mammifères (rapport officiel de la FAO, 7 janvier 2015). Cependant l'analyse génétique de deux virus isolés chez l'Homme début décembre ne révèle aucune modification génétique majeure (US Naval Medical Research Unit 3 (NAMRU-3)).

Il est important de noter que dans les autres pays où le virus est enzootique (Chine, Vietnam, Indonésie, Bangladesh) tous les foyers aviaires ne sont pas systématiquement rapportés. Dans ces pays, des souches virales de type IAHP H5N1 sont régulièrement isolées lors d'activités de surveillance dans les marchés d'oiseaux vivants et/ou dans le cadre de projets de recherche (Horm *et al.*, 2013).

Récemment, une souche de virus IAHP H5N1 a été détectée en Bulgarie chez un pélican frisé (*Pelecanus crispus*) trouvé mort le 22 janvier 2015 (Poda, province de Burgas).

Le virus de type H5N1 se décline en dix sous-types qui correspondent à des variants du gène de l'hémagglutinine (HA). Le sous-type 2 représente le groupe le plus détecté depuis 2003 et est divisé en sous-sous-types. Le sous-sous-type 2.2 circule en Égypte, les sous-types suivants ont circulés ou circulent en Asie (année de dernière détection): 0 (2008), 1 (2013); 2 (2.2 (2011) et 2.3 (2014)) et 7 (2013). Récemment le sous-sous-type 2.3.4.6 a été isolé et caractérisé en Chine en 2011 et plus récemment au Vietnam (2014). Les nouvelles souches émergentes de types H5N8 et H5N6 en Asie et plus récemment en Europe s'apparentent toutes au virus H5N1 du sous-sous-type 2.3.4.6, y compris le cas humain de H5N6 déclaré en Chine en 2014.

Emergence de nouvelles souches H5Nx en Asie, en Europe et en Amérique du Nord

Des foyers d'IAHP H5N8 ont été rapportés en Chine depuis 2010, en Corée du Sud et au Japon depuis début 2014 et plus récemment (novembre 2014) en Europe (Allemagne, Pays-Bas, Royaume-Uni et Italie) ainsi qu'en Amérique du Nord (Figure 1). Des foyers d'IAHP H5N1 ont par la suite été rapportés dans ces zones associés également à des foyers IAHP H5N2, H5N3 en Asie et d'IAHP H5N2 en Amérique du Nord, ces nouvelles souches virales étant issues d'une recombinaison du virus IAHP H5N8 et de souches virales d'IAFP ou IAHP circulant localement.

En Asie

La Corée du Sud (Lee *et al.*, 2014) a déclaré son premier cas d'IAHP H5N8 le 19 janvier 2014 dans deux élevages de canards. Depuis, 30 foyers ont été déclarés avec plus de douze millions de volailles abattues (le dernier cas date du 9 novembre 2014). Le virus a été isolé chez des oiseaux sauvages (et plus récemment chez des chiens). Les cas d'infection sur les oiseaux sauvages (n=38) ont dans un premier temps été détectés sur des cadavres d'anatidés migrateurs - *Anas formosa*

(sarcelle élégante), *Anas platyrhynchos* (canard colvert), *Anser fabalis* (oie des moissons), *Anser albifrons* (oie rieuse), *Cygnus columbianus* (cygne siffleur) - trouvés en relativement grand nombre (n>100) sur un important site d'hivernage de ces oiseaux migrateurs dans le sud de la Corée. Le virus IAHP H5N8 a par la suite été retrouvé chez des canards migrateurs capturés vivants - *Anas poecilorhyncha* (canard à bec tacheté), *Anas platyrhynchos* (canard colvert), *Anas crecca* (sarcelle d'hiver) - dans le cadre d'un programme de surveillance active (Jeong *et al.*, 2014).

Ce virus est apparenté à un virus de type H5N8 détecté en Chine en 2010.

Le Japon a déclaré un premier foyer le 13 avril 2014 dans une ferme, et plus récemment le virus a été détecté chez un cygne siffleur et un canard domestique (novembre 2014). Ces virus sont apparentés au virus H5N8 détecté en Corée du Sud en 2014.

En Chine, le virus H5N8 a été dernièrement isolé (septembre 2014) dans des prélèvements effectués dans des abattoirs (canards et prélèvements environnementaux) dans le cadre de son plan de surveillance nationale.

En Chine continentale et à Taiwan, des virus IAHP de type H5N2, H5N3 et H5N6 ont également été isolés en 2014.

Des virus de type H5N6 ont été détectés au Laos (dans le cadre du programme de surveillance) et au Vietnam (7 cas) en 2014; ces virus sont apparentés aux virus H5N6 détectés en Chine en 2013 et 2014.

En Europe

Le virus H5N8 a été détecté pour la première fois dans un élevage de dindes (31 000 têtes) en Allemagne le 4 novembre 2014 (notifié le 6 novembre 2014 à l'OIE) et plus récemment (22 novembre 2014) chez un canard migrateur *Anas crecca* (sarcelle d'hiver).

Il a ensuite été détecté aux Pays-Bas le 14 novembre 2014 dans un élevage de 150 000 poules (notifié à l'OIE le 16 novembre 2014), puis dans trois autres élevages de poules et un élevage de canards (notifications OIE du 19 au 30 novembre 2014) d'une compagnie leader dans la production de volailles et l'exportation d'œufs.

Puis au Royaume-Uni le 14 novembre, dans un élevage de canards (d'une compagnie ayant des activités commerciales en Chine et en Allemagne), cas notifié à l'OIE le 17 novembre 2014, ainsi qu'en Italie le 15 décembre 2014 dans un élevage de dindes (Porto Viro, Rovigo, Veneto).

En Amérique du Nord

Des virus IAHP H5N8 (Oregon, Californie, Idaho, Utah) puis H5N1 (Etat de Washington), H5N2 (Idaho, Oregon, Etat de Washington, Colombie britannique) ont été détectés depuis deux mois chez des volailles et des oiseaux sauvages aux États-Unis et au Canada.

Un cas d'IAHP H5N8 a été détecté chez un canard siffleur sauvage (*Anas penelope*), dans le comté de Davis, Utah (13 janvier 2015).

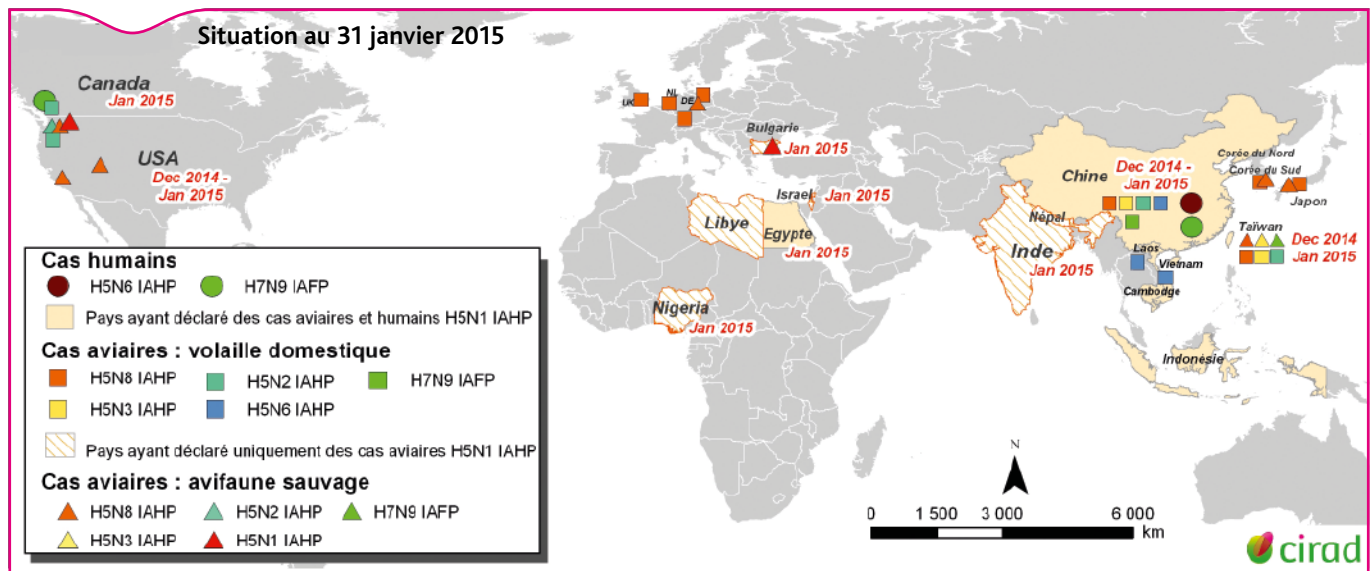


Figure 1. Localisation des foyers et des cas incidents d'influenza aviaire hautement pathogène à virus H5Nx et faiblement pathogènes H7N9, chez l'Homme et l'animal, entre janvier 2014 et janvier 2015 (situation au 31 janvier 2015)

Le même virus a été isolé début janvier en Californie chez un canard chipeau sauvage (*Anas strepera*) ainsi que le 10 décembre dernier chez un rapace en captivité (faucou gerfaut *Falco rusticolus*) dans l'État de Washington, dans le cadre d'un programme de renforcement de la surveillance chez les oiseaux sauvages. À la même période, le virus IAHP H5N2 a été détecté dans l'État de Washington chez un canard pilet (*Anas acuta*) et plus récemment le virus IAHP H5N1 chez une sarcelle d'hiver (*Anas carolinensis*). Ces souches sont issues d'une recombinaison du gène H5 de la souche eurasiennne IAHP H5N8 et de gènes N1 et N2 issues de souches IAHP circulant chez les oiseaux d'eau sauvages en Amérique du Nord. Cette recombinaison confirme la circulation de cette souche d'IAHP H5N8 au sein des oiseaux sauvages. Les voies d'entrée du H5N8 aux États-Unis ne sont pas encore confirmées. Des cas d'infection de volailles de basse-cour par une souche similaire d'IAHP H5N2 ont été rapportés dans le comté de Benton, Etat de Washington, le 7 janvier 2015. Des foyers d'IAHP H5N2 ont été rapportés pour la première fois dans des élevages de volailles (dindes et de poulets) sur le continent les 5 et 6 janvier 2015 (au Canada). Cette souche virale est similaire à celle détectée aux États-Unis en décembre 2014. Ce virus n'a pas encore été détecté chez des oiseaux sauvages au Canada. C'est la première fois que des virus d'IAHP H5 affectent des élevages de volailles en Amérique du Nord depuis le début de la panzootie d'IAHP H5N1 en Asie en 2003.

Implication en santé publique

Parmi les 200 types différents de virus d'influenza aviaire identifiés à ce jour (toutes espèces animales confondues), seulement un nombre limité peuvent infecter l'Homme : H5, H7, H10, H9, H6 (Song *et al.*, 2014).

Depuis 2003, l'influenza aviaire de type H5N1 a infecté plus de 650 personnes dans le monde avec un taux de létalité (*case-fatality rate*) de plus de 50 %. En 2014, on a recensé quarante-quatre cas humains (dont 11 fatals) d'IAHP H5N1; un cas humain (fatal) d'IAHP H5N6 (Figure 1). On peut cependant s'attendre à ce qu'un certain nombre de cas mortels ou sévères passent inaperçus ou soient attribués à une autre cause infectieuse. En revanche, le taux de létalité élevé ne retranscrit que le nombre de morts rapporté au nombre total de personnes malades. Récemment, il a été suggéré après des études de sérologie chez l'Homme, que le nombre de personnes exposées sans déclaration officielle de la maladie pourrait s'élever à plusieurs millions, rendant les taux de morbidité et de mortalité de l'IAHP H5N1 beaucoup plus faibles (Morens & Taubenberger, 2014). Une analyse épidémiologique approfondie de la situation actuelle en Égypte est

nécessaire pour confirmer ces hypothèses et la recrudescence de cas humains due ou non à la circulation d'un nouveau variant du virus H5N1.

Des cas humains dus à d'autres souches sont rapportés et notamment le H7N9 (faiblement pathogène chez les oiseaux) avec plus de 500 cas rapportés depuis mars 2013. La plupart des cas humains sont liés à une exposition à des volailles vivantes au niveau des marchés (*Live-Bird Markets*) (Gilbert *et al.*, 2014). Selon un rapport récent du ministère de l'agriculture en Chine⁽¹⁾, 1,4 millions d'échantillons de volaille ont été testés entre mars 2014 et avril 2014 pour la souche IAHP H7N9, et 400 sérums positifs et 116 écouvillons positifs (confirmés par real time RT-PCR) au virus H7N9 ont été rapportés. Le rapport mentionne que dans les zones où aucun échantillon ne s'est révélé positif, aucun cas humain n'a été détecté (à l'exception de Pékin où 2 cas humains ont été rapportés sans aucun échantillon aviaire positif).

Deux cas humains d'infection au virus IAHP H10N8 ont également été rapportés en Chine (novembre 2013 et février 2014). Le H10N8 a été détecté chez des canards et des chiens en 2012 (Su *et al.*, 2014); une séroprévalence de 2,5 % a été estimée parmi 827 techniciens animaliers échantillonnés, signe d'une infection asymptomatique chez des personnes étroitement en contact avec des volailles (Qi *et al.*, 2013).

Un cas humain d'infection au virus IAHP H5N6 a été rapporté en Chine en avril 2014.

Aucun cas humain d'infection due au virus de type IAHP H5N8 circulant depuis 2013 en Asie n'a été rapporté à ce jour.

La transmission de l'Homme au Porc de la souche humaine H1N1 pandémique (H1N1 pdm09) a été démontrée dans plusieurs pays, notamment au Vietnam (Trevenec *et al.*, 2012) et au Cambodge (Rith *et al.*, 2013). Cette souche peut se recombinaison chez le Porc avec d'autres souches. Une nouvelle souche a été ainsi mise en évidence récemment chez le Porc au Vietnam: elle est le fruit d'un réassortiment d'une souche H3N2 et de la souche pandémique H1N1pdm09 (Baudon *et al.*, 2014). Des travaux sont en cours pour déterminer le niveau de protection actuel de la population humaine face à ces nouvelles souches potentiellement zoonotiques (protection croisée possible vis-à-vis de ces nouvelles souches induite par les souches *influenza* humaine H3N2 et H1N1 circulantes).

1. Promed, 2014. PRO/AH/EDR> Avian Influenza, human (120): China (JS, XJ) H7N9, WHO conf. Archive Number: 20141125.2989241 - <http://www.nlintelligence.com/2014/04/03/china-ministry-agriculture-publishes-h7n9-test-results/>

Voies d'introduction des virus H5 et H7 en Europe et en Amérique du Nord: rôle des oiseaux sauvages et des échanges commerciaux

Des oiseaux sauvages porteurs asymptomatiques

Les oiseaux sauvages peuvent jouer des rôles variés dans l'écologie des virus *influenza* (Swayne, 2009) à travers la maintenance des souches, leur circulation entre écosystèmes, régions et continents (notamment à travers les comportements de migration saisonnière) ou leur diffusion locale par contact direct entre les oiseaux aquatiques migrateurs et les volailles (Cappelle *et al.*, 2014) et/ou par l'intervention d'espèces relais (Caron *et al.*, 2014).

Les oiseaux migrateurs sont de nouveau mis en cause dans l'apparition de la souche H5N8 en Europe du Nord et en Amérique du Nord (et des souches recombinées H5N2 et H5N1). Cette souche H5N8 a été isolée chez des oiseaux migrateurs en Corée du Sud, au Japon, et en Allemagne, chez des oiseaux asymptomatiques mais également, en Asie, chez des individus trouvés morts. Ces oiseaux auraient pu ainsi depuis ce mois de novembre infecter plusieurs élevages européens ou à l'inverse avoir été infectés par un virus circulant dans les élevages. Cependant, une étude a montré que même si les canards migrateurs ont la capacité de transporter ces virus sur de longues distances en quelques jours, la probabilité d'un tel événement reste très faible (Gaidet *et al.*, 2010) et une étude récente (Verhagen *et al.*, 2014) suggère que les oiseaux migrateurs agiraient comme amplificateurs locaux de virus *influenza* plutôt que comme vecteurs sur de longues distances.

D'autre part, les mouvements migratoires se font essentiellement le long d'un axe Nord-Sud. Il n'existe pas de route de migration directe entre les régions asiatiques où le virus a été détecté (Chine, Corée, Japon) et l'Europe de l'Ouest ou l'Amérique du Nord. Une introduction par les oiseaux migrateurs depuis l'Est asiatique vers l'Europe ou les États-Unis et le Canada nécessite une transmission en Sibérie ou en Alaska au cours de l'été entre des oiseaux asiatiques et européens ou américains qui cohabitent sur certains sites de reproduction partagés. Ce scénario implique donc une série d'événements (dispersion du virus par oiseaux asiatiques migrateurs - porteurs asymptomatiques vers la Sibérie/l'Alaska, persistance du virus en Sibérie/Alaska pendant la période de reproduction, transmission locale à des oiseaux européens ou américains, dispersion du virus par oiseaux européens et américains migrateurs - porteurs asymptomatiques vers l'Europe et les États-Unis et le Canada) dont il est difficile d'estimer la probabilité d'occurrence (Gale *et al.*, 2014). On notera toutefois que ce type de transmission intercontinentale a pu se produire dans le cas du virus IAHP H5N1. Dans le cas de l'IAHP H5N8, il faut souligner également l'absence de foyers détectés en Asie centrale ou en Europe de l'Est comme cela avait été observé lors de la dispersion de l'IAHP H5N1 en 2005, puis en 2006 (Adlhoch *et al.*, 2014). Les cas d'infection par IAHP H5Nx en Amérique du Nord ont jusqu'à présent été détectés chez des oiseaux sauvages captifs (faucons) ou des canards sauvages tués à la chasse (pour lesquels il n'est donc pas possible de savoir s'ils étaient cliniquement atteints ou non) et donc il est difficile d'évaluer la capacité de dispersion de ces virus par les oiseaux sauvages.

À l'heure actuelle, au vu du peu d'informations disponibles sur l'infectiosité, la pathogénicité, le niveau de circulation et les espèces infectées par cette souche IAHP H5N8, il est difficile de déterminer la contribution des oiseaux migrateurs à l'introduction de ce virus en Europe (Anses, 2014). La détection de cas d'IAHP H5N8 dans l'avifaune sauvage nord-américaine pourrait être expliquée par une introduction de ce virus depuis l'Asie *via* des oiseaux sauvages migrateurs. Cependant, vu la détection concomitante de cas d'IAHP H5N8 dans la volaille domestique et le peu d'informations actuellement disponibles, il n'est pas possible de déterminer avec certitude l'origine sauvage (migration) ou domestique (commerce) de ce virus IAHP H5N8 en Amérique du Nord.

Ces risques de transmission par les oiseaux sauvages ne peuvent être négligés mais doivent être examinés relativement aux autres risques d'introduction parfois trop mal estimés par manque d'information, tel que le commerce international de volaille et/ou la mobilité humaine liée à la filière aviaire (responsables vétérinaires, agents techniques).

Des mobilités animales et humaines importantes

Plusieurs pistes d'introduction possible du virus IAHP H5N1 en Égypte et au Nigéria ont été identifiées et notamment l'importation de poussins d'un jour depuis la Chine (Ducatez *et al.*, 2006). Des travaux effectués en Asie du Sud-est ont démontré le rôle majeur des intermédiaires dans la filière de distribution des volailles avec notamment un risque d'infection plus élevé lié à la présence ou non de « collecteurs » de volaille (Desvaux *et al.*, 2011). Des travaux récents ont également mis en évidence les risques d'introduction des virus d'IAHP de la Chine vers le Vietnam *via* le commerce illégal (Desvaux *et al.*, 2014) qui peut être également constaté entre l'Asie et l'Europe.

Dans le cas récent d'infection dû au virus H5N8 en Angleterre, l'entreprise concernée a également des activités d'élevage de canards en Chine (The Telegraph, Communication personnelle FLI Allemagne). Dès lors, et ce malgré les différences de pratiques d'élevage avérées entre l'Asie et l'Europe, les risques d'introduction des virus IAHP liés au mouvement commercial des oiseaux, d'œufs ou par transfert mécanique à partir de matériel contaminé (cages, vêtements, etc.) ne sont pas à exclure. Les mobilités animales et humaines (poussins de 1 jour, œufs, techniciens animaliers ou vétérinaires qui participent régulièrement à des formations en Asie ou en Europe) doivent être prises en compte dans l'analyse des facteurs de risque d'introduction des virus IA en Europe. Une étude approfondie des échanges commerciaux et de la mobilité des personnes entre l'Asie, l'Europe et l'Amérique du Nord en lien avec la filière avicole commerciale s'avère nécessaire pour conclure sur les routes d'introduction des virus IAHP en Europe afin de mettre en place des mesures de surveillance et de contrôle adaptées.

Les socio-écosystèmes favorables à la circulation et à la persistance virale sont en particulier ceux associant riziculture et élevage de canards en zones humides, aussi bien en Asie du Sud-est qu'à Madagascar (Paul *et al.*, 2014) et en Égypte. Ces écosystèmes ne sont pas présents en Europe où par contre les élevages et filières industriels, combinés à une perte de diversité génétique peuvent être propices aux émergences et à la diffusion des virus *influenza* (Caron *et al.*, 2009; Leibler *et al.*, 2009).

Gestion: surveillance et contrôle

La diffusion et le maintien des virus *influenza* dans un pays donné dépendent également fortement des performances des services vétérinaires⁽²⁾ en termes de surveillance et de contrôle.

Des études d'évaluation des protocoles de surveillance en Afrique, en Asie du Sud-est et en Europe sont menées au travers du projet RISKSUR⁽³⁾ (*Development of decision support tools for the design of cost-effective risk-based surveillance systems*) et du programme REVASIA (Delabougise *et al.*, 2014; Pham *et al.*, 2013). L'analyse des mouvements d'oiseaux et de porcs au sein des réseaux de filières commerciales a été menée en Égypte (Peyre *et al.*, 2014) et est également en cours en Asie afin de pouvoir mieux cibler les zones et périodes de surveillance.

La surveillance chez les oiseaux sauvages est globalement biaisée et non coordonnée: ponctuelle, géographiquement réduite et souvent limitée aux derniers foyers et à des sous-ensembles de virus (Machalaba *et al.*, In Press). Il y a un besoin d'investissements soutenus pour promouvoir un échantillonnage *ad hoc* et des tests standardisés, des méthodes de déclaration, incluant le séquençage génétique et le partage des isolats avec la communauté scientifique (EMPRES-i, *global animal disease*

2. <http://www.oie.int/fr/appui-aux-membres-de-loie/evaluations-pvs/loutil-pvs-de-loie/>

3. <http://www.fp7-risksur.eu/>

information system)⁽⁴⁾ en ciblant les régions où la diversité des virus *influenza* est importante chez les oiseaux sauvages. Pour comprendre les rôles joués par les oiseaux sauvages, la surveillance des virus aviaires doit davantage s'appuyer sur des études éco-épidémiologiques - ou intégrer le recueil en continu de métadonnées *ad hoc* - dans lesquelles le rôle des communautés d'oiseaux, de leurs écologies associées, ainsi que leurs interactions avec les populations domestiques sont pris en compte pour cibler la surveillance vers des espèces dont le rôle (maintenance, relai, diffusion à large échelle) est suspecté.

En terme de contrôle, des travaux associant le Cirad et la FAO sont en cours avec l'entreprise Ceva Santé Animale⁽⁵⁾ afin d'évaluer sur le terrain des stratégies de vaccination basées sur l'utilisation d'un nouveau vaccin efficace contre la souche H5 chez les poussins d'un jour dans les pays où le H5N1 est endémique. Des vaccins contre les autres souches (H7N9 IAHP, H5N6 IAHP, H5N8 IAHP) sont en cours de développement (communication personnelle, Ceva).

Les virus *influenza* aviaires H5 et H7 circulent toujours largement en Chine et en Asie du Sud-Est avec, pour certains, une transmission zoonotique. L'émergence et la diffusion de nouvelles souches sont régulièrement rapportées dans ces régions ainsi qu'en Europe où les services officiels ont récemment notifié des foyers dus au virus hautement pathogène H5N8. L'atténuation des risques liés à ces virus requiert un renforcement des systèmes de surveillance à la fois pour les volailles domestiques et les oiseaux sauvages. Des travaux plus fondamentaux sont également nécessaires pour comprendre les mécanismes et probabilités de transmission sur de longues distances et ainsi mieux définir et cibler les stratégies de surveillance et de contrôle.

Références bibliographiques

Adlhoc C, Gossner C, Koch G, Brown I, Bouwstra R, Verdonck F, et al. 2014. Comparing introduction to Europe of HPAI A(H5N8) in 2014 and A(H5N1) in 2005. *Euro Surveill.* 2014; 19(50):pii=20996

Anses., 2014. Avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif à une évaluation du niveau de risque d'introduction en France du virus IAHP H5N8 via l'avifaune et du risque potentiel pour la santé publique lié à cette circulation d'IA HP. Online Access (11/12/2014): <https://www.anses.fr/sites/default/files/documents/SANT2014sa0239.pdf>

Baudon, E., Fournie, G., Hiep, D., Ton, V., Peiris, J., Cowling, B., Peyre, M., 2013. Description of the swine production network in a province of northern Vietnam and implications for swine *influenza* transmission and surveillance, in: Proceedings. Presented at the Hong Kong College of Community Medicine Annual Scientific Meeting, HKCCM. Hong Kong.

Baudon, E., Poon, L.L., Dao, T.D., Pham, N.T., Cowling, B.J., Peyre, M., Nguyen, K.V., Peiris, M., 2014. Detection of Novel Reassortant *Influenza A* (H3N2) and H1N1 2009 Pandemic Viruses in Swine in Hanoi, Vietnam. *Zoonoses Public Health.* In Press.

Cappelle, J., Zhao, D., Gilbert, M., Nelson, M.I., Newman, S.H., Takekawa, J.Y., Gaidet, N., Prosser, D.J., Liu, Y., Li, P., Shu, Y., Xiao, X., 2014. Risks of Avian *Influenza* Transmission in Areas of Intensive Free-Ranging Duck Production with Wild Waterfowl. *EcoHealth* 11, 109–119.

Caron, A., Gaidet, N., De Garine-Wichatitsky, M., Morand, S., Cameron, E.Z., 2009. Evolutionary biology, community ecology and avian *influenza* research. *Infect. Genet. Evol.* 9, 298–303.

Caron, A., Grosbois, V., Etter, E., Gaidet, N., De Garine-Wichatitsky, M., 2015. Bridge hosts for Avian *Influenza* viruses at the wildlife/domestic interface: an eco-epidemiological framework implemented in southern Africa. *Prev. Vet. Med.* In Press.

Delabougli, A., Antoine-Moussiaux, N., Phan Dang, T., Truong Dinh, B., Dao Cong, D., Nguyen Tien, T., Nguyen Ngoc Thanh, X., Vu Dinh, T., Nguyen Viet, K., Salem, G., Peyre, M., 2014. Evaluating the social costs and benefits of surveillance: the case of HPAI in Vietnam, in: Proceedings. Presented at the 2nd International Conference on Animal Health Surveillance, ICAHS 2, May 2014, The Havana, Cuba.

Desvaux, S., Grosbois, V., Pham, T., Fenwick, S., Tollis, S., Pham, N., Tran, A., Roger, F., 2011. Risk factors of highly pathogenic avian *influenza* H5N1 occurrence at the village and farm levels in the red river delta region in Vietnam. *Transbound. Emerg. Dis.* 58, 492–502.

Desvaux, S., Nguyen, C.O., Vu, D.T., Henriquez, C., Ky, V.D., Roger, F., Fenwick, S., Goutard, F., 2014. Risk of Introduction in Northern Vietnam of HPAI Viruses from China: Description, Patterns and Drivers of Illegal Poultry Trade. *Transbound. Emerg. Dis.* In Press.

Ducatez, M., Olinger, C., Owoade, A., De Landtsheer, S., Ammerlaan, W., Niesters, H., Osterhaus, A., Fouchier, R., Muller, C., 2006. Avian flu: multiple introductions of H5N1 in Nigeria. *Nature* 442, 37–37.

Gaidet, N., Cappelle, J., Takekawa, J.Y., Prosser, D.J., Iverson, S.A., Douglas, D.C., Perry, W.M., Mundkur, T., Newman, S.H., 2010. Potential spread of highly pathogenic avian *influenza* H5N1 by wildfowl: dispersal ranges and rates determined from large-scale satellite telemetry: Potential dispersal of H5N1 HPAI virus by wildfowl. *J. Appl. Ecology* 47, 1147–1157.

Gale, P., Goddard, A., Breed, A.C., Irvine, R.M., Kelly, L., Snary, E.L., 2014. Entry of H5N1 highly pathogenic avian *influenza* virus into Europe through migratory wild birds: a qualitative release assessment at the species level. *J. Appl. Microbiol.* 116, 1405–1417.

Gilbert, M., Golding, N., Zhou, H., Wint, G.W., Robinson, T.P., Tatem, A.J., Lai, S., Zhou, S., Jiang, H., Guo, D., others, 2014. Predicting the risk of avian *influenza A* H7N9 infection in live-poultry markets across Asia. *Nat. Commun.* 5.

Horm, S.V., Sorn, S., Allal, L., Buchy, P., 2013. *Influenza A*(H5N1) Virus Surveillance at Live Poultry Markets, Cambodia, 2011. *Emerg. Infect. Dis.* 19, 305–308.

Jeong, J., Kang, H.-M., Lee, E.-K., Song, B.-M., Kwon, Y.-K., Kim, H.-R., Choi, K.-S., Kim, J.-Y., Lee, H.-J., Moon, O.-K., others, 2014. Highly pathogenic avian *influenza* virus (H5N8) in domestic poultry and its relationship with migratory birds in South Korea during 2014. *Vet. Microbiol.* 173, 249–257.

Lee, Y.-J., Kang, H.-M., Lee, E.-K., Song, B.-M., Jeong, J., Kwon, Y.-K., Kim, H.-R., Lee, K.-J., Hong, M.-S., Jang, I., others, 2014. Novel reassortant *influenza A* (H5N8) viruses, South Korea, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 20, 1087.

Leibler, J.H., Otte, J., Roland-Holst, D., Pfeiffer, D.U., Magalhaes, R.S., Rushton, J., Graham, J.P., Silbergeld, E.K., 2009. Industrial food animal production and global health risks: exploring the ecosystems and economics of avian *influenza*. *Ecohealth* 6, 58–70.

Machalaba, C.C., Elwood, S.E., Forcella, S., Smith, K.M., Hamilton, K., Ben Jebara, K., Swayne, D.E., Webby, Mumford, E., Mazet, J.A.K., Gaidet, N., Daszak, P., Karesh, W.B., 2015. Global Avian *Influenza* Surveillance in Wild Birds: A Strategy to Capture Viral Diversity. *Emerg. Infect. Dis.* <http://dx.doi.org/10.3201/eid2104.141415>.

Morens, D.M., Taubenberger, J.K., 2014. How Low Is the Risk of *Influenza A*(H5N1) Infection? *J. Infect. Dis.* pii: jiu530.

Paul, M.C., Gilbert, M., Desvaux, S., Rasamoelina Andriamanivo, H., Peyre, M., Khong, N.V., Thanapongtharm, W., Chevalier, V., 2014. Agro-Environmental Determinants of Avian *Influenza* Circulation: A Multisite Study in Thailand, Vietnam and Madagascar. *PLoS ONE* 9, e101958.

Peyre, M.-I., Choisy, M., Sobhy, H., Hassan, W., Dauphin, G., Roger, F., Lubroth, J., Jobre, Y., 2015. Modelling Avian *Influenza* Immunity Distribution Profile Through the Poultry Production Network in Egypt: a Decision Tool for Zoonotic *Influenza* Management, in: Proceedings. Presented at the 9th Avian *Influenza* International Symposium, Athens, GA, USA.

Pham Thi Thanh, H., Nguyen, T.T., Nguyen, V.K., Dao, T.H., Vu, D.T., Baudon, E., Peyre, M.-I., 2013. Using Participatory Epidemiology (PE) approach to prioritize swine diseases at commune level of a red river delta province, North Vietnam, in: Proceedings. Presented at the AITVM 14th International Conference, Johannesburg, South Africa.

Qi, W., Su, S., Xiao, C., Zhou, P., Li, H., Ke, C., Gray, G.C., Zhang, G., Liao, M., 2014. Antibodies against H10N8 avian *influenza* virus among animal workers in Guangdong Province before November 30, 2013, when the first human H10N8 case was recognized. *BMC Med.* 12, 205.

Rith, S., Netrabukkana, P., Sorn, S., Mumford, E., Mey, C., Holl, D., Goutard, F., Fenwick, S., Robertson, I., Roger, F., others, 2013. Serologic evidence of human *influenza* virus infections in swine populations, Cambodia. *Influenza Other Respir. Viruses.* 7, 271–279.

Song, W., Wang, P., Mok, B.W.-Y., Lau, S.-Y., Huang, X., Wu, W.-L., Zheng, M., Wen, X., Yang, S., Chen, Y., Li, L., Yuen, K.-Y., Chen, H., 2014. The K526R substitution in viral protein PB2 enhances the effects of E627K on *influenza* virus replication. *Nat. Commun.* 5, 5509.

Su, S., Qi, W., Zhou, P., Xiao, C., Yan, Z., Cui, J., Jia, K., Zhang, G., Gray, G.C., Liao, M., others, 2014. First Evidence of H10N8 Avian *Influenza* Virus infections among Feral Dogs in Live Poultry Markets in Guangdong Province, China. *Clin. Infect. Dis.* ciu345.

Swayne, D.E., 2009. Avian *influenza*. Wiley-Blackwell. ISBN: 978-0-8138-1866-5. 628 pp

Trevennec, K., Leger, L., Lyazrhi, F., Baudon, E., Cheung, C.Y., Roger, F., Peiris, M., Garcia, J.-M., 2012. Transmission of pandemic *influenza* H1N1 (2009) in Vietnamese swine in 2009–2010. *Influenza Other Respir. Viruses.* 6, 348–357.

Verhagen, J.H., Van Dijk, J.G.B., Vuong, O., Bestebroer, T., Lexmond, P., Klaassen, M., Fouchier, R.A.M., 2014. Migratory Birds Reinforce Local Circulation of Avian *Influenza* Viruses. *PLoS ONE* 9, e112366.

4. <http://empres-i.fao.org/eipws3/>

5. <http://www.ceva.com/fr>

Surveillance de l'infection congénitale par le virus Schmallenberg en France: une circulation moins intense en 2013

Kristel Gache (1)* (kristel.gache.fngds@reseaugds.com), Soline Hosteing (2)*, Jean-Baptiste Perrin (3)*, Stephan Zientara (4), Anne Touratier (1)

(1) GDS France, Paris, France

(2) SNGTV, Paris, France

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

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

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

Résumé

Initiée en janvier 2012, la surveillance de la maladie de Schmallenberg a été poursuivie en France au cours des saisons 2012-2013 puis 2013-2014. Pour la saison 2013/2014, l'objectif du dispositif était de continuer à suivre l'évolution de la distribution géographique de la maladie et de continuer à collecter des informations épidémiologiques. Le nombre de foyers enregistrés lors de cette troisième saison de surveillance (n=110) est faible au regard des deux précédentes campagnes. La diminution du nombre de foyers rapportés peut être attribuée à une forte proportion d'animaux réceptifs devenus résistants et à une diminution de la sensibilité du dispositif de déclaration, la maladie étant considérée comme une maladie d'élevage à l'impact limité. En 2014-2015, la surveillance de la maladie de Schmallenberg est poursuivie, avec un objectif exclusivement qualitatif: savoir si le virus continue de circuler dans les départements métropolitains.

Mots-clés

Schmallenberg, ruminants, surveillance épidémiologique

Abstract

Surveillance of congenital Schmallenberg virus infection in France: a decrease in circulation in 2013

Schmallenberg disease surveillance was instigated in January 2012 and maintained in France over the 2012-2013 and 2013-2014 seasons. In 2013-2014, the goal of the plan was to continue monitoring changes in the geographical distribution of the disease and to pursue collection of epidemiological data. The number of outbreaks recorded over this third season of surveillance (n=110) was low compared to the two previous campaigns. This reduction in the number of outbreaks recorded could be due to a high proportion of receptive animals having become resistant and to a decrease in the reporting system's sensitivity, since Schmallenberg is considered to be a limited-impact farm disease. In 2014-2015, Schmallenberg disease surveillance is being pursued, with a qualitative objective only: to ascertain whether the virus continues to circulate in the départements of metropolitan France.

Keywords

Schmallenberg, Ruminants, Epidemiological surveillance

Entre août et octobre 2011, un syndrome fébrile transitoire associé à une diarrhée et à une baisse de production de lait a été rapporté chez des bovins en Allemagne et aux Pays-Bas. Dans le cadre d'investigations relatives à ces diarrhées fébriles, le laboratoire de recherche en santé animale allemand (Friedrich Loeffler Institute) a mis en évidence fin novembre 2011 un virus de la famille des *Bunyaviridae*, du genre *Orthobunyavirus*, jusqu'alors inconnu, à l'origine de ce syndrome, dénommé Schmallenberg (SBV) du nom de la commune d'origine du prélèvement ayant permis son isolement (Hoffmann *et al.*, 2012).

En décembre 2011, ce virus a été identifié chez des agneaux malformés aux Pays-Bas. Ceci a constitué les tout premiers cas détectés de la forme majeure de la maladie: le « SBV congénital », produisant des effets sur les nouveau-nés contaminés à certains stades de la gestation: arthrogrypose, anomalie du port de la tête (torticolis), malformations de la colonne vertébrale, déformations de la mâchoire (brachygnathie inférieure). Ces formes de la maladie ont par la suite été identifiées chez des veaux et des chevreaux. Par analogie avec des virus génétiquement proches provoquant des lésions similaires (virus Akabane), il a été estimé que ces manifestations cliniques résultaient d'une infection au cours du deuxième mois de gestation chez les petits ruminants (soit trois à quatre mois avant le part), et entre 80 et 150 jours chez les bovins (soit quatre à sept mois avant le part) (Kirkland *et al.*, 1988).

La transmission du SBV est essentiellement assurée par les culicoïdes (le rôle des moustiques ou d'autres arthropodes dans la transmission n'a cependant pas été écarté même s'il est probablement très faible) (Scholte *et al.*, 2013).

Dans ce contexte, la surveillance clinique de l'infection congénitale des agneaux, veaux et chevreaux par le virus SBV a été initiée en France au début du mois de janvier 2012 par la Direction générale

de l'Alimentation, dans le cadre de la Plateforme nationale d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA), à la suite de l'alerte européenne relative à l'émergence de ce virus (Note de service DGAL/SDSPA/N2012-8007 du 4 janvier 2012). La naissance de veaux, agneaux et chevreaux malformés au cours de l'hiver 2011-2012 et du printemps 2012 ont révélé des contaminations ayant eu lieu pendant la période d'activité des vecteurs (*Culicoides*) au cours de l'été et l'automne 2011 (« Saison I »). À la clôture de la surveillance de la Saison I (31 août 2012), des foyers de SBV congénital ont été confirmés dans 2 976 exploitations dont 1 817 bovines, 1 139 ovines et 20 caprines (Dominguez *et al.*, 2012).

À partir de mai 2012, des cas de SBV « aigu » ont été confirmés chez des bovins adultes dans les Pyrénées-Atlantiques (Sailleau *et al.*, 2013) ce qui a indiqué que le virus SBV avait réussi à « passer l'hiver ». Dans ce contexte, la surveillance du SBV congénital s'est poursuivie à partir du 1^{er} septembre 2012 dans le cadre de la Plateforme ESA, coordonnée à partir de cette date par GDS France. La deuxième saison de surveillance s'est étalée du 1^{er} septembre 2012 au 31 août 2013, révélant des contaminations ayant eu lieu au printemps/été/automne 2012 (« Saison II »)(Gache *et al.*, 2013). Au total, 1 834 exploitations ont été confirmées atteintes, dont 1 531 bovines, 271 ovines et 32 caprines.

Dans l'objectif de poursuivre la surveillance du SBV congénital sur le territoire métropolitain, et de continuer à acquérir des informations épidémiologiques sur ce virus, la surveillance s'est logiquement poursuivie à partir du 1^{er} septembre 2013. Cet article présente les modalités et les résultats de la surveillance des formes congénitales du SBV du 1^{er} septembre 2013 au 31 août 2014, conséquences de la circulation virale en France au printemps/été/automne 2013 (« Saison III »).

Modalités organisationnelles

Les modalités organisationnelles de cette surveillance ont été définies par le groupe de suivi de la thématique « Surveillance du virus Schmallenberg » de la Plateforme ESA.

Champ de la surveillance et population surveillée

Comme lors des Saisons I et II, seules les formes congénitales de la maladie de Schmallenberg ont fait l'objet d'une surveillance (Encadré 1). Cette surveillance a concerné l'ensemble des ruminants domestiques (bovins, ovins et caprins) présents en France métropolitaine.

Définition du cas

Les critères cliniques définis dans le cadre de la surveillance étaient les suivants :

- déformation ou blocage de l'articulation d'un ou plusieurs membres (arthrogrypose) ;
- malformation de la colonne vertébrale (scoliose, cyphose) ;
- anomalie du port de la tête (torticolis) ;
- raccourcissement de la mâchoire inférieure (brachygnathie) ;
- « grosse tête » (hydrocéphalie).

Pour les bovins, un élevage était considéré comme « suspect » lorsqu'au moins un veau présentait à la naissance au moins l'un des signes cliniques décrits ci-dessus.

Pour les petits ruminants (ovins, caprins), un élevage était considéré comme « suspect » lorsqu'au moins deux agneaux/chevreaux présentaient à la naissance au moins l'un des signes cliniques décrits ci-dessus.

Modalités diagnostiques

Les malformations observées étant cliniquement très évocatrices de l'infection *in utero* par le virus SBV, la confirmation biologique de l'infection n'était pas obligatoire (surveillance événementielle clinique). Pour les élevages ayant fait le choix de conduire des analyses de laboratoire, les tests de diagnostic disponibles étaient la sérologie sur sang de l'avorton, du mort-né ou du nouveau-né malformé, avant prise de colostrum (test ELISA indirect) ou la PCR sur encéphale de l'avorton, du mort-né ou du nouveau-né malformé.

Saisies des données de surveillance

La saisie des données de surveillance pouvait être réalisée soit directement par les éleveurs, soit par le vétérinaire ou le GDS. Ces saisies pouvaient être réalisées en ligne, soit classiquement *via* un ordinateur, soit *via* un téléphone mobile ou une tablette en scannant un QR Code.

Résultats

Du 1^{er} septembre 2013 au 31 août 2014, des formes congénitales de SBV ont été observées dans 110 élevages : 89 élevages bovins, 19 élevages ovins et 2 élevages caprins.

Mode de saisie des suspicions

D'après les statistiques du site Internet du questionnaire de saisie des suspicions, 36 sessions ont été réalisées en utilisant l'outil QR Code : 35 *via* un smartphone, 1 *via* une tablette.

Cependant, ces statistiques ne permettent pas de connaître le nombre exact de saisies réalisées *via* l'outil QR Code, les utilisateurs ayant pu se connecter sur le site sans pour autant remplir et valider une fiche de suspicion.

Répartition géographique des élevages foyers

Ces 110 élevages sont répartis dans 36 départements (19 régions). Les élevages dans lesquels des formes congénitales de SBV ont été observées apparaissent disséminés sur le territoire (Figure 1).

Encadré 1. Les deux formes cliniques de la maladie de Schmallenberg

SBV congénital : manifestation différée de l'infection fœtale par le virus SBV conduisant à la naissance de produits le plus souvent non viables chez les bovins, ovins et caprins, et se traduisant par des avortements, de la prématurité et de la mortalité associés à des malformations congénitales diverses (arthrogrypose, raccourcissement des tendons du jarret, torticolis, torsion du sternum et du rachis, déformations de la mâchoire et de la tête) ; des troubles nerveux peuvent également être observés.

SBV aigu : manifestation aiguë de l'infection par le SBV caractérisée chez les bovins par des épisodes de diarrhée, de baisse de production laitière et d'hyperthermie, associés éventuellement à des retours en chaleurs et à des avortements de début de gestation. Cette forme clinique n'a pas été rapportée chez les petits ruminants (Wernike *et al.* 2013). Le SBV aigu n'a pas fait l'objet d'une surveillance organisée en France.

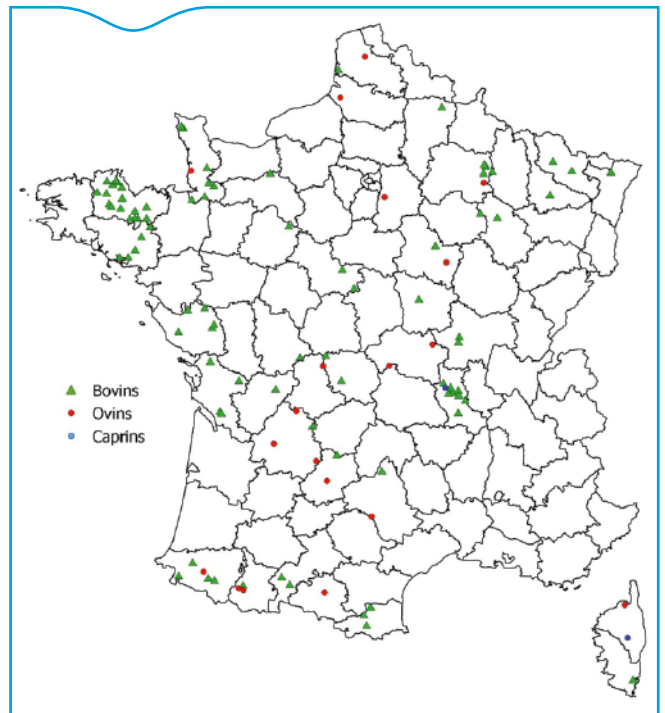


Figure 1. Répartition géographique des élevages dans lesquels des formes congénitales de SBV ont été observées du 1^{er} septembre 2013 au 31 août 2014 (110 élevages)

Distribution temporelle des naissances d'animaux malformés

Pour les bovins, des mises bas d'avortons, morts-nés ou nés vivants présentant une ou plusieurs malformations ont été observées durant toute la période de surveillance (du 1^{er} septembre 2013 au 31 août 2014). Cependant, la grande majorité des naissances de veaux malformés sont survenues de septembre 2013 à fin février 2014.

Pour les petits ruminants, les mises-bas d'avortons, morts nés ou nés vivants présentant une ou plusieurs malformations sont survenues entre septembre 2013 à fin mars 2014.

Âge des mères

Dans les élevages bovins atteints identifiés dans le cadre de cette surveillance, l'âge moyen des mères ayant mis bas des produits malformés est de cinq ans (Médiane : quatre ans, Min : deux ans, Max : douze ans, écart type : 2,4 ans) (données sur 87 élevages de bovins).

Dans les élevages ovins atteints identifiés dans le cadre de cette surveillance, l'âge moyen des brebis ayant mis bas des produits malformés est de deux ans et demi (Médiane : deux ans, Min : un an, Max : sept ans, écart type : 1,7 ans) (données sur 14 élevages d'ovins).

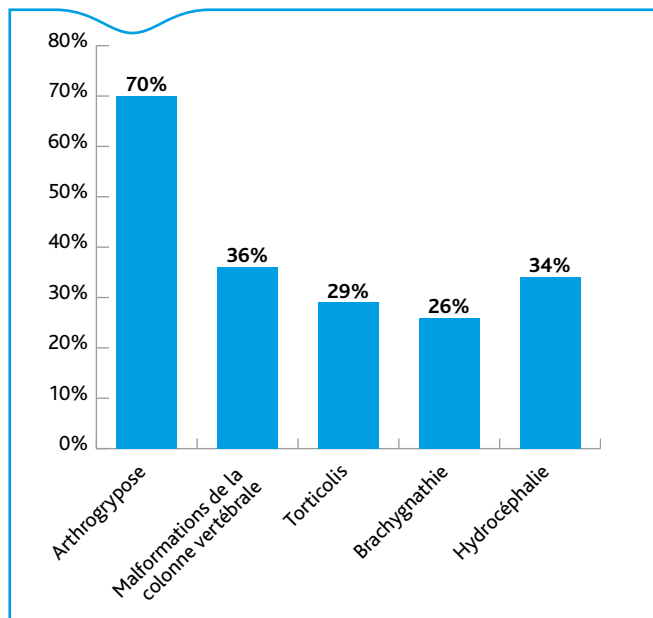


Figure 2. Fréquence d'observation des différentes malformations dans les élevages de bovins dans lesquels des formes congénitales de SBV ont été observées du 1^{er} septembre 2013 au 31 août 2014 (données sur 89 élevages)

Dans les deux élevages caprins atteints, les chèvres ayant mis bas des chevreaux malformés étaient âgées de trois ans (pour deux chèvres) et cinq ans (une chèvre).

Fréquence d'observation des malformations

L'anomalie la plus fréquemment observée dans les élevages de bovins identifiés dans le cadre de cette surveillance est l'arthrogrypose, malformation observée dans 62 élevages atteints (70 %). Cette malformation était déjà la malformation la plus fréquemment observée en saisons I et II (Dominguez *et al.*, 2012) (Gache *et al.*, 2013).

Les autres malformations observées dans les élevages de bovins cliniquement atteints en saison III sont, par ordre décroissant (Figure 2) :

- malformations de la colonne vertébrale : malformation observée dans 32 élevages (36 %) ;
- hydrocéphalie : malformation observée dans 30 élevages (34 %) ;
- torticolis : malformation observée dans 26 élevages atteints (29 %) ;
- brachygnathie (raccourcissement de la mâchoire inférieure) : malformation observée dans 23 élevages atteints (26 %).

La fréquence d'observation des différentes malformations n'est pas représentée en élevage de petits ruminants, compte tenu du faible nombre d'élevages ovins et caprins enregistrés atteints.

Discussion

Pour la saison III, des foyers de SBV congénital ont été notifiés dans la quasi-totalité des régions françaises (19 régions). Trois régions n'ont pas déclaré de cas cliniques (Haute-Normandie, Franche-Comté et Provence-Alpes-Côte d'Azur) : une partie de deux de ces régions sont d'altitude élevée ce qui pourrait expliquer en partie cette absence de cas (l'altitude étant un facteur pouvant limiter l'intensité de l'activité vectoriel) ; on peut également émettre l'hypothèse très forte d'une non exhaustivité des déclarations de SBV congénital, ou d'un passage inaperçu compte tenu de la faible population de ruminants dans certaines parties de ces régions.

D'après les résultats de distribution temporelle de naissance des animaux malformés, et d'après la période de sensibilité des femelles gestantes au virus (du même ordre que celle du virus Akabane, soit entre 30 et 70 jours de gestation pour les petits ruminants et entre 80 et 150 jours pour les bovins (Kirkland *et al.*, 1988)), la circulation du virus SBV sur notre territoire en 2013 se serait étalée de début mai

2013 à fin décembre 2013, puis de façon « résiduelle » au début de l'année 2014 (trois foyers bovins enregistrés entre juin et août 2014 liés à une contamination quatre à sept mois plus tôt, ce qui indique une activité vectorielle en période hivernale, au moins dans certaines régions).

Le nombre de foyers enregistrés est faible au regard des deux précédentes campagnes de surveillance. Plusieurs hypothèses peuvent être avancées pour expliquer cette nette diminution du nombre de foyers rapportés.

Une forte proportion d'animaux réceptifs devenus résistants suite à une infection naturelle ou vaccinale lors des deux premières années de circulation virale

Infection naturelle par le virus lors des deux premières années de circulation virale

Les résultats de surveillance indiquent que le virus a diffusé dans la quasi-totalité du territoire métropolitain au terme des deux premières années de circulation (2011 et 2012) (Dominguez *et al.*, 2012) (Gache *et al.*, 2013). Même si nous ne disposons pas de résultats d'enquêtes sérologiques en 2013, les résultats sérologiques obtenus en 2012 ((Gache *et al.*, 2013) et la progression du virus en « Saison II » (Gache *et al.*, 2013) permettent d'émettre l'hypothèse qu'une forte proportion de ruminants étaient séropositifs au printemps 2013, au moment du redémarrage de la circulation virale, particulièrement chez les bovins. De plus, même si la durée d'immunité post-infectieuse est encore mal connue, les données de surveillance des animaux précédemment atteints et les connaissances sur les virus proches du virus Schmallenberg incitent à supposer que l'immunité est longue (supérieure à un an) (Efsa, 2013).

À noter cependant qu'en terme d'immunité, l'âge moyen des mères ayant mis bas des produits malformés peut paraître étonnant (cinq ans dans les élevages bovins, deux ans et demi en élevage ovins enregistrés atteints dans le cadre de la surveillance) car on pouvait s'attendre à ce que soient atteints préférentiellement des génisses et des agnelles. Les résultats d'une enquête sérologique en Saône et Loire avaient cependant montré qu'une forte hétérogénéité en termes de séroprévalence intra-cheptel pouvaient exister à l'intérieur même d'un département entre des zones proches géographiquement (Petit *et al.*, 2012). Certains élevages ont donc pu totalement « échapper » au virus à l'issue des deux premières années de circulation virale.

Vaccination

En France, les vaccins de MSD (Bovilis® SBV) et de Merial (SBVVAX®) ont obtenu une autorisation de mise sur le marché (AMM) en France, délivrée sous circonstance exceptionnelle le 29 juillet et le 5 août 2013 respectivement. Il est difficile d'estimer le rôle de la vaccination, compte tenu de l'absence de données sur le nombre d'animaux vaccinés en France depuis l'obtention des AMM pour les deux vaccins. Cependant, les remontées de terrain permettent d'émettre l'hypothèse que le recours à la vaccination est resté limité.

Une proportion moindre d'éleveurs et de vétérinaires déclarants en saison III par rapport aux saisons I et II

Le SBV congénital est aujourd'hui considéré comme une maladie d'élevage et ne fait pas, à ce titre l'objet d'une réglementation. De ce fait, la surveillance du SBV congénital est basée sur la déclaration volontaire des éleveurs et des vétérinaires. De plus, les connaissances acquises sur le virus au cours des deux premières années de surveillance (étiologie, tableau clinique évocateur, absence de traitement thérapeutique) ont probablement diminué la sensibilité globale du dispositif.

Conclusion et perspectives

Les résultats de surveillance du SBV lors de la Saison III indiquent que le virus a circulé à bas bruit en 2013 sur une grande partie du territoire métropolitain.

À la clôture de la saison III s'est ainsi naturellement posée la question de l'évolution de la circulation virale en France et la suite à donner au dispositif de surveillance.

En s'appuyant sur les propositions avancées dans l'avis de l'Anses publié en février 2014 « Évaluation de risques liés à la diffusion du virus Schmallenberg en France: bilan et perspectives »(Anses, 2014), et après avoir recueilli le sentiment des acteurs concernés, le groupe de suivi de la Plateforme ESA a considéré qu'il était opportun de maintenir une surveillance minimale en matière de SBV congénital de façon à être en capacité de savoir, dans les années qui viennent, si le virus continue à circuler en France. L'objectif de la surveillance du SBV congénital pour la saison 2014/2015 (saison IV) est exclusivement qualitatif: savoir si le virus SBV continue à circuler dans les départements métropolitains. Ainsi, dans chaque département participant à la surveillance, les cas suspects font l'objet de prélèvements réalisés par le vétérinaire et transmis au laboratoire à fin d'analyse, jusqu'à concurrence de 20 suspicions maximum par département et par an. La confirmation biologique est exigée et permet, le cas échéant, de savoir de façon certaine que le virus circule dans un département.

La surveillance en saison IV a commencé le 1^{er} septembre 2014, et l'analyse des données de surveillance est régulièrement mise en ligne sur le site Internet de la Plateforme ESA: www.plateforme-esa.fr.

Remerciements

Les auteurs remercient l'ensemble des partenaires impliqués dans la surveillance du SBV congénital, ainsi que les membres du groupe de suivi de cette thématique au niveau de la Plateforme ESA.

Références bibliographiques

Anses, 2014. Évaluation de risques liés à la diffusion du virus Schmallenberg en France: bilan et perspectives. <http://www.anses.fr/sites/default/files/documents/SANT2013sa0047Ra.pdf>

Dominguez M., Hendrikx P., Zientara S., Calavas D., 2012. Bilan de la surveillance de l'infection congénitale par le virus Schmallenberg (SBV) chez les petits ruminants, 37 pages. <http://www.plateforme-esa.fr/images/documents/20120801bilanpetitsrms.pdf>

Dominguez M., Hendrikx P., Zientara S., Calavas D., 2012. Bilan de la surveillance de l'infection congénitale par le virus Schmallenberg (SBV) chez les bovins, 20 pages. http://www.plateforme-esa.fr/images/documents2/20130124_%20Rapportsbv_bv.pdf

Efsa, 2013. Schmallenberg virus: analysis of the epidemiological data (May 2013) European Food Safety Authority, Parma, Italy

Gache K., Dominguez M., Touratier A., Calavas D., 2013. Bilan de la surveillance de l'infection congénitale par le virus Schmallenberg saison II, 23 pages. <http://www.plateforme-esa.fr/images/documents2/bilan%20sbv%20saison%20ii.pdf>

Gache K., Dominguez M., Pelletier C., Petit E., Calavas D., Hendrikx P., Touratier A., 2013. Schmallenberg virus: a seroprevalence survey in cattle and sheep, France, winter 2011-2012. *Vet. Rec.* 173(6),141.

Hoffmann B., Scheuch M., Höper D., Jungblut R., Holsteg M., Schirrmeier H., Eschbaumer M., Goller KV., Wernike K., Fischer M., Breithaupt A., Mettenleiter TC., Beer M., 2012. Novel orthobunyavirus in cattle, Europe, 2011. *Emerg. Inf. Dis.* 18(2) <http://dx.doi.org/10.3201/eid1803.111905>.

Kirkland PD, Barry RD, Harper PA, Zelski RZ., 1988. The development of Akabane virus-induced congenital abnormalities in cattle. *Vet. Rec.* 122(24), 582-6

Note de service DGAL/SDSPA/N2012-8007 du 04 janvier 2012. Emergence orthobunyaviridé (Schmallenberg virus) – surveillance du territoire pendant l'hiver 2011/2012 <http://agriculture.gouv.fr/IMG/pdf/DGALN20128007Z.pdf>

Petit E., Pelletier C., Robergeot V., 2012. Enquête de séroprévalence 2012 sur la maladie de Schmallenberg en Saône-et-Loire http://www.plateforme-esa.fr/images/documents2/2012_09_sbv_enquete71.pdf

Sailleau C., Bréard E., Viarouge C., Desprat A., Doceul V., Lara E., Languille J., Vitour D., Attoui H., Zientara S., 2013. Acute Schmallenberg virus infections, France, 2012. *Emerg. Inf. Dis.*19(2):321.

Scholte E.J., Mars M.H., Braks M., Den Hartog W., Ibañez-Justicia A., Koopmans M., Koenraadt J.C.M., De Vries A., Reusken C., 2013. No evidence for the persistence of Schmallenberg virus in overwintering mosquitoes. *Med. Vet. Entomol.* 28(1):110-115.

Wernike S., Hoffmann B., Bréard E., Botnerc A., Ponsart C., Zientara S., Lohsec L., Pozzid N., Viarouge C., Sarradin P., Leroux-Barce C., Rioue M., Laloy E., Breithauptf A., Beer M. 2013 Schmallenberg virus experimental infection of sheep. *Vet. Microbiol.* 166(3-4), 461-466.

Des saisons de transmission du virus West Nile contrastées en Europe – situation épidémiologique fin 2014

Céline Bahuon (celine.bahuon@anses.fr), Sylvie Lecollinet

Anses, Laboratoire de santé animale de Maisons-Alfort, LNR West Nile et peste équine, LR-UE maladies équines (West Nile et encéphalites équines exotiques), Maisons-Alfort, France

Résumé

La fièvre West Nile est une arbovirose transmise principalement par les moustiques du genre *Culex*. Le réservoir animal est constitué par l'avifaune sauvage, jouant un rôle essentiel dans la dissémination du virus West Nile. Les mammifères, en revanche, sont des culs-de-sac épidémiologiques; parmi ces hôtes accidentels du virus, l'Homme et le cheval sont les plus sensibles, avec des formes neurologiques diagnostiquées dans 1 (homme) à 10 % (cheval) des infections. La circulation du virus en Europe a beaucoup évolué ces quinze dernières années avec une résurgence du virus à la fin des années 90, suivie sur ces cinq dernières années, d'une progression exceptionnelle en Europe. Chaque année sauf en 2014, de nouveaux territoires européens ont en effet été trouvés infectés, en Italie, en Grèce et plus largement dans la région des Balkans. L'émergence de nouvelles souches virales pathogènes, de lignage 1 et de lignage 2, sur ces dernières années, semble indiquer une intensification des introductions de virus West Nile en Europe et la capacité de diffusion des souches de lignage 2 en particulier.

Afin d'évaluer plus précisément la situation en Europe, il est donc nécessaire d'améliorer la surveillance et aussi de mieux caractériser les souches en cause dans les foyers européens et méditerranéens en termes de diversité génétique et de compétence vectorielle et d'hôte.

Mots-clés

Virus West Nile, arbovirose, Europe, progression, lignage 1, lignage 2

Abstract

Contrasting transmission seasons for West Nile virus in Europe – the epidemiological situation as of late 2014
West Nile fever is an arbovirosis transmitted mainly by mosquitoes of the genus *Culex*. Wild avifauna is the main West Nile virus (WNV) reservoir and plays an important role in WNV dissemination. Mammals represent incidental dead-end hosts. Within this group, humans and equids are the most sensitive to WNV infection and can develop WN neuro-invasive disease. After a long silence of 30 years, West Nile virus resurfaced at the end of the 1990s in southern and central Europe and has expanded dramatically in over the last five years in Europe. It has spread to new areas every year (except 2014), including new regions of Italy, Greece and more generally the Balkans. New pathogenic strains, belonging to lineages 1 and 2, have recently been identified, testimony to the intensity of WNV strain introduction and spread over the past few years. In such a context, it is essential to improve WNV surveillance and to better characterize the strains circulating in Europe and the Mediterranean area with regard to their genetic diversity as well as vector and host competency.

Keywords

West Nile virus, Arthropod-borne virosis, Europe, Spread, Lineage 1, Lineage 2

La fièvre West Nile est une arbovirose transmise par des arthropodes hématophages, essentiellement des moustiques du genre *Culex*. En Europe, *C. pipiens* et *C. modestus* semblent être les vecteurs principaux de la maladie. Le réservoir animal est constitué d'oiseaux sauvages, qui peuvent de plus jouer un rôle essentiel dans la dissémination du virus d'un pays à un autre. La plupart des mammifères, dont l'Homme et le Cheval, ne constituent qu'un cul-de-sac épidémiologique. Les chevaux semblent particulièrement sensibles et sont souvent considérés comme les révélateurs de la circulation du virus (Leblond *et al.*, 2007; Chevalier *et al.*, 2011). L'infection se traduit alors par des formes variables allant de l'infection asymptomatique à des formes neuro-invasives possiblement létales.

La fièvre West Nile est une maladie ancienne en Europe, décrite dès les années 1960 en France (en Camargue), au Portugal et à Chypre. Après un long silence de plus de trente ans, le virus West Nile (VWN) a ré-émergé en Europe à la fin des années 1990, causant des foyers sporadiques d'ampleur limitée à importante, comme en Roumanie en 1996 ou dans la Fédération de Russie en 1999. Plus récemment, un regain d'activité du VWN a été observé en Europe et a culminé en 2010 avec une flambée sans précédent d'épizooties équines et de cas humains dans de nombreux pays de l'Union européenne (UE) et en Fédération de Russie (Figure 1). Malgré l'identification de cas humains et équins de fièvre West Nile très tôt dans l'année, la saison de transmission 2014 (juin à octobre) a été marquée par des épidémies et des épizooties de faible ampleur en comparaison avec les saisons exceptionnelles de 2010, 2012 et 2013.

Les premiers cas humains de fièvre West Nile ont en effet été rapportés dès début juin 2014 en Bosnie-Herzégovine et quinze cas probables et un cas confirmé avaient déjà été enregistrés chez l'Homme au

24 juillet en Bosnie-Herzégovine et en Serbie (European Centre for Disease Prevention and Control, 2014). De même, l'infection avait été confirmée chez des chevaux sentinelles (sans signe clinique) en Grèce le 27 juin et en Croatie le 23 juillet (Organisation Mondiale de la Santé Animale, 2014). Pour la saison de transmission 2014, 163 cas sévères de l'infection par le VWN ont été notifiés chez l'Homme

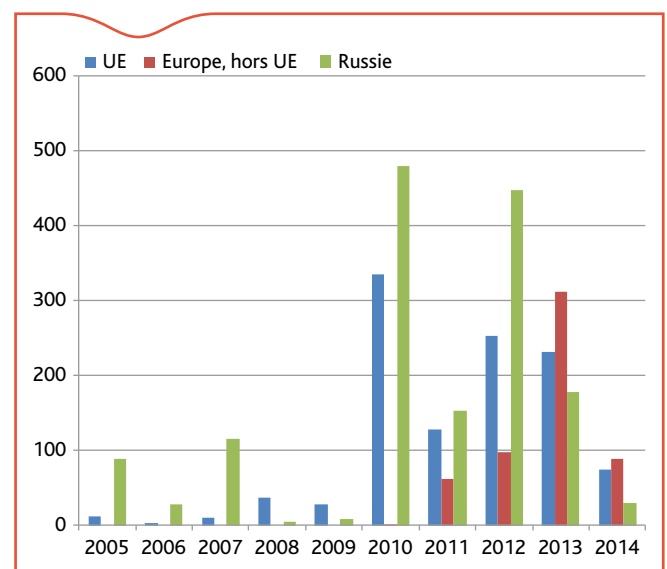


Figure 1. Nombre de cas humains de fièvre WN rapportés dans les pays de l'Union européenne (UE, en bleu), européens hors UE (en rouge) et dans la Fédération de Russie (en vert) au cours des dix dernières années (2005-2014)

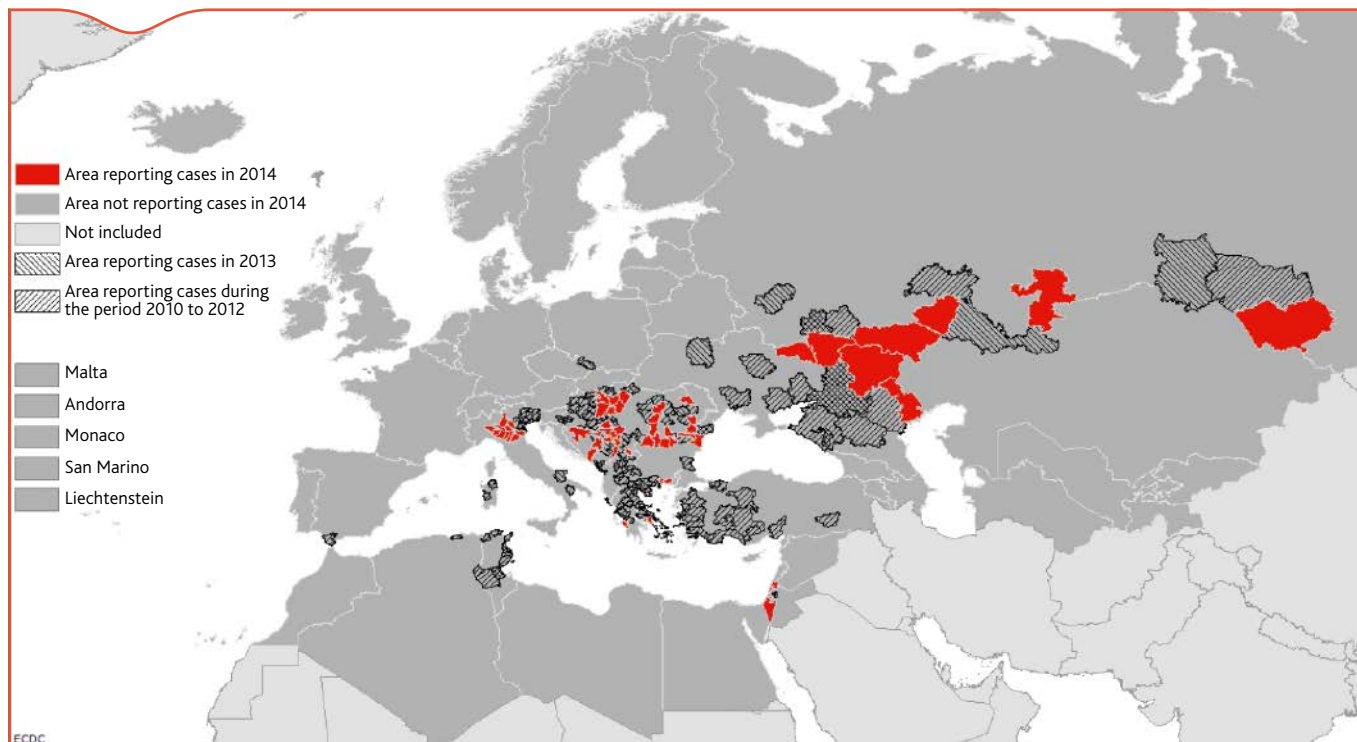


Figure 2. Distribution des cas de fièvre West Nile chez l'Homme en Europe, au 20 Novembre 2014 (Source: ECDC). Les pays touchés en 2014 sont représentés en rouge. Les pays ayant rapporté des cas de fièvre West Nile en 2013 sont représentés par des hachures diagonales descendant de gauche à droite et les cas recensés entre 2010 et 2012 représentés par des hachures diagonales descendant de droite à gauche

en Autriche, Bosnie-Herzégovine, Grèce, Hongrie, Italie, Roumanie et Serbie (Figure 2). De plus, 47 cas humains ont été déclarés dans les pays voisins (Fédération de Russie) et dans d'autres zones du Bassin méditerranéen (Israël et les territoires palestiniens).

Un début de saison aussi précoce peut avoir été causé par les inondations exceptionnelles qu'a connu la région des Balkans (Serbie, Bosnie-Herzégovine et Croatie) en mai 2014 et qui ont dû fournir des conditions propices à l'éclosion et à la prolifération des moustiques du genre *Culex*. Les conditions météorologiques de l'été 2014 avec des températures variables n'ont cependant pas permis l'entretien des cycles d'amplification du VWN.

En comparaison, les saisons 2010-2013 ont été marquées par d'importantes épidémies et épizooties à fièvre West Nile (Figures 1 et 2). En effet, en 2010, 334 cas humains associés à des infections neuro-invasives ont été détectés dans de nombreux pays de l'UE, en Autriche, Grèce, Hongrie, Italie, Roumanie et Espagne. La Grèce a été particulièrement touchée, avec 262 cas et 34 morts en Macédoine. De même, des foyers ont été rapportés en Albanie, en Turquie et dans la Fédération de Russie. Cette activité exceptionnelle du VWN dans de nouvelles régions d'Europe, semble avoir été favorisée par les conditions climatiques de l'été 2010, associant des pluies abondantes et des températures élevées, favorisant ainsi le développement des populations de moustiques vecteur. Le foyer grec a de plus été causé par une souche de VWN rarement identifiée en Europe, une souche de lignage 2; alors que la plupart des foyers européens recensés jusqu'alors avaient été causés par des souches appartenant au lignage 1 (Lecollinet *et al.*, 2011). Cependant, il n'a pas été possible jusqu'à maintenant de corréliser l'explosion de cas humains en Grèce à une virulence accrue de la souche grecque de lignage 2 (données expérimentales obtenues chez des hôtes mammifères ou aviaires modèles) et les capacités vectorielles et d'hôte associées à la circulation de cette souche ne sont pas connues.

En 2011, 128 cas autochtones ont été détectés au sein de l'UE (Grèce avec 100 cas, Italie, Roumanie et Hongrie), ainsi que 214 cas dans les autres pays européens (Albanie, République de Macédoine, Ukraine) et dans la Fédération de Russie. Désormais, dans plusieurs pays européens comme l'Italie, la Grèce ou la Roumanie, l'hypothèse d'une persistance

hivernale du VWN est évoquée, en plus du rôle classiquement décrit des oiseaux migrateurs dans la survenue d'épidémies saisonnières récurrentes.

Un nouveau pic épidémique a eu lieu dans les années 2012-2013, avec 252 et 232 cas autochtones respectivement dans l'UE, et 97 et 311 cas dans les pays européens hors UE. Pour ces deux années, de nombreux cas de fièvre West Nile ont été identifiés dans la région des Balkans, touchant de nouveaux territoires (en Grèce, Figure 3) ou de nouveaux pays (Bulgarie, Bosnie-Herzégovine, Kosovo, Monténégro, Serbie à partir de 2012, Croatie et Slovénie à partir de 2013) (Lecollinet *et al.*, 2012).

Au cours de cette période 2010-2014, un nombre généralement plus faible d'épizooties équine que de cas humains de fièvre West Nile a été déclaré en Europe orientale, du fait d'une surveillance plus limitée dans l'espèce équine ou de conditions écologiques conduisant à une exposition plus faible des équidés (Figure 4). Des mortalités isolées d'oiseaux sauvages ont été observées principalement chez des Falconiformes (Autour des palombes (*Accipiter gentilis*), Faucon crécerelle (*Falco tinnunculus*)) et des Passériformes (étourneau sansonnet (*Sturnus vulgaris*), moineau domestique (*Passer domesticus*), pie bavarde (*Pica pica*), corneille noire (*Corvus corone*)...). Les Falconiformes semblent présenter une susceptibilité particulière aux souches de lignage 2 circulant en Europe puisque ce type de souche a pu être isolé uniquement sur des Falconiformes malades (Hongrie, Serbie 2012). Cependant, les mortalités aviaires sont trop peu nombreuses pour permettre une détection fiable de la circulation du VWN grâce à une surveillance événementielle.

En conclusion, au cours des cinq dernières années, le VWN a progressé de façon exceptionnelle en Europe, infectant chaque année de nouveaux territoires, à l'exception de l'année 2014. Dans ces nouveaux territoires, il semblerait que les hôtes réservoirs, naïfs pour le VWN, aient permis d'entretenir un fort niveau de circulation virale, comme ce qui a été observé en Amérique du Nord de 1999 à 2003. De plus, les conditions météorologiques favorables à l'éclosion et à la prolifération des populations de moustiques ont vraisemblablement favorisé la circulation du virus. Depuis l'émergence de la souche hautement virulente Is98 en Israël en 1998 et l'identification d'une

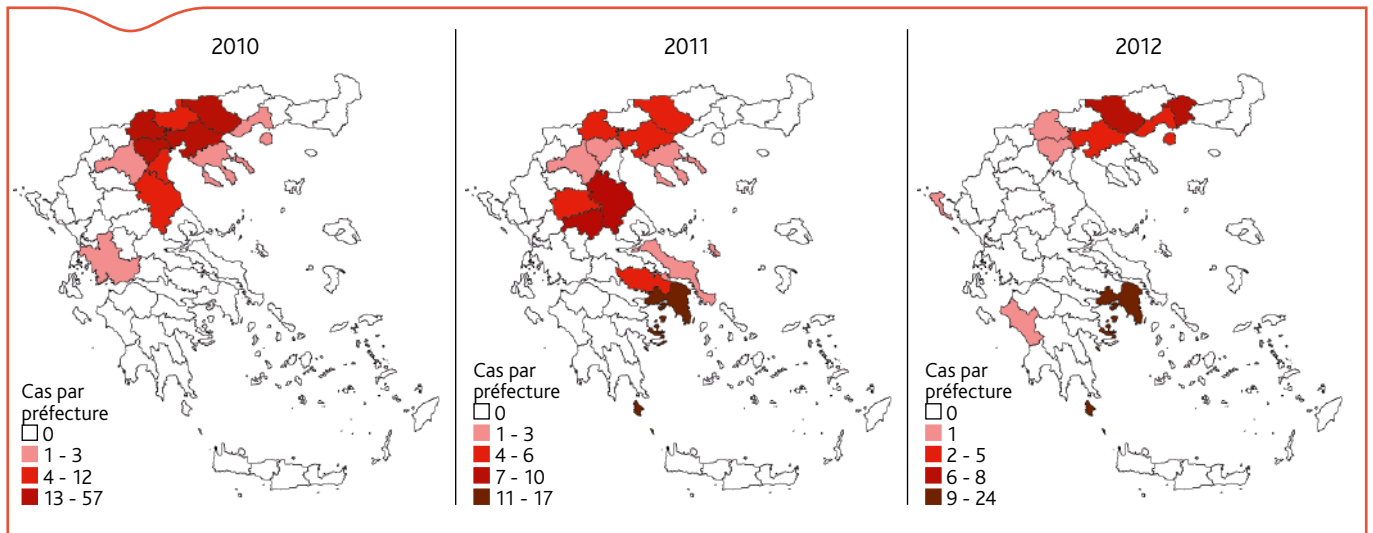


Figure 3. Evolution de la distribution géographique des infections humaines à VWN en Grèce de 2010 à 2012, identifiées principalement en Macédoine centrale et occidentale en 2010, puis en Thessalie et dans l'Attique (région d'Athènes) en 2011 et en Macédoine orientale et dans le Péloponnèse en 2012. Le nombre de cas humains déclarés par préfecture est indiqué (Hellenic Center for Disease Control and Prevention, KEELPNO)

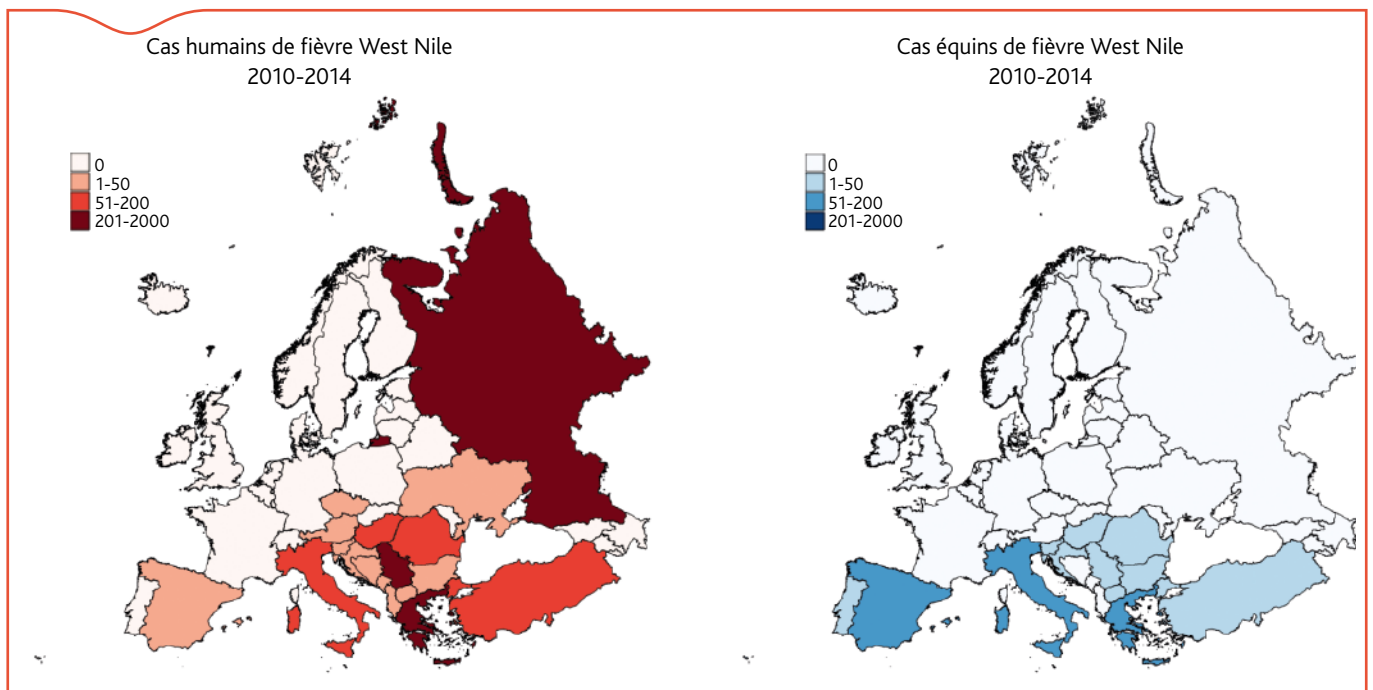


Figure 4. Comparaison des déclarations de cas humains (gauche) et équins (droite) de fièvre West Nile dans les pays européens de 2010 à 2014 (carte préparée avec le logiciel QGIS, à partir des données d'incidence de cas humains et équins, rapportés à l'ECDC, à l'OIE, au LR-UE maladies équine ou dans la littérature scientifique)

souche de lignage 2 en Hongrie en 2004, de nouvelles souches virales, dont la virulence est souvent mal caractérisée, ont été répertoriées sur le territoire européen. En particulier, les épidémies de ces cinq dernières années ont été causées par des souches très différentes sur le plan génétique, avec parfois, comme en Italie ou en Roumanie, une co-circulation de souches de lignage 1 (P6 2008-2009, Pieve 2011, Livenza 2011-2012 en Italie) et de lignage 2 (cluster gréco-hongrois dans la région des Balkans ou cluster russe en Roumanie) (Barzon *et al.*, 2013). De plus, un virus de lignage 2 appartenant au cluster gréco-hongrois, initialement identifié en Hongrie en 2004, a diffusé de façon remarquable à partir de 2010, en Grèce et plus généralement dans la région des Balkans, en Autriche et en Italie. L'émergence de souches présentant un avantage sélectif, comme la présence d'un résidu proline en position 249 sur la protéine non structurale NS3, associée à une augmentation de la virogénèse et de la pathogénèse chez les corvidés (Brault *et al.*, 2007) a été rapportée en Grèce à partir de 2010, sans pouvoir observer ce même phénomène lors de la diffusion des virus de lignage 2 en Italie et dans la région des Balkans. Une surveillance

accrue de la circulation des souches virales en Europe peut être un facteur expliquant l'identification régulière de souches virales de lignages 1 et 2 en Europe depuis 2010, tout comme une intensification des introductions de virus au cours de ces dernières années et une survie hivernale des souches présentes chez le vecteur ou l'oiseau. Afin d'évaluer plus précisément la situation européenne, il est nécessaire de pouvoir caractériser plus finement en termes de diversité génétique et de compétence vectorielle et d'hôte les souches en cause dans les foyers européens et méditerranéens.

Références bibliographiques

Organisation Mondiale de la Santé Animale, 2014. OIE WAHID, Weekly disease reports, West Nile fever, 29/12/2014. http://www.oie.int/wahid_2/public/wahid.php/Diseaseinformation/Immsummary

European Centre for Disease Prevention and Control, 2014. ECDC, West Nile fever maps, 29/12/2014. http://www.ecdc.europa.eu/en/healthtopics/west_nile_fever/west-nile-fever-maps/pages/index.aspx.

KEELPNO, West Nile reports, 29/12/2014. <http://www.keelpno.gr>

Barzon, L., Pacenti, M., Franchin, E., Squarzon, L., Lavezzo, E., Cattai, M., Cusinato, R., Palù, G., 2013. The complex epidemiological scenario of West Nile virus in Italy. *Int J Environ Res Public Health*. Sep 30;10(10):4669-89. doi: 10.3390/ijerph10104669.

Brault A.C., Huang C.Y., Langevin S.A., Kinney R.M., Bowen R.A., Ramey W.N., Panella N.A., Holmes E.C., Powers A.M., Miller B.R., 2007. A single positively selected West Nile viral mutation confers increased virogenesis in American crows. *Nat Genet*. 39(9):1162-6

Chevalier, V., Lecollinet, S., Durand, B., 2011. West Nile virus in Europe: a comparison of surveillance system designs in a changing epidemiological context. *Vector Borne Zoonotic Dis* 11(8),1085-91.

Leblond, A., Hendrikx, P., Sabatier, P., 2007. Syndromic surveillance in horses as an early warning system for West Nile disease in France. *Vector Borne Zoonotic Dis* 7, 403-10.

Lecollinet, S., Leblond, A., Durand, B., Zientara, S., Ponçon, N., 2011. Le virus West Nile: bilan de la situation en Europe et point sur la surveillance en France. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.*49, 32-34.

Lecollinet, S., Moutou, F., 2012. Recrudescence d'activité du virus West Nile dans les Balkans durant l'été 2012. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.*55, 26.

Brève. Anémie infectieuse des équidés 2014 : deux nouveaux cas asymptomatiques dans le département du Gard

Short item. *Equine infectious anaemia in France, 2014: two incident asymptomatic cases in Gard département*

Sophie Jean-Baptiste (1), Jean-Jacques Guyot (1), Françoise Dalgaz (1), Delphine Gaudaire (2), Fabien Chev  (2), Aymeric Hans (2) (aymeric.hans@anses.fr)

(1) Direction d partementale de la protection des populations du Gard, N mes, France

(2) Anses, Laboratoire de pathologie  quine de Dozul , Unit  de Virologie, Goustranville, France

Mots-cl s: An mie infectieuse des  quid s, investigation  pid miologique/**Keywords:** *Equine infectious anaemia, Epidemiological investigation*

L'an mie infectieuse des  quid s (AIE) est une maladie virale, propre aux  quid s, dont l'agent  tiologique est le virus de l'an mie infectieuse des  quid s appartenant   la famille des *Retroviridae*, genre *Lentivirus*. L'AIE est en France une maladie r put e contagieuse depuis 1992 et est devenue un danger sanitaire de cat gorie 1 depuis le d cret 2012-845 du 30 juin 2012.   ce titre, tous les  quid s s ropositifs doivent  tre euthanas s.

L'AIE est transmissible par le sang, par l'interm diaire d'insectes h matophages (taons ou stomoxes essentiellement) ou selon un mode iatrog ne. Une fois infect , l' quid  n' limine jamais le virus et devient donc une source de contagion potentielle pour ses cong n res.

Le 2 octobre 2014, un foyer d'AIE a  t  d clar  sur la commune de Montfaucon dans le d partement du Gard (30). Le cas index, un  talon de race Frison  g  de six ans, a  t  d pist  dans le cadre des contr les r glementaires pour la reproduction. D'apr s les premiers  l ments recueillis, cet  talon  tait pr sent depuis plus de cinq ans sur la commune de Montfaucon et n'aurait jamais pr sent  de signes cliniques  vocateurs de la maladie. Les quatorze  quid s pr sents sur le m me site ont  t  soumis   un test de Coggins et ont pr sent  un r sultat n gatif (Figure 1). Ces donn es montrent qu'il n'y a donc eu aucune diss mination du virus au sein du foyer.   ce stade de l'enqu te, 130  quid s, situ s dans un rayon de 3 km autour du foyer primaire ont subi un test de Coggins. Un  chantillon de s rum parmi les 130 pr l vements  tait positif pour l'AIE. Ce deuxi me cas d'AIE concerne une jument  g e d'une vingtaine d'ann es appartenant   un centre  questre situ    3 km environ du foyer primaire. Les dix-sept  quid s, pr sents dans le m me centre  questre que cette jument (euthanas e le 5 novembre 2014) sont tous n gatifs.   ce stade de

l'enqu te, aucun lien  pid miologique n'a  t  mis en  vidence entre cet  quid  et le cas index. Les arr t s portant d claration d'infection (APDI) pos s pour les deux structures incrimin es seront lev s lorsque des r sultats n gatifs seront obtenus   partir de deux prises de sang, r alis es   90 jours d'intervalle sur les effectifs restant. Les enqu tes  pid miologiques sont en cours afin de d terminer l'origine de l'infection et la diss mination potentielle du virus   partir de ces deux  quid s. D'autre part, les pr l vements d'organes r alis s lors de l'euthanasie de ces deux  quid s devraient permettre au LNR de caract riser le virus et ainsi contribuer   en d terminer l'origine.



Figure 1. Chevaux du foyer primaire d clar  dans le Gard (photo A. Hans)

Brève. Epizootie de fièvre catarrhale ovine à sérotype-1 en Corse : bilan 2013 et 2014

Short item. *Bluetongue serotype-1 epidemic in Corsica: update for 2013 and 2014*

Stéphanie Desvieux (1,2) (stephanie.desvieux@agriculture.gouv.fr)*, Ghislaine Lobjoit (3), Christian Berland (3), Annick Havet (4), Celia Malhere (4), Pierre Havet (4), Jean-Baptiste Perrin (2)*

(1) Direction régionale de l'alimentation, de l'agriculture et de la forêt de Corse, Service régional de l'alimentation, Ajaccio, France

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

(3) Direction départementale de la cohésion sociale et de la protection des populations, Service sécurité alimentaire et protection économique des consommateurs, Ajaccio, France

(4) Direction départementale de la cohésion sociale et de la protection des populations, Service sécurité alimentaire et protection économique des consommateurs, Bastia, France

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

Mots-clés: FCO, Corse, foyers, surveillance, vaccination/**Keywords:** *Bluetongue, Corsica, Outbreaks, Surveillance, Vaccination*

Evolution de l'épizootie

Au total, ce sont 177 foyers de fièvre catarrhale ovine à sérotype 1 (FCO-1) qui ont été déclarés entre le début de l'épizootie (premiers signalement en Corse-du-Sud le 2 septembre 2013, Perrin *et al.*, 2013) et fin décembre 2014 (Perrin *et al.*, 2014). L'essentiel des foyers ont été confirmés entre septembre 2013 et décembre 2013 (Figure 1).

En 2014, seuls 31 foyers ont été confirmés dans toute l'île malgré un dispositif de surveillance toujours en alerte. En effet, des suspicions ont continué à être déclarées, tout en étant moins souvent confirmées (29 % de confirmations en 2014 contre 79 % en 2013). À partir de mi-mai 2014, aucun foyer n'a été confirmé sur les 33 suspicions déclarées. Si l'on compare 2013 et 2014 pour la période entre septembre et décembre, on constate la nette diminution du nombre de suspicions en 2014 à la suite de la première campagne de vaccination (Figure 2).

Au total, 137 foyers ovins (soit 27,5 % des 500 troupeaux recensés en Corse), 31 foyers caprins (soit 12,4 % des 250 troupeaux) et 9 foyers bovins (soit 0,9 % des 1 000 troupeaux) ont été notifiés depuis le début de l'épizootie. Il est difficile d'expliquer les différences apparentes de prévalence entre les trois espèces. Le très faible nombre de foyers identifiés chez les bovins est toutefois très probablement dû à l'expression plus limitée de la maladie dans cette espèce. Les modalités

d'indemnisation, qui au début de l'épizootie ne concernait que les troupeaux ovins, ont pu elles-aussi influencer la déclaration des foyers.

Bilan de la vaccination

Deux campagnes de vaccination obligatoires et entièrement prises en charge par l'État (doses et actes vaccinaux) ont été organisées. La première campagne s'est déroulée du 26 novembre 2013 au 31 mai 2014 (arrêté du 26 novembre 2013). La seconde a débuté en juillet 2014 et doit s'achever au 30 juin 2015 (arrêté du 4 juillet 2014).

Pour la première campagne, ce sont environ 70 % des ruminants domestiques qui ont été vaccinés par les vétérinaires sanitaires: environ 85 % des ovins, 30 % des caprins et 65 % des bovins. L'essentiel des ruminants a été vacciné entre janvier et mars 2014 (Figure 3).

Ce taux de vaccination satisfaisant, en particulier chez les ovins, a probablement joué un rôle important dans la maîtrise de l'épizootie, expliquant l'absence de foyers déclarés depuis juin 2014.

Le taux de vaccination moins important chez les bovins est probablement associé au fait que ces éleveurs ne craignaient pas l'effet de la FCO-1 sur leurs animaux. Le taux faible dans l'espèce caprine est quant à lui lié aux réticences très importantes des éleveurs de caprins à vacciner leurs animaux par crainte d'effets secondaires (aucun vaccin ne disposant d'AMM pour l'espèce caprine). La présence effective d'effets indésirables de la vaccination FCO-1 n'a toutefois pas été confirmée par les données de pharmacovigilance disponibles et les investigations menées sur place par l'Anses.

Le bilan de la deuxième campagne de vaccination ne pourra être établi qu'en juillet 2015. Peu d'animaux ont été vaccinés entre juillet 2014 et janvier 2015, probablement parce que les éleveurs attendent le printemps pour procéder aux rappels de vaccination.

Références bibliographiques

Perrin J.-B., Gallois M., Sailleau C., Bréard E., Viarouge C., Clément T., Guis H., Dominguez M., Hendrikx P., Zientara S., Calavas D., 2013. Surveillance et lutte contre l'épizootie 2013 de fièvre catarrhale ovine de sérotype 1 en Corse. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 60, 8-11.

Perrin J.-B., Sailleau C., Bréard E., Viarouge C., Dominguez M., Zientara S., 2014. Fièvre catarrhale ovine en 2013 : statut indemne en France continentale – apparition de foyers cliniques dus au sérotype 1 en Corse. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 64, 38-40.

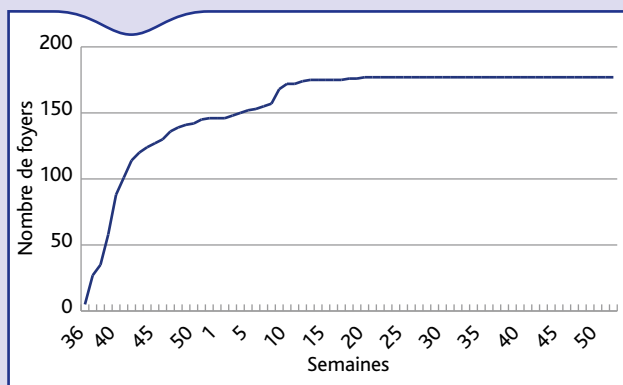


Figure 1. Incidence cumulée des foyers de FCO-1 en Corse de septembre 2013 à décembre 2014

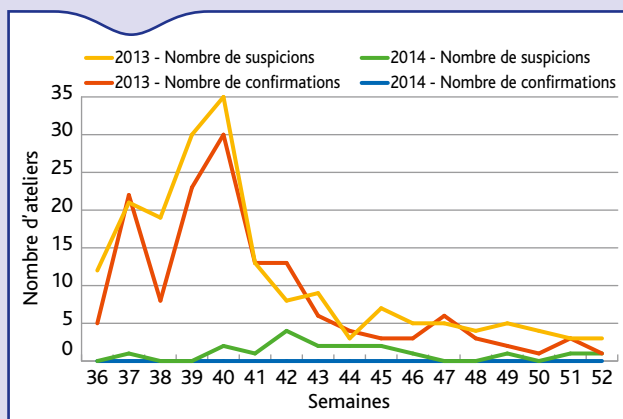


Figure 2. Comparaison du nombre de suspicions et confirmations de foyers FCO-1 en Corse de début septembre à fin décembre, en 2013 et en 2014

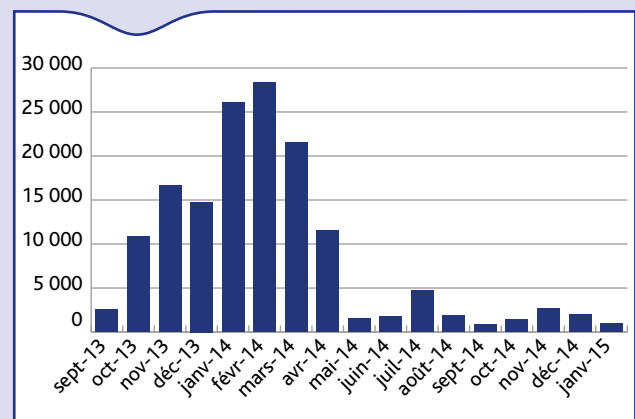


Figure 3. Répartition mensuelle du nombre de ruminants (ovins, caprins, bovins) vaccinés contre la FCO-1 en Corse

SI2A, premier logiciel national de recueil des données d'inspection en abattoir d'animaux de boucherie: vers une meilleure valorisation des données sanitaires collectées en abattoir

Claire Morlot (claire.morlot@agriculture.gouv.fr) (1), Monique Fresnel (1), Luc Serra (2), Marion Feyt (3), Emmanuel Martin (4), Laure Guillon (5), Caroline Monnier (6), Mylène Auge (6), Mathieu Caillet (6), Saïd Benadi (7), Céline Dupuy (1)

(1) Bureau des établissements d'abattage et de découpe, Direction générale de l'alimentation, Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt, Paris, France

(2) Bureau de la maîtrise d'ouvrage des systèmes d'information de l'alimentation, Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt, Toulouse, France

(3) DDPP du Tarn-et-Garonne, Montauban, France

(4) DDPP de Seine-Maritime, Rouen, France

(5) DDCSPP de l'Allier, Villefranche d'Allier, France

(6) Sous-direction des services d'information, Centre d'études et de réalisations informatiques, Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt, Toulouse, France

(7) Bureau de la maîtrise d'ouvrage des systèmes d'information de l'alimentation, Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt, Paris, France

Résumé

L'abattoir, à l'interface entre l'élevage et la mise sur le marché, est un observatoire privilégié de la santé animale, grâce aux données sanitaires collectées lors de l'inspection réalisée par les services vétérinaires. Le principal obstacle à la valorisation de ces données à des fins de santé publique était l'absence de centralisation. SI2A (Système d'information sur l'inspection en abattoir) est une application à destination des services vétérinaires d'inspection, développée par le ministère français en charge de l'agriculture, et permettant la collecte des informations sanitaires en abattoir. Il est d'utilisation obligatoire depuis le 1^{er} janvier 2015.

Une valorisation immédiate des données par les agents des services d'inspection vétérinaire est déjà effective, en vue d'améliorer la qualité sanitaire des aliments. Une valorisation épidémiologique de ces données sanitaires est envisageable.

Mots-clés

Santé publique vétérinaire, abattoir, sécurité sanitaire des aliments, information sur la chaîne alimentaire

Abstract

SI2A, the leading French software for livestock meat inspection data collection: toward more effective use of meat inspection data

The slaughterhouse is a unique dedicated vantage point from which to observe animal health considering that meat inspection data are collected by veterinary services at this level. The main difficulty with the use of such data was their lack of availability. The SI2A meat inspection information system is a national database implemented by the French Ministry of agriculture for the collection of meat inspection data. Its use has been mandatory since 1 January 2015.

Automatic statistical reports are already available to official inspectors in order to improve the safety of food. Thanks to SI2A, the epidemiological use of meat inspection data can now be considered.

Keywords

Veterinary Public Health, Slaughterhouse, Food Safety, Information on the food chain

Contexte : l'inspection vétérinaire en abattoir

Le système de sécurité sanitaire des aliments en Europe s'applique à l'ensemble de la chaîne alimentaire, « du champ à l'assiette », et vise à assurer un niveau sanitaire optimal des aliments mis sur le marché. L'abattoir est un point de contrôle essentiel à l'interface entre l'élevage et la commercialisation des viandes au consommateur. Tous les animaux font ainsi l'objet d'une inspection systématique de la part des services de l'État (Parlement européen, 2004). Dans chaque abattoir, une équipe d'agents (vétérinaires officiels assistés d'auxiliaires officiels) est présente en permanence, et contrôle individuellement chaque animal et les produits qui en sont issus :

- avant abattage, il s'agit de l'inspection *ante mortem* (IAM), conduite sur l'animal vivant. Elle permet le contrôle de l'état de santé, de l'identification et de l'information sur la chaîne alimentaire (ICA) ainsi que des conditions de transport et du respect du bien-être animal avant et pendant la mise à mort,

- après abattage, il s'agit de l'inspection *post mortem* (IPM), qui consiste à réaliser une inspection visuelle ainsi que des palpations et incisions de la carcasse et des abats selon une procédure réglementaire européenne (Parlement européen, 2004).

Tout animal vivant et toute carcasse susceptibles de présenter un risque pour la santé publique sont écartés de la consommation

humaine. Le détenteur est informé de la décision par une notification (certificat de saisie, de consignation, de mise à mort...) transmise par le service d'inspection.

Les données relatives à l'inspection sanitaire en abattoir étaient, jusqu'à présent, majoritairement disponibles sous format papier à l'exception de certains abattoirs où des bases de données locales avaient été mises en place. Il existait une demande forte des agents des services vétérinaires d'inspection à l'abattoir de disposer d'un outil d'enregistrement des données d'inspection permettant l'édition automatisée des documents administratifs (certificats de saisie par exemple) associée à une nécessité réglementaire de traçabilité de l'acte d'inspection. De plus, l'informatisation et la centralisation de ces données permettent d'envisager un retour d'information facilité de l'abattoir aux éleveurs ainsi que leur valorisation pour la surveillance épidémiologique.

SI2A: un logiciel national pour l'enregistrement des données d'inspection ante et post mortem

Constatant la diversité des modalités d'enregistrement des données d'inspection *ante* et *post mortem* par les services vétérinaires et la nécessité de leur centralisation, le ministère en charge de l'agriculture a mis en place un logiciel, unique au niveau national, pour l'enregistrement des informations relatives à l'inspection en abattoir.



Figure 1. Écran d'accueil de l'application SIA

Il y a trois ans, un projet nommé SIZA (Système d'information sur l'inspection en abattoir) a ainsi été initié. Il est déployé, depuis le 1^{er} janvier 2015, dans les 273 abattoirs de boucherie de France et est d'utilisation obligatoire par les services d'inspection vétérinaire (Ministère de l'agriculture, de l'agroalimentaire et de la forêt, 2014). Cet outil permet l'enregistrement de toutes les informations relatives à l'inspection *ante* et *post mortem* ainsi que l'édition des notifications administratives officielles et courriers de rappel réglementaire (Figure 1).

SIZA a été conçu pour s'adapter au mieux aux besoins des inspecteurs en abattoir, quelle que soit la taille de l'établissement ou les espèces abattues. À cet effet, un cahier des charges a été rédigé en collaboration avec les référents experts nationaux abattoirs (experts techniques de la DGAL), des agents en poste en abattoir et les agents du Bureau de la maîtrise d'ouvrage des systèmes d'information du ministère de l'agriculture. Le développement informatique, réalisé *via* la méthode dite « Agile »⁽¹⁾ a permis de tester le logiciel en situation réelle chaque mois lors de son développement, grâce à la participation d'un groupe utilisateur puis à l'utilisation d'une version pilote dans sept abattoirs sélectionnés pour leur diversité (localisation, volume d'abattage, espèces abattues). Les besoins des utilisateurs ont ainsi pu être pris en compte par les développeurs informatiques au fur et à mesure. SIZA est un logiciel évolutif, qui pourra être modifié autant que de nécessaire pour améliorer son fonctionnement.

Dans la version actuelle, SIZA collecte les informations relatives aux espèces abattues dans les abattoirs de boucherie (bovins, petits ruminants, porcs, solipèdes, cervidés et suidés d'élevage, cervidés et suidés sauvages, ratites). Cet enregistrement, en l'absence d'équipement informatique directement sur la chaîne d'abattage, se fait *a minima* quotidiennement dans le bureau des services vétérinaires. En l'absence, à ce jour, de communication entre le système de l'abatteur et SIZA, les données relatives à l'ensemble des animaux abattus ne sont pas disponibles. Seules les informations relatives aux animaux ayant présenté une anomalie en IAM ou IPM sont enregistrées. Toutefois, les données relatives à l'identification de l'ensemble des bovins abattus sont accessibles *a posteriori* *via* la BDNI (Base de données nationale d'identification). Enfin, une version prochaine de l'application permettra la gestion des animaux par lots et sera ainsi plus adaptée pour la gestion des suidés et petits ruminants.

L'une des forces de SIZA est de contribuer à l'harmonisation des décisions *via* des référentiels (par ex: liste fermée des pièces et motifs de saisie) d'utilisation obligatoire. Ainsi, le référentiel *ante mortem* regroupe les anomalies réglementaires relatives aux six volets de contrôle de cette inspection: santé, propreté, information sur la chaîne alimentaire (ICA) (cf. Encadré), animal provenant d'une zone en surveillance, bien-être animal, identification. Le référentiel *post mortem* liste les lésions pouvant être observées sur les carcasses (Ministère de l'agriculture, de l'agroalimentaire et de la forêt, 2013). Cette liste a été établie par les référents experts nationaux abattoir et des experts en inspection des viandes (groupe ASA⁽²⁾).

La formation à l'utilisation de SIZA a été assurée par un réseau national de formateurs intervenant en région. Une documentation détaillée

(1) Méthode de développement informatique basée sur un cycle de production itératif permettant des échanges réguliers entre le client et le concepteur aux différentes étapes de développement du logiciel.

(2) Association Animal-Société-Aliment, www.asa-spv.asso.fr.

Encadré. Focus sur l'Information sur la chaîne alimentaire (ICA)

L'ICA est une obligation réglementaire européenne, qui impose à l'éleveur de notifier aux autres opérateurs de la filière tout risque potentiel sur les animaux quittant son exploitation, ceci selon une liste de dangers définie pour chaque espèce. À l'abattoir, seuls les animaux pour lesquels le document relatif à l'ICA a été transmis peuvent être abattus. La prise en compte de ces informations par les services d'inspection officiels en abattoir est assurée par leur enregistrement dans SIZA. Ces informations sont utiles pour que l'inspection *ante* et *post mortem* soit réalisée de façon optimale. L'envoi des certificats de saisie et de courriers pré-rédigés par le logiciel permettent ensuite un retour de l'information à l'éleveur.

Par exemple, un animal pour lequel l'ICA « cysticerose » aurait été signalée par l'éleveur engendrera une inspection *post mortem* approfondie. Si des lésions sont détectées, l'éleveur recevra un courrier l'informant de l'obligation de notifier ce risque ICA pour les autres animaux de son élevage lors de leur sortie de l'exploitation, pour informer les détenteurs ultérieurs du danger potentiel « cysticerose » sur ces animaux.

a été élaborée pour accompagner le déploiement de ce nouveau logiciel (guide utilisateur, fiches de prise en main rapide, outil d'auto-formation). Un suivi de la mise en place du logiciel est assuré par la prise en compte des questions des utilisateurs. À cet effet, une liste de questions/réponses est mise à jour et disponible sur l'intranet du ministère.

Perspectives: la valorisation des données d'inspection en abattoir

Le principal obstacle à la valorisation des données d'abattoir à des fins de santé publique vétérinaire était leur absence de centralisation. SIZA permet de disposer des données d'inspection de tous les abattoirs de France dans une base de données unique mise à jour quotidiennement. Dans la mesure où toute décision administrative engendre obligatoirement la notification de la décision au détenteur *via* un certificat de consigne, de mise à mort ou de saisie, les données rendent compte de façon exhaustive de toutes les anomalies détectées lors des inspections. Ceci permet, par conséquent, de garantir la qualité des données collectées. Des vérifications devront néanmoins être conduites pour s'assurer de la maîtrise des enregistrements.

L'application DEDAL (Décisionnel de l'alimentation) a été développée pour permettre aux utilisateurs de valoriser les données du système d'information du ministère (Resyftal), et donc *a fortiori* de SIZA qui fait partie intégrante du projet. C'est un outil permettant des extractions simples des données de SIZA sous forme de tableaux de bord préétablis en fonction des attentes des utilisateurs. Des tableaux présentant, par exemple, le nombre d'animaux par motif de saisie dans un abattoir ou par type de saisie (partielle ou totale) peuvent être obtenus en quelques clics. Cette valorisation simple et immédiate est indispensable pour permettre aux agents renseignant la base de données SIZA de s'approprier cet outil et les inciter à renseigner correctement les informations.

Dans un second temps, des analyses statistiques plus complexes pourront être envisagées dès lors qu'un historique de données suffisant sera disponible et que les données de la BDNI seront prises en compte. Une comparaison des proportions de saisies des bovins ajustées sur la catégorie (âge, sexe et type de production) pourra, par exemple, permettre d'identifier des zones plus à risque pour certaines lésions. De même, l'analyse des données d'IAM pourra par exemple permettre d'identifier les élevages ayant une proportion anormalement élevée d'animaux envoyés à l'abattoir avec des problèmes d'identification.

Un suivi épidémiologique de certaines affections détectables uniquement en abattoir pourra être mis en place avec une couverture nationale. C'est le cas pour la cysticerose bovine qui a fait l'objet d'études préliminaires sur les données d'une enquête conduite en France en 2010 (Dupuy *et al.*, 2015; Dupuy *et al.*, 2014a; Dupuy *et al.*,

2014b; Dupuy *et al.*, 2014c). La poursuite des études visant à mettre en place une inspection basée sur le risque pourront permettre d'améliorer l'efficacité de la détection de la cysticerose bovine en France. Un suivi de la prévalence annuelle ajustée⁽³⁾ de cette zoonose parasitaire en abattoir, associé à un suivi de la quantité de médicaments vendus en santé humaine pour traiter cette affection permettra d'évaluer la pertinence de cette inspection basée sur le risque par une diminution du nombre de cas humains. L'identification de zones d'infestation plus élevée pourrait permettre l'identification de facteurs de risque et la mise en place de mesures correctives, dont l'efficacité pourra être mesurée par une diminution de la prévalence de la cysticerose bovine en abattoir.

Remerciements

Les auteurs souhaitent remercier les membres du groupe utilisateur ainsi que les agents des abattoirs pilotes, les agents du bureau de la maîtrise d'ouvrage des systèmes d'information du ministère de l'agriculture, l'équipe de développement et le groupe des formateurs SI2A pour l'élaboration et la mise en place du dispositif SI2A. Les auteurs souhaitent également remercier l'ensemble des agents des services d'inspection en abattoir pour l'enregistrement des données d'inspection dans SI2A.

(3) Prévalence ajustée sur l'âge et le sexe, facteurs identifiés comme étant le plus fortement associés à la présence de lésions de cysticerose en abattoir.

Références bibliographiques

- Dupuy, C., Morlot, C., Demont, P., Callait-Cardinal, M.-P., Ducrot, C., Calavas, D., Gay, E., 2015, Spatial analysis of bovine cysticerose in France in 2010. *Food Control* 47, 348-352.
- Dupuy, C., Morlot, C., Demont, P., Ducrot, C., Calavas, D., Callait-Cardinal, M.-P., Gay, E., 2014a, Construction of standardized surveillance indicators for bovine cysticerose. *Prev. Vet. Med.* 115, 288-292.
- Dupuy, C., Morlot, C., Gilot-Fromont, E., Demont, P., Mas, M., Grandmontagne, C., Gilli-Dunoyer, P., Ducrot, C., Calavas, D., Callait-Cardinal, M.-P., Gay, E., 2014b, Prévalence, facteurs associés et répartition spatiale de la cysticerose bovine en France en 2010 et perspectives en termes de surveillance épidémiologique. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 63, 24-28.
- Dupuy, C., Morlot, C., Gilot-Fromont, E., Mas, M., Grandmontagne, C., Gilli-Dunoyer, P., Gay, E., Callait-Cardinal, M.-P., 2014c, Prevalence of *Taenia saginata* cysticerose in French cattle in 2010. *Vet. Parasitol.* 203, 65-72.
- Parlement européen, 2004, fixant les règles spécifiques d'organisation des contrôles officiels concernant les produits d'origine animale destinés à la consommation humaine, In: *Journal officiel de l'Union européenne*, n° 854/2004 pp. 83-127.
- Ministère de l'agriculture, de l'agroalimentaire et de la forêt, 2013, Listes de référence caractérisant les lésions et autres non-conformités nécessitant une saisie vétérinaire en abattoir, In: *Ministère de l'agriculture et de la pêche (Ed.) DGAL/SDSSA/N2013-8180*. Paris, p. 46.
- Ministère de l'agriculture, de l'agroalimentaire et de la forêt, 2014, Instruction technique relative au déploiement national de SI2A (Système d'Information sur l'Inspection en Abattoir) en abattoir de boucherie, In: *Ministère de l'agriculture et de la pêche (Ed.) DGAL/SDSSA/2014-739*. Paris, p. 4.

Corinne Danan (corinne.danan@agriculture.gouv.fr) (1), Didier Calavas (2)

(1) Direction générale de l'alimentation, Sous-direction de la sécurité sanitaire des aliments, Bureau d'appui à la surveillance de la chaîne alimentaire, Paris, France

(2) Anses, Laboratoire de Lyon, France

Mots-clés : zoonoses, Europe, 2013/Keywords : Zoonoses, Europe, 2013

Depuis une dizaine d'année, l'Autorité européenne de sécurité des aliments (Efsa) et l'European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) publient chaque année un rapport sur les *Tendances et les sources de zoonoses, d'agents zoonotiques et de toxi-infections alimentaires collectives*. Le rapport sur les données de 2013 est présenté de manière plus synthétique par rapport aux précédents (EFSA & ECDC, 2015). Une partie de ce rapport rappelle le contexte de la collecte des données et est limité à la description des informations ou changements les plus marquants observés pour certaines zoonoses; les annexes permettent d'accéder, par des liens hypertexte, aux données des différents secteurs, humain, vétérinaire et alimentaire, ayant servi à l'élaboration des bilans annuels. De plus, les données transmises par chaque Etat membre (EM) sont accessibles le site de l'Efsa (<http://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/3991.htm>).

Ce rapport rassemble les données de surveillance de 32 pays (28 EM et 4 pays hors Union européenne). Il apporte une somme d'informations utiles sur la situation épidémiologique en Europe au niveau humain, animal et sur la chaîne alimentaire, s'agissant de plus de quinze agents zoonotiques et de toxi-infections alimentaires collectives.

Comme les années précédentes, six zoonoses transmises par la voie alimentaire (campylobactériose, salmonellose, yersiniose, infections à *E. coli* VTEC, listériose, échinococcose) sont en tête du nombre de cas et de l'incidence⁽¹⁾ des infections zoonotiques chez l'Homme (Figure 1). En incluant la trichinellose et la brucellose, les zoonoses d'origine alimentaire, représentent 99,6 % des 314 430 cas humains des treize causes de zoonoses rapportées en Europe. Les campylobactérioses sont la cause principale des cas humains notifiés; elles représentent à elles seules 68 % des cas en 2013. Ces chiffres relativement élevés sont stables depuis 2009. Les salmonelloses sont la deuxième cause principale des cas humains notifiés avec 26 % des cas. Pour cette zoonose, les données de surveillance européenne mettent en évidence une diminution régulière du nombre de cas humains depuis plusieurs années, qui a été associée à la politique européenne de lutte contre les salmonelles dans le secteur de l'aviculture. Parmi les analyses de tendance significatives, il faut également noter l'augmentation des cas de listériose observée de 2009 à 2013, sans qu'aucun lien n'ait pu être fait avec le niveau de contamination des aliments.

Ces chiffres sont à comparer aux 0,4 % de cas dus à des zoonoses dont la transmission à l'Homme peut relever d'autres voies (fièvre Q, fièvre West-Nile, tularémie, tuberculose due à *M. bovis*, rage).

De plus, cette proportion est encore sous-estimée car le taux de sous-détection/déclaration des zoonoses alimentaires (estimé à 90 %) est vraisemblablement supérieur à celui pour les autres zoonoses.

Le taux de létalité des douze premières zoonoses (tuberculose à *M. bovis* exceptée), parmi les cas confirmés, est en moyenne de 0,1 %, en général en dessous de 1 %, à l'exception de la fièvre West-Nile (3,4 %), de la listériose (15,6 %) et bien sûr de la rage (100 %).

Il faut bien sûr avoir en tête toutes les limites de ce genre d'exercice. Les messages d'avertissement sont d'ailleurs bien rappelés tout au long du rapport de l'Efsa, dans la mesure où: i) les données proviennent de systèmes de surveillance de nature et d'efficacité variables entre EM, ii) les plans d'échantillonnage ne reposent pas tous sur des protocoles d'échantillonnage, et les données qui en sont issues ne sont pas nécessairement représentatives d'une prévalence

(1) On a fait l'hypothèse qu'il s'agit de cas incidents et d'incidence (respectivement *reported cases* et *notification rate* dans le rapport).

nationale, iii) les EM ne fournissent pas tous un rapport complet aux autorités européennes.

Il faut donc être très prudent pour interpréter: i) les tendances d'une année sur l'autre, car les modalités de notification aux autorités européennes peuvent varier, et les dénominateurs ne sont pas ajustés sur les structures d'âge des populations, qui évoluent, ii) les relations entre cas de zoonoses chez l'Homme dans un pays donné et la situation épidémiologique de l'agent zoonotique correspondant dans le cheptel du même pays, car il est impossible de faire la part des choses entre les infections acquises dans le pays d'origine et celles acquises à l'étranger ou par consommation de produits importés, iii) les données d'un pays par rapport aux données européennes, car les définitions des cas ne sont pas toujours identiques au niveau national et européen.

Quoi qu'il en soit, les informations contenues dans ce rapport sont extrêmement utiles pour analyser et suivre la situation épidémiologique des zoonoses et agents zoonotiques en Europe. Elles servent régulièrement de base aux pouvoirs publics dans la définition ou l'évaluation de l'impact de mesures de gestion.

Références bibliographiques

EFSA & ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control), 2015. The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2013. EFSA J 2015;13(1):3991, 162 pp. doi:10.2903/j.efsa.2015.3991

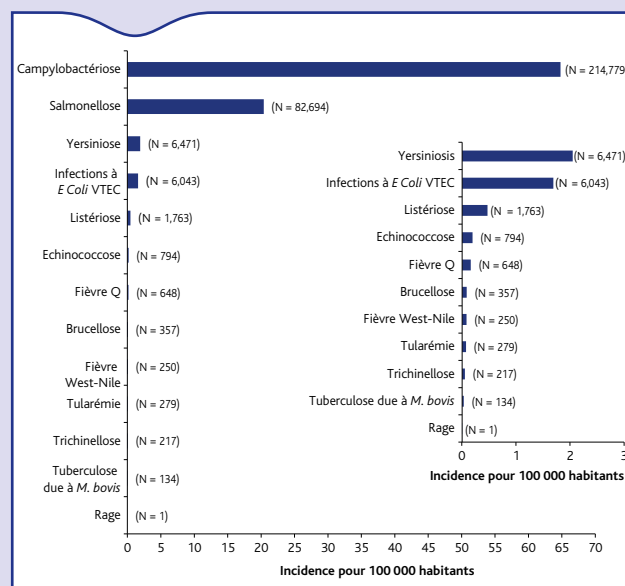


Figure 1. Nombre de cas humains de zoonoses, et incidence pour 100 000 habitants, rapportés en Europe en 2013. Les nombres entre parenthèses sont les nombres de cas (pour la fièvre West Nile il s'agit du nombre de cas total (cas autochtones et cas acquis à l'étranger)). Les zoonoses sont classées par ordre décroissant d'incidence.

Stratégies de contrôle optimales en cas d'épizootie de fièvre aphteuse en France en fonction de l'impact considéré, du niveau géographique et de la prise de risque des décideurs

Maud Marsot (maud.marsot@anses.fr) (1), Séverine Rautureau (2), Barbara Dufour (3), Benoit Durand (1)

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

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

(3) EPIMAL, Ecole nationale vétérinaire d'Alfort, Unité sous contrat Anses, Maisons-Alfort, France

Résumé

Comparer des stratégies de contrôle de maladies infectieuses permet de déterminer les stratégies optimales en fonction de leurs impacts. Dans cette étude, l'objectif était d'identifier la stratégie de lutte optimale à mettre en œuvre en cas d'épizootie de fièvre aphteuse (FA) en France en fonction de l'impact considéré, du niveau géographique et de la prise de risque des décideurs (neutre face au risque/aversion du risque). La moyenne et l'écart-type des coûts publics, du nombre d'élevages abattus et des pertes à l'export d'épizooties de FA simulées ont été calculées pour comparer sept stratégies au niveau national et régional en fonction de la prise de risque du décideur. Selon le modèle, au niveau national, les décideurs choisissent toujours la vaccination. Avec une stratégie appliquée à l'échelle régionale pour les décideurs neutres, des différences entre régions suivant l'impact considéré sont observées. Par exemple, la vaccination permet de minimiser les coûts publics dans les régions à forte densité de cheptels, alors que la stratégie sanitaire est suffisante ailleurs pour les minimiser. De plus, la vaccination était plus souvent optimale pour les décideurs ayant une aversion au risque. La perception du risque et les disparités régionales devraient donc être prises en compte pour choisir la stratégie de lutte optimale contre la FA en France, en fonction de l'impact à minimiser.

Mots-clés

Fièvre aphteuse, prise de décision, stratégie de contrôle, perception du risque, simulations

Abstract

Optimal control strategies in case of foot-and-mouth disease epizootics in France according to the impact of the epizootics, the risk-taking and the geographic level of decision-making

Comparison of control strategies for infectious animal diseases enables optimal strategies to be determined based on their impacts. The objective of this study was to identify the best foot-and-mouth disease (FMD) control strategy at two geographical levels and for two risk-taking positions of the decision-maker (risk-neutral/risk-averse). The mean and the standard deviation of public costs, export losses and the number of herds slaughtered in simulated FMD epizootics were quantified in order to compare seven control strategies at the national and regional level and for the two risk-taking positions considered. At the national level, decision makers systematically chose a strategy based on vaccination. This consensus concealed marked differences between regions and types of impact for risk-neutral decision makers. For example, vaccination minimized public costs in the regions with the highest herd densities while in the other regions the stamping-out was sufficient. For example, strategies based on vaccination minimized more often the impacts for risk-averse decision makers than for risk neutral. Thus, risk perception should be taken into account to choose the best strategy against FMD in France. Lastly, the differences between regions suggest that control strategies could be effectively tailored to local breeding conditions.

Keywords

Foot-and-mouth disease, Decision making, Control strategy, Risk perception, Simulations

La fièvre aphteuse (FA) est une maladie virale très contagieuse affectant principalement les bovins, les ovins, les porcins et les caprins. La FA représente un risque sanitaire majeur dans les pays développés, du fait de ses conséquences sur le commerce et des pertes économiques qu'elle peut engendrer. En plus des mesures sanitaires fixées par la réglementation européenne (abattage et désinfection des élevages infectés, restriction des mouvements d'animaux...), le panel des stratégies de contrôle disponibles est relativement riche et peut combiner, en fonction des espèces, l'abattage préventif, la vaccination suppressive (abattage des animaux vaccinés en fin d'épizootie) et la vaccination préventive (les animaux vaccinés ne sont pas abattus mais soumis à des restrictions de mouvements).

Des modèles de simulation ont été utilisés pour analyser l'influence de l'environnement ou des pratiques d'élevage sur la propagation de la FA, et l'efficacité des mesures de contrôle. Par exemple, Green *et al.* (2006) ont analysé l'impact respectif des mouvements d'animaux et de la propagation locale sur la taille et l'extension géographique d'épizooties de FA. Tildesley *et al.* (2006) ont comparé des stratégies de vaccination dans différents contextes épidémiologiques et sous des contraintes logistiques. Comparer des stratégies de contrôle d'épizooties simulées de FA permet de déterminer la stratégie optimale à mettre en œuvre en fonction de leurs conséquences sur le plan épidémiologique et/ou économique. Cependant, les conséquences d'une épizootie de FA ne

sont pas limitées au secteur de l'agriculture ou des industries agro-alimentaires; d'autres secteurs économiques sont touchés, comme le tourisme. Plus généralement, une épizootie de FA peut avoir un impact social, lié par exemple aux réactions de l'opinion publique contre les mesures d'abattage en masse des animaux. Même si ce problème d'acceptabilité des mesures d'abattage est évident, il n'est pas pris en compte dans la littérature, sauf dans quelques études sur l'épizootie de 2001 au Royaume-Uni soulignant l'importance de l'opinion publique (Haydon *et al.*, 2004). D'une façon plus générale, le processus de décision pour le contrôle d'épizooties n'est pas seulement établi à partir de critères scientifiques; il est aussi stratégique et politique. Rationaliser le choix d'une stratégie de contrôle contre la FA implique donc de prendre en compte différents critères: l'impact économique direct (les dépenses publiques) et indirect (les pertes à l'export, les pertes pour le secteur du tourisme), et l'impact social.

L'objectif de cette étude était d'identifier la stratégie de lutte optimale à mettre en œuvre en cas d'épizootie de FA en France en fonction de l'impact considéré, du niveau géographique de décision et de la prise de risque des décideurs. Trois impacts ont été pris en compte: les dépenses publiques, le nombre d'élevages abattus pendant l'épizootie, et les pertes à l'export. Deux niveaux géographiques de mise en œuvre des stratégies de lutte contre la FA ont été comparés: une mise en œuvre unique au niveau national et des stratégies indépendantes mises

Tableau 1. Stratégies de contrôle contre la FA

Nom	Abattage préventif		Vaccination d'urgence		
	Espèce	Rayon	Espèce	Rayon	Abattage
Stratégie sanitaire	-	-	-	-	-
Vaccination préventive	-	-	Toutes	10 km	Non
Abattage préventif	Toutes	1 km	-	-	-
Vaccination suppressive	-	-	Toutes	1 km	Oui
Vaccination préventive sélective	-	-	Bovins, porcs reproducteurs	10 km	Non
Abattage préventif sélectif	Petits-ruminants, porcs non-reproducteurs	10 km	-	-	-
Vaccination et abattage préventifs sélectifs	Petits-ruminants, porcs non-reproducteurs	1 km	Bovins, porcs reproducteurs	10 km	Non

Note: Quelle que soit la stratégie, la stratégie sanitaire était mise en oeuvre : abattage et désinfection des foyers, suivi des contacts, restriction de mouvements dans les élevages contacts et dans un rayon de 10 km autour des foyers.

Tableau 2. Impact moyen des épizooties de FA simulées en fonction de la prise de risque des décideurs et du niveau géographique de prise de décision

Impact	Position face au risque	Niveau géographique*		Ratio Régional/National
		National	Régional ⁽⁵⁾	Moyenne (sd)
		Moyenne (sd ⁽¹⁾)	Moyenne (sd)	
Dépenses publiques	Aucune position	16,7 (33,7) ⁽²⁾	16,0 (33,5)	0,95 (1,00)
	Pas de prise de risque	16,7 (33,7) ⁽²⁾	16,3 (33,4)	0,97 (0,99)
Pertes à l'export	Aucune position	275,7 (502,9) ⁽³⁾	250,0 (457,2)	0,91 (0,91)
	Pas de prise de risque	308,3 (456,2) ⁽⁴⁾	277,4 (430,8)	0,90 (0,94)
Nombre d'élevages abattus	Aucune position	45,2 (107,0) ⁽²⁾	45,0 (106,8)	1,00 (1,00)
	Pas de prise de risque	45,2 (107,0) ⁽²⁾	45,3 (106,6)	1,00 (1,00)

* Niveau national : une seule décision est prise et appliquée à l'échelle du pays. Niveau régional : des décisions spécifiques sont prises et appliquées dans chaque région.

(1) Ecart-type

(2) Stratégie optimale : vaccination préventive.

(3) Stratégie optimale : vaccination suppressive.

(4) Stratégie optimale : vaccination préventive sélective.

(5) Quand la décision est prise au niveau régional, la stratégie optimale varie selon la région.

en place dans chaque région. Nous avons considéré deux positions par rapport à la prise du risque des décideurs: soit le décideur ne prenait pas position face au risque encouru par rapport à la gravité de l'épizootie et se basait sur la stratégie optimale en moyenne, soit le décideur préférait éviter les épizooties sévères et favorisait la stratégie minimisant la variabilité des impacts.

Simulations d'épizooties de fièvre aphteuse en France

Nous avons utilisé un modèle de simulation d'épizooties de FA développé par Rautureau *et al.* (2012). Cet outil permet de simuler des épizooties réalistes de FA en France, en se fondant sur des données actuelles sur les élevages français et sur les mouvements de bovins et de porcs (les mouvements de petits ruminants étant considérés comme négligeables). L'unité épidémiologique était l'élevage, constitué d'au maximum trois lots d'espèces différentes: bovins, petits ruminants et porcs. Au sein d'une ferme, les animaux d'une espèce donnée pouvaient être exposés à trois forces d'infection: la force d'infection intra-lot, la force d'infection entre espèces et la force d'infection liée à l'environnement. Trois modes de transmission entre élevages ont été pris en compte: les mouvements d'animaux vivants, la transmission directe par contact entre élevages sur les pâtures, et la transmission indirecte par des véhicules contaminés ou du matériel.

Le contrôle de la maladie était toujours basé sur la stratégie sanitaire: abattage et désinfection des foyers déclarés, enquêtes épidémiologiques et restriction de mouvements dans les élevages contacts et dans les élevages d'une zone de 10 km autour des foyers. Six stratégies supplémentaires ont été définies (Tableau 1), qui combinent l'abattage préventif et la vaccination d'urgence. L'abattage préventif

correspond à l'abattage de tous les élevages identifiés « à risque » par les enquêtes épidémiologiques conduites dans les foyers et dans une zone de 1 km autour des foyers. La vaccination était soit suppressive (les animaux vaccinés étaient abattus après l'épizootie) ou préventive (les animaux vaccinés n'étaient pas abattus à la fin de l'épizootie mais étaient soumis à des restrictions de mouvements). Dans trois des six stratégies supplémentaires, les mesures étaient spécifiques aux espèces (Tableau 1), et variaient en fonction de la valeur économique des animaux (forte pour les bovins et porcs reproducteurs et faible pour les petits ruminants et porcs non-reproducteurs). Les enquêtes sérologiques post-épizootiques (nécessaires pour recouvrir le statut indemne de FA) ont été simulées en fonction de la réglementation européenne (Directive 2003/85/EC du Conseil). Les ressources matérielles et humaines dédiées aux mesures de contrôle étaient considérées comme limitées (exemple: trois élevages maximum abattus par jour).

Evaluation de l'impact épizootique

Les dépenses publiques correspondent aux coûts liés à l'abattage et à la désinfection, aux compensations aux éleveurs, aux coûts liés aux vaccins et aux opérations de vaccination, et aux analyses de laboratoire. Le second impact était le nombre d'élevages abattus pendant l'épizootie. Le dernier impact, les pertes à l'export, était calculé pendant la période de restriction des échanges commerciaux avant le recouvrement du statut indemne de FA (i.e. le manque à gagner induit par les restrictions des échanges). Cet indicateur correspondait au produit des exportations moyennes journalières de viande et de produits laitiers, par la durée de restriction des échanges (intervalle de temps entre la date de découverte du premier foyer et la finalisation des enquêtes sérologiques pour les pays de l'UE ou le dernier abattage pour les pays tiers).

Identification des stratégies de contrôle optimales en fonction de la prise de risque des décideurs

Pour chaque impact, le choix d'une stratégie de contrôle a été évalué en fonction de la prise de risque du décideur. Nous avons considéré que les décideurs pouvaient ne pas prendre position face au risque encouru par rapport à la gravité de l'épizootie et choisiraient ainsi la stratégie de contrôle minimisant l'impact moyen. Inversement, les décideurs préférant éviter les épizooties sévères choisiraient la stratégie de contrôle minimisant l'écart-type de l'impact.

Les simulations ont été stratifiées par région. Cinquante élevages, dans lesquels le virus a été introduit, ont été choisis au hasard dans chacune des 21 régions de France. Au total, 7 350 simulations d'épizooties de FA ont été effectuées à l'aide de notre modèle (50 élevages dans lesquels le virus a été introduits, 21 régions, 7 stratégies de contrôle). Nous avons ensuite quantifié, pour chaque région, la moyenne et l'écart-type des impacts (dépenses publiques, nombre total d'élevages abattus, pertes à l'export) de chaque simulation. Pour obtenir un impact à l'échelle nationale, nous avons fait l'hypothèse que le risque d'introduction de la FA dans chaque région était proportionnel au nombre d'élevages dans la région. Ces nombres ont été utilisés pour pondérer les moyennes et écarts-types des impacts régionaux. Les stratégies de contrôle optimales ont été identifiées pour chaque impact et pour les deux types de prise de risque des décideurs.

Stratégies optimales au niveau national

Au niveau national, quelle que soit la perception du risque, le décideur souhaitant minimiser les dépenses publiques ou le nombre d'élevages abattus choisissait la stratégie de vaccination préventive (Tableau 2). Les décideurs voulant minimiser les pertes à l'export choisissaient aussi une stratégie basée sur la vaccination : la vaccination suppressive pour les décideurs neutres face au risque et la vaccination préventive sélective pour les décideurs ne voulant pas prendre de risque (Tableau 2). Les pertes à l'export correspondantes étaient, en moyenne, 33 millions d'euros supérieures, soit environ 11 %, pour un décideur ne voulant pas prendre de risque que pour les décideurs ne se positionnant pas face au risque. Cependant, dans 21 % des épizooties simulées (en moyenne au niveau national), les pertes à l'export étaient plus élevées pour les décideurs étant neutres face au risque que pour ceux ne voulant pas prendre de risque.

Stratégies optimales au niveau régional

Choisir des stratégies de contrôle indépendantes dans chaque région par rapport à une mise en œuvre unique au niveau national permet une diminution d'environ 5 % des dépenses publiques, et une réduction très faible de l'écart-type des dépenses publiques (Tableau 2). Aucune diminution significative de la moyenne et de l'écart-type n'a été observée pour le nombre d'élevages abattus. Inversement, une diminution de 10 % a été observée pour les pertes à l'export, à la fois pour la moyenne et pour l'écart-type.

Pour les décideurs ne se positionnant pas face au risque (Figure 1), la stratégie permettant de minimiser les dépenses publiques était toujours fondée sur la vaccination préventive dans les régions de l'ouest, potentiellement en lien avec les densités d'élevages plus élevées dans ces régions. La stratégie sanitaire était suffisante dans les autres régions (sauf la région Centre, où des mesures sélectives étaient optimales). Pour minimiser le nombre d'élevages abattus dans les régions, la stratégie optimale était toujours fondée sur la vaccination d'urgence (Figure 1), sauf dans trois régions pour lesquelles la stratégie sanitaire était meilleure (Ile-de-France, Lorraine, Franche-Comté). Pour minimiser les pertes à l'export, la stratégie optimale était fondée sur l'abattage préventif dans seize des vingt-et-une régions françaises,

avec la vaccination préventive sélective (bovins, porcs reproducteurs) optimale en Basse-Normandie et la vaccination suppressive en Ile-de-France et en Aquitaine (Figure 1). Pour minimiser les dépenses publiques et le nombre d'élevages abattus en régions, la stratégie optimale était différente entre les décideurs neutres face au risque et les décideurs ne voulant pas prendre de risque dans six régions, indiquées par des étoiles dans la Figure 2. Dans ces régions, la vaccination d'urgence était meilleure, qu'elle soit sélective ou non. Finalement, pour minimiser les pertes à l'export, les stratégies fondées sur la vaccination d'urgence étaient plus souvent optimale (cinq régions) pour les décideurs ne voulant pas prendre de risque par rapport aux décideurs neutres face au risque, et les stratégies basées sur l'abattage préventif étaient moins souvent optimales (12 régions sur 21 – Figure 2).

Limites de l'étude

Dans cet article, nous nous sommes limités à l'analyse des impacts indépendamment les uns des autres, alors qu'un décideur pourrait vouloir les prendre en compte en même temps. La prise en compte simultanée des différents impacts a été réalisée dans l'étude de Marsot *et al.* (2014). Plus de détails concernant la variabilité des estimations des impacts et les limites du modèle utilisé sont donnés dans le même article. De plus, les pertes à l'export ont été calculées par une méthode assez simple, ne prenant pas en compte les pertes de production et des autres secteurs économiques ou encore l'acceptabilité des produits d'animaux vaccinés par les marchés. Un modèle économique plus développé pourrait être ajouté pour quantifier plus précisément les pertes à l'export (Backer *et al.*, 2009).

Conclusion

Le choix de la stratégie de contrôle à mettre en œuvre en cas d'épizootie de FA a été analysé en fonction de l'impact considéré (dépenses publiques, nombre d'élevages abattus et pertes à l'export) et de la prise de risque des décideurs (neutralité face au risque ou aversion au risque). Sept stratégies de contrôles réalistes ont été implémentées et comparées pour deux niveaux géographiques : le niveau national, pour lequel la décision était unique à l'échelle du pays, et le niveau régional, pour lequel des stratégies indépendantes étaient prises en fonction des régions concernées.

Le facteur principal influençant le type de stratégie optimale était le type d'impact, avec des effets contraires en fonction du niveau géographique considéré : alors qu'au niveau national, les stratégies optimales étaient fondées sur la vaccination quel que soit l'impact, ce consensus était remplacé par une forte hétérogénéité au niveau régional. En plus de l'effet de l'impact et du niveau géographique, la prise de risque des décideurs entraînait de faibles variations sur la décision optimale. La vaccination était plus souvent utilisée par les décideurs ne voulant pas prendre de risque et l'abattage préventif moins souvent. Cependant, le type de stratégie optimale (vaccination ou abattage préventif) était souvent le même pour les décideurs neutres face au risque et les décideurs ne voulant pas prendre de risque, quel que soit le niveau géographique et l'impact considéré.

Ainsi, en fonction de l'impact à minimiser, les différences régionales devaient être prises en compte pour choisir la stratégie de lutte adaptée contre la FA en France.

Remerciements

Les auteurs remercient les scientifiques et vétérinaires suivants pour leur aide et opinion d'expert : Pascal Hendrikx, Labib Bakkali Kassimi, Yves Leforban, François Moutou, Xavier Rosières, Bernard Toma, Gina Zanella et Stephan Zientara.

Références bibliographiques

Backer, J.A., Bergevoet, R., Hagenaars, T.J., Bondt, N., Nodelijk, G., 2009. Vaccination against Foot-and-Mouth Disease : differentiating strategies and their epidemiological and economic consequences. Rapport 2009-042. Wageningen. UR.

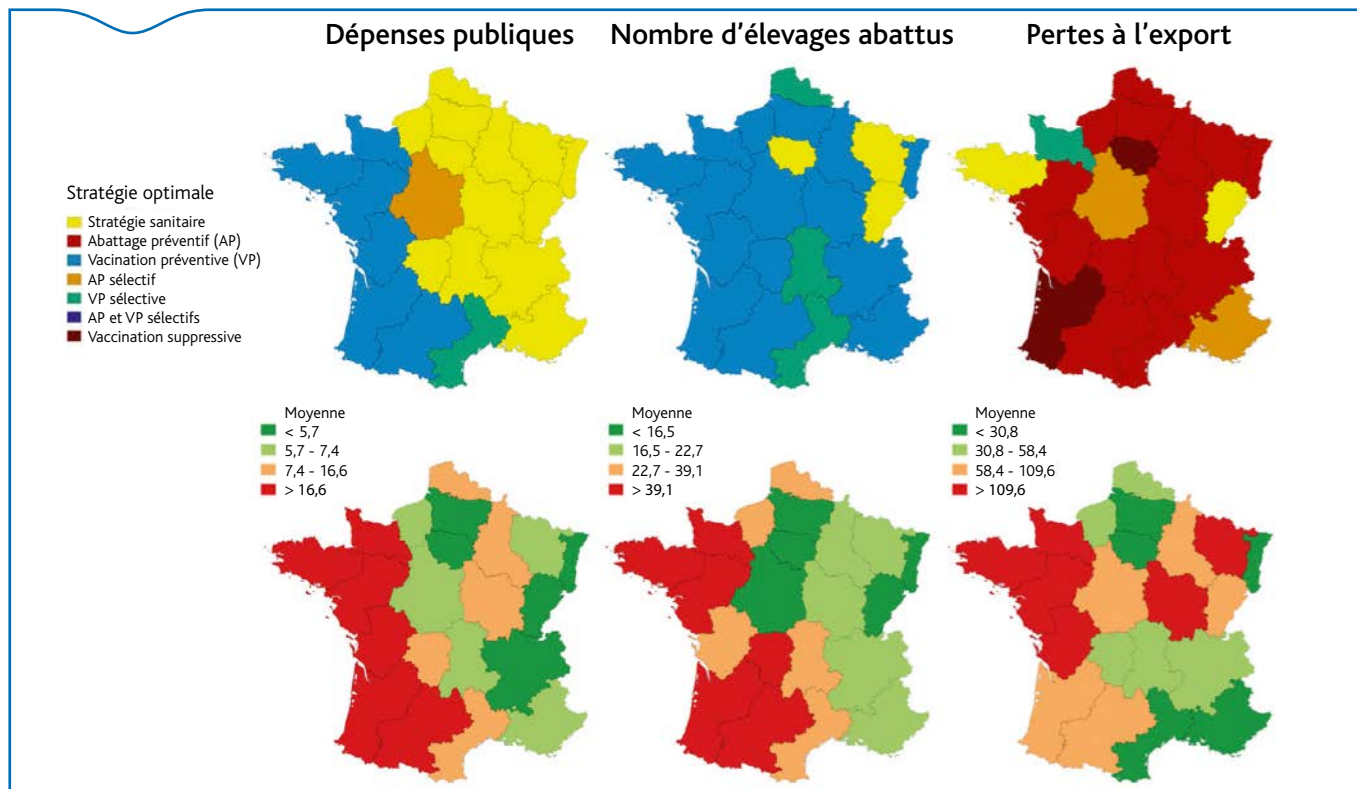


Figure 1. Stratégie optimale régionale pour les décideurs ne se positionnant pas face au risque, et impacts moyens correspondants
Note : les dépenses publiques et les pertes à l'export sont exprimées en millions d'euros. Les limites de classes ont été fixées en utilisant les quantiles des distributions d'impacts.

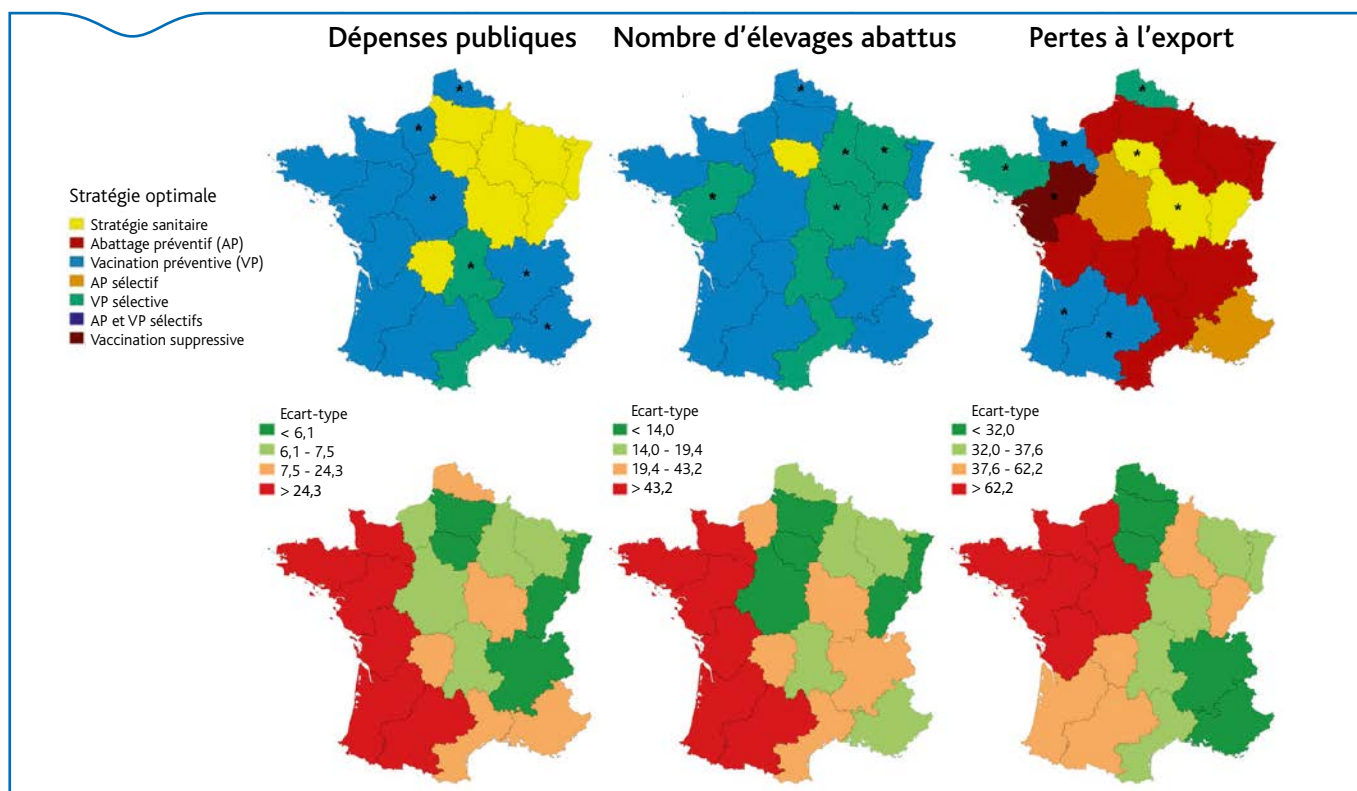


Figure 2. Stratégie optimale régionale pour les décideurs qui ne veulent pas prendre de risque, et écart-type des impacts correspondants
Note : les dépenses publiques et les pertes à l'export sont exprimées en millions d'euros. Les limites de classes ont été fixées en utilisant les quantiles des distributions d'impacts. Les régions pour lesquelles la stratégie optimale est différente entre les décideurs ne se positionnant pas face au risque et les décideurs ne voulant pas prendre de risque sont indiquées par des étoiles.

Green, D.M., Kiss, I.Z., Kao, R.R., 2006. Modelling the initial spread of foot-and-mouth disease through animal movements. *Proc. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.* 273, 2729–2735.

Haydon, D.T., Kao, R.R., Kitching, R.P., 2004. The UK foot-and-mouth disease outbreak - the aftermath. *Nat. Rev. Microbiol.* 2, 675–681. doi:10.1038/nrmicro960

Marsot, M., Rautureau, S., Dufour, B., Durand, B., 2014. Impact of

Stakeholders Influence, Geographic Level and Risk Perception on Strategic Decisions in Simulated Foot and Mouth Disease Epizootics in France. *PLoS ONE* 9, e86323. doi:10.1371/journal.pone.0086323

Tildesley, M.J., Savill, N.J., Shaw, D.J., Deardon, R., Brooks, S.P., Woolhouse, M.E.J., Grenfell, B.T., Keeling, M.J., 2006. Optimal reactive vaccination strategies for a foot-and-mouth outbreak in the UK. *Nature* 440, 83–86. doi:10.1038/nature04324

Erratum

Une erreur vient d'être repérée tardivement dans l'article *L'activité des populations de Culicoides en 2012 et bilan des quatre années du dispositif de surveillance* de T. Balenghien *et al.* du numéro spécial Maladies réglementées émergentes – Bilan 2012, n°59 de décembre 2013.

Le code couleur de la légende de la carte de droite de la Figure 1 était inversé.

Vous trouverez ci-dessous la Figure 1 corrigée. Les versions en ligne du BE 59 ont été corrigées, en français et en anglais.

En vous priant de nous excuser pour cette erreur.

Le rédacteur en chef

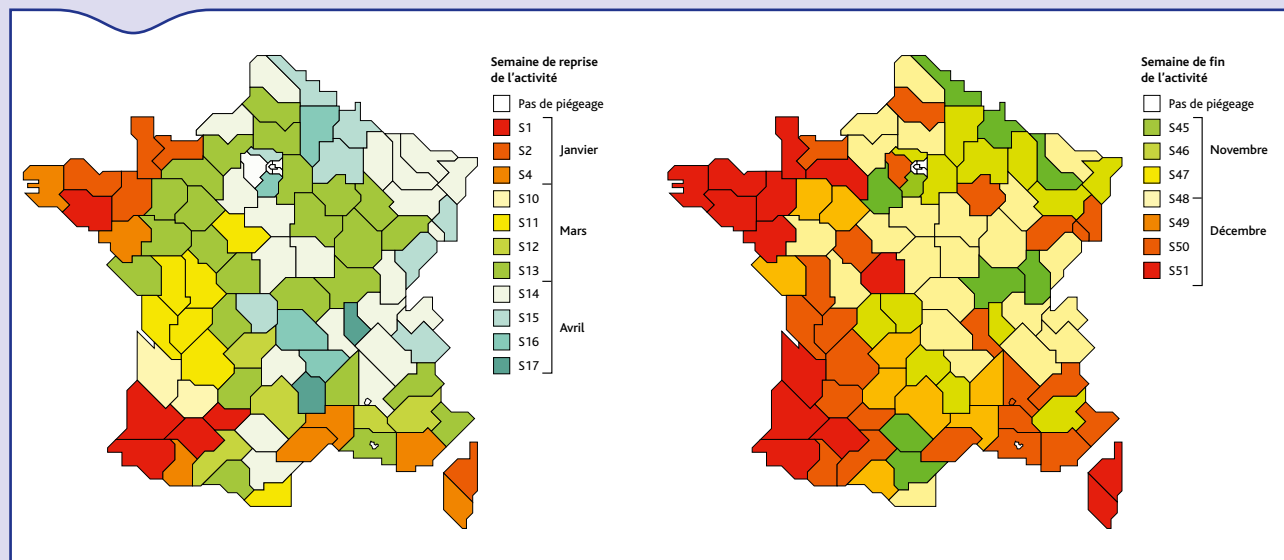


Figure 1. Activité des populations de *Culicoides* en France entre 2009 et 2012

La figure de gauche représente la semaine la plus précoce d'activité observée entre 2009 et 2012 et la figure de droite la plus tardive. L'activité des populations s'entend au sens réglementaire, c'est-à-dire plus de cinq femelles pares/piège/jour.

Directeur de publication: Marc Mortureux
Directeur associé: Patrick Dehaumont
Comité de rédaction: Sandrine Baron, Didier Boisseleau, Anne Brisabois, Corinne Danan, Benoît Durand, Françoise Gauchard, Pascal Hendrikx, Paul Martin, Sylvain Traynard
Rédacteur en chef: Didier Calavas
Rédactrice en chef adjointe: Clara Marcé

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
14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel: bulletin.epidemi@anses.fr
Conception et réalisation: Parimage
Crédits photos: Anses, Fotolia
Impression: Bialec
65 boulevard d'Austrasie - 54000 Nancy
Tirage: 3 500 exemplaires
Dépôt légal à parution/ISSN 1630-8018