

Brève. Fièvre catarrhale ovine à BTV-14 en Europe et en Russie

Short item. BTV-14 outbreaks in Europe

Morgane Dominguez (1)* (morgane.dominguez@anses.fr), Jean-Baptiste Perrin (2)*, Pascal Hendrikx (1)*, Didier Calavas (3)*

(1) Anses, Direction scientifique des laboratoires, Unité de surveillance épidémiologique, Maisons-Alfort, France

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

(3) Anses, Laboratoire de Lyon, France

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

Mots clés: fièvre catarrhale ovine, FCO, ruminants, surveillance, émergence, Plateforme nationale d'épidémiologie en santé animale, France
Key-words: Bluetongue, BTV, ruminants, surveillance, emerging disease, The French Platform for epidemiological surveillance in animal health, France

Cette brève a été publiée en avant-première sur la page internet du *Bulletin épidémiologique* le 14 décembre 2012.

Une infection par le sérotype 14 du virus de la fièvre catarrhale ovine (FCO) a été détectée dans le cadre de la surveillance programmée ou de tests réalisés pour le contrôle des mouvements, chez des bovins qui ne présentaient pas de signe clinique d'infection, en Lettonie, en Pologne et en Espagne chez des animaux importés depuis la Lituanie. Il s'agit de la première notification de ce sérotype en Europe. Des segments de cette souche présentent une forte homologie avec une souche de référence/vaccinale sud-africaine.

Des cas d'infection par le sérotype 14 du virus de la FCO, confirmés par analyse virologique et sérologique, ont été identifiés dans le cadre de la surveillance programmée, en Pologne et en Lettonie, en novembre 2012, chez des animaux qui ne présentaient pas de signe clinique d'infection (Defra, 2012a; Food and Veterinary Service, 2012). A la même période, des cas d'infection par le virus de la FCO (sérotype est en cours d'identification) ont été détectés dans des pays voisins (Estonie et Lituanie) (Defra, 2012a). Quelques mois auparavant, en août 2012, l'infection à BTV-14 avait été détectée en Espagne (confirmation par analyse virologique) chez des animaux importés depuis la Lituanie, qui ne présentaient pas de signe clinique d'infection (Ministerio de Agricultura, Alimentación y medio ambiente, 2012). Le sérotype 14 de la FCO n'avait jamais été notifié auparavant en Europe; cependant, il avait circulé en 2011 dans l'ouest de la Russie (OIE, 2011; Panferova *et al.*, 2012) (Encadré, Figure 1).

Le laboratoire européen de référence (LRUE) pour la FCO de Pirbright (UK), indique que les segments séquencés des souches identifiées en Pologne, en Lettonie, en Russie et en Espagne présentent une forte homologie avec une souche de référence utilisée dans un vaccin à virus vivant atténué produit par Onderstepoort en Afrique du Sud, et dont l'usage est interdit en Europe (Defra, 2012b).

Les informations disponibles sur la situation actuelle de la FCO à BTV-14 en Europe sont synthétisées dans l'Encadré et sur la Figure 1.

Encadré. Bilan de la situation de la FCO à BTV-14 (et de la FCO à sérotype non encore identifié) en Europe et en Russie, d'après les informations disponibles au 9 décembre 2012

Russie, décembre 2011, BTV-14

Des cas bovins, ovins et caprins d'infection par le sérotype 14 du virus de la FCO ont été confirmés par analyse sérologique et virologique, dans la Région de Smolenskaya, dans l'ouest du territoire (OIE, 2011; Panferova *et al.*, 2012).

Espagne, octobre 2012, BTV-14

Des cas bovins d'infection par le sérotype 14 du virus de la FCO ont été confirmés par analyse sérologique et virologique, dans trois élevages situés en Catalogne et en Castille-et-León, à partir de prélèvements réalisés sur des animaux importés en août 2012, en provenance de Lituanie, qui ne présentaient pas de signes cliniques de l'infection. Aucun cas autochtone de FCO à BTV-14 et aucune circulation locale du virus BTV-14 n'ont été mis en évidence (Ministerio de Agricultura, Alimentación y medio ambiente, 2012).

Lettonie, novembre 2012, FCO, BTV-14

Une augmentation du nombre de cas d'infection par le virus FCO a été identifiée chez les bovins en septembre 2012, dans le cadre de la surveillance programmée. En novembre, le sérotype 14 a été identifié comme étant en cause. Les élevages atteints sont dispersés sur le territoire. Aucun signe clinique n'a été rapporté chez les animaux infectés. Des segments de cette souche présentent une très forte homologie avec une souche de référence/vaccinale sud-africaine (Defra, 2012a; Defra 2012b; PVD, 2012).

Lituanie, novembre 2012, FCO, sérotypage en cours

En novembre 2012, des ruminants dans la région d'origine des animaux infectés qui avaient été introduits en Espagne en août, ont été testés pour la FCO. Des résultats positifs en analyse sérologique ont été obtenus chez des bovins. Des prélèvements sont en cours d'analyse au LRUE de Pirbright pour sérotypage. Les animaux concernés ne présentaient pas de signe clinique (Defra, 2012a).

Pologne, novembre 2012. Cas d'infection de FCO à BTV-14

Des cas bovins d'infection par le virus BTV-14 ont été confirmés par analyse virologique, dans trois élevages de la région de Podlaskie dans l'est du territoire. Les animaux infectés ne présentaient pas de signe clinique. Des segments de cette souche présentent une très forte homologie avec une souche de référence/vaccinale sud-africaine (Defra, 2012a; Defra 2012b).

Estonie, novembre 2012. Cas confirmés de FCO – sérotypage en cours

Un cas bovin d'infection par le virus de la FCO, confirmé par analyse virologique, a été notifié dans la région de Saare, une île de la mer Baltique. Le prélèvement a été envoyé pour sérotypage au LRUE de Pirbright (Defra, 2012a).

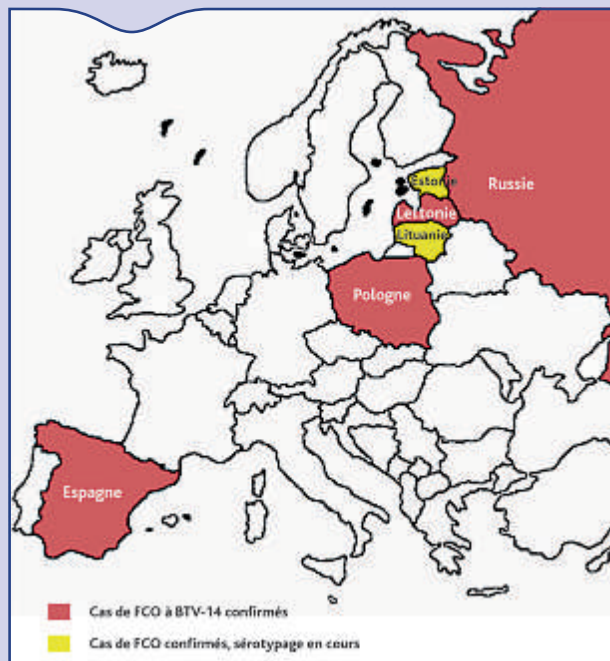


Figure 1. Situation de la FCO à BTV-14 (et de la FCO à sérotype non encore identifié) en Europe et en Russie, d'après les informations disponibles au 9 décembre 2012

L'homologie entre les différentes souches de virus BTV-14 identifiées en Russie, en Espagne, en Pologne et en Lettonie indique qu'elles dérivent d'une source commune. À l'exception des cas non autochtones identifiés Espagne, aucun lien épidémiologique (comme des échanges d'animaux) entre les élevages contaminés par le virus BTV-14 dans les différents pays n'a été mis en évidence. La diffusion du virus BTV-14 pourrait résulter d'une transmission par voie vectorielle ou de l'utilisation de vaccins (l'utilisation de vaccin vivant à virus atténué n'est pas autorisée en Europe).

En novembre 2008, des cas bovins de FCO à BTV-11 non exprimée cliniquement avaient été détectés en Belgique; la souche en cause présentait une forte homologie avec la souche de référence BTV-11 sud-africaine (Federal Agency for the Safety of the Food Chain, 2009). En octobre et novembre 2008, des cas bovins de FCO à BTV-6, pas ou peu exprimée cliniquement, avaient été identifiés aux Pays-Bas et en Allemagne; la souche en cause présentait une forte homologie avec la souche de référence BTV-6 sud-africaine (Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection, 2009; Landbouw, natuur en voedselkwaliteit, 2009). L'origine de cette introduction virale n'avait pas été identifiée, cependant, l'hypothèse d'une introduction liée à une utilisation illégale du vaccin produit par Onderstepoort, acquis légalement en Afrique du Sud, avait été retenue comme plausible (Landbouw, natuur en voedselkwaliteit, 2009).

Les informations sur les développements de la situation de la FCO à BTV-14 en Europe seront tenues à jour sur le site Internet de la Plateforme nationale d'épidémiologie en santé animale <http://www.survepi.org>.

Références bibliographiques

Defra (2012a) Bluetongue virus in Estonia, Latvia, Lithuania and Poland, preliminary outbreak assessment, 28 November 2012 <http://www.defra.gov.uk/animal-diseases/files/poa-btv-20121128.pdf>.

Defra (2012b) Vaccine strain BTV-14 in Latvia and Poland, update outbreak assessment, 30 November 2012 <http://www.defra.gov.uk/animal-diseases/files/poa-btv14-20121130.pdf>.

Federal Agency for the Safety of the Food Chain (2009) Report on the occurrence of a BTV11 strain in Belgium http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/docs/BT_belgium_report.pdf.

Federal Ministry of Food, Agriculture and Consumer Protection (2009) Bluetongue update on the situation in the Federal Republic of Germany. Committee on the Food Chain and Animal Health, Brussels, 04/03/2009 http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/docs/BT_germany_report.pdf.

Food and Veterinary Service (Partikas un Veterinarais Dienests) (2012) Bluetongue situation in Latvia. Committee on the Food Chain and Animal Health, Brussels, 04/12/2012 http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal_health/presentations/04122012_bluetongue_latvia%20.pdf

Landbouw, natuur en voedselkwaliteit (2009) Epidemiological report BTV 6 in the Netherlands. 10p http://ec.europa.eu/food/animal/diseases/controlmeasures/docs/epidemiological_report_en.pdf.

Ministerio de Agricultura, Alimentación y medio ambiente (2012) BTV-14 detection on consignments coming from intra-community trade. Committee on the Food Chain and Animal Health, Brussels, 04/12/2012 http://ec.europa.eu/food/committees/regulatory/scfcah/animal_health/presentations/04122012_bluetongue_spain.pdf.

OIE (2011) Bluetongue in Russia: Immediate notification report 30/12/2011 Report N° 11439 http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Reviewreport/Review?reportid=11439.

Panferova A, Koltsov A, Novikova M, Tsybanov S, Kolbasov D. (2012) Detection of Bluetongue outbreak in Smolensk region of Russia in 2011. Abstracts of the 6th Annual Meeting Epizone 12-14 June 2012, Brighton, United Kingdom http://www.epizone-eu.net/media/23365/6th%20EPIZONE%20Viruses%20on%20the%20Move%20Abstracts%20Booklet_July%202012b%20.pdf.

Brève. Détection chez des chauves-souris européennes et africaines de nouveaux coronavirus proches du Bétacoronavirus humain 2cEMC/2012

Short item. Detection in European and African bats of new coronaviruses closely related to human 2cEMC/2012

Elodie Monchatre-Leroy (1) (elodie.monchatre-leroy@anses.fr), Astrid Vabret (2), François Moutou (3)

(1) Anses, Laboratoire de la rage et de la faune sauvage de Nancy, Malzéville, France.

(2) Université de Caen Basse-Normandie, EA 4655, Unité de recherche Risques microbiens, Caen, France

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

Mots clés: Coronavirus, chauves-souris, lien génétique

Key-words: Coronavirus, bats, genetic relatedness

Cette brève a été publiée en avant-première sur la page internet du *Bulletin épidémiologique* le 2 février 2013.

En septembre 2012, un nouveau coronavirus est isolé au Moyen-Orient d'un patient présentant une symptomatologie respiratoire évoquant le SRAS (Syndrome respiratoire aigu sévère). Ce patient décèdera d'une insuffisance rénale aiguë. Depuis cette date, huit autres cas humains ont été confirmés dont quatre décès tous en rapport avec le Moyen-Orient. Cet épisode a été suivi de près par les autorités internationales de santé publique qui gardaient en mémoire l'épisode du SRAS de 2002-2003. Si les signes cliniques observés ici et dans le cas du SRAS sont similaires, les deux virus sont différents. Le nouveau coronavirus appelé EMC/2012 fait partie des bêtacoronavirus 2c alors que celui du SRAS est un bêtacoronavirus 2b. Les coronavirus ont été récemment reconsidérés et sont maintenant classés en quatre genres; alpha, bêta (de bêta-a à bêta-d), delta et gamma-coronavirus.

Les bêtacoronavirus 2c ne comprennent à ce jour que des virus de chauves-souris: le *Tylonycteris* bat coronavirus HKU4 et le

Pipistrellus bat coronavirus HKU5. Aussi et sachant que les réservoirs vraisemblables du SRAS en Asie sont des chauves-souris de la famille des rhinolophidés, une étude récente (Annan *et al.*, 2013) a recherché la présence de l'ARN viral de coronavirus 2c dans des prélèvements fécaux (guano) effectués sur différentes espèces de chauves-souris au Ghana (dont *Nycteris gambiensis*) et sur des Pipistrelles européennes (*Pipistrellus kuhlii*, *P. pipistrellus*, *P. nathusii* et *P. pygmaeus*). Dans 15 % (n = 272) des échantillons fécaux testés des Pipistrelles européennes et 25 % (n = 185) des Nyctères africaines, des coronavirus 2c inconnus à ce jour ont été mis en évidence. Il a été montré plus de 98 % d'identité nucléotidique sur une séquence de 816 paires de bases dans le gène de l'ARN-polymérase ARN dépendante entre le virus isolé chez une Pipistrelle commune (*P. pipistrellus*) et le virus EMC/2012.

La détection chez des chauves-souris européennes et africaines d'ARN viral d'un bêtacoronavirus proche génétiquement de la nouvelle