

## **Hypothèse sur la réémergence du virus BTV-8 en 2015 en France**

Zientara Stéphan, Sailleau Corinne, Postic Lydie, Caignard Grégory, Fablet Aurore, Vitour Damien, Bréard Emmanuel

Le virus de la fièvre catarrhale du mouton de sérotype 8 (BTV-8), un arbovirus transmis par des moucherons piqueurs, a émergé en Europe du nord en 2006, se propageant à la plupart des pays européens jusqu'en 2010. Bien que l'épizootie ait été maîtrisée avec succès par la vaccination au début de 2010, la souche BTV-8 a réémergé en France en 2015, déclenchant une deuxième épizootie qui se poursuit encore aujourd'hui. L'origine de cette souche et le mécanisme de sa réémergence étaient inconnus.

Dans cette étude conduite en collaboration avec des partenaires européens, nous avons effectué des analyses phylogénétiques de 164 génomes complets de virus BTV-8 séquencés directement à partir de prélèvements de sang de ruminants naturellement infectés lors des deux épizooties de 2006 à 2010 et de 2015 à 2018.

L'étude montre une évolution génétique constante et linéaire du virus lors de chaque épizootie, qui reflète la vitesse moyenne à laquelle le virus BTV-8 accumule les mutations. Or, la séquence de la souche à l'origine de la vague de 2015 est la même que celle d'un virus de la première vague (2006-2010), qui a brusquement interrompu son évolution autour de mars 2008. L'utilisation, dite en monte privée, de semence contaminée et conservée pendant des années pour l'insémination de cheptels bovins, pourrait expliquer la réémergence du BTV-8 en 2015.

## **Hypothesis on the re-emergence of BTV-8 in 2015 in France**

Zientara Stéphan, Sailleau Corinne, Postic Lydie, Caignard Grégory, Fablet Aurore, Vitour Damien, Bréard Emmanuel

*Bluetongue virus serotype 8 (BTV-8), a midge-transmitted arbovirus, emerged in northern Europe in 2006 and spread to most European countries until 2010. Although the outbreak was successfully controlled by vaccination in early 2010, the BTV-8 strain re-emerged in France in 2015, triggering a second epizootic that continues today. The origin of this virus and the mechanism of its re-emergence were unknown.*

*In this study and in collaboration with European partners, we performed phylogenetic analyses of 164 complete BTV-8 genomes sequenced directly from blood samples of naturally infected ruminants during the two epizootics from 2006 to 2010 and from 2015 to 2018.*

*A consistent and linear genetic evolution of the virus is demonstrated during each epizootic and reflects the average rate at which BTV-8 accumulates mutations. However, the sequence of the strain at the origin of the 2015 wave is similar to a virus from the first wave (2006-2010), which abruptly interrupted its evolution around March 2008. The use of contaminated semen, kept during several years, for insemination of cattle herds, so-called private breeding, could explain the re-emergence of BTV8 in 2015.*