RÉINTRODUCTION DE LA FIÈVRE CATARRHALE OVINE EN CORSE EN 2013 *

Corinne Sailleau[1], **Cyril Viarouge**[1], **Émmanuel Bréard**[1], **Thomas Clément**[2], **Jean Baptiste Perrin**[3], **Philippe Chhor**[4], **Morgane Dominguez**[4] et **Stéphan Zientara**[1]

RÉSUMÉ

Entre 2000 et 2004, la Corse a été infectée par trois sérotypes du virus de la fièvre catarrhale ovine (FCO) : le sérotype 2 en 2000 et 2001 ; le sérotype 4 en 2003 et 2004 et également le sérotype 16 cette même année. Depuis 2006, aucune suspicion clinique n'avait été rapportée. Le 2 septembre 2013, des signes cliniques évocateurs de la maladie ont été observés dans deux élevages ovins dans le sud de l'île. Le diagnostic de laboratoire a permis de confirmer la présence du sérotype 1 du virus de la FCO. Le virus s'est ensuite rapidement propagé à l'ensemble de l'île. Les comparaisons de séquences nucléotidiques de la souche isolée ont permis de conclure qu'elle était très proche de la souche BTV-1 qui a circulé dans le bassin méditerranéen et en Sardaigne en 2012. Cet article dresse un bilan de cette épizootie.

Mots-clés : fièvre catarrhale ovine, orbivirus, émergence, Corse.

SUMMARY

Between 2000 and 2004, the Corsica Island was exposed to the emergence of three different BTV serotypes: serotype 2 in 2000 and 2001, serotype 4 in 2003 and serotype 4 and 16 in 2004. Between 2005 and August 2013, no outbreak was reported in Corsica. In early September 2013, sheep located in the south of the island showed signs suggestive of BTV. Laboratory investigations identified the virus as BTV serotype 1. The virus spread rapidly over the whole Island. The nucleotide sequences of this new strain were closely related to those of the BTV-1 strain circulating in the Mediterranean basin and in Sardinia in 2012. This paper provides an overview of this outbreak

Keywords: Bluetongue, Emergence, Orbivirus, Corsica.

---

* Texte de la communication orale présentée au cours de la Journée scientifique AEEMA, 19 mars 2014

[1] ANSES-UMR virologie 1161, 23 avenue du général de Gaulle, 94700 Maisons-Alfort, France
[2] Direction régionale de l'alimentation et de l'agriculture de Corse, 8 cours Napoléon, BP 309, 20176 Ajaccio, France
[3] Direction générale de l'alimentation, Bureau de la santé animale, 251 rue de Vaugirard, 75732 Paris Cedex 15, France
[4] ANSES-Unité SURVEPI, Direction des laboratoires, 94700 Maisons-Alfort, France

I - INTRODUCTION

Le virus de la fièvre catarrhale ovine (virus FCO ou *bluetongue virus* - BTV) appartient à la famille des *Reoviridae* et au genre Orbivirus [Verwoerd et Erasmus, 2004]. Ce virus est transmis aux ruminants domestiques ou sauvages par des piqures de moucherons du genre *Culicoïdes.*

Le génome de ce virus, composé de 10 segments d'ARN double brin, code sept protéines structurales (VP1 à VP7) réparties en deux capsides [Roy, 2005] et cinq protéines non structurales (NS1 à NS4, NS3A). La protéine VP2, constituant majeur de la capside externe, est exposée à la surface de la particule virale. Elle est l'antigène spécifique déterminant le sérotype. De ce fait, le segment d'ARN 2, qui code cette protéine, constitue la cible privilégiée pour effectuer des études de variabilité génétique entre différents sérotypes. Actuellement, 26 sérotypes du virus de la FCO ont été identifiés [Maan *et al.*, 2011].

Six ans après l'émergence de la fièvre catarrhale ovine en Europe du nord et en France continentale (sérotypes 8 et 1), l'ensemble des pays de cette zone a recouvré un statut indemne. La France continentale a été déclarée indemne le 14 décembre 2012. La Corse est restée quant-à elle, en zone de protection vis-à-vis des sérotypes 1, 2, 4, 8 et 16, en raison de résultats analytiques non concluants. Quelques pays du pourtour méditerranéen (Espagne Portugal, Italie, Turquie) ont en revanche, cette même année, déclaré des foyers.

Début septembre 2013, des signes cliniques évocateurs de la FCO ont été rapportés dans trois élevages ovins du sud de la Corse. Très rapidement, le virus (sérotype 1) s'est propagé à l'ensemble de l'ile. Dans cet article, nous nous proposons de faire le bilan de cette épizootie, de présenter les résultats d'épidémiologie moléculaire relatifs à la souche virale sauvage ainsi que de décrire les mesures de lutte mises en œuvre.

II - HISTORIQUE DE LA FIÈVRE CATARRHALE OVINE EN CORSE

1. LES ÉPIZOOTIES

La FCO a été identifiée pour la première fois en Corse en 2000 avec l'introduction du sérotype 2, très probablement depuis la Sardaigne [Zientara *et al.*, 2002]. Quarante-neuf troupeaux de moutons avaient été infectés en 2000, puis 335 en 2001. Deux campagnes de vaccination généralisée des ovins (vaccin atténué) ont permis de contrôler l'épizootie [Gerbier *et al.*, 2008]. En 2003, l'introduction du sérotype 4 avait provoqué dix-sept foyers, conduisant à une nouvelle campagne de vaccination menée au cours de l'hiver 2003-2004. En 2004, un nouveau sérotype, le 16, a été détecté. Un total de 39 foyers (sérotypes 4 et 16) a été enregistré en 2004 avec une prédominance de foyers dus au sérotype 16. Le séquençage du sérotype 16 a montré une forte identité avec le vaccin homologue atténué, confirmant une transmission vectorielle de cette souche vaccinale mal atténuée [Monaco *et al.,* 2006]. Depuis ces épisodes, aucun foyer clinique n'avait été notifié en Corse.

2. LA SURVEILLANCE PROGRAMMÉE

2.1. DE 2005 À 2013

Pendant cette période, des prélèvements de sang, réalisés sur des veaux âgés de six à 12 mois, envoyés à l'abattoir (note de service DGAL/SDSPA/N2005-8050) ont fait l'objet d'analyses sérologiques (ELISA) par les laboratoires vétérinaires départementaux (LVD). Les prélèvements positifs étaient transmis au CIRAD (laboratoire national de référence (LNR) pour la sérologie FCO) pour une confirmation et un typage des anticorps par séroneutralisation. Le LNR de virologie ANSES réalisait alors une recherche du génome viral par RT-PCR sur les sangs des animaux confirmés séropositifs par le CIRAD.

Les résultats de ces analyses ont permis de montrer que certains animaux possédaient des anticorps dirigés contre les sérotypes 1, 2, 4, 8 et 16 et que 2,7 % de ces prélèvements, testés en PCR, étaient positifs avec cependant des charges virales très faibles. Ces résultats n'ont pas permis

de conclure à une circulation virale. La Corse est cependant restée en zone de surveillance pour les sérotypes 1, 2, 4, 8 et 16.

2.2. À PARTIR DE JUILLET 2013

En raison des difficultés d'interprétation des résultats sérologiques de la surveillance programmée, il a été décidé dans le cadre de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA) de faire évoluer le plan vers une surveillance virologique par PCR, calquée sur celle menée en France continentale entre 2009 et 2012. Ainsi, au cours des mois de juillet et aout 2013, 253 jeunes bovins (soit 60 par département/mois) prélevés et analysés au LNR ANSES se sont avérés négatifs.

III - L'ÉPIZOOTIE 2013

Le 2 septembre 2013, des signes cliniques évocateurs de fièvre catarrhale ovine ont été signalés dans deux troupeaux de moutons situés dans le sud de la Corse, près de Bonifacio. Ces suspicions ont été confirmées le 5 septembre par le LNR virologie (Anses Maisons-Alfort), qui a mis en évidence la présence du sérotype 1.

1. LE DIAGNOSTIC DE LABORATOIRE

1.1. LA RT-PCR

Des prélèvements de sang ou prélèvements nécropsiques ont été réalisés sur les animaux malades (avec un maximum de cinq par élevage). Dans un premier temps, une RT-PCR en temps-réel spécifique du groupe FCO a été réalisée à l'aide de la trousse commerciale (ADI-352, AES). Les prélèvements positifs ont ensuite fait l'objet d'une seconde RT-PCR en temps réel pour le génotypage (LSI VetMAX™ European BTV Typing - LifeTechnologies, Lissieu, France). Les RT-PCR de génotypage étaient conduites en première intention vis-à-vis du sérotype 1, et un échantillon aléatoire de prélèvements était par ailleurs testé pour d'autres sérotypes, pour identifier d'éventuelles coinfections.

Au 3 mars, soit 6 mois après les premiers cas, le laboratoire avait reçu et analysé 1 154 prélèvements dont 615 (53,2 %) se sont avérés positifs en RT-PCR.

1.2. L'ISOLEMENT VIRAL

L'isolement viral a été réalisé par inoculation des sangs positifs en RT-PCR FCO sur cellules KC (cellules de *Culicoides variipennis*). Après un contact de 7 jours à 28°C, les cellules sont lysées par un cycle de congélation/décongélation puis inoculées à des cellules BHK 21. Les surnageants de cultures de cellules présentant un effet cytopathique ont ensuite été analysés par RT-PCR de groupe FCO afin de confirmer la présence de virus et leur appartenance au groupe FCO. Un génotypage par RT-PCR a ensuite permis de confirmer l'appartenance des isolats au sérotype 1.

Quatorze isolats ont pu être ainsi obtenus à partir des trois premiers élevages infectés.

1.3. SÉQUENCES NUCLÉOTIDIQUES DE LA SOUCHE CORSE 2013

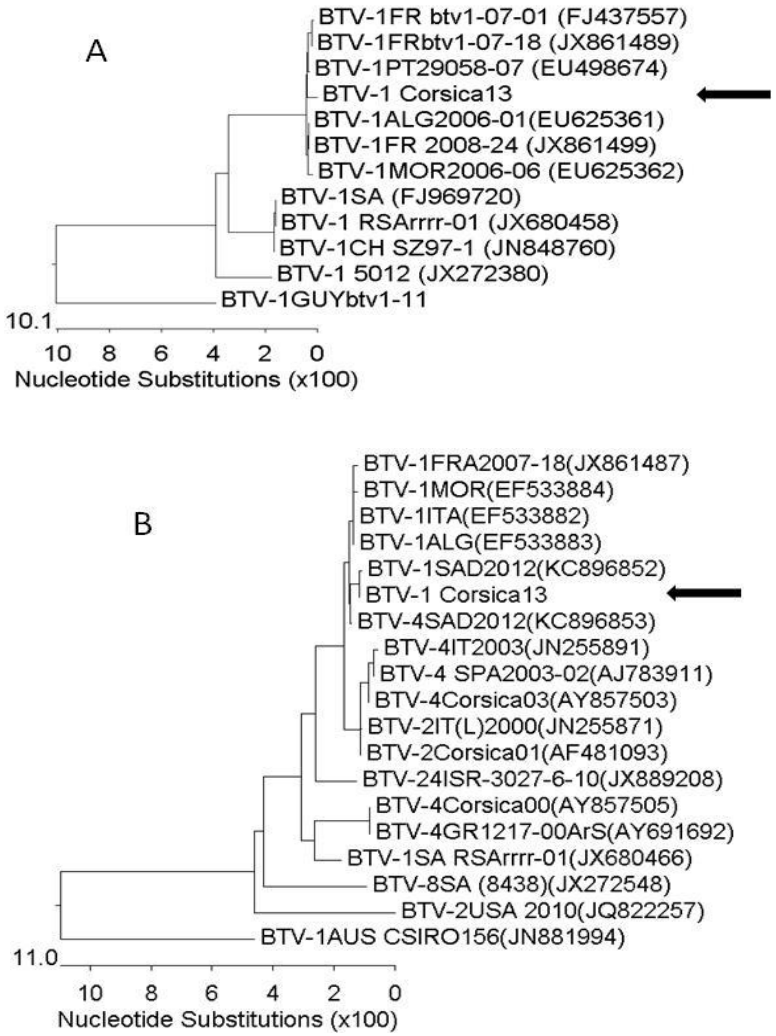
Les séquences nucléotidiques des segments génomiques codant les protéines VP2, NS2, VP6 et NS3 (Segment 2, 8, 9 et 10) ont été déterminées par séquençage (MWG Eurofins) et comparées à celles présentes dans les banques de données (BLASTN 2.2.28 - NCBI).

Ainsi, les segments codant les protéines VP2, NS2 and VP6 ont montré plus de 99 % de similitude avec les gènes homologues des souches BTV-1 qui ont récemment circulé en Europe et dans le bassin méditerranéen. Le segment 10 a montré 100 % d'identité avec les isolats récents de Sardaigne (BTV1 SAD2012 - KC896852) [Sailleau *et al*., 2014 ; Lorusso *et al*., 2013] (figure 1).

Figure 1

Dendrogramme montrant les relations génétiques entre BTV-1 (Souche Corse) et les autres souches BTV disponibles sur GenBank.

Segment 2 (A) et segment 10 (B) N° accession GenBank sont indiqués entre parenthèses.



2. DONNÉES ÉPIDÉMIOLOGIQUES

2.1. ÉVOLUTION DE LA MALADIE

Le nombre de foyers confirmés a fortement augmenté au cours du mois de septembre dans les deux départements, puis de façon plus modéré jusqu'à la fin de l'année. On constate une stabilisation en ce début d'année 2014 (figure 2). Au 7 mars 2014, 169 foyers (80 en Corse du Sud et 89 en Haute Corse) dont 134 foyers ovins, 26 foyers caprins et 9 foyers bovins ont été déclarés.

Même si les ovins ont été majoritairement touchés par la maladie, les déclarations d'infection ont été plus nombreuses sur les caprins depuis le début de l'année 2014 (figure 3). Ce phénomène peut être expliqué par l'augmentation des demandes de diagnostic FCO sur cette espèce en raison d'une recrudescence de pathologies diverses. La prudence s'impose quant au lien entre la présence du génome viral et les symptômes observés dans cette espèce.

Figure 2

Nombre cumulé d'élevages mis sous APDI

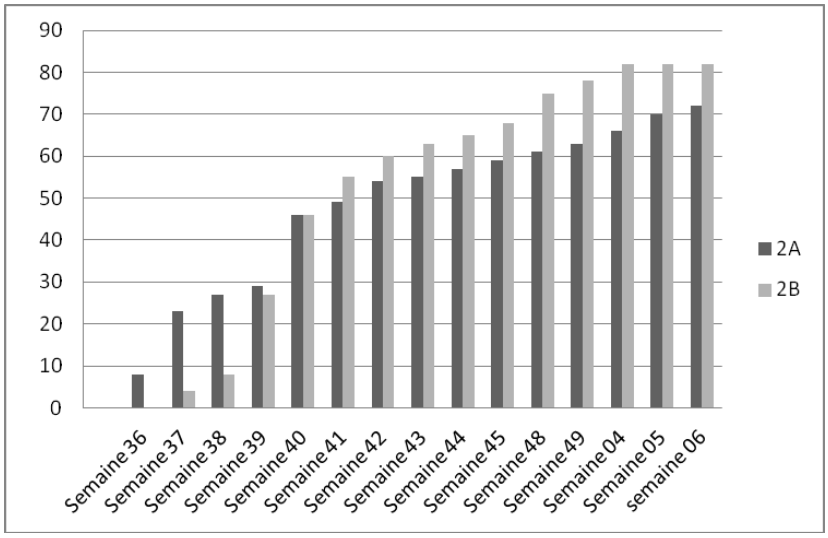
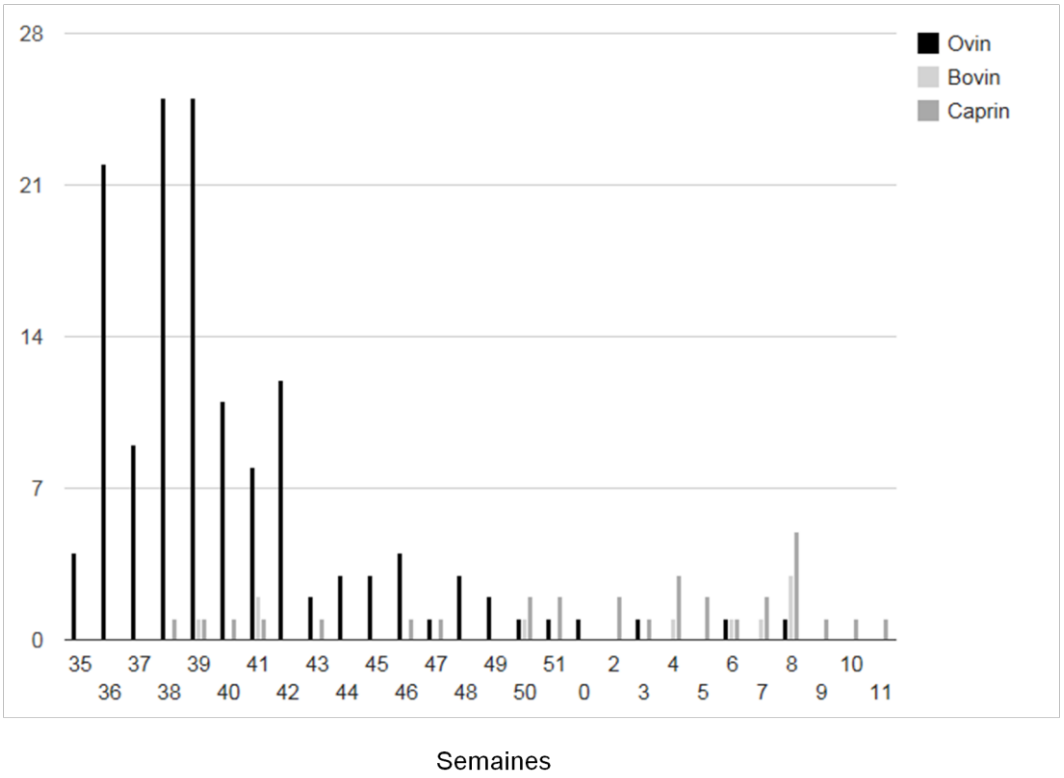


Figure 3

Nombre de foyers par espèce et par semaine



2.2. Morbidité et mortalité

Les taux de morbidité et de mortalité estimés à partir des fiches de notification, sont très variables selon les élevages (tableau 1). L'une des causes de cette variabilité peut être le délai entre l'apparition des symptômes et la notification de la maladie, qui était en moyenne de 4,8 jours, mais variait de 0 à 27 jours [Perrin *et al.*, 2013]. De fortes variations de l'impact clinique selon les cheptels avaient déjà été observées lors de l'épizootie due au sérotype 4 de la FCO en 2003 en Corse [Gerbier *et al.*, 2008].

Tableau 1

Taux de morbidité et de mortalité calculés à partir des fiches de notification (min-max)

Espèces	Nombre d'élevages	Morbidité	Mortalité
Ovins *	28	12,4 % (0,2-62,5)	1,9 % (0-20)
Bovins	6	15,1 % (2-29,4)	3,1 % (0-7,7)
Caprins	20	10,5 % (0,5-23,5)	4,4 % (0-35)

*données issues d'une étude réalisée par le FRGDS Corse

3. LA VACCINATION

Une campagne de vaccination généralisée, obligatoire et prise en charge par l'État, a été lancée afin d'enrayer la propagation du virus (Arrêté du 26 novembre 2013). Cette campagne, d'une durée de six mois concernait les espèces bovine, ovine et caprine. Deux vaccins bivalents (« BTVPUR Alsap 1-8 » de Merial et « Primun Bluetogue S1-8 one shot » de Calier) ont été utilisés depuis le mois d'octobre. Le tableau 2 présente le pourcentage d'animaux vaccinés par département et par espèce au 14 mars 2014.

Tableau 2
Pourcentage d'animaux vaccinés dans les deux départements corses

	Ovins	Caprins	Bovins
2A	44	19	35
2B	44	6	12

IV - CONCLUSION

La suspicion d'incursion du virus de la FCO sérotype 1 en Corse a pu être confirmée très rapidement. En effet, les techniques de diagnostic sont aujourd'hui particulièrement performantes tant sur le plan de la sensibilité et de la spécificité que sur le plan de la rapidité. En 2000 lors de la première épizootie à BTV-2, le sérotype n'a été identifié que trois semaines après la première notification alors que deux jours ont été nécessaires au mois de septembre dernier.

Les résultats d'épidémiologie moléculaire ont confirmé l'hypothèse selon laquelle la souche responsable de cette épizootie provenait de Sardaigne. Cette introduction a pu se produire soit par le transport passif de *culicoïdes* infectés par le vent (14 kms seulement séparent les deux îles), soit par l'introduction d'un animal infecté depuis la Sardaigne vers la Corse. En 2012, la Sardaigne a déclaré 329 foyers dus aux sérotypes 1 et 4 (14 826 animaux ont été touchés dont 9 238 sont morts)

[Lorusso *et al.*, 2013]. En 2013, dès le mois de juillet, des premiers cas ont été rapportés sur l'ile Sarde pour atteindre 5 133 foyers en décembre. La résurgence de la maladie en Sardaigne ces dernières années et le nombre important de cas sont la conséquence d'une vaccination peu suivie sur le terrain.

Concernant le risque d'introduction du BTV-1 en France continentale à partir de la Corse, la probabilité a été estimée de « faible » à « assez élevée » (avis 2013-SA-0173 du 13 septembre 2013). Ce scénario n'a jamais eu lieu au cours des épizooties qu'a connues la Corse entre 2000 et 2004. Cependant, des mesures de surveillance renforcée sur les départements du pourtour méditerranéen pourraient être mises en place.

Ce dernier épisode de FCO sur l'île démontre combien il serait important d'optimiser les efforts de lutte contre la maladie en renforçant les liens avec les services vétérinaires sardes et italiens pour un meilleur partage des informations et une coordination des actions de prophylaxie.

BIBLIOGRAPHIE

Gerbier G., Biteau-Coroller F., Grillet C., Parodi J., Zientara S., Baldet T., Guis H., F. Roger F. - Description of the outbreak of bluetongue in Corsica in 2003, and lessons for surveillance. *Veterinary Record.,* 2008, **162**, 173-176.

Lorusso A., Sghaier S., Carvelli A., Di Gennaro A., Leone A., Marini V., Pelini S., Marcacci M., Rocchigiani A.M., Puggioni G. et Savini G. - Bluetongue virus serotypes 1 and 4 in Sardinia during autumn 2012: New incursions or re-infection with old strains? *Infection, Genetics and Evolution,* 2013, **19**, 81-87.

Maan N.S., Maan S., Belaganahalli M.N., Ostlund E.N., Johnson D.J., Nomikou K. et Mertens P.P. - Identification and differentiation of the twenty six bluetongue virus serotypes by RT-PCR amplification of the serotype-specific genome segment 2. *PLoS ONE,* 2012, **7**, e32601.

Monaco F., Cammà C., Serini S. et Savini G. - Differentiation between field and vaccine strain of bluetongue virus serotype 16. *Veterinary Microbiology,* 2006, **116**, 45-52.

Perrin J.B., Gallois M., Sailleau C., Bréard E., Viarouge C., Clément T., Guis H., Dominguez M., Hendrikx P., Zientara S., Calavas D. - Surveillance et lutte contre l'épizootie 2013 de fièvre catarrhale ovine de sérotype 1 en Corse. *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation*, 2013., **60**, 8-11.

Roy P. - Bluetongue Virus Proteins And Particles And Their Role In Virus Entry, Assembly, And Release. *Adv. Virus Res*., 2005, **64**, 69-123.

Sailleau C., Viarouge C., Breard E., Perrin J.B., Doceul V., Vitour D., Zientara S. - Emergence of Bluetongue Virus Serotype 1 in French Corsica Island in September 2013. *Transbound Emerg Dis*., 2014 Jan 24. doi: 10.1111/tbed.12207. [Epub ahead of print] PMID: 24456375 [PubMed - as supplied by publisher].

Verwoerd D., Erasmus B.J. - Bluetongue. *Infectious diseases of livestock 2nd ed*, 2004, 1201-1220.

Zientara S., Sailleau C., Dauphin G., Roquier C., Rémond E.M., Lebreton F., Hammoumi S., Dubois E., Agier C., Merle G., Bréard E. - Identification of bluetongue virus serotype 2 (Corsican strain) by reverse-transcriptase PCR reaction analysis of segment 2 of the genome. *Veterinary Record,* 2002, **150**, 598-601.