

Arboviroses émergentes : fièvre West Nile, fièvre catarrhale ovine et virus Schmallenberg

Stéphan Zientara, Cécile Beck, Sylvie Lecollinet

▶ **To cite this version:**

Stéphan Zientara, Cécile Beck, Sylvie Lecollinet. Arboviroses émergentes : fièvre West Nile, fièvre catarrhale ovine et virus Schmallenberg. Bulletin de l'Académie Nationale de Médecine, 2020, 204 (9), pp.992-999. 10.1016/j.banm.2020.09.041 . anses-03899570

HAL Id: anses-03899570

https://anses.hal.science/anses-03899570

Submitted on 16 Dec 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial 4.0 International License

Version of Record: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0001407920305173
Manuscript_0171c38496f62cad033bfb8e8bb9adcd

Arboviroses émergentes : fièvre West Nile, fièvre catarrhale ovine et virus Schmallenberg*

EMERGING VECTORIAL DISEASES: WEST NILE FEVER, BLUETONGUE AND SCHMALLENBERG

Stéphan ZIENTARA, Cécile BECK, Sylvie LECOLLINET

UMR VIROLOGIE, INRAE, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort (ENVA), ANSES, Université Paris-Est, Laboratoire de santé animale, Maisons-Alfort, 94700, France.

* Étant donné le contexte sanitaire épidémique lié à la Covid-19 en 2020, la présentation de cette communication en séance à l'Académie a été reportée.

Résumé :

L'augmentation des échanges internationaux, au cours de ces trente dernières années, les modifications climatiques engendrées par la révolution industrielle, les perturbations des écosystèmes, … sont quelques-uns des facteurs susceptibles d'expliquer la dynamique d'émergence de maladies dans les régions du monde où elles n'étaient pas présentes. Ainsi en 1999, le virus West Nile a été introduit sur le continent américain où il s'est disséminé à grand vitesse. Aux Etats-Unis, 2 381 décès et plus de 25 000 formes neuro-invasives ont été enregistrés chez l'Homme de 1999 à 2019.

Dans le domaine des maladies animales, deux virus ont défrayé la chronique en Europe : le virus de la fièvre catarrhale ovine (FCO) et le virus Schmallenberg (SBV). Le virus de la FCO, jusqu'alors absent d'Europe a été introduit en 1999. De nombreux sérotypes (1, 2, 4 ,6, 8, 9, 25, 27) ont depuis cette date, été identifiés dans l'Union Européenne. Le virus Schmallenberg, quant à lui, a été identifié en 2011 dans le nord de l'Allemagne et a rapidement diffusé sur tout le continent. Ce virus n'avait jamais été identifié dans le monde jusqu'à alors. Ces trois virus (WNV, FCO et SBV) sont transmis par des arthropodes vecteurs (moustiques et culicoïdes).

© 2020 published by Elsevier. This manuscript is made available under the CC BY NC user license
https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/

Ces émergences illustrent bien les défis auxquels nos pays seront confrontés dans les années à venir, en santé publique, humaine et vétérinaire.

Mots-clés : arbovirus, maladies infectieuses émergentes, West Nile, Schmallenberg, fièvre catarrhale ovine.

Summary:

The increase in international trade over the last thirty years, climate change owing to the industrial revolution, disruption of ecosystems, etc. are some of the factors that may explain the dynamics of disease emergence in regions of the world where they were not present. Thus in 1999, West Nile virus was introduced on the American continent where it spread at high speed. More than 2,300 deaths and more than 25,000 neuroinvasive forms were recorded in humans from 1999 to 2019 in the United States of America. In the field of animal diseases, two viruses have made headlines in Europe: bluetongue virus (BTV) and Schmallenberg virus (SBV). The bluetongue virus, previously absent from Europe, was introduced in 1999. Numerous serotypes (1, 2, 4, 6, 8, 9, 25, 27) have since been identified in the European Union. Schmallenberg virus was identified in 2011 in Northern Germany and rapidly spread to other European countries. This virus had never been identified in the world before. These three viruses (WNV, BTV and SBV) are transmitted by arthropod vectors (mosquitoes and Culicoïdes). These emergences are a good illustration of the challenges that our countries will face in the coming years, in public, human and veterinary health.

Key-words: arbovirus, emerging infectious diseases, West Nile, Schmallenberg, Bluetongue.

I INTRODUCTION :

Ces trente dernières années, de nombreuses maladies à transmission vectorielle ont défrayé la chronique de par leur émergence et leur diffusion à l'échelle d'un continent ou du globe (virus Chikungunya, Zika, West Nile, Schmallenberg, fièvre catarrhale ovine, etc.).

L'augmentation du volume des échanges et des transports internationaux ces trente dernières années constitue l'un des facteurs d'émergence de ces maladies. Ainsi, jamais il n'a été aussi facile, rapide et aussi peu onéreux d'effectuer le tour du monde qu'en ce début du XXI^{e}.

Le virus Zika est une parfaite illustration de cette capacité de dissémination à l'échelle mondiale : originaire d'une forêt africaine, il a pu conquérir le monde en quelques années à partir de l'Asie du sud-est [1].

De plus, l'augmentation de la température du globe et donc les modifications climatiques engendrées au plan local (à l'échelle d'un pays ou d'une région) constituent aussi un facteur majeur favorisant l'implantation de maladies transmises par des arthropodes [2].

Cette article illustre l'émergence et l'implantation des trois arbovirus (virus transmis par des vecteurs biologiques) à la fois en santé publique humaine (avec l'exemple de West Nile) et en santé publique vétérinaire (avec le virus West Nile, le virus de la fièvre catarrhale ou le virus Schmallenberg).

II Le virus West Nile : Histoire de l'émergence d'une zoonose

La fièvre West Nile est une maladie pouvant affecter le cheval et l'Homme et transmise par des moustiques (arbovirose). Elle est causée par le virus West Nile (VWN), appartenant à la famille des *Flaviviridae* et au genre *Flavivirus*, comptant de nombreux virus émergents chez l'animal et/ou l'homme (virus de l'encéphalite japonaise, fièvre jaune, Zika, etc.).

Cycle de transmission

Le cycle de transmission naturel du virus West Nile implique des moustiques vecteurs et un réservoir animal aviaire (Figure 1). Les foyers d'infection à VWN apparaissent selon un mode saisonnier, à la fin de l'été ou en automne, dans les régions tempérées d'Europe. L'homme et le cheval sont des hôtes accidentels du virus et la transmission du virus se fait généralement, dans les deux espèces, par une piqûre d'insecte. Toutefois, la transmission interhumaine par produits sanguins labiles et greffons humains a été rapportée à plusieurs reprises aux Etats-

Unis et incite donc à prendre des mesures de contrôle appropriées en cas de foyers humains en Europe (annulation des dons de sang ou criblage des produits sanguins pour détecter la présence du virus, lorsque les donneurs reviennent de zones où le VWN est décrit).

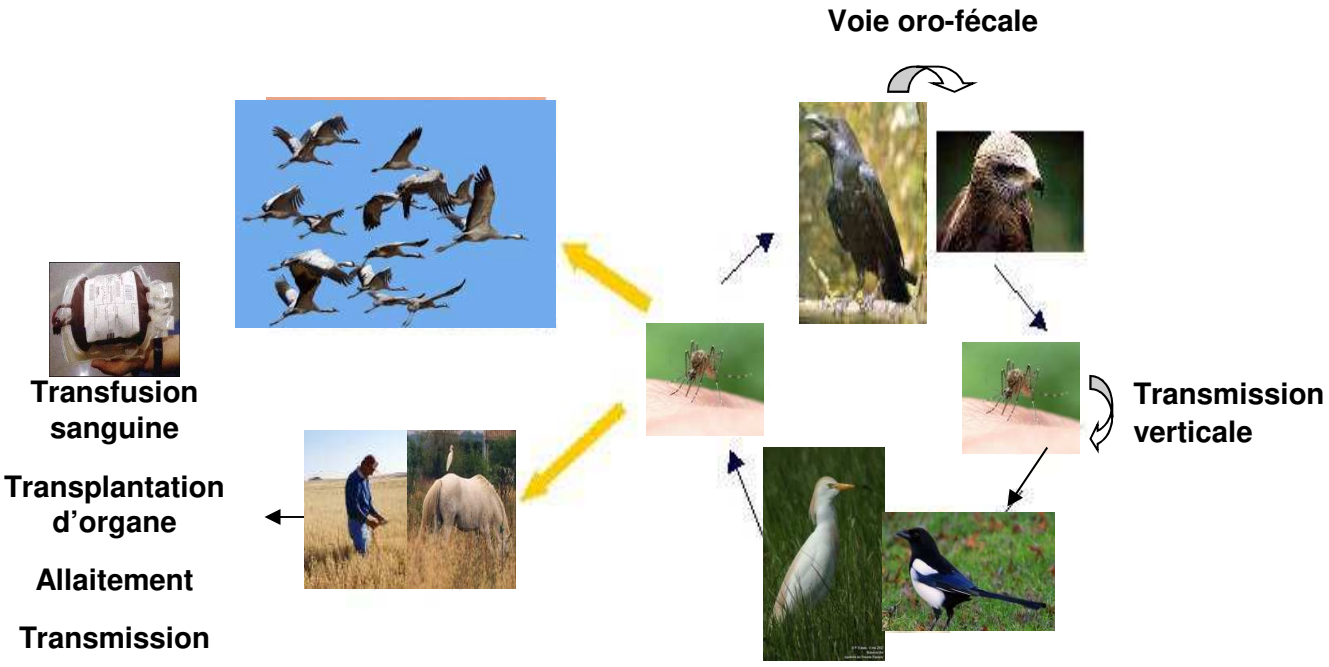


Figure 1 : Cycle de transmission du virus West Nile.

Le VWN est un arbovirus transmis par des moustiques, principalement du genre *Culex*. Chez les vecteurs, la transmission transovarienne du virus à la descendance (transmission verticale), bien que faible est rapportée et pourrait en partie expliquer la persistance hivernale observée dans certaines régions du globe (Etats-Unis, Italie, Roumanie, Grèce, etc.). Des cas de transmission directe du virus entre oiseaux par voie alimentaire ou par contacts directs ont été rapportés.

En Europe, deux espèces de moustiques, *Culex pipiens*, moustique « citadin », et *Culex modestus*, présent dans les zones humides, rizières et roselières en Camargue par exemple, semblent être principalement impliquées dans la transmission du virus [3]. Les oiseaux sont le plus souvent des porteurs asymptomatiques du VWN; cependant, des souches très virulentes du VWN, appartenant au lignage 1 et au sous-groupe israélo-américain, ont été associées à des mortalités massives d'oiseaux sauvages ou domestiques, comme les cigognes blanches (*Ciconia ciconia*) et les oies (Israël, 1998 ; États-Unis) et des souches de lignage 2 à des mortalités de rapaces, comme les autours des palombes (*Accipiter gentilis*) en Hongrie, à

partir de 2004 et dans les pays voisins [4]. L'identification des espèces d'oiseaux responsables de l'amplification du virus est donc particulièrement difficile. Les données obtenues lors d'infections expérimentales semblent cependant indiquer que les passériformes (passereaux), les charadriiformes (oiseaux aquatiques), les strigiformes (rapaces nocturnes) et les falconiformes (rapaces diurnes), essentiellement, participent à l'amplification du VWN, une virémie élevée autorisant la réinfection de moustiques *Culex* [5, 6].

Le virus West Nile en France et en Europe

La présence de ce virus en France est ancienne, rapportée dès les années 1960, avec en particulier des cas équins et humains décrits en Camargue. Des cas d'infection à virus West Nile (WNV) ont été rapportés en 2000, 2003, 2004, 2006, 2015, 2017, 2018 et 2019 (Figure 2).

En Europe, ce sont au total 1 503 cas confirmés d'infection qui ont été rapportés chez l'Homme en 2018 dans 11 pays de l'Union Européenne (près de 92% des cas provenant d'Italie, de Grèce, de Roumanie et de Hongrie), soit plus que le nombre cumulé des 7 années antérieures ; auxquels s'ajoutent 285 cas équins, principalement en Italie (149), Hongrie (191), Grèce (15) et France (13). De plus, cette forte activité s'est accompagnée d'une extension remarquable de l'aire de répartition du virus, puisque des cas équins et des mortalités dans l'avifaune ont été pour la première fois identifiés en 2018 en Europe du Nord, en Allemagne autour de Berlin).

En France, l'été 2018 a été aussi le témoin d'une forte circulation du VWN. 13 cas équins d'infections neurologiques à VWN dans trois départements du sud de la France (7 dans le Gard, 1 dans les Bouches du Rhône et 5 en Haute Corse) ont été recensés entre le 28 août et le 28 octobre 2018 entrainant la mort de 15% de ces chevaux.

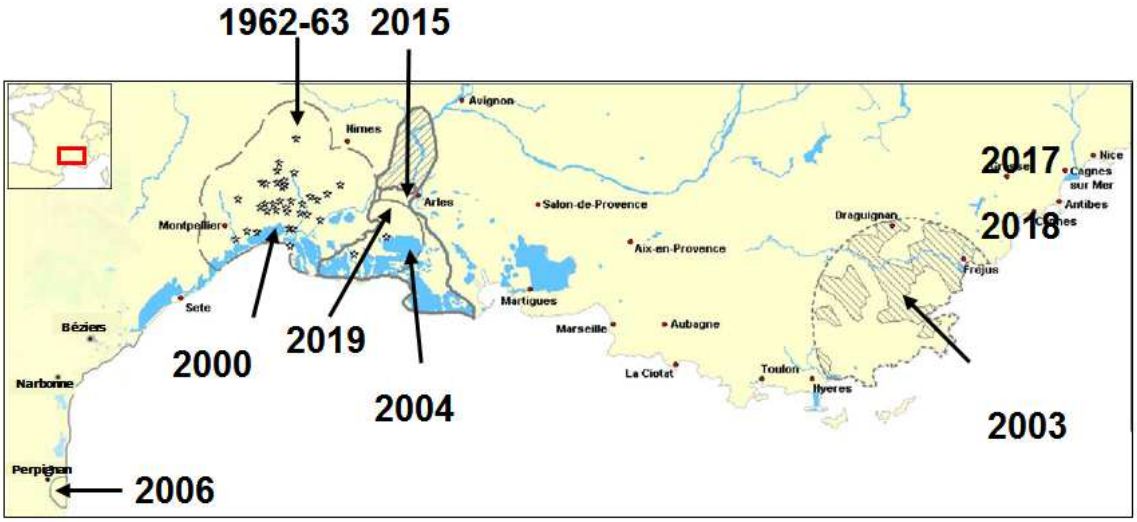


Figure 2 : Localisation des foyers récents de fièvre West Nile en France métropolitaine.

Huit foyers ont été rapportés depuis 2000 sur le pourtour méditerranéen : quatre foyers avec des cas équins uniquement, en Camargue en 2000, 2004 et 2015 et dans les Pyrénées orientales en 2006, et quatre foyers avec des cas équins et humains, dans le Var en 2003, dans les Alpes-Maritimes en 2017, les Alpes-Maritimes, la Corse et la Camargue en 2018 et dans le Var, la Corse et la Camargue en 2019.

Conclusion :

Le virus West Nile constitue un bon exemple d'arbovirus qui a gagné un continent (Amérique) et s'y est répandu rapidement. En Europe, le virus s'est durablement installé comme l'illustre la figure 3.

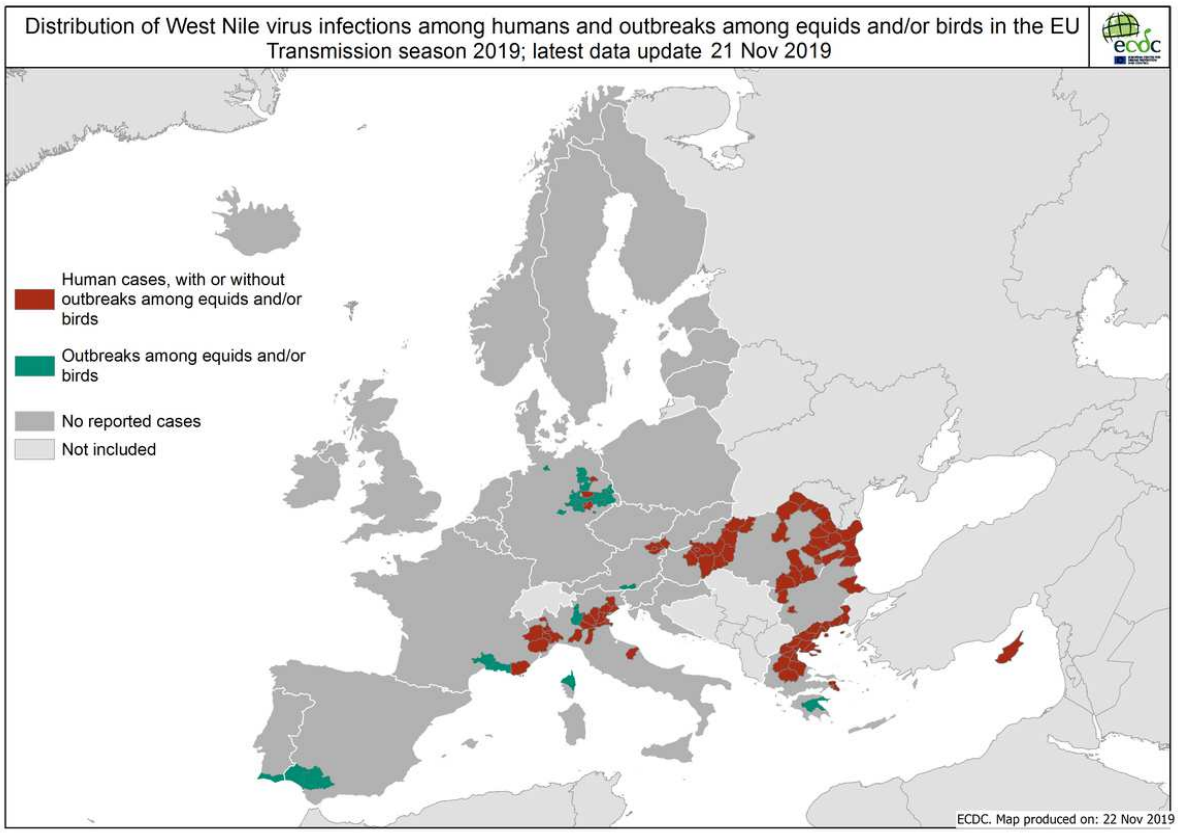


Figure 3 : Distribution du virus West Nile en Europe en 2019 (source ECDC).

L'histoire du VWN a surtout été marquée par l'épisode nord-américain et l'émergence inattendue du virus sur la côte Est des Etats-Unis, en pleine ville de New York, en 1999. Sa diffusion rapide sur l'ensemble du continent américain a causé, rien qu'aux Etats-Unis, entre 1999 et 2019, plus de 51 700 cas humains et 2 381 décès ainsi que plus de 25 000 cas équins

(site http://www.cdc.gov/westnile/index.html). Même si pour l'instant, en Europe, le VWN reste surtout cantonné au bassin méditerranéen et à l'Europe de l'Est et que le nombre de cas humains n'a dépassé celui enregistré dans le Nouveau Monde que pour la seule année 2018, il semble que l'épidémiologie du VWN soit en pleine évolution en Europe avec l'apparition de nouvelles souches et en particulier de souches de lignage 2, une endémisation forte du virus dans un nombre élevé de pays, l'installation récente du virus dans un pays d'Europe du Nord, l'Allemagne et mérite l'attention des acteurs de la surveillance épidémiologique, en particulier des vétérinaires.

Cette dernière décennie, le VWN s'est ainsi installé de façon pérenne en dehors de ses régions historiques d'endémie, à savoir l'Europe de l'Est (Roumanie, Russie). Les pays d'Europe du Sud et centrale rapportent de plus en plus régulièrement des cas d'infection chez le cheval ou l'Homme. De plus et de façon préoccupante, le VWN et en particulier les virus de lignage 2, semblent gagner du terrain depuis 2008, puisque chaque année de nouveaux pays ou de nouvelles régions en Europe signalent des cas d'infection à VWN dus à ce nouveau lignage. Il est important de noter ici que ces virus de lignage 2 apparaissent plus pathogènes chez les oiseaux, avec des morbidités et mortalités rapportées chez des rapaces diurnes et nocturnes, comme en France en 2018. Il n'est donc pas étonnant d'observer actuellement la ré-émergence des infections à VWN en Camargue, zone méditerranéenne particulièrement favorable à l'amplification du cycle viral, comme il a déjà été constaté par le passé.

Il est à noter qu'en 2019, des cas humains de fièvre West Nile ainsi que des cas autochtones d'infections humaines à virus Zika ont été décrits dans le département du Var, à Hyères [7]. Comme le soulignent Salinas et al (2019) [8], « *ces cas soulèvent une problématique plus générale des arboviroses autochtones en France métropolitaine de ces dernières années. Il existe en effet une recrudescence marquée d'arbovirus circulants de manière établie (comme le virus West Nile, le virus Usutu ou le virus de la méningo-encéphalite à tiques ou qui sont potentiellement capables de s'établir comme le virus Chikungunya, le virus de la dengue et maintenant le virus Zika* ».

III Le virus de la FCO en Europe

Le virus de la fièvre catarrhale ovine appartient à la famille des *Reoviridae* et au genre *Orbivirus*. 27 sérotypes de ce virus ont été identifiés [9] dénommés BTV-1 à 27, BTV pour « Bluetongue virus ».

Émergence du sérotype 8 en France continentale

La fièvre catarrhale ovine (FCO) a fait son apparition en Europe du nord à la fin de l'été 2006. Les premiers foyers apparurent en France continentale sur la frontière belge en octobre 2006. La surprise fut générale. En 2006, son vecteur principal, le moucheron *Culicoides Imicola,* était alors présent en Corse où différents sérotypes de fièvre catarrhale (2, 4, 16…) circulaient déjà depuis les années 2000. *C. imicola* était depuis quelque temps, probablement en raison du réchauffement climatique, également observé dans la partie la plus méridionale de l'Hexagone. La suite prouva que, d'une part, le virus de la FCO était capable de s'adapter à de nombreux autres culicoïdes, notamment ceux du groupe *obsoletus* présents dans le nord de l'Europe et, d'autre part, que les bovins pouvaient également pour certains sérotypes (comme ce fut le cas pour le sérotype 8 mais dans une moindre mesure pour le sérotype 1) payer un assez lourd tribut clinique à la maladie en présentant massivement des symptômes proches de ceux classiquement observés sur les ovins. Depuis cette date, et malgré une période calme de quelques années, la France doit faire face à cette maladie des ruminants dont la propagation rapide par des insectes est très difficile à contrôler [10].

Ce virus a provoqué une épizootie sans précédent en France continentale et dans toute l'Europe du nord et de l'ouest. En 2007, 15 600 foyers de BTV- 8 ont été enregistrés (figure 4).

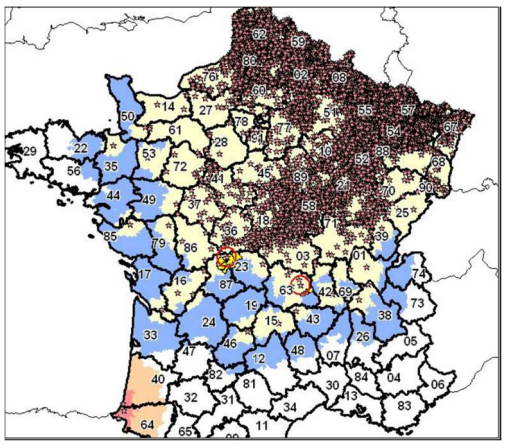


Figure 4 : Foyers de FCO BTV- 8 et 1 en France fin 2007 (Source : DGAL)

En 2008, et malgré le début de la disponibilité de vaccins, à la fois contre le BTV-8 et contre le BTV-1, près de 24 000 foyers ont été enregistrés en France continentale (figure 5) [10].

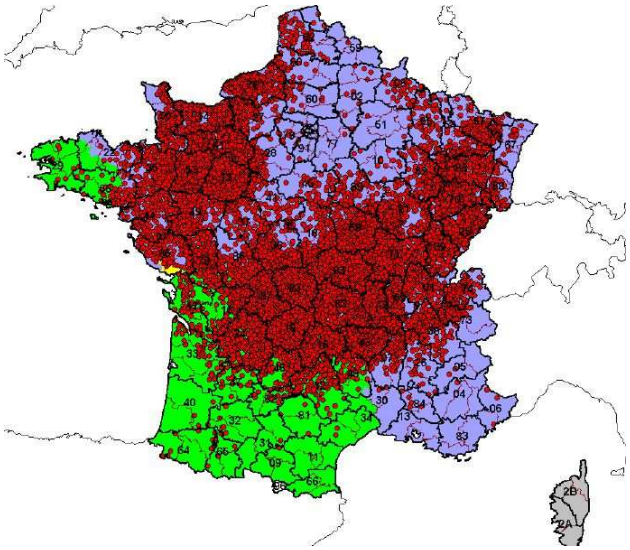


Figure 5 : Foyers de FCO à BTV-8 en France continentale fin 2008 (Source : Direction général de l'Alimentation (DGAL), Ministère chargé de l'Agriculture)

Emergence du sérotype-1

Parallèlement à cette invasion du BTV-8 en provenance du Nord Est, le BTV-1 présent dans toute l'Espagne depuis plusieurs années a traversé les Pyrénées en 2007, créant les premiers foyers de FCO sérotype 1 en France continentale dans les Pyrénées-Atlantiques.

La campagne de vaccination massive, généralisée et obligatoire de tous les bovins et ovins contre les sérotypes 8 et 1 effectuée en 2009 et poursuivie en 2010 dans l'Hexagone, alliée à une solide immunité des animaux infectés naturellement, permirent une régression spectaculaire des foyers puisqu'en 2009, seuls 83 foyers furent à déplorer en 2009 et un seul en 2010 (source : DGAl). La vaccination redevint facultative en 2011 et le nombre d'animaux effectivement vaccinés chuta dès lors considérablement. Fin 2012, cette vaccination fut abandonnée afin de retrouver le statut officiellement indemne de la France. Dès lors, des mesures de surveillance évènementielle et programmée des ruminants, furent mises en place et la surveillance entomologique fut allégée [10].

Résurgence du BTV-8

En septembre 2015, après plusieurs années de tranquillité, un nouveau foyer de FCO à BTV-8 fut enregistré sur un bélier présentant des signes cliniques, dans le département de l'Allier [11].

Depuis cette date, en l'absence de nouvelle campagne de vaccination généralisée et obligatoire, le BTV- 8 a inexorablement gagné l'ensemble de l'hexagone. Ainsi, plus de 1 600 foyers ont été enregistrés en 2017.

Émergence du sérotype 4

Fin 2017, en novembre, dans la Loire, un veau qui devait être exporté vers l'Espagne a été diagnostiqué positif par PCR (test de contrôle obligatoire pour permettre de sortir de la zone réglementée en raison de la présence du BTV-8) à un virus BTV qui n'était pas le BTV-8. Le laboratoire de référence de l'Anses à Maisons-Alfort, a confirmé le 6 novembre qu'il s'agissait en fait du BTV-4 qui circulait depuis 2016 en Corse notamment [12]. L'enquête épidémiologique diligentée par les services vétérinaires a révélé que ce veau provenait d'un élevage situé en Haute Savoie. Cet élevage commercial importait régulièrement des animaux de Corse. Les animaux importés étaient normalement vaccinés depuis trois semaines, mais la vaccination en Corse aurait pu être pratiquée en période d'activité vectorielle ce qui rend son activité relative, les animaux vaccinés après leur infection restent en effet virémiques. Il est à noter que dans cette région des mouvements d'animaux en provenance d'Italie où le BTV-4 circule, ont aussi été rapportés [10].

Conclusion

La fièvre catarrhale ovine constitue l'exemple d'une maladie vectorielle qui a atteint l'Europe, s'y est répandue et a provoqué la plus grande épizootie de ces trente dernières années. Le coût des pertes directes et indirectes pour la France et les Pays-Bas a été estimé à 1,4 milliards d'euros pour les années 2007-2008 [13].

Après une campagne de vaccination massive contre les sérotypes 1 et 8, le virus de la FCO de sérotype 8, malgré tous les efforts consentis, n'a pas pu être éradiqué de France continentale. Pire, un nouveau sérotype, le sérotype 4, a aussi été introduit sur le continent. Alors qu'avant 2006, le virus n'avait jamais été présent dans l'hexagone, la France est maintenant infectée de façon enzootique par deux sérotypes !

IV Le virus Schmallenberg

Le virus Schmallenberg a émergé en Europe en 2011 [14]. Ce bunyavirus, jusqu'alors inconnu, transmis par des culicoides, a été identifié tout d'abord en Allemagne puis s'est répandu dans toute l'Europe.

À la fin de l'été et à l'automne 2011, une hyperthermie et une baisse de la production laitière ont été signalées chez des vaches laitières adultes dans le nord-ouest de l'Allemagne et aux Pays-Bas [15]. Dans certains cas, une diarrhée transitoire a également été enregistrée aux Pays-Bas. Certains des symptômes observés étaient similaires à ceux de la maladie provoquée par le virus de la fièvre catarrhale (BTV) et une réémergence de ce virus qui a conduit à une épizootie majeure en 2006-2008 en Europe était à craindre. Étonnamment, aucun agent pathogène bovin connu n'a été identifié dans les échantillons provenant de bovins malades. En novembre 2011, l'Institut Friedrich-Loëffler (FLI) en Allemagne a détecté l'ARN viral appartenant à un nouveau virus dans un pool d'échantillons de sang de vaches laitières cliniquement affectées en utilisant une approche métagénomique [15]. Ce nouveau virus a été appelé virus de Schmallenberg (SBV) d'après le nom du lieu d'origine des échantillons collectés. L'analyse des séquences génomiques virales a révélé des similitudes avec les virus Akabane, Aino et Shamonda, tous appartenant au genre *Orthobunyavirus* de la famille *Peribunyaviridae*. Les virus Douglas, Sathuperi et Shamonda ont ensuite été identifiés comme des parents plus proches du SBV. Une PCR quantitative spécifique en temps réel associé à une première étape de transcription inverse (RT-qPCR) a ensuite été développée par le FLI pour détecter le génome du SBV et le protocole partagé avec de nombreux partenaires européens. L'inoculation de veaux âgés de 9 mois avec du sang de bovins qui était RT-qPCR positif pour SBV ou avec le virus isolé dans une lignée cellulaire de *Culicoides variipennis* (cellules KC), ont provoqué une hyperthermie et une diarrhée muqueuse, fournissant des preuves expérimentales que le SBV pourrait être responsable des signes cliniques observés [15].

Ce virus provoque essentiellement une infection fœtale qui conduit à la naissance de produits le plus souvent non viables chez les bovins, ovins et caprins et des avortements, de la prématurité et de la mortinatalité 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.

L'infection par le virus de Schmallenberg est souvent bénigne ou cliniquement inapparente chez les animaux adultes et ne conduit qu'à une courte période virémique de 4–5 jours.

Le SBV a été détecté pour la première fois en Allemagne et aux Pays-Bas en 2011. En décembre 2011, les Pays-Bas ont signalé un effet tératogène du SBV chez les moutons avec la naissance d'agneaux malformés. La présence de SBV a ensuite été signalée en Belgique à la fin de décembre 2011 et au Royaume-Uni le 22 janvier 2012. La France a signalé son premier

cas de SBV le 25 janvier 2012 après que le génome du virus ait été détecté par RT -qPCR dans des échantillons de cerveaux d'agneaux malformés nés dans des fermes situées dans les divisions territoriales de « Moselle » et « Meurthe et Moselle » dans le nord-est de la France.
Fin avril 2012, le SBV avait été détecté dans 3 628 troupeaux en Europe. Les exploitations infectées jusqu'en avril 2012 correspondaient à des infections survenues en 2011. En mai 2012, des infections aiguës ont été détectées chez des bovins dans le sud-ouest de la France dans la division territoriale des Pyrénées-Atlantiques, indiquant que le SBV était capable de circuler après la période hivernale. Des conclusions similaires ont également été tirées après la détection du virus au Royaume-Uni chez des agneaux nouveau-nés nés en mai et juin 2012 et en Allemagne dans des exploitations bovines, ovines et caprines en 2012 [14].
En août 2012, plus de 5 500 cas d'infection à SBV chez les ruminants avaient été enregistrés dans le nord de l'Europe.

V CONCLUSION

Ces trois exemples, infections à virus West Nile, fièvre catarrhale ovine et Schmallenberg, illustrent le fait que des arbovirus jusqu'alors absents d'une région géographique donnée ou même inconnus jusqu'alors, peuvent, contre toute attente, émerger soudainement et se répandre rapidement et massivement.

De nombreuses questions restent encore à élucider : par exemple, pourquoi le virus West Nile évolue-t-il en Europe sous forme de foyers géographiquement localisés alors qu'en Amérique il s'est répandu sur tout le continent ? Pendant la saison hivernale, où et comment persistent ces virus y compris le virus de la FCO à sérotype 8 réapparu en 2015 ? Comment ces virus ont-ils été introduits en Europe ? Pourquoi et comment ont-ils pu se disséminer aussi rapidement ?

Comme l'identification de cas autochtones de Zika ou de dengue en France continentale l'ont montré, il est fort probable que ces évènements d'émergence soient les signaux annonciateurs d'autres épisodes de ce type auxquels nous serons confrontés dans les prochaines années.

Les auteurs déclarent ne pas avoir de liens d'intérêts.

Références

[1] Lanciotti RS, Kosoy OL, Laven JJ, Velez JO, Lambert AJ, Johnson AJ, et al. Genetic and serologic properties of Zika virus associated with an epidemic, Yap State, Micronesia, 2007. Emerg Infect Dis 2008;14:1232-9. doi: 10.3201/eid1408.080287.

[2] Michel F, Sieg M, Fischer D, Keller M, Eiden M, Reuschel M, et al. Evidence for West Nile Virus and Usutu Virus Infections in Wild and Resident Birds in Germany, 2017 and 2018. Viruses 2019;11:674. pii: E674. doi: 10.3390/v11070674.

[3] Pradier S, Lecollinet S, Leblond A. West Nile virus epidemiology and factors triggering change in its distribution in Europe. Rev Sci Tech 2012;31:829-844

[4] Zientara S, Lecollinet S. Le virus West Nile, sa diffusion limitée en Europe par comparaison avec sa rapide implantation en Amérique du Nord. Les maladies infectieuses exotiques : risques d'importation et d'implantation en Europe. Lavoisier, ISBN : 2010; 978-2-257-20420-2, 227 pages, pp p179-193

[5] Komar N, Langevin S, Hinten S, Nemeth N, Edwards E, Hettler D, Davis B, Bowen R, Bunning M. Experimental infection of North American birds with the New York 1999 strain of West Nile virus. Emerg infect Dis 2003;9:311-322

[6] Perez-Ramirez E, Llorente F, Jimenez-Clavero MA. Experimental infections of wild birds with West Nile virus. Viruses 2014; 6:752-781

[7] Giron S, Franke F, Decoppet A, Cadiou B, Travaglini T, Thirion L, et al. Vector-borne transmission of Zika virus in Europe, southern France, August 2019. Euro Surveill 2019;24(45). doi: 10.2807/1560-7917.ES.2019.24.45.1900655.

[8] Salinas S, Simonin Y, L'Ambert G, Nisole S. Autochthonous cases of Zika virus in metropolitan France: a new paradigm for this arbovirus ? Virologie 2019; 1;23:329-32. doi: 10.1684/vir.2019.0804.

[9] Zientara S, C Sailleau, C Viarouge, D Hoper, M Beer, M Jenckel, et al. Identification of a novel Bluetongue virus in goats in Corsica, France, 2014. Emerg infect. Dis 2014; 20, 2123-5.

[10] Dufour B, S Zientara. La fièvre catarrhale ovine en France continentale fin 2017. Bulletin des GTV 2018 ; 89: 49-52.

[11] Sailleau C, E Breard, C Viarouge, D Vitour, A Romey, etal. Re-emergence of Bluetongue virus serotype 8 in France, 2015. TransBoundary Emerg diseases 2015; doi: 10.1111/tbed.12453. [Epub ahead of print]

[12] Sailleau C, Breard E, Viarouge C, Gorlier A, Quenault H, et al. Complete genome sequence of Bluetongue Virus Serotype 4 that emerged on French island of Corsica in December 2016. Transbound Emerg Dis 2017; 1-4, DOI: 10.1111/tbed.12660

[13] Rushton J, Lyons N. Economic impact of Bluetongue: a review of the effects on production. Vet Ital. 2015;51:401-6. doi: 10.12834/VetIt.646.3183.1.

[14] Zientara S, Lecollinet S. Exemples d'émergences récentes des maladies vectorielles en Europe : la fièvre catarrhale ovine et Schmallenberg. Cas de la peste équine pour la filière équine. Bulletin de l'Académie vétérinaire de France 2015; 168, n°1, 1-6

[15] Hoffmann B, Scheuch M, Höper D, Jungblut R, Holsteg M, et al. Novel orthobunyavirus in Cattle, Europe, 2011. Emerg Infect Dis 2011;18: 469–472.