

ARBOVIRUS BASES DE DONNÉES SPAAD



STEPHAN ZIENTARA

VIRGINIE CHESNAIS, DEBORAH MERDA, MERYL VILA NOVA

LABORATOIRE DE SANTÉ ANIMALE, ANSES- MAISON ALFORT



Une cinquantaine d'arbovirus pathogènes pour les animaux de 7 familles virales différentes identifiés dans le monde

Arboviruses Pathogenic for Domestic and Wild Animals

tick-borne (louping ill and tick -borne encephalitis, Omsk hemorrhagic fever, Kyasanur Forest disease, Tyuleny fever, Nairobi sheep disease, Soldado fever, Bhanja fever, Thogoto fever, African swine fever),

mosquito-borne (Eastern, Western, and Venezuelan equine encephalomyelitides, Highlands J disease, Getah disease, Semliki Forest disease, yellow fever, Japanese encephalitis, Murray Valley encephalitis, West Nile encephalitis, Usutu disease, Israel turkey meningoencephalitis, Tembusu disease/duck egg - drop syndrome, Wesselsbron disease, La Crosse encephalitis, Snowshoe hare encephalitis, Cache Valley disease, Main Drain disease, Rift Valley fever, Peruvian horse sickness, Yunnan disease), sandfly-borne (vesicular stomatitis—Indiana, New Jersey, and Alagoas, Cocal disease),

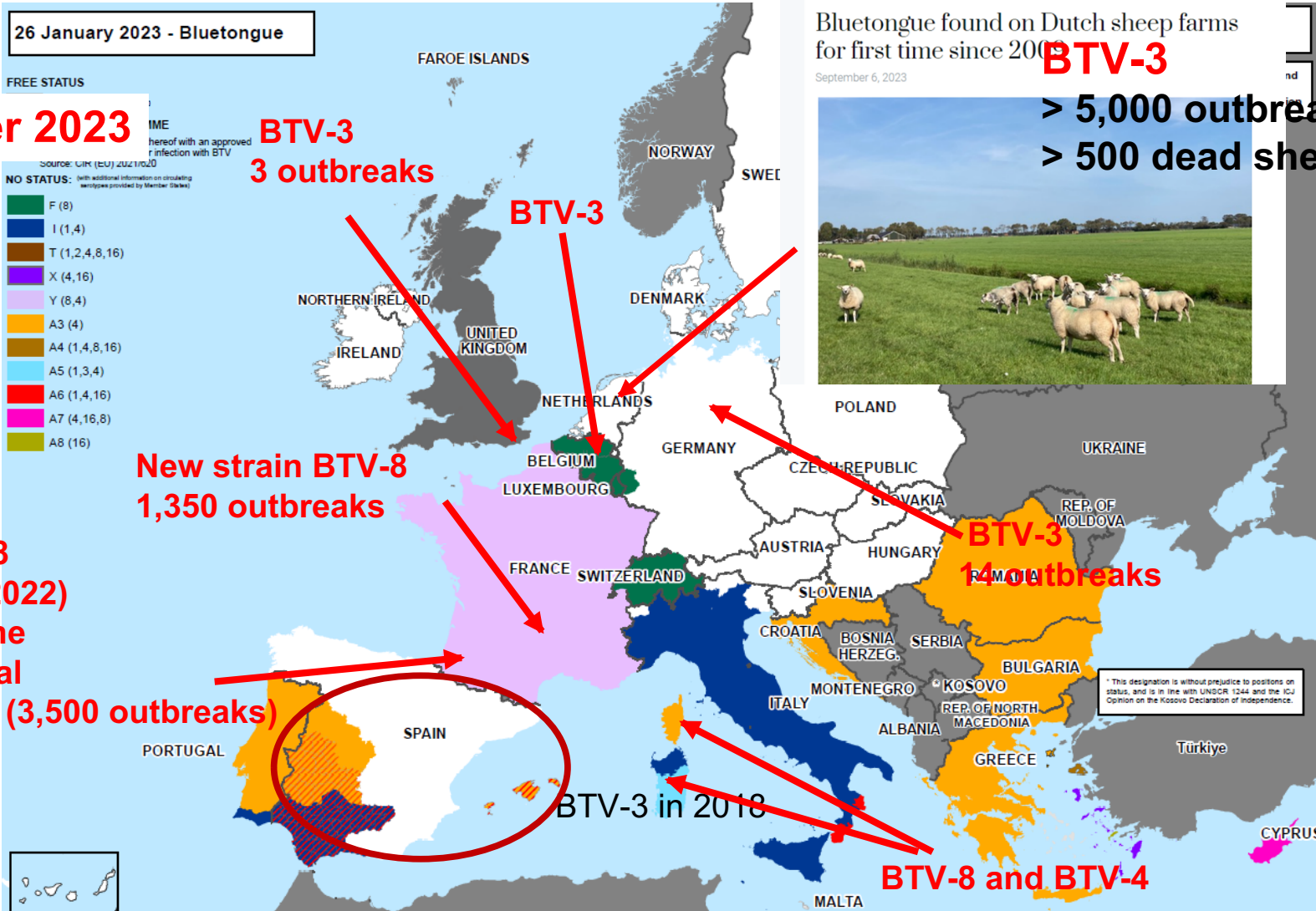
midge-borne (Akabane disease, Aino disease, Schmallenberg disease, Shuni disease, African horse sickness, Kasba disease, bluetongue, epizootic hemorrhagic disease of deer, Ibaraki disease, equine encephalosis, bovine ephemeral fever, Kotonkan disease), and cimid-borne (Buggy Creek disease).

26 January 2023 - Bluetongue

FREE STATUS

NO STATUS: with additional information on circulating serotypes provided by Member States

- F (8)
- I (1,4)
- T (1,2,4,8,16)
- X (4,16)
- Y (8,4)
- A3 (4)
- A4 (1,4,8,16)
- A5 (1,3,4)
- A6 (1,4,16)
- A7 (4,16,8)
- A8 (16)



Bluetongue found on Dutch sheep farms for first time since 2009

BTV-3

> 5,000 outbreaks

> 500 dead sheep



EHDV-8
Italie (2022)
Espagne
Portugal
France (3,500 outbreaks)

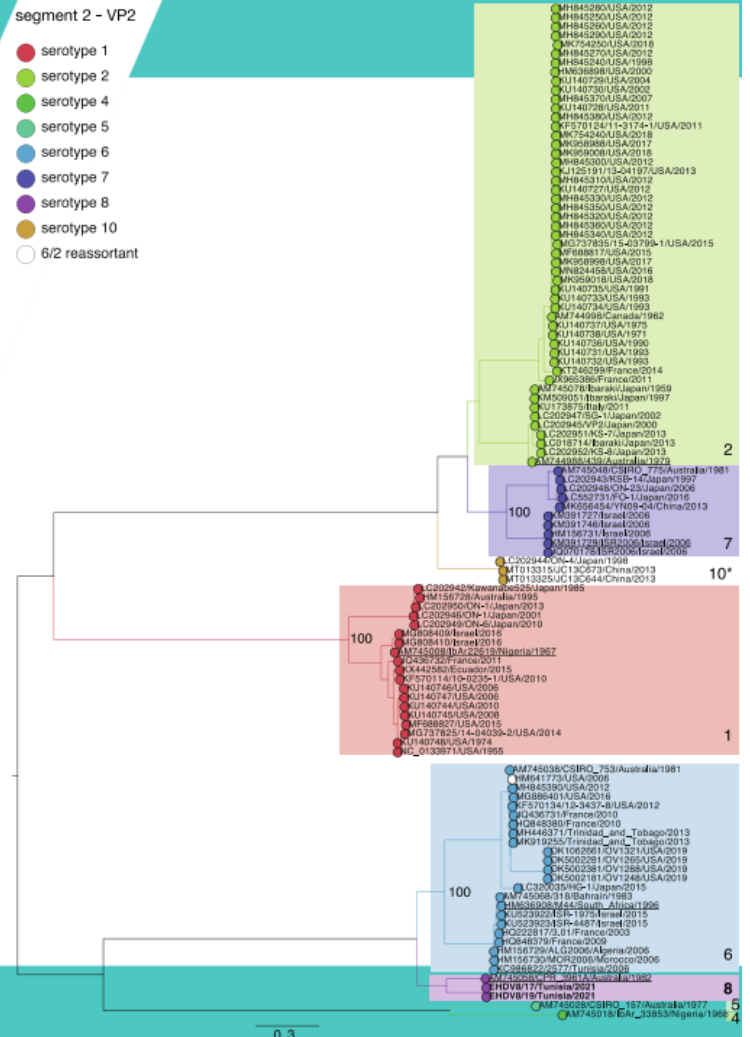
* This designation is without prejudice to positions on status, and is in line with UNSCR 1244 and the ICJ Opinion on the Kosovo Declaration of Independence.

Données de séquences (IZS-Teramo)

Table 1. Blast results for nucleotide and amino acid sequences for EHDV-8/17 TUN2021 strain

Accession Nr	Segment	blastn output strain (accession number)	% Identity
OP381 190	1	Israel 2006 ISR2006/04 serotype 7 (KM391733)	98.58
OP381 191	2	Australia 1982 CPR_3961A serotype 8 (AM745058)	76.53
OP381 192	3	Tunisia 2006 2577 serotype 6 (KC986825)	97.41
OP381 193	4	Nigeria 1967 IbAr33583 serotype 4 (AM745020)	93.29
OP381 194	5	South Africa 1996 M44/96 serotype 6 (HM636911)	97.55
OP381 195	6	Australia 1982 CPR_3961A serotype 8 (AM745062)	80.52
OP381 196	7	South Africa 1996 M44/96 serotype 6 (HM636913)	98.01
OP381 197	8	South Africa 1996 M44/96 serotype 6 (HM636914)	98.31
OP381 198	9	Israel 2006 ISR2006/04 serotype 7 (KM391738)	97.63
OP381 199	10	Nigeria 1967 IbAr22619 serotype 1 (AM745016)	95.79

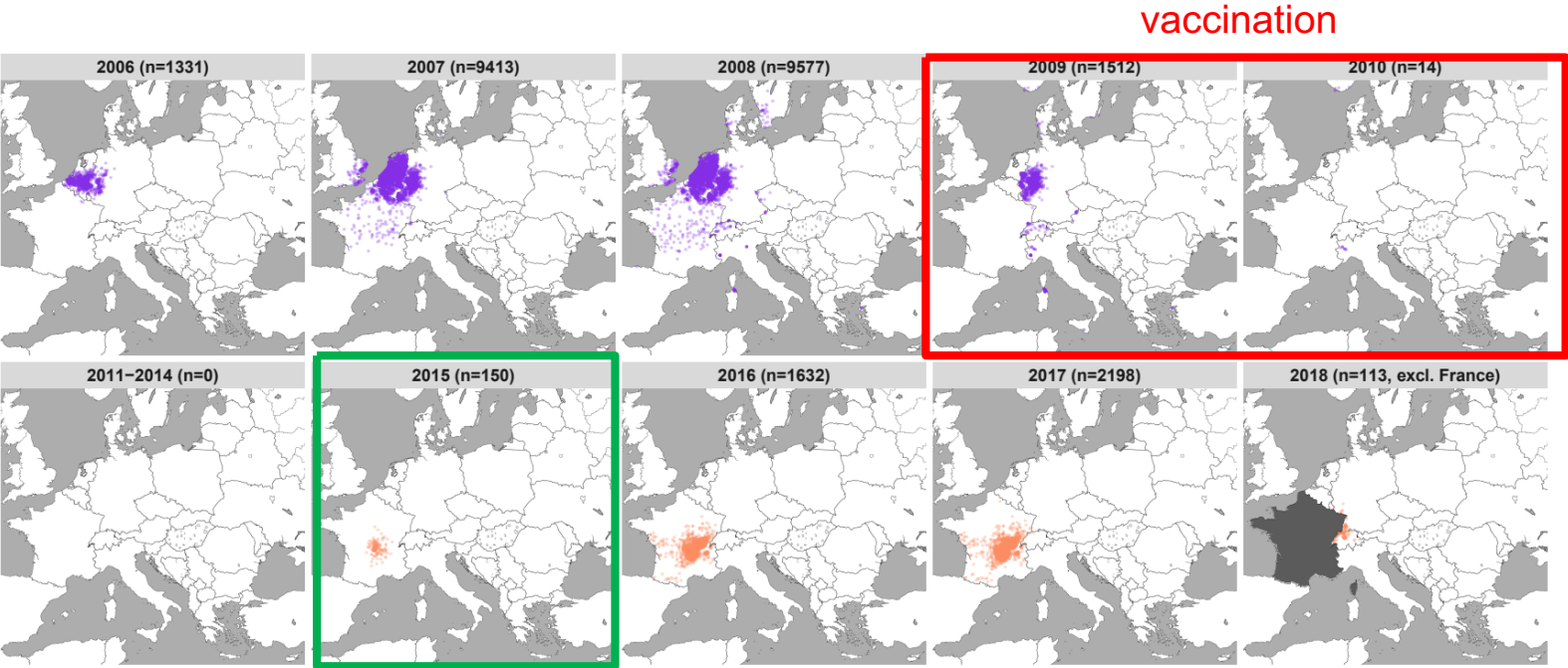
77% EHDV-8 Australia 1982
71% EHDV-6 Tunisia 2006



Article
Epizootic Haemorrhagic Disease virus serotype 8 in Tunisia, 2021

Soufien Sghaier¹, Corinne Sailleau², Maurilia Marecci³, Sarah Thabet¹, Valentina Curini², Thameur Ben Hassine⁴, Liana Teodoroi⁵, Ottavio Portanti⁶, Salah Hammami⁷, Lucija Jurisic⁸, Massimo Spedicato⁹, Lydie Postic¹⁰, Ines Gazi¹¹, Raja Ben Osman¹², Stephan Zientara¹³, Emmanuel Breard¹⁴, Paolo Calistri¹⁵, Juergen A. Richt¹⁶, Edward C. Holmes¹⁶, Giovanni Savini¹⁶, Francesca Di Giallonardo¹⁶, and Alessio Lorusso¹⁶

BTV-8 in Europe 2006-2018

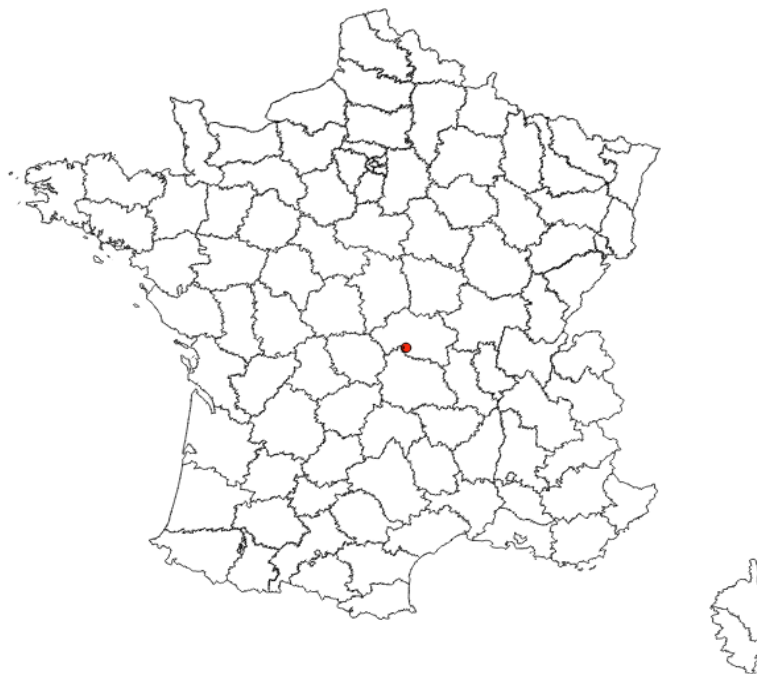


Re-emergence BTV-8

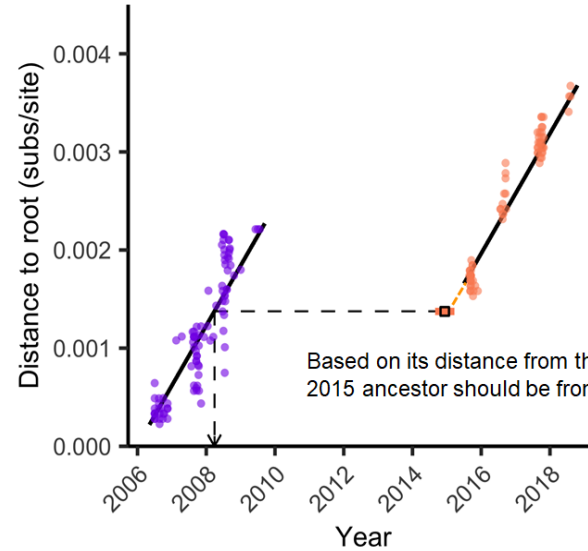
Source: OIE

Allier « département »

2015



Genetic evolution of BTV-8 from 2006 to 2019



164 BTV-8 isolates full genome

Pascall et al, *PLoS Biology*, accepted

PLOS BIOLOGY

OPEN ACCESS PEER-REVIEWED

SHORT REPORTS

“Frozen evolution” of an RNA virus suggests accidental release as a potential cause of arbovirus re-emergence

David J. Pascall , Kyriaki Nomikou , Emmanuel Bréard, Stephan Zientara, Ana da Silva Filipe, Bernd Hoffmann, Maude Jacquot, Joshua B. Singer, Kris De Clercq, Anette Bøtner, Corinne Sailleau, Cyril Viarouge, Carrie Batten, [...], Massimo Palmarini [view all]

Virus analysés

Base de données

- o **BTV - Bluetongue Virus**
- o **AHSV - African horse sickness virus**
- o **EHSV - Epizootic hemorrhagic disease virus**
- o ASFV - African swine fever virus
- o TBEV - Tick borne encephalitis virus
- o EEEV - Eastern equine encephalomyelitis
- o WEEV - Western equine encephalomyelitis
- o VEEV - Venezuelan equine encephalomyelitis
- o WNEV - West Nile encephalitis virus
- o USUV - Usutu disease virus
- o SBV - Schmallenberg disease virus
- o RVFV - Rift valley fever virus

Nombre de séquences disponibles pour BTV: 9134
Nombre de séquences disponibles pour EHDV: 1416
Nombre de séquences disponibles pour AHSV: 3010

Nombre de séquences disponibles pour ASFV: 10717
Nombre de séquences disponibles pour EEEV: 545
Nombre de séquences disponibles pour RVFV: 1579
Nombre de séquences disponibles pour SBV: 49
Nombre de séquences disponibles pour TBEV: 1221
Nombre de séquences disponibles pour USUV: 467
Nombre de séquences disponibles pour VEEV: 603
Nombre de séquences disponibles pour WEEV: 107
Nombre de séquences disponibles pour WNEV: 6884

Récupération des données genbank (requête python): abréviation et nom complet du virus

Validation de la séquence: est-ce que la séquence récupérée correspond bien au virus recherché

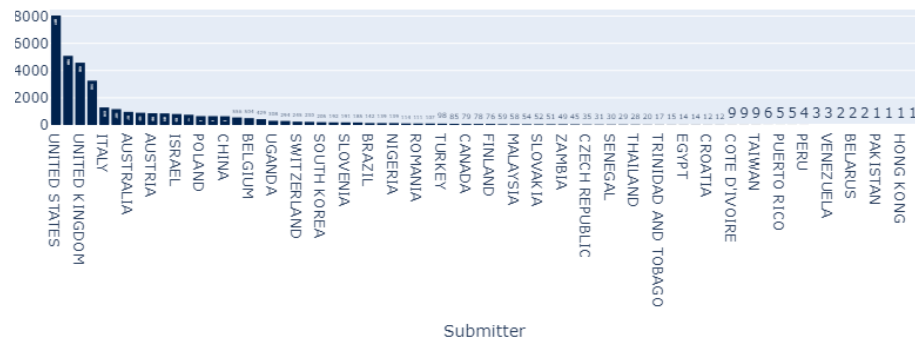
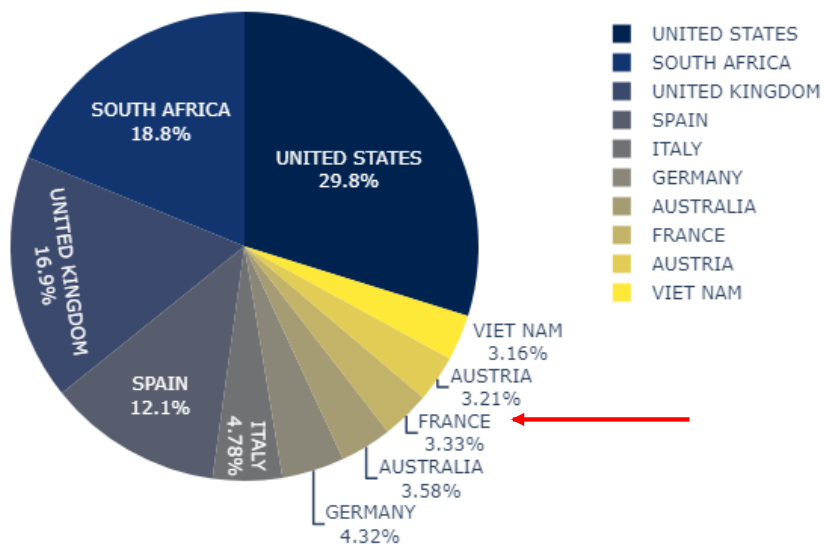
- Blast de la séquence vs une ou plusieurs séquences de référence
- (Alternative pour les arbovirus rajouté dans un second temps) kraken2 sur les séquences (plus rapide)

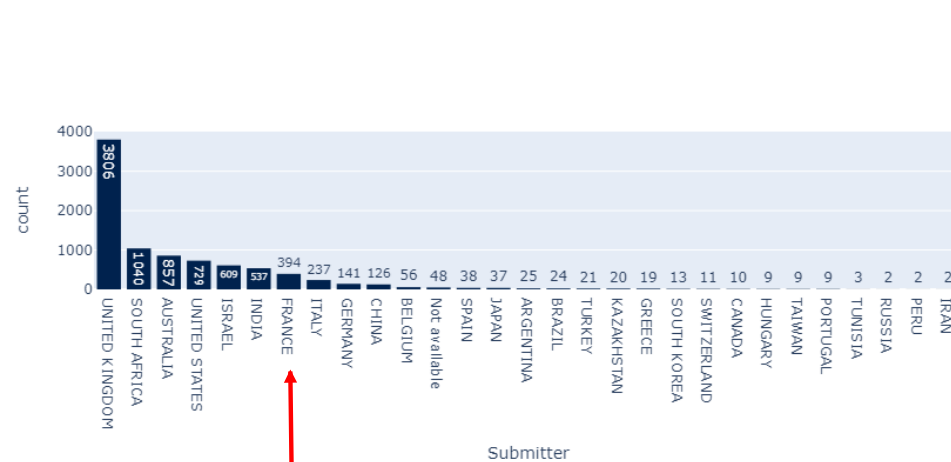
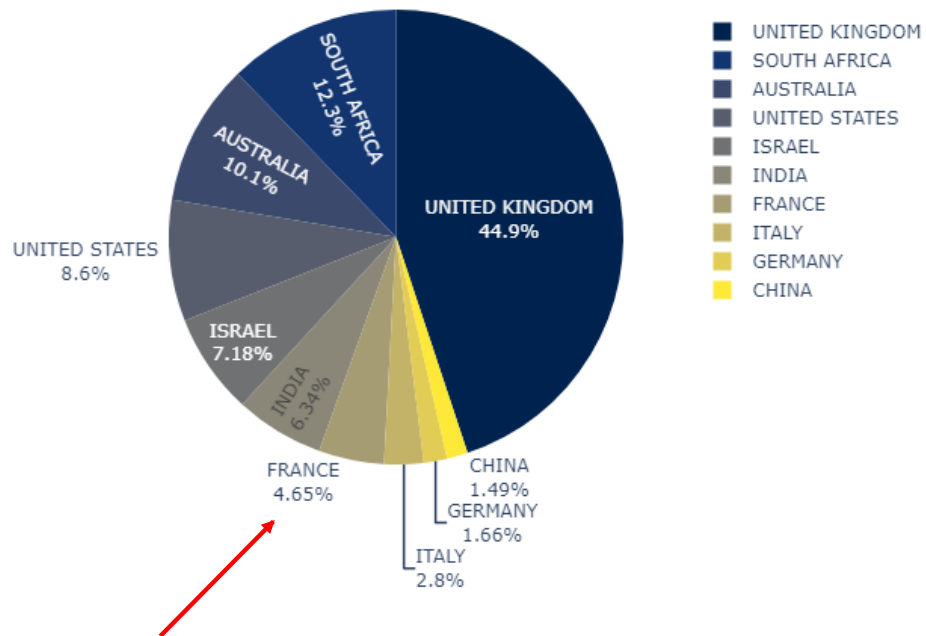
Nettoyage des métadonnées

- Le pays ayant soumis la séquence a été récupéré à partir de l'organisme ayant déposé la séquence. Pour cela un parsing des métadonnées a été réalisé et annoté manuellement pour validation

Tous les Arbovirus

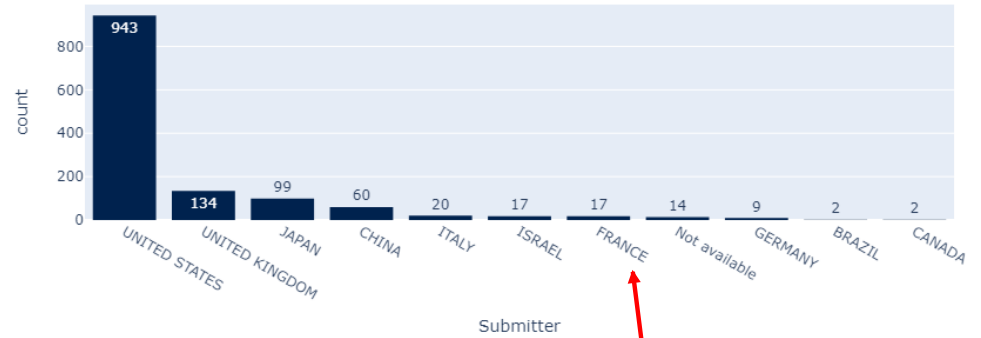
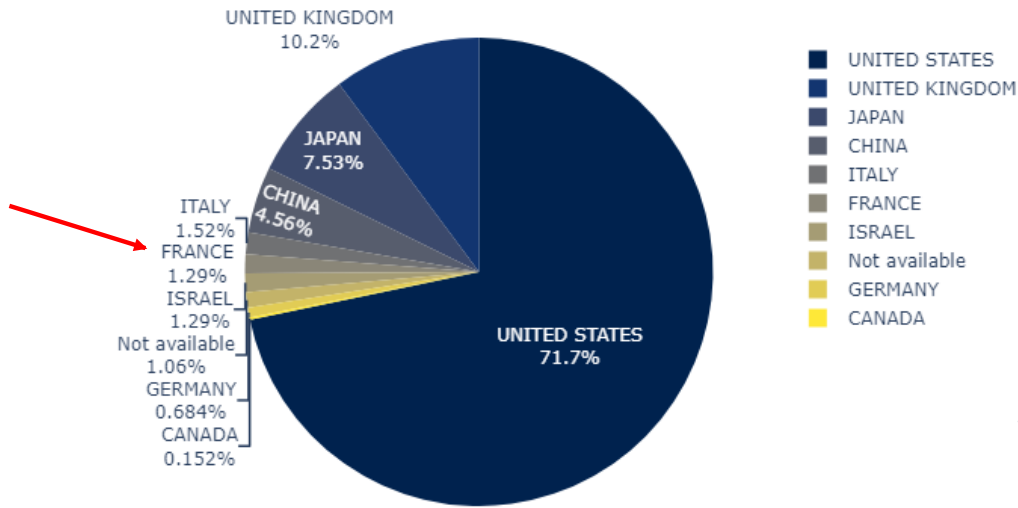
Pourcentage de séquençage soumise par la France : 3.33





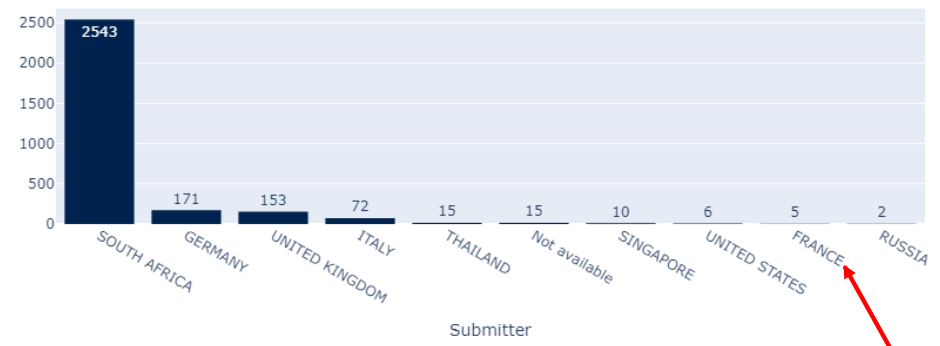
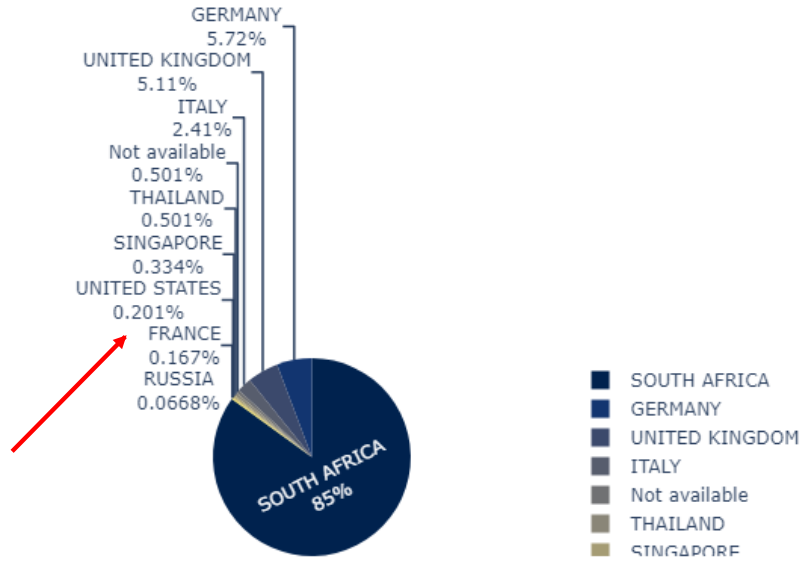
EHDV

Pourcentage de séquençage soumises par la France : 1.29



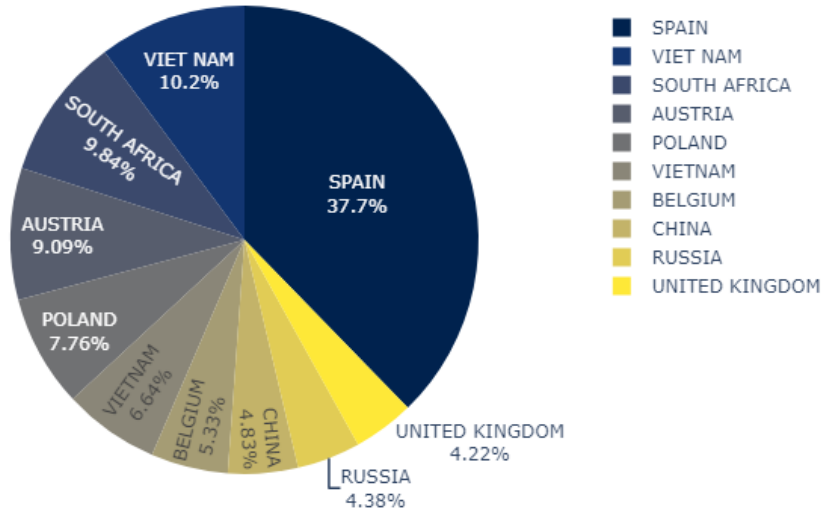
AHSV

Pourcentage de séquençage soumises par la France : 0.17



ASFV

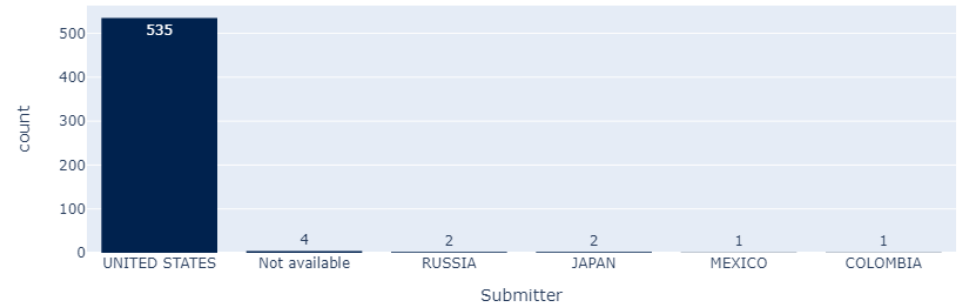
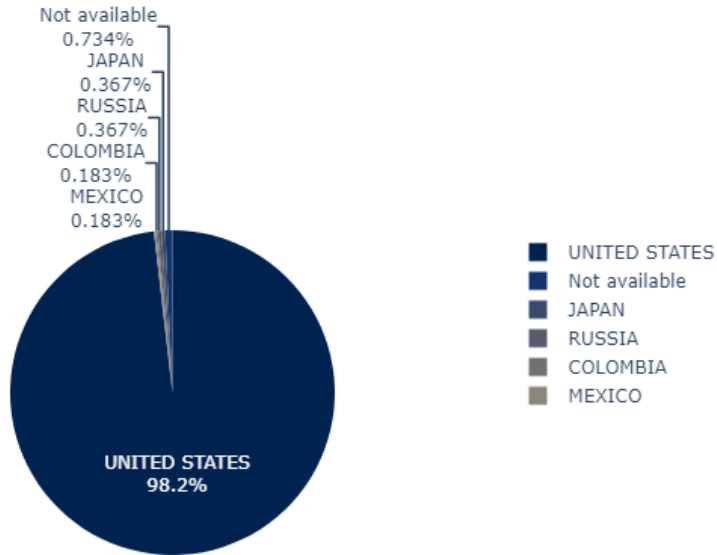
Pourcentage de séquençage soumises par la France : 0.53

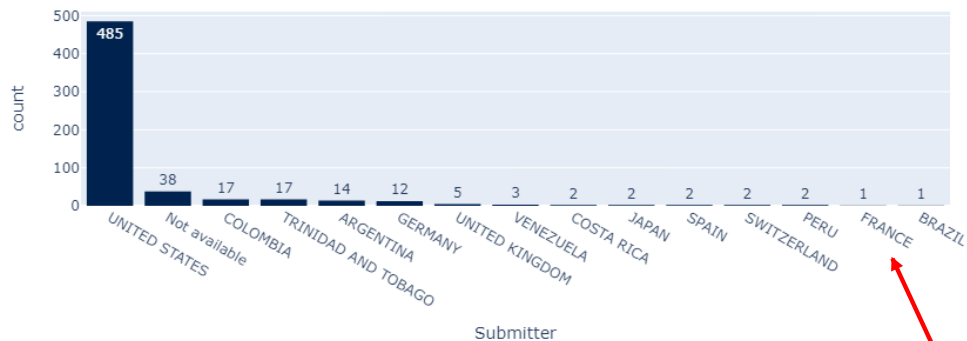
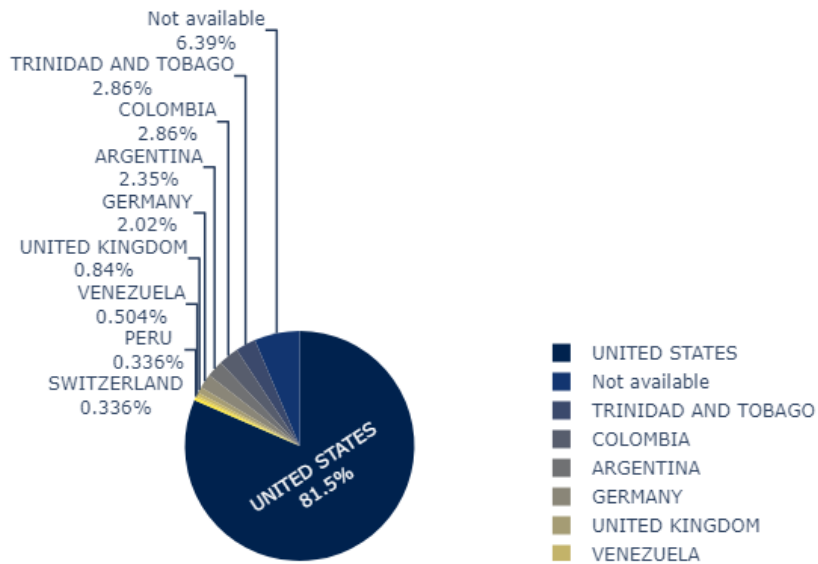


Submitter

EEEEV

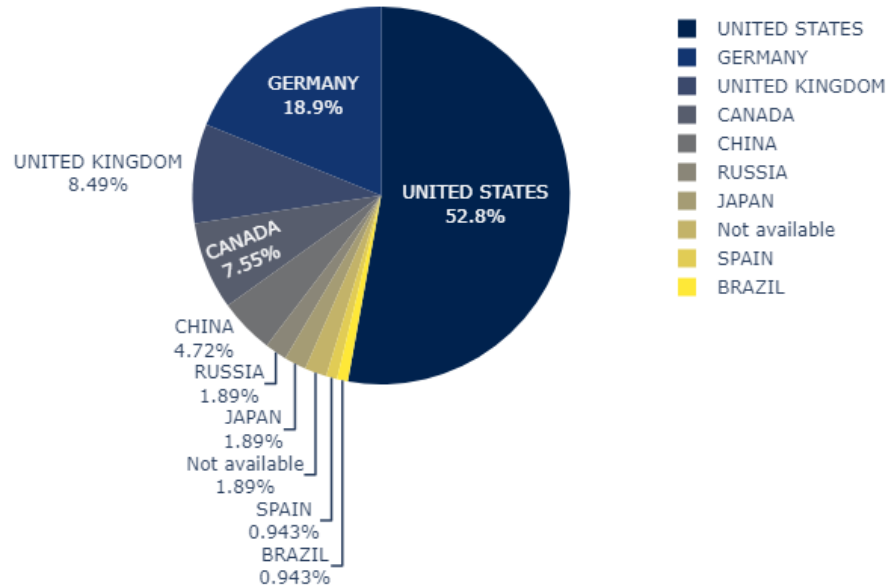
Pourcentage de séquençage soumises par la France : 0.0





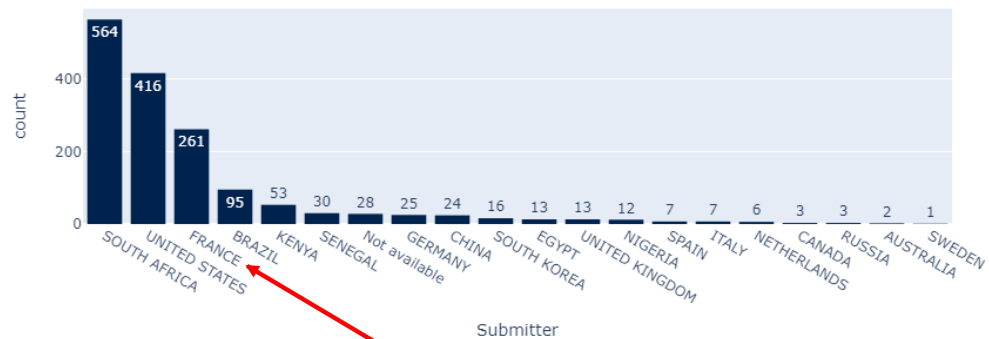
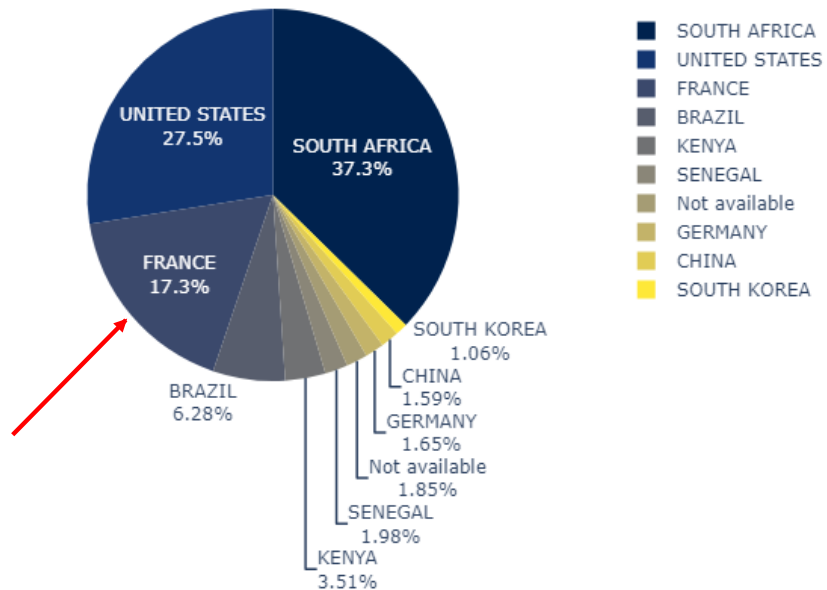
WEEV

Pourcentage de séquençage soumise par la France : 0.0



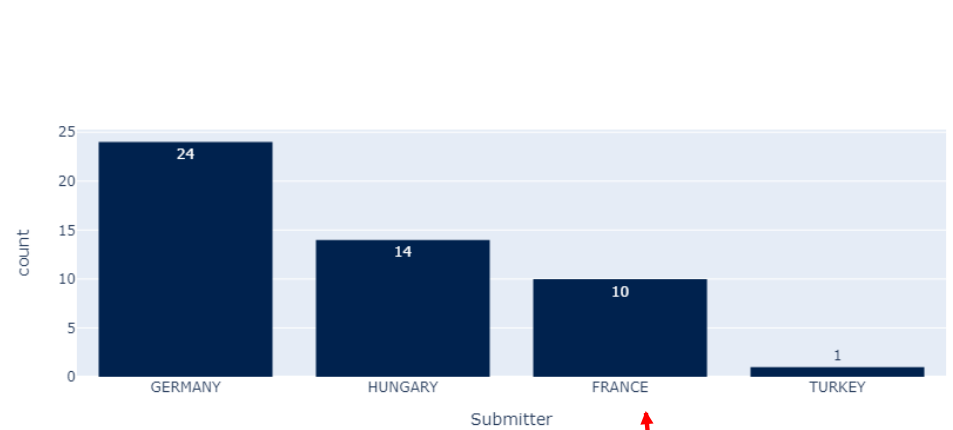
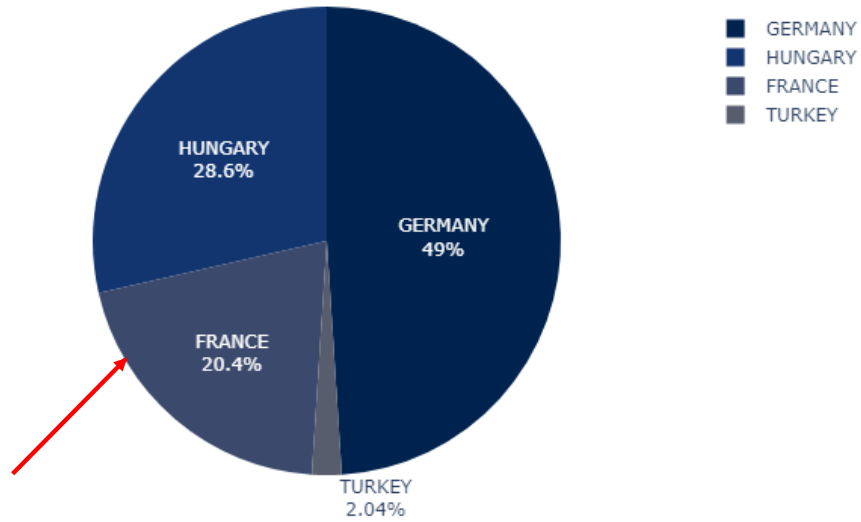
RVFV

Pourcentage de séquençage soumise par la France : 17.3



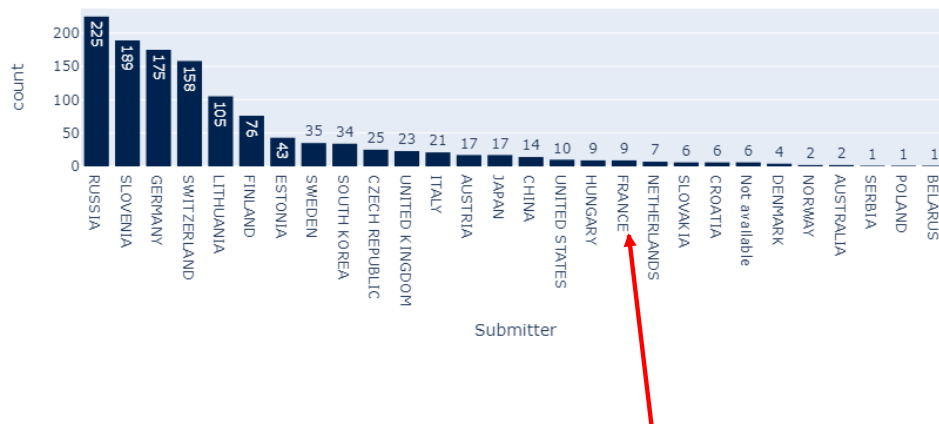
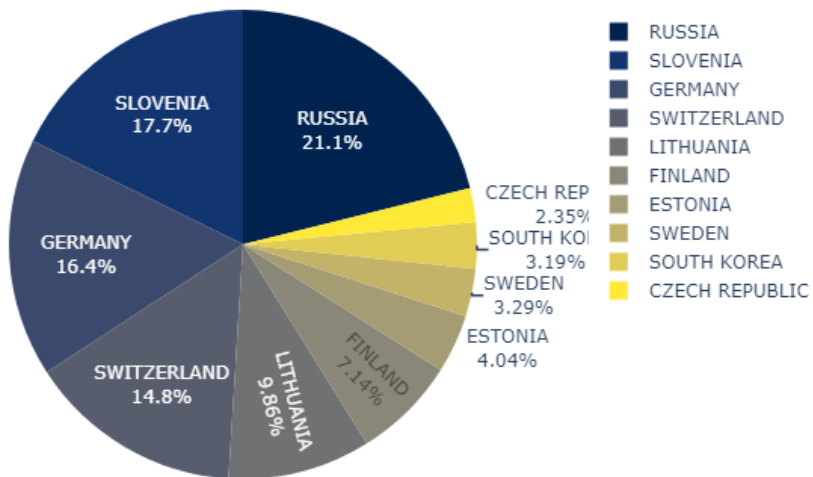
SBV

Pourcentage de séquençage soumises par la France : 20.41



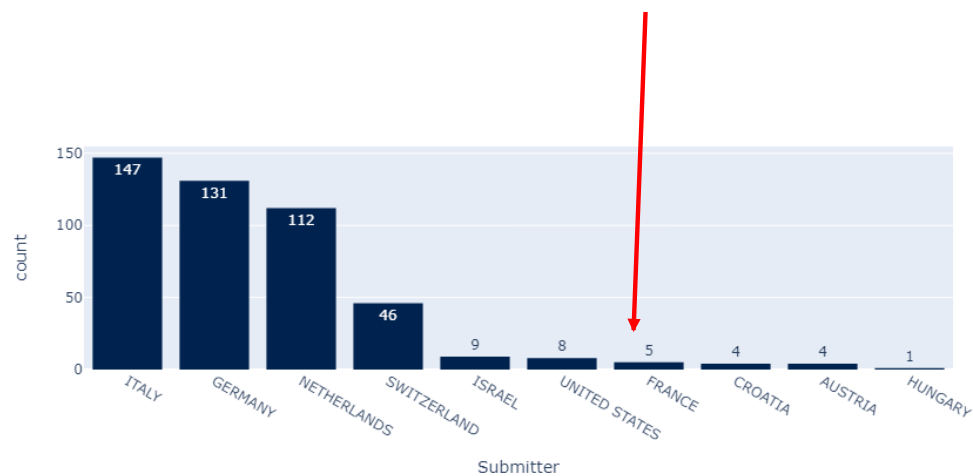
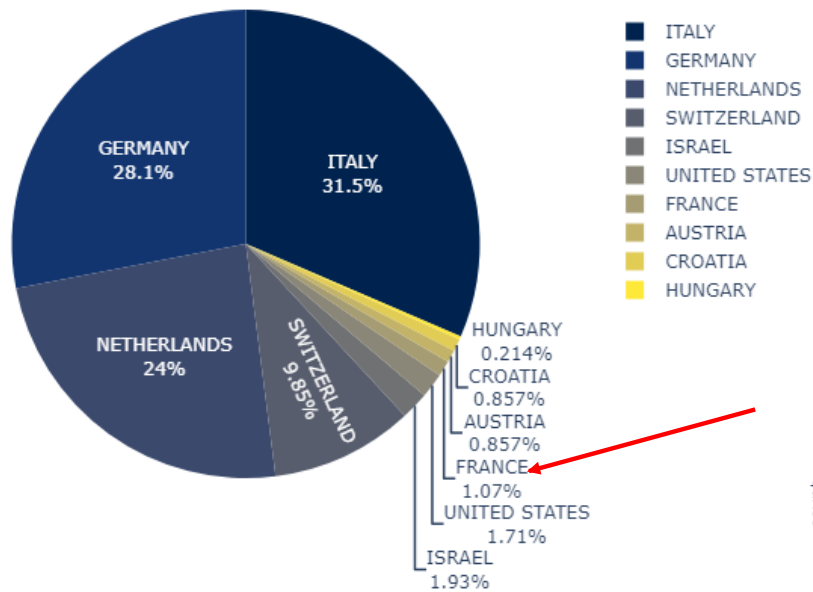
TBEV

Pourcentage de séquençage soumises par la France : 0.74



USUV

Pourcentage de séquençage soumises par la France : 1.07



Virginie CHESNAIS

Deborah MERDA

Meryl VILA NOVA

