Juillet-2022

Centre National de Veille Zoosanitaire
المركز الوطني لليقظة الصحية الحيوانية

Bulletin Zoosanitaire. N°25

SOMMAIRE

Enquête sérologique sur la fièvre catarrhale du mouton et première preuve de la circulation du sérotype BTV26 en Tunisie Page 1

Point sur la situation zoosanitaire dans les pays du Maghreb : Bilan 2018-2019 Page 14

COMITE DE LECTURE

Docteur Abdejlil Ghram

Docteur Chédia Seghaier

Enquête sérologique sur la fièvre catarrhale du mouton et première preuve de la circulation du sérotype BTV26 en Tunisie

Sana Kalthoum[1], Soufien Sghaier[2], Thameur Ben Hassine[3], Liana Teodori[4], Massimo Spedicato [4], Kaouther Guesmi[1], Gharbi Raja[1], Haikel Hajlaoui [1], Bassem Bel Haj Mohamed [1], Wiem Khalfaoui [1], Monia Lachtar [1], Ameni Ben Salem [1], Naouel Fatnassi [1], Anissa Dhaouadi[1], Mehdi Ben Ali[1], Sarah Thabet [2], Chedia Seghaier[1], Giovanni Savini[4], Salah Hammami[5]

[1]Centre National de Veille Zoosanitaire (CNVZ)
[2]Institut de la Recherche Vétérinaire de Tunisie, Tunis,
[3]Direction Générale des Services Vétérinaires, Commissariat Régional au Développement Agricole de Nabeul, Nabeul,
[4]Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise Giuseppe Caporale, Teramo, Italie.
[5]Service de Microbiologie, Immunologie et Pathologie Générale, École Nationale de Médecine Vétérinaire de Sidi Thabet, Tunisia Universitè de la Manouba, Manouba,

Introduction

La fièvre catarrhale ovine (FCO) est une maladie vectorielle transmise principalement par des moucherons piqueurs (Culicidés) aux ruminants domestiques tels que les ovins, les caprins et les bovins ainsi qu'aux ruminants sauvages tels que les cerfs, les chevreuils, les chamois de Cantabrie (Chaignat et al., 2009 ; Lorca-Oró et al.,2014). Elle est causée par le virus de la fièvre catarrhale du mouton (BTV) du genre Orbivirus, famille Reoviridae, qui possède 10 segments d'ARN avec un taux de mutation élevé (Alkhamis et al., 2020). Trente-cinq sérotypes ont été identifiés dont 24 sérotypes classiques de BTV dans le monde (Ries et al., 2020).

La FCO est une maladie infectieuse non contagieuse grave, en raison de son impact économique direct et indirect et des restrictions commerciales qu'elle entraine (Gethmann et al., 2020). Elle a été signalée pour la première fois en Afrique du Sud, au cours du 18e siècle. Depuis, la maladie a continué sa propagation dans le monde (Ma et al., 2019). Actuellement, la FCO est répandue sur tous les continents, à l'exception de l'Antarctique (Ma et al., 2019). L'émergence de la FCO dans de nombreuses régions a été liée essentiellement au changement climatique. Il a été rapporté que la propagation de la FCO dans le sud de l'Europe a été liée à l'augmentation de l'étendue spatiale du vecteur afro-tropical (Jacquot et al., 2007). En Afrique du Nord, la première incursion de la fièvre catarrhale du mouton, en Tunisie, a eu lieu en 1999 et qui a été due au sérotype 2 (BTV2) où un total de 14 775 cas et 1 286 décès chez les ovins a été signalé par les services vétérinaires et depuis, la maladie est devenue enzootique. Après et en 2000, l'Algérie a notifié la présence du BTV2 dans le nord-est du pays (Hammami, 2004). La maladie n'a pas été signalée au Maroc avant 2004 mais une incursion du BTV-10 en 1956, dans la zone sud de Larache et à l'ouest d'Arbaoua, a été décrite sur la base d'une étude sérologique. En 2004, des foyers de de BTV4 ont été apparus pour

la première fois (Youssef L, Bluetongue in Morocco 2004 to 2015). Depuis 1999, de nombreux sérotypes, BTV1, BTV2, BTV3, BTV4, ont été identifiés dans les pays d'Afrique du Nord, avec des signes cliniques. En Libye, l'enquête sérologique menée par Mahmoud et al. (2018), durant l'année 2015-2016, a révélé la présence des BTV 1, 2, 3, 4, 9 et 26. En Tunisie, un nouveau sérotype putatif de BTV (BTV-Y TUN2017) a été mis en évidence chez des ovins introduits à partir de la Libye. Ce nouveau sérotype est apparenté à la souche de BTV26, contaminant un vaccin contre la variole ovine disponible dans le commerce (Lorusso and Sghaier, 2018). Bien que la FCO soit enzootique en Tunisie, les études de sa prévalence chez les ovins sont rares. La circulation simultanée de plusieurs sérotypes dans les pays d'Afrique du Nord soulève plusieurs questions sur le rôle des mouvements des animaux dans l'introduction et la propagation de la FCO dans cette région. Il a été rapporté que la FCO pourrait être introduite par des animaux infectés et que les mouvements de bétail pourraient constituer une menace sérieuse (Gahn et al., 2020) (Walton, 2004).

En Tunisie, la FCO est contrôlée par la vaccination des ovins, qui a été arrêtée depuis 2017. Une surveillance active associée à une surveillance passive a été mise en place dans tout le pays depuis l'apparition de la maladie. Compte tenu de la situation épidémiologique, les méthodes conventionnelles se sont révélées insuffisantes pour lutter contre la FCO, notamment en raison des mouvements incontrôlés des animaux. La surveillance de la FCO pourrait donc être renforcée par la mise en place d'une surveillance basée sur le risque (RBS) qui prend en considération les principaux facteurs de risque tels que la densité du vecteur, les mouvements et la densité des animaux et ce afin d'optimiser la surveillance pour une détection précoce et cibler les zones où la maladie est plus susceptible d'être introduite et de se propager.

L'objectif de la présente étude est de déterminer la séroprévalence de la FCO en Tunisie, d'étudier les facteurs de risque associés à la circulation du BTV et d'identifier les sérotypes circulants en utilisant l'approche de la surveillance basée sur le risque.

Matériel et méthodes

1- Zone de l'étude :

L'étude a été menée dans 67 secteurs (Figure 1), choisis au hasard parmi 2084 secteurs classés en quatre niveaux de risque d'exposition à la FCO (zones à risque négligeable, faible, élevé et très élevé), en utilisant une méthode d'évaluation qualitative du risque (Diaw et al., 2020). Les facteurs de risque utilisés ont été la probabilité de la présence du vecteur principal (*Culicoides imicola*), la densité de la population ovine, la mobilité animale nationale (indicateurs d'analyse des réseaux sociaux).

Dans un premier temps, tous les facteurs de risque quantitatifs, tels que la densité de la population ovine et les mouvements nationaux du bétail, ont été transformés en quatre catégories qualitatives de risque en fonction de leur distribution (négligeable, faible, élevé et très élevé).

Pour les facteurs de risque qualitatifs (présence/absence), seules deux classes ont été établies. Toutes les catégories de facteurs de risque ont été cartographiées au niveau de l'unité épidémiologique (secteur). Après la classification de chaque facteur séparément, tous les facteurs cartographiés ont été combinés en utilisant la combinaison booléenne des facteurs de risque au niveau de chaque secteur (Diaw et al., 2020).

Les 67 secteurs, échantillonnés de façon aléatoire, ont regroupé : 15, 17, 18 et 17 secteurs classés, respectivement, comme zones à risque très élevé, élevé, faible et négligeable. L'échantillonnage a été conçu pour détecter la prévalence de 10%, 15%, 40% et 50% dans les zones à risque négligeable, faible, élevé et très élevé, respectivement. Cinquante animaux provenant de cinq éleveurs par secteur ont été échantillonnés au hasard. Les animaux de moins de 6 mois et ceux très jeunes ont été exclus de l'échantillonnage pour éviter la détection d'anticorps maternels. Au total, 3314 échantillons ont été prélevés sur des ovins non vaccinés (d'après les vétérinaires des régions enquêtées), appartenant à 333 troupeaux durant la période de l'étude.

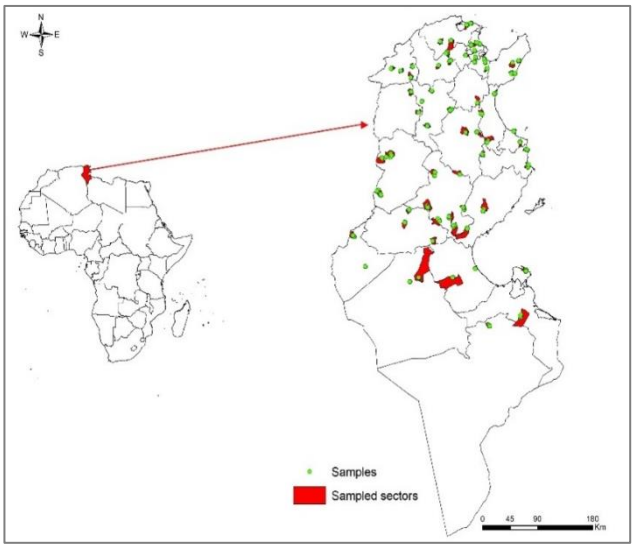

Figure 1a : Carte de la Tunisie montrant les secteurs où les ovins ont été échantillonnés

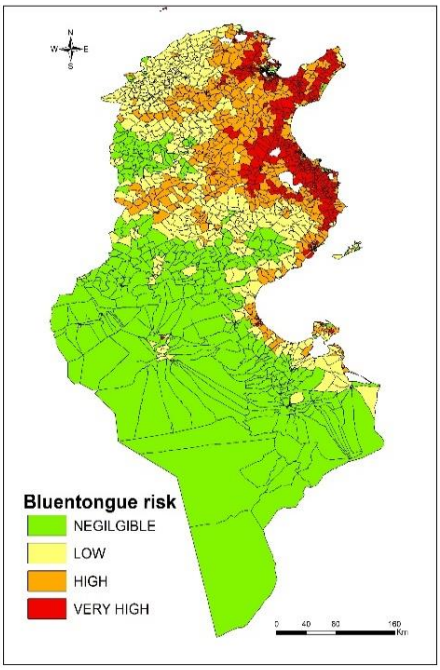

Figure 1b : La carte de risque de l'occurrence de la fièvre catarrhale du mouton en Tunisie

2- Collecte des données

L'étude a été menée durant une période de trois mois, allant du mois de novembre 2019 au mois de janvier 2020. Les données relatives aux éleveurs et aux animaux ont été collectées à l'aide d'un questionnaire structuré et testé dans dix troupeaux afin de vérifier que les questions posées sont compréhensibles pour aussi bien les enquêteurs que les éleveurs. Les données recueillies comprenaient des informations sur les éleveurs et les exploitations (nombre d'animaux détenus, coordonnées géographiques, historique de la présence du BTV dans l'exploitation et dans les exploitations voisines et vaccination contre le BTV) et sur les animaux échantillonnés (âge, sexe, race). Les facteurs de risque probables liés à la FCO, à l'échelle individuelle (animal) (âge, sexe, race, logement) et au niveau des troupeaux (taille du troupeau, présence d'eau stagnante, présence de vecteur dans l'exploitation, proximité de zones humides, pâturage près des zones humides, système de production, échange d'animaux et introduction de nouveaux animaux), ont été étudiés.

3- Prélèvements de sang et analyses de laboratoire

Au total, 3314 sérums ont été collectés et testés à l'aide d'un kit commercial c-ELISA (ID SCREEN® Bluetongue Competition ELISA, IDVet, Grabels, France), conformément aux instructions du fabricant. Les sérums présentant un pourcentage d'inhibition < 35 % ont été considérés comme positifs. Parmi les échantillons positifs au test ELISA, 200 ont été sélectionnés sur la base de la représentativité des différents gouvernorats puis envoyés au laboratoire de référence de l'OMSA pour la fièvre catarrhale du mouton à Teramo-Italie, afin de déterminer les sérotypes circulants par la technique de séro-neutralisation (SN), utilisant les sérotypes de référence 1, 2, 3 , 4, 6, 8, 9, 14, 15, 16 et 26 (Gard et al., 1993, Savini et al., 2004).

4- Analyse des données

Les données ont été saisies dans une base de données sur Microsoft Access et analysées par le logiciel R version 3.4 (R Core Team, 2017). Les cartes ont été produites par le logiciel de la cartographie ArcGIS version 10.4 (https://www.esri.com/). La prévalence globale a été calculée en divisant le nombre total d'échantillons positifs en cELISA par le nombre total d'échantillons testés. La taille du troupeau a été divisée en trois classes d'âge (Classe 1 : âge <=24 mois, Classe 2 : 24 mois < âge ≥ 48 mois, Classe 3 : > 48 mois), selon la méthode de classification par quartile afin de faciliter les

analyses. Les associations entre la séroprévalence et les facteurs de risque potentiels ont d'abord été investiguées dans une analyse univariée, utilisant le test du Chi-deux et le niveau de signification fixé à $P < 0,05$. Ensuite, une analyse multivariée utilisant le modèle de régression logistique, a été effectuée en se basant sur les résultats significatifs de l'analyse univariée (le niveau de signification fixé à $P < 0,02$). La séroprévalence du BTV a été considérée comme la variable dépendante et les facteurs de risque significatifs comme les variables indépendantes.

Résultats

1- Séroprévalence de la FCO

Parmi les 3314 échantillons, 1330 sérums ont montré la présence d'anticorps contre le BTV par la technique cELISA. La séroprévalence globale du FCO chez les ovins en Tunisie était de 40,1 % (1330/3314 ; IC 95 % : 38,4 %, 41,8 %). La séroprévalence était répartie de manière homogène ($P = 0,5591$) entre les quatre catégories de zones à risque et aucune variation significative n'a été détectée. Cette séroprévalence était de 41,2 % (306/743 ; IC 95 % : 37,6-44,7 %), 40,8 % (346/848 ; IC 95 % : 37,4-44,1 %), 40,6 % (361/890 ; IC 95 % : 37,3 %, 43,7 %), 38,1 % (317/833 ; IC 95 % : 34,7 %, 41,3 %) dans les zones à risque très élevé, élevé, faible et négligeable, respectivement (Tableau 1).

Tableau 1 : Séroprévalence de la FCO en Tunisie selon les zones à risque

Catégorie de risque	Positif	TOTAL	Séroprévalence	95% LCL	95% UCL
TRES ELEVE	306	743	**41.2**	**37.6**	**44.7**
ELEVE	346	848	**40.8**	**37.4**	**44.1**
FAIBLE	361	890	**40.6**	**37.3**	**43.7**
NEGLIGEABLE	317	833	**38.1**	**34.7**	**41.3**
TOTAL	1330	3314	**40.1**	**-**	**-**

LCL, limite inférieure de confiance ; UCL, limite supérieure de confiance.

La séroprévalence a significativement varié en fonction des gouvernorats (P=0,000000). En effet, la séroprévalence la plus faible (20,5% (41/200)) a été enregistrée à Jendouba (nord-ouest de la Tunisie). Des valeurs élevées de séroprévalence ont été observées dans les gouvernorats du centre (Kairouan 62,8% (125/199) et Sousse 56% (56/100)), les gouvernorats du sud (Tataouine (73,4% (36/49)) et ceux du nord (Le Kef (58,8% (53/90) et Manouba 48,9% (48/98)) (Figure 2).

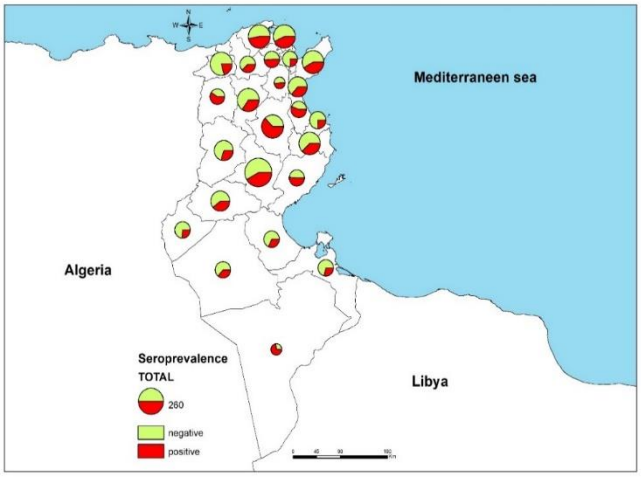

Figure 2 : Répartition de la séroprévalence de la FCO chez les ovins en fonction des gouvernorats

2-Facteurs de risque associés à la séroprévalence de la FCO

L'analyse univariée a montré que six facteurs parmi les quatorze analysés sont statistiquement associés à la séroprévalence de la FCO. Les animaux les plus âgés (> 48 mois) étaient les plus touchés par la FCO et semblaient plus à risque que les jeunes animaux (P=0,0000).

Les facteurs de risque suivants : logement (intérieur/extérieur), système de production, taille du troupeau, présence du vecteur, historique de la FCO dans l'exploitation, semblent être associés de manière très significative à la séroprévalence de la maladie (P<0,05) (Tableau 2). Cependant, la race, la proximité des zones humides, la présence d'eau stagnante, le pâturage près des zones humides, l'introduction de nouveaux animaux, la présence de FCO dans les fermes voisines, l'échange d'animaux et la présence de bovins dans la ferme se sont avérés non significatifs.

Le tableau 3 présente les résultats du modèle final de régression logistique. Les animaux les plus âgés (plus de 48 mois) présentent un risque presque deux fois plus élevé (OR = 1,6, IC 95 % = 1,33-1,93) d'être infecté.

Tableau 2 : Analyse univariée (Chi-deux) des facteurs de risque associés à la séroprévalence de la FCO en Tunisie.

Variable	Groupe	Négatif	Positif	Total	*P*
Age	Classe 1 (<24 mois)	1007	584	1591	0.0000*
	Classe 2 (>= 24 and <=48 mois)	636	425	1061	
	Class 3 (> 48 mois)	341	321	661	
Race	Barbarine	418	310	728	0.18
	Queue fine de l'ouest	1039	654	1693	
	Noir de Thibar	129	101	230	
	Autres	398	265	663	
Logement	Intérieur	220	189	409	0.008*
	Extérieur	1764	1141	2905	
Système de production	Extensif	662	437	1099	0.01*
	Intensif	282	147	429	
	Semi-intensif	1040	746	1786	
Proximité des zones humides	Oui	1354	914	2268	0. 8
	Non	630	416	1046	
Présence des eaux stagnantes	Oui	465	295	760	0.4
	Non	1519	1035	2554	
Taille du troupeau	Grand	462	357	819	0. 02*
	Moyen	1005	670	1675	
	Petit	517	303	820	
Pâturage à côté des zones humides	Oui	624	436	1060	0.4
	Non	1360	894	2254	
Introduction des nouveaux animaux	Oui	427	289	716	0.9
	Non	1557	1041	2598	
Historique de la FCO dans l'exploitation	Oui	85	91	176	0.001*
	Non	1899	1239	3128	
Présence de la FCO dans les fermes voisines	Oui	37	33	70	0.2
	Non	1737	1117	2854	
Echanges d'animaux	Oui	369	269	638	0.2
	Non	1615	1061	2676	
Présence de bovins dans la ferme	Oui	570	393	963	0.6
	Non	1414	937	2351	
Présence du vecteur	Oui	987	726	1713	0.007*
	Non	997	604	1601	

Tableau 3 : Analyse multivariée des facteurs de risque associés à la séroprévalence de la FCO en Tunisie

Variable	Groupe	OR	95%C.I.	*P*
Age	Réf. Classe 1			
	Classe 2	1.17	0.99-1.37	0.06
	Classe 3	1.6	1.33-1.96	<0.001
Système de production	Réf.=Extensif			
	Intensif	0.66	0.51-0.85	0.001
	Semi-intensif	0.95	0.81-1.13	0.58
Logement	extérieur /intérieur	0.72	0.58-0.89	0.002
Historique de la FCO dans l'exploitation	Oui/Non	1.46	1.07-1.99	0.01
Taille du troupeau	Réf. Grand			
	Moyen	0.82	0.68-0.98	0.03
	Petit	0.72	0.59-0.9	0.003
Présence du vecteur	Oui/Non	1.24	1.08-1.43	0.003

3- Typage et identification des souches

Un total de 200 échantillons positifs en Elisa a été analysé par l'épreuve de séroneutralisation virale (VNT) pour déterminer les sérotypes circulants du BTV. Les résultats ont montré que 105 échantillons présentent des anticorps neutralisants contre l'un ou plusieurs des sérotypes suivants : BTV-1, BTV-2, BTV-3, BTV-4 et BTV-26. Les titres ont varié entre 1:10 et plus de 1:640. Le BTV-1 était le sérotype le plus répandu (33,3%), suivi du BTV-3 (13,3%), BTV-2 (8,6%), BTV-4 (3,8%) et du BTV-26 (1%). Nous avons constaté que 60% (63/105) des échantillons présentaient des anticorps neutralisants contre un seul sérotype. Des coïnfections doubles, triples ou quadruples dans 40% des échantillons ont été mises en évidence. Parmi ces coïnfections, la combinaison BVT-1 et BTV4 est la plus prédominante (14 échantillons), suivie par la circulation simultanée de BTV1 et BTV2 (9 échantillons). Dans les gouvernorats du centre, des coïnfections avec quatre sérotypes (BTV-1, BTV-2, BTV-3, BTV-4) ont été observées (figure 3).

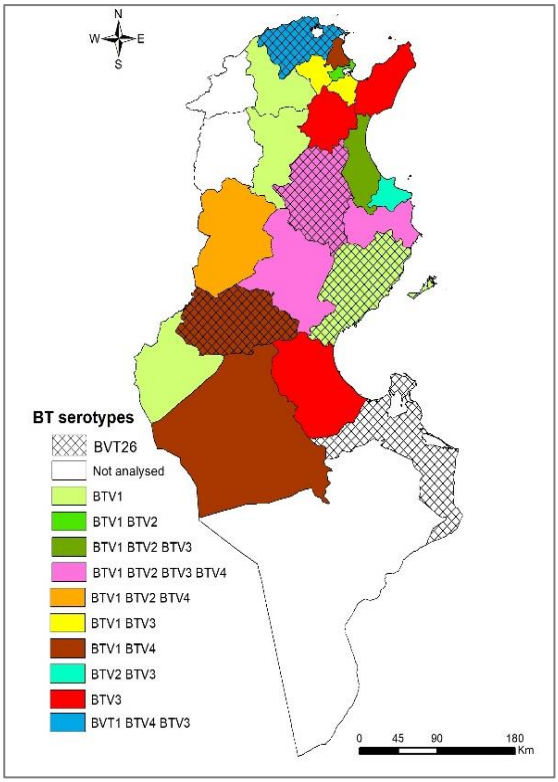

Figure 3 : Sérotypes du virus de la fièvre catarrhale du mouton circulant en Tunisie, en fonction du résultat de l'épreuve de neutralisation. Le BTV1 est le seul sérotype qui a été détecté dans les gouvernorats du nord-ouest (Siliana et Beja). Le BTV26, mis en évidence pour la première fois chez les ovins, a été trouvé dans le nord (gouvernorat de Bizerte), le centre (gouvernorats de Sousse et Sfax) et le sud de la Tunisie (gouvernorats de Médenine, Gafsa).

Discussion

Cette étude vise la détermination de la séroprévalence de la FCO en Tunisie et la distribution des sérotypes circulants en adoptant une méthode d'échantillonnage basée sur le risque. Cette approche a été approuvée et récemment appliquée à la fièvre aphteuse en Tunisie (Diaw et al., 2020). Le programme actuel de surveillance de la fièvre catarrhale du mouton, en Tunisie, est basé sur la composante passive qui repose sur la détection de suspicions cliniques. Cependant, dans un contexte caractérisé par des changements climatiques en perpétuelle évolution, en plus des mouvements incontrôlés d'animaux, la surveillance passive seule ne pourrait être efficace. Dans cette situation, Il est fortement recommandé de compléter la surveillance passive existante par une surveillance basée sur le risque afin d'augmenter les chances de détection des maladies et réduire les couts relatifs aux enquêtes (Mastin et al., 2020). Dans cette étude, des prélèvements de sang ont été collectés à partir d'ovins dans 67 secteurs, classés en quatre catégories de risque (négligeable, faible, élevé et très élevé). Il s'agit de la première étude qui utilise l'échantillonnage basée sur le risque.

D'une manière générale, le taux de séroprévalence de la FCO était de 40,1% chez les ovins, taux considéré élevé par rapport aux valeurs rapportées dans des études précédentes, menées chez les ovins au Maroc (33,3%-37%) (Drif et al. 2014), en Algérie (Moustafa et al. 2016) (5.7%) et en Éthiopie (30,6%) (Abera et al., 2018) ; mais, il demeure inférieur aux valeurs observées en Libye (50,3%) (Mahmoud et al., 2019), en Iran (76,4%) (Hasanpour et al. 2008), au Pakistan (44,2%) (Sohail et al., 2018) et en Arabie saoudite (Yousef et al., 2012). Bien que la vaccination contre la FCO en Tunisie ait été arrêtée depuis 2017, la séroprévalence trouvée dans cette étude doit être

interprétée avec prudence car une partie des animaux échantillonnés étaient âgés de plus de 4 ans et la persistance des anticorps vaccinaux a été déjà décrite dans des études antérieures. De plus, les informations sur l'origine des animaux n'étaient pas toujours disponibles.

Des taux de séroprévalence élevés ont été détectés dans les quatre catégories de zones à risque. Ces résultats suggèrent que les animaux séropositifs à la FCO sont largement distribués dans l'ensemble du pays. Généralement, il est connu que la propagation et la transmission du BTV dépendent fortement de la densité des espèces sensibles et des conditions climatiques (Brand et al. 2017). Cependant, les mouvements des animaux et de l'homme peuvent également jouer un rôle important dans la propagation de la maladie et l'établissement de nouveaux foyers dans des zones non précédemment infectées (Sumner et al. 2017, Mintiens et al. 2008, Turner et al. 2012).

Les valeurs les plus élevées de la séroprévalence ont été enregistrées dans le centre de la Tunisie (gouvernorat de Kairouan et Sousse) et les gouvernorats du nord (Manouba). Il a été rapporté que *Culicoides imicola*, le principal vecteur de la FCO, est l'espèce la plus abondante dans le centre et le nord de la Tunisie (Hammami et al., 2008, Slama et al., 2017). De même, dans le sud de la Tunisie (gouvernorat de Tataouine), un nombre élevé d'échantillons d'ovins était séropositifs à la FCO. La présence d'échantillons séropositifs dans le gouvernorat de Tataouine et dans le sud tunisien pourrait être liée à l'introduction informelle d'animaux provenant des pays voisins puisque le vecteur principal de la FCO (*Culicoides imicola*) n'a pas été détecté dans le sud (Hassine et al 2017). Il a été signalé que le mouvement des animaux à travers les frontières pourrait affecter la distribution de la séroprévalence de la FCO (Elmahi et al., 2020). Ainsi, Lorusso et al., dans une étude menée en Tunisie, ont détecté une nouvelle souche du virus de la FCO, nommée BTV-Y TUN2017 dont le séquence a été possible à partir d'ovins originaires de Libye (Lorusso et al., 2018). Que ce soit le mouvement des animaux ou la présence du vecteur, notre présente étude met en évidence un taux de séroprévalence élevé de la FCO chez les ovins en Tunisie.

Quatorze facteurs de risque ont été étudiés par l'analyse univariée et multivariée ; seuls six facteurs ont été associés à la variation de la séroprévalence de la FCO. Une association statistiquement significative entre l'âge et la séroprévalence de la FCO a été détectée, indiquant un accroissement de la séropositivité avec l'augmentation de l'âge des animaux. Ce résultat est comparable à celui d'autres études menées dans différents pays (Yilma al., 2015 ; et Christie ; 2010 ; ~~,~~ Mohammadi et al., 2012 ; Mahmoud et al., 2014). Contrairement aux études menées par Mozaffari et al., en Iran (Mozaffari et al., 2012), qui n'ont pas mis en évidence une association entre l'âge et la séroprévalence de la FCO n'a été trouvée.

En ce qui concerne l'historique de la FCO et la présence du vecteur dans l'élevage, une relation significative entre la séroprévalence et les précédents foyers de FCO et la présence du vecteur a été démontrée dans cette étude. Nous avons également démontré une association significative entre la séroprévalence de la FCO et la taille du troupeau. Notre résultat suggère que la taille du troupeau pourrait être un facteur protecteur vu que la séropositivité diminue avec l'augmentation du nombre de moutons dans la ferme. Un résultat similaire a été trouvé dans des études menées en Espagne évaluant le risque lié au sérotype BTV-1 (Pascual-Linaza et al., 2014) et au Népal (Gaire et al., 2014). Contrairement à nos résultats, il a été antérieurement rapporté que la séroprévalence diminuait significativement avec l'augmentation du nombre d'ovins dans l'exploitation (Carvelli et al., 2019).

Cette étude a également évaluée l'effet du système de production sur la séroprévalence de la FCO. Nous avons trouvé une séroprévalence élevée dans le système semi-intensif et un faible taux d'infection dans le système intensif, suggérant que le risque lié à l'infection par la FCO varie en fonction des systèmes de production. Ceci est en accord avec le résultat trouvé par Pascual-Linaza et al., dans une étude menée en Espagne en 2014 (Pascual-Linaza et

al., 2014). En outre, les pertes économiques dues à la FCO sont plus élevées dans les exploitations semi-intensives que dans les autres systèmes de production (Senthil Kumar et al., 2020). Ce résultat peut être expliqué par le fait que dans le système intensif, les élevages ont une meilleure gestion en ce qui concerne la prévention et le contrôle des maladies et les mesures de biosécurité.

En ce qui concerne les pratiques d'élevage (hébergement à l'intérieur/extérieur des animaux), une séroprévalence élevée de la FCO a été détectée dans les exploitations où les animaux étaient hébergés à l'intérieur par rapport à celles en plein air. Notre résultat est en accord avec les études précédentes qui ont démontré que les animaux à l'intérieur sont plus susceptibles d'être exposés à des vecteurs infectés et à l'infection par le BTV (Adam IA et al 2014). Cependant, le comportement de Culicidés (à l'intérieur et à l'extérieur du bâtiment) est fortement influencé par la température et les conditions climatiques (Jess et al., 2018) et la séroprévalence élevée trouvée dans notre étude chez les animaux gardés à l'intérieur des bâtiments pourrait être due à la présence du vecteur à l'intérieur des bâtiments surtout que l'enquête a été menée durant les mois de novembre, décembre et Janvier. *Culicoides imicola*, qui est le principal vecteur en Tunisie, était plus abondante à l'intérieur qu'à l'extérieur des bâtiments dans une étude menée en Europe Occidentale (Viennet et al., 2012). En Italie, Magliano et al., ont confirmé que les *Culicoides* sont aussi actifs à l'intérieur qu'à l'extérieur des locaux d'élevage (Magliano et al., 2018). Le comportement endophile de nombreuses espèces de *Culicoides* a été rapporté dans de nombreuses études à travers le monde. En Belgique, les *Culicoides* piégés à l'intérieur étaient 15 à 22 fois plus nombreux que dans les environnements extérieurs (Zimmer et al., 2010). Baldet et al., dans une étude menée en France ont décrit pour la première fois l'activité intérieure de plusieurs espèces de *Culicoides* telles que *C. obsoletus/C. scoticus* et *C. dewulfi* connues par leur activité extérieure (Baldet et al., 2006). Dans l'Est de la Slovaquie, une forte abondance de *C. punctatus* et *C. newsteadi* a été détectée à l'intérieur, ce qui suggère une variation du comportement de ces espèces pendant l'année (Sarvašová et al., 2016). Dans l'ensemble, il y a un besoin crucial de faire pousser les investigations pour faire progresser les connaissances sur l'écologie des espèces de *Culicoides* dans le contexte tunisien afin de mieux contrôler la maladie.

Selon les résultats de la séro-neutralisation, parmi les 200 échantillons analysés, 105 prélèvements ont présenté des anticorps neutralisants contre 5 cinq sérotypes. Les échantillons positifs en cELISA n'ont pas été tous analysés pour des raisons économiques car la technique est coûteuse. Les anticorps neutralisants contre BTV-1, BTV2, BTV3, BTV-4, BTV-6, BTV-8, BTV-9, BTV-14, BTV-15, BTV-16, et BTV-26 ont été mesurés car il s'agit des principaux sérotypes circulant dans la région méditerranéenne (Kundlacz et al., 2019 ; Mahmoud et al., 2019 ; Nomikou et al., 2009). Comme attendu, les résultats ont révélé la présence de quatre sérotypes (BTV-1, BTV-2, BTV-3 et BTV-4) qui ont été déjà isolés en Tunisie et ce lors des précédentes épizooties. La co-circulation de plusieurs sérotypes (2, 3 ou 4 sérotypes) du virus de la FCO dans la même localisation et chez le même animal a été considérée comme un potentiel facteur de risque pour les réassortiments génétiques qui pourraient générer de nouveaux sérotypes (Guimarães et al., 2017). Dans cette étude, le BTV-1 était le sérotype le plus répandu avec 33,3% des échantillons analysés, ce qui suggère sa persistance malgré les campagnes de vaccination précédentes.

Le fait marquant de la présente étude est la détection du BTV-26 pour la première fois en Tunisie. Ce sérotype a été rapporté pour la première fois chez des ovins au Koweït (Maan et al., 2011). Les principales caractéristiques de ce sérotype étaient sa transmission directe entre chèvres en absence du vecteur et de signes cliniques (Batten et al., 2014 ; Maclachlan et al., 2015). La détection du sérotype BTV-26 pour la première fois en Tunisie n'était pas surprenante puisque ce sérotype a circulé récemment en Libye. Il a été signalé que le BTV-26 est introduit en Libye à travers les mouvements illégaux et incontrôlés d'animaux (Mahmoud et al., 2019). Sa présence dans le gouvernorat de Médenine est en faveur de son introduction en

Tunisie à partir de la Libye par des mouvements illégaux d'animaux. La présence de ce sérotype dans le centre (gouvernorats de Gafsa, Kairouan, Sousse et Sfax) et dans le nord de la Tunisie (gouvernorat de Bizerte) pourrait s'expliquer par sa propagation à partir du Médenine vers les autres gouvernorats par le biais des mouvements commerciaux d'animaux. Il a été démontré que la mobilité des animaux au niveau national se produit dans tout le pays avec une concentration dans le centre et le nord où plusieurs marchés aux bestiaux sont qualifiés de super-spreaders de maladies (Baccar et al., 2018). Dans cette situation, la Tunisie est en risque permanent d'introduction de nouveaux sérotypes de la FCO comme les sérotypes BTV-9 et BTV-16, identifiés en Libye (Mahmoud–et al., 2019) et BTV-8, BTV-14 et BTV-16, détectés au Maroc (Drif et al., 2018 ; 2014).

Cette étude a mis en évidence des lacunes dans les connaissances de la maladie telle que la spécificité du vecteur (abondance, comportement dans différentes conditions climatiques et compétence d'autres espèces de *Culicoïdes*) et les sérotypes circulants de la FCO. Ces lacunes ont un impact considérable sur le contrôle et la maitrise de la maladie. Par conséquent, des investigations plus poussées sont fortement recommandées pour confirmer l'origine des nouveaux sérotypes identifiés (BTV-26) et ceux qui pourront être introduits ainsi que leur voie de propagation d'une part, et pour améliorer les connaissances sur l'écologie du vecteur principal et les autres espèces potentielles d'une autre part.

Conclusion

Les résultats de cette étude indiquent une séroprévalence élevée de la FCO chez les ovins et la présence de la maladie dans plusieurs gouvernorats. L'âge, le système de production et la taille du troupeau représentent les facteurs de risque potentiels, influents l'infection des ovins par la FCO. Cinq sérotypes ont été détectés dans cette étude et la coïnfection par plusieurs sérotypes a été aussi mise en évidence. Malgré le risque lié aux changements climatiques et la circulation de nombreux sérotypes dans les pays voisins, la campagne de vaccination de masse a été arrêtée depuis 2017. Le contrôle de cette maladie enzootique est devenu un défi pour les services vétérinaires. Pour cela, la surveillance et le contrôle de la FCO devront être renforcés par la mise en place d'une surveillance sentinelle systématique et d'un système d'alerte précoce pour les variables climatiques ainsi que la mise en place d'une base de données relative aux mouvements des animaux. Il est aussi fortement recommandé d'intégrer l'approche de la surveillance basée sur le risque, couplée à la surveillance passive.

Références bibliographiques

1. Abera, T. , Bitew, M. , Gebre, D. , Mamo, Y. , Deneke, Y. , & Nandi, S. (2018). Bluetongue disease in small ruminants in south western Ethiopia: Cross-sectional sero-epidemiological study. *BMC Research Notes*, 11, 112. 10.1186/s13104-018-3222-z - DOI - PMC - PubMed
2. Adam, I. A. , Abdalla, M. A. , Mohamed, M. E. , & Aradaib, I. E. (2014). Prevalence of bluetongue virus infection and associated risk factors among cattle in North Kordufan State, Western Sudan. *BMC Research Notes*, 10, 94. 10.1186/1746-6148-10-94 - DOI - PMC - PubMed
3. Alkhamis, M. A. , Aguilar-Vega, C. , Fountain-Jones, N. M. , Lin, K. , Perez, A. M. , & Sánchez-Vizcaíno, J. J. (2020). Global emergence and evolutionary dynamics of bluetongue virus, 2020. *Nature*, 10, 21677. - PMC - PubMed
4. Baccar, M. N. , Kalthoum, S. , Cherni, J. , Coste, C. , & Squarzoni, C. (2018). Animal movement in Tunisia using social network analysis. 6th International Symposium on Animal Mortality Management, Amarillo, Texas.
5. Baldet, T. , Delécolle, J. C. , Cêtre-Sossah, C. , Mathieu, B. , Meiswinkel, R. , & Gerbier, G. (2008). Indoor activity of Culicoides associated with livestock in the bluetongue virus (BTV)-affected region of northern France during autumn 2006. *Preventive Veterinary Medicine*, 87(1-2), 84–97. 10.1016/j.prevetmed.2008.06.014 - DOI - PubMed
6. Batten, C. , Darpel, K. , Henstock, M. , Fay, P. , Veronesi, E. , Gubbins, S. , Graves, S. , Frost, L. , & Oura, C. (2014). Evidence for transmission of bluetongue virus serotype 26 through direct contact. *PLoS One*, 9(5), e96049. 10.1371/journal.pone.0096049 - DOI - PMC - PubMed
7. Ben Fredj, S. , Breard, E. , Sailleau, C. , Zientara, S. , Zekri, S. , Boudabbous, A. , & Hammami, S. (2003). «

Incursion de la fièvre catarrhale ovine en Tunisie: Caractérisation moléculaire des isolats viraux ». *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*, 56(3-4), 121–127. 10.19182/remvt.9852 - DOI

8. Bouguedour, R. , & Ripani, A. (2016). Review of the foot and mouth disease situation in North Africa and the risk of introducing the disease into Europe. *Rev Sci Tech*., 35(3), 757–768. 10.20506/rst.35.3.2566 - DOI - PubMed
9. Chaignat, V. , Worwa, G. , Scherrer, N. , Hilbe, M. , Ehrensperger, F. , Batten, C. , Cortyen, M. , Hofmann, M. , & Thuer, B. (2009). Thuer Toggenburg Orbivirus, a new bluetongue virus: Initial detection, first observations in field and experimental infection of goats and sheep. *Veterinary Microbiology*, 138(1–2), 11–19. 10.1016/j.vetmic.2009.02.003 - DOI - PubMed
10. Chaker, E. , Sfari, M. , Rabhi, M. , Rouis, M. , Babba, H. , & Azaiez, R. (2005). Note faunistique sur les Culicoides (Diptera, Ceratopogonidae) du gouvernorat de monastir (Tunisie). *Parasite*, 12, 359–361. - PubMed
11. Christie, M. (2010). Prevalence and risk factors associated with bluetongue virus among Colorado sheep flocks [MSc Thesis]. Department of Clinical Sciences, Colorado State University, pp. 45–60.
12. Dhaou, S. B. (2017). Etude de la maladie épizootique hémorragique en Tunisie. Sciences Agricoles, Université Paris-Est, Faculté des sciences de Bizerte (Tunisie), 2017. Français. ffNNT: 2017PESC0023ff. fftel-01763049.
13. Drif, K. , Loutfi, C. , Fassi Fihri, O. , Sebbar, G. , Ennaji, M. M. , & El Harak, M. (2014). Bluetongue virus (BTV) serological survey and evidence of emergent BTV8 serotype in Morocco. *Journal of Agriculture, Science and Technology*, 4, 353–358.
14. Drif, K. , Venter, G. , El Harrak, M. , Fihri, O. F. , Loutfi, C. , Touil, N. , & Harif, B. (2018). The value of camels as sentinels for bluetongue virus in Morocco. *Veterinaria Italiana*, 54(4), 343–348. 10.12834/vetit.1502.8097.1 - DOI - PubMed
15. Elmahi, M. M. , Karrar, A. , Elhassan, A. , Hussien, M. O. , Enan, K. A. , Mansour, M. A. , & Hussein, A. E. (2020). Serological investigations of bluetongue virus (BTV) among sheep and goats in Kassala State, Eastern Sudan. *Veterinary Medicine International*, 2020, 1–7. - PMC - PubMed
16. Environmental Systems Research Institute (ESRI) . ArcGIS 10.4, ESRI Inc. Redlands, CA, USA. (https://www.esri.com/)
17. European Food Safety Authority . (2007). Scientific opinion of the scientific panel on animal health and welfare on request from the European Commission on bluetongue vectors and vaccines. *The EFSA Journal*, 479, 1–29.
18. Gahn, M. C. B. , Niakh, F. , Ciss, M. , Seck, I. , Lo, M. M. , Fall, A. G. , Biteye, B. , Fall, M. , Ndiaye, M. , Ba, A. , Seck, M. T. , Sall, B. , Lo, M. , Faye, C. , Squarzoni-Diaw, C. , Ka, A. , Amevoin, Y. , & Apolloni, A. (2020). Assessing the risk of occurrence of bluetongue in Senegal. *Microorganisms*, 8, 1766. 10.3390/microorganisms8111766 - DOI - PMC - PubMed
19. Gaire, T. N. , Karki, S. , Dhakal, I. P. , Khanal, D. R. , Joshi, N. P. , Sharma, B. , & Bowen, R. A. (2014). Cross-sectional serosurvey and associated factors of bluetongue virus antibodies presence in small ruminants of Nepal. *BMC Research Notes*, 7, 691. 10.1186/1756-0500-7-691 - DOI - PMC - PubMed
20. Gard, G. P. , & Kirkland, P. D. (1993). Bluetongue virology and serology. In Corner L. A. & Bagust T. J. (Eds.), Australian standard diagnostic techniques for animal diseases (pp. 1–17). CSIRO Information Services.
21. Gethmann, J. , Probst, C. , & Conraths, F. J. (2020). Economic impact of a bluetongue serotype 8 epidemic in Germany. *Frontiers in Veterinary Science*, 7, 65. 10.3389/fvets.2020.00065 - DOI - PMC - PubMed
22. Gong, Q. L. , Wang, Q. , Yang, X. Y. , Li, D. L. , Zhao, B. , Ge, G. Y. , Zong, Y. , Li, J. M. , Leng, X. , Shi, K. , Liu, F. , & Du, R. (2021). Seroprevalence and risk factors of the bluetongue virus in cattle in China from 1988 to 2019: A comprehensive literature review and meta-analysis. *Frontiers in Veterinary Science*, 7, 550381. 10.3389/fvets.2020.550381 - DOI - PMC - PubMed
23. Guimarães, L. L. B. , Rosa, J. C. C. , Matos, A. C. D. , Cruz, R. A. S. , Guedes, M. , Dorella, F. A. , Figueiredo, H. C. P. , Pavarini, S. P. , Sonne, L. , Lobato, Z. I. P. , & Driemeier, D. (2017). Identification of bluetongue virus serotypes 1, 4, and 17 co-infections in sheep flocks during outbreaks in Brazil. *Research in Veterinary Science*, 113, 87–93. 10.1016/j.rvsc.2017.09.001 - DOI - PubMed
24. Hammami, S. (2004). North Africa: A regional overview of bluetongue virus, vectors, surveillance and unique features. *Veterinaria Italiana*, 40(3), 43–46. - PubMed
25. Hammami, S. , Bouzid, M. , Hammou, F. , Fakhfakh, E. , & Delecolle, J. C. (2008). Occurrence of Culicoides spp. (Diptera: Ceratopogonidae) in Tunisia, with emphasis on the bluetongue vector *Culicoides imicola*. *Parasite*, 15(2), 179–81. 10.1051/parasite/2008152179 - DOI - PubMed

26. Hasanpour, A. , Mosakhani, F. , Mirzaii, H. , & Mostofi, S. (2008). Sero-prevalence of bluetongue virus infection in Sheep in East-Azerbaijan province in Iran. *Research Journal of Biological Sciences*, 3, 1265–1270.
27. Hassine, T. B. , Amdouni, J. , Monaco, F. , Savini, G. , Sghaier, S. , Selimen, I. B. , Chandoul, W. , Hamida, K. B. , & Hammami, S. (2017). Emerging vector-borne diseases in dromedaries in Tunisia: West Nile, bluetongue, epizootic haemorrhagic disease and Rift Valley fever. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, 84(1), e1–e3. 10.4102/ojvr.v84i1.1316 - DOI - PMC - PubMed
28. Jacquot, M. , Nomikou, K. , Palmarini, M. , Mertens, P. , & Biek, R. (2017). Bluetongue virus spread in Europe is a consequence of climatic, landscape and vertebrate host factors as revealed by phylogeographic inference. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 284(1864), 20170919. 10.1098/rspb.2017.0919 - DOI - PMC - PubMed
29. Jess, S. , Thompson, G. M. , Clawson, S. , Forsythe, I. W. N. , Rea, I. , Gordon, A. W. , & Murchie, A. K. (2018). Surveillance of biting midges (Culicoides spp.) in Northern Ireland: Influence of seasonality, surrounding habitat and livestock housing. *Medical and Veterinary Entomology*, 32, 48–60. - PubMed
30. Kalthoum, S. , Arsevska, E. , Guesmi, K. , Mamlouk, A. , Cherni, J. , Lachtar, M. , Gharbi, R. , Mohamed, B. B. H. , Khalfaoui, W. , Dhaouadi, A. , Baccar, M. N. , Hajlaoui, H. , Mzoughi, S. , Seghaier, C. , Messadi, L. , Zrelli, M. , Sghaier, S. , Cêtre-Sossah, C. , Hendrikx, P. , & Squarzoni-Diaw, C. (2021). Risk-based serological survey of Rift Valley fever in Tunisia (2017-2018). *Heliyon*, 7(9), e07932. 10.1016/j.heliyon.2021.e07932 - DOI - PMC - PubMed
31. Kardjadj, M. , & Luka, P. D. (2016). Molecular epidemiology of foot and mouth disease, bluetongue and pest de petites ruminants in Algeria: Historical perspective, diagnosis and control. *African Journal of Biotechnology*, 15, 2474–2479.
32. Kilani, H. , Haj Ammar, H. , Khorchani, R. , & Ben Hammouda, W. (2020). Outil de Gestion de la crise Bluetongue. Webinaire OIE Régional sur « les maladies à transmission vectorielle pour l'Afrique du Nord» 3 décembre 2020. https://rr-africa.oie.int/wp-content/uploads/2020/12/11-tunisia-communic...
33. Kumar, S. S. , & Pandian, A. S. S. (2020). Estimation of economic losses due to bluetongue disease in sheep farms. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 8(3), 853–856.
34. Kundlacz, C. , Caignard, G. , Sailleau, C. , Viarouge, C. , Postic, L. , Vitour, D. , Zientara, S. , & Breard, E. (2019). Bluetongue virus in France: An illustration of the European and mediterranean context since the 2000s. *Viruses*, 11(7), 672. 10.3390/v11070672 - DOI - PMC - PubMed
35. Lorca-Oró, C. , López-Olvera, J. R. , Ruiz-Fons, F. , Acevedo, P. , García-Bocanegra, I. , Oleaga, Á. , Gortázar, C. , & Pujols, J. (2014). Long-term dynamics of bluetongue virus in wild ruminants: Relationship with outbreaks in livestock in Spain, 2006–2011. *PLoS One*, 9(6), e100027. 10.1371/journal.pone.0100027 - DOI - PMC - PubMed
36. Lorusso, A. , Sghaier, S. , Di Domenico, M. , Barbria, M. E. , Zaccaria, G. , Megdich, A. , Portanti, O. , Seliman, I. B. , Spedicato, M. , Pizzurro, F. , Carmine, I. , Teodori, L. , Mahjoub, M. , Mangone, I. , Leone, A. , Hammami, S. , Marcacci, M. , & Savini, G. (2018). Analysis of bluetongue serotype 3 spread in Tunisia and discovery of a novel strain related to the bluetongue virus isolated from a commercial sheep pox vaccine. *Infection, Genetics and Evolution*, 59, 63–71. 10.1016/j.meegid.2018.01.025 - DOI - PubMed
37. Ma, J. , Gao, X. , Liu, B. , Chen, H. , Xiao, J. , & Wang, H. (2019). Epidemiology and spatial distribution of bluetongue virus in Xinjiang, China. *Peer-reviewed Journal*, 7, e6514. 10.7717/peerj.6514 - DOI - PMC - PubMed
38. Maan, S. , Maan, N. S. , Nomikou, K. , Batten, C. , Antony, F. , Belaganahalli, M. N. , Samy, A. M. , Reda, A. A. , Al-Rashid, S. A. , El Batel, M. , Oura, C. A. , & Mertens, P. P. (2011). Novel bluetongue virus serotype from Kuwait. *Emerging Infectious Diseases*, 17(5), 886–889. 10.3201/eid1705.101742 - DOI - PMC - PubMed
39. Maclachlan, N. J. , Mayo, C. E. , Daniels, P. W. , Savini, G. , Zientara, S. , & Gibbs, E. P. J. (2015). Bluetongue. *Revue Scientifique Technical* (International Office of Epizootics), 34, 329–340. 10.20506/rst.34.2.2360 - DOI - PubMed
40. Mahmoud, A. S. , Savini, G. , Spedicato, M. , Monaco, F. , Carmine, I. , Lorusso, A. , Francesco, T. , Mazzei, M., Forzan, M. , Eldaghayes, I. , & Dayhum, A. (2018). Exploiting serological data to understand the epidemiology of bluetongue virus serotypes circulating in Libya. *Veterinary Medicine and Science*, 5(1), 79–86. 10.1002/vms3.136 - DOI - PMC - PubMed
41. Mahmoud, A. S. , Savini, G. , Spedicato, M. , Monaco, F. , Carmine, I. , Lorusso, A. , Francesco, T. , Mazzei, M. , Forzan, M. , Eldaghayes, I. , & Dayhum, A. (2019). Exploiting serological data to understand the epidemiology of bluetongue virus serotypes

circulating in Libya. *Veterinary Medicine and Science*, 5(1), 79–86. 10.1002/vms3.136 - DOI - PMC - PubMed

42. Mahmoud, M., & Khafagi, M. H. (2014). Seroprevalence of bluetongue in sheep and goats in Egypt. *Veterinary World*, 7, 205–208.
43. Martínez-López, B., Perez, A. M., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2009). Social network analysis. Review of general concepts and use in preventive veterinary medicine. *Transboundary and Emerging Diseases*, 56, 109–120. 10.1111/j.1865-1682.2009.01073.x - DOI - PubMed
44. Mastin, A. J., Gottwald, T. R., van den Bosch, F., Cunniffe, N. J., & Parnell, S. (2020). Optimising risk-based surveillance for early detection of invasive plant pathogens. *PLoS Biology*, 18(10), e3000863. 10.1371/journal.pbio.3000863 - DOI - PMC - PubMed
45. Mintiens, K. , Méroc, E. , Faes, C. , Abrahantes, J. C. , Hendrickx, G. , Staubach, C. , Gerbier, G. , Elbers, A. R. , Aerts, M. , & De Clercq, K. (2008). Impact of human interventions on the spread of bluetongue virus serotype 8 during the 2006 epidemic in north-western Europe. *Preventive Veterinary Medicine*, 87(1-2), 145–161. 10.1016/j.prevetmed.2008.06.010 - DOI - PubMed
46. Mohammadi, A. , Tanzifi, P. , & Nemati, Y. (2012). Seroepidemiology of bluetongue disease and risk factors in small ruminants of Shiraz suburb, Fars province, Iran. *Tropical Biomedicine*, 29(4), 632–637. - PubMed
47. Moustafa, K. , Pam, D. L. , & Meriem, H. B. (2016). Sero-epidemiology of bluetongue in Algerian ruminants. *African Journal of Biotechnology*, 15, 868–871.
48. Mozaffari, A. , & Khalili, M. (2012). The first survey for antibody against bluetongue virus in sheep flocks in southeast of Iran. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*, 2012, S1808–S1810.
49. Nomikou, K. , Maan, S. , Maan, N. S. , & Mertens, P. P. C. (2009). Molecular epidemiology of Bluetongue virus serotype 9 in the Mediterranean region. *Revue D'élevage et de Médecine Vétérinaire des Pays Tropicaux*, 62, 81–180.
50. Pascual-Linaza, A. V. , Martínez-López, B. , Pfeiffer, D. , Moreno, J. C. , Sanz, C. , & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2014). Evaluation of the spatial and temporal distribution of and risk factors for Bluetongue serotype 1 epidemics in sheep Extremadura (Spain), 2007–2011. *Preventive Veterinary Medicine*, 3, 279–95. - PubMed
51. Phillips, S. J. , Anderson, R. P. , & Schapire, R. E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190, 231–259.
52. R Core Team (2017). Version 3.4.1, R Core Team. https://www.R-project.org/
53. Ries, C. , Sharav, T. , Tseren-Ochir, E. O. , Beer, M. , & Hoffmann, B. (2020). Putative novel serotypes '33' and '35' in clinically healthy small ruminants in Mongolia expand the group of atypical BTV. *Viruses*, 13(1), 42. 10.3390/v13010042 - DOI - PMC - PubMed
54. Robinson, T. P. , Wint, G. R. W. , Conchedda, G. , Van Boeckel, T. P. , Ercoli, V. , Palamara, E. , Cinardi, G. , D'aietti, L. , Hay, S. I. , & Gilbert, M. (2014). Mapping the global distribution of livestock. *PLoS One*, 9(5), e96084. 10.1371/journal.pone.0096084 - DOI - PMC - PubMed
55. Ross, S. M. (2014). Chapter 2 - Descriptive statistics. In Ross S. M. (Ed.), Introduction to probability and statistics for engineers and scientists (5th ed., pp. 9–51) Academic Press. https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780123948113500022. 10.1016/B978-0-12-394811-3.50002-2 - DOI
56. Sarvašová, A. , Kočišová, A. , Liptáková, E. , Hiavatá, H. , & Mathieu, B. (2016). First insights into indoor and outdoor Culicoides activity related to the risk period for Bluetongue virus transmission in Eastern Slovakia. *Acta Parasitol.*, 61(4), 743–755. 10.1515/ap-2016-0103 - DOI - PubMed
57. Savini, G. , Monaco, F. , Migliaccio, P. , Casaccia, C. , Salucci, S. , & Di Ventura, M. (2004). Virological and serological responses in sheep following field vaccination with bivalent live modified vaccine against bluetongue virus serotypes 2 and 9. *Veterinaria Italiana*, 40, 631–634. - PubMed
58. Slama, D. , Babba, H. , & Chaker, E. (2017). Culicoides spp. (Diptera: Ceratopogonidae) in Tunisia.
59. Slama, D. , Chaker, E. , Mathieu, B. , Babba, H. , Depaquit, J. , & Augot, D. (2014). Biting midges monitoring (Diptera: Ceratopogonidae: Culicoides Latreille) in the governate of Monastir (Tunisia): species composition and molecular investigations. *Parasitology Research*, 113, 2435–2443. 10.1007/s00436-014-3873-1 - DOI - PubMed
60. Slama, D. , Chaker, E. , Zrelli, S. , Mathieu, B. , Delecolle, J. C. , Mezhoud, H. , & Babba, H. (2016). Culicoides (Diptera: Ceratopogonidae) fauna in central Tunisia. *Entomology, Ornithology and Herpetology*, 5, 184. 10.4172/2161-0983.1000184 - DOI
61. Slama, D. , Haouas, N. , Mezhoud, H. , Babba, H. , & Chaker, E. (2015). Blood meal analysis of culicoides (Diptera: Ceratopogonidae) in central Tunisia. *PLoS One*, 10(3), e0120528. 10.1371/journal.pone.0120528 - DOI - PMC - PubMed

62. Sohail, T. , Yaqub, T. , Shafee, M. , Abbas, T. , Nazir, J. , Ullah, N. , Rabbani, M. , Chaudhary, M. H. , Mukhtar, N. , Habib, M. , Ul Rahman, A. , Malik, A. I. , Ghafoor, A. , Zahoor, M. Y. , & Shabbir, M. Z. (2018). Seroprevalence of bluetongue virus in small ruminants in Balochistan province, Pakistan. *Transboundary and Emerging Diseases*, 65(5), 1272–1281. 10.1111/tbed.12871 - DOI - PubMed
63. Squarzoni-Diaw, C. , Arsevska, E. , Kalthoum, S. , Hammami, P. , Cherni, J. , Daoudi, A. , Karim Laoufi, M. , Lezaar, Y. , Rachid, K. , Seck, I. , Ould Elmamy, B. , Yahya, B. , Dufour, B. , Hendrikx, P. , Cardinale, E. , Muñoz, F. , Lancelot, R. , & Coste, C. (2020). Using a participatory qualitative risk assessment to estimate the risk of introduction and spread of transboundary animal diseases in scarce-data environments: A spatial qualitative risk analysis applied to foot-and-mouth disease in Tunisia 2014–2019. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(4). 10.1111/tbed.13920 - DOI - PubMed
64. Stärk, K. D. , Regula, G. , Hernandez, J. , Knopf, L. , Fuchs, K. , Morris, R. S. , & Davies, P. (2006). Concepts for risk-based surveillance in the field of veterinary medicine and veterinary public health: Review of current approaches. BMC Health Services Research [Electronic Resource], 6, 20. 10.1186/1472-6963-6-20 - DOI - PMC - PubMed
65. Sumner, T. , Orton, R. J. , Green, D. M. , Kao, R. R. , & Gubbins, S. (2017). Quantifying the roles of host movement and vector dispersal in the transmission of vector-borne diseases of livestock. *PLoS Computational Biology*, 13(4), e1005470. 10.1371/journal.pcbi.1005470 - DOI - PMC - PubMed
66. Thameur, B. H. , Soufiène, S. , Haj Ammar, H. , & Hammami, S. (2021). Spatial distribution and habitat selection of Culicoides imicola: The potential vector of bluetongue virus in Tunisia. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, 88(1), a1861. 10.4102/ojvr.v88i1.1861 - DOI - PMC - PubMed
67. Turner, J. , Bowers, R. , & Baylis, M. (2012). Modelling bluetongue virus transmission between farms using animal and vector movements. *Science Reports*, 2, 319. 10.1038/srep00319 - DOI - PMC - PubMed
68. Walton, T. E. (2004). The history of bluetongue and a current global overview. *Veterinaria Italiana*, 40(3), 31–38. - PubMed
69. Yilma, M. , & Mekonnen, M. (2015). Competitive enzyme-linked immuno-sorbent assay (c-ELISA)-based sero-prevalence of bluetongue virus (BTV) on small ruminants in selected areas of Wolyita, *Southern Ethiopia. Virology and Mycology*, 4, 148. 10.4172/2161-0517.1000148 - DOI
70. Yousef, M. R. , Al-Eesa, A. A. , & Al-Blowi, M. H. (2012). High seroprevalence of bluetongue virus antibodies in sheep, goats, cattle and camel in different districts of Saudi Arabia. *Veterinary World*, 5, 389–393.
71. Youssef, L. , Nomikou, K. , Mounir, K. , Mohammed, B. , Ouafaa, F. F. , & Mehdi, E. H. (2017). Bluetongue in morocco 2004 to 2015: An overview. *Journal of Infectious Diseases and Epidemiology*, 3, 023. 10.23937/2474-3658/1510023 - DOI
72. Zimmer, J.-Y. , Saegerman, C. , Losson, B. , & Haubruge, E. (2010). Breeding sites of bluetongue virus vectors, Belgium. *Emerging Infectious Diseases*, 16, 575–576. 10.3201/eid1603.091311 - DOI - PMC – PubMed