



2018, en France : record de circulation du virus Usutu

▲ Merlette infectée par le virus Usutu et présentant des signes cliniques non spécifiques (plumage ébouriffé et prostration).

Le virus Usutu est un virus émergent d'origine africaine. Son cycle d'infection implique des moustiques ornithophiles et des oiseaux. Depuis 2015, ce virus est détecté en France chaque année en période estivale. Toutefois, en 2018, sa circulation s'est révélée plus précoce et plus largement distribuée que les années précédentes. D'importantes mortalités de merles noirs ont alors été observées après infection pendant toute la saison vectorielle. Cet article dresse le bilan de la circulation du virus Usutu au cours de cette « extraordinaire » année 2018.

Un virus émergent en France

Le virus Usutu (USUV) est un virus d'origine africaine, potentiellement transmissible à l'homme. Considéré comme émergent en Europe, il a été détecté pour la première fois en France en 2015, par le réseau SAGIR, dans le Rhône et le Haut-Rhin. Il est depuis lors détecté chaque année (Lecollinet *et al.*, 2016). Le virus circule activement en période estivale, notamment du fait de la multiplication des moustiques vecteurs.

USUV fait l'objet d'une surveillance renforcée par le réseau SAGIR et l'Anses (Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du

travail), parce qu'il est à l'intersection de différents enjeux :

- des enjeux de conservation : USUV peut en effet causer des épisodes de forte mortalité dans l'avifaune sauvage (e.g. merle noir *Turdus merula*), ou chez certains spécimens de chouettes hébergés dans des parcs zoologiques ;
- des enjeux méthodologiques (développement d'outils PCR ou sérologiques discriminants) et de santé publique, du fait de sa proximité avec le virus West-Nile (**encadré 1**) qui est à l'origine d'infections neurologiques chez l'homme ou les équidés dans différents pays européens, y compris la France.

**ANOUC DECORS^{1*},
CÉCILE BECK²,
KARIN LEMBERGER³,
CYRIL ERAUD⁴,
STÉPHANIE DESVAUX^{1**},
PAULINE CHAIGNEAU⁵,
FLORENCE BAURIER⁶,
YANNICK BLANCHARD⁷,
SYLVIE LECOLLINET²**

¹ ONCFS, Direction de la recherche et de l'expertise, Unité Sanitaire de la faune – Orléans*, Birieux**.

² Anses, Laboratoire de santé animale, UMR 1161 Virologie, LNR/LRUE West-Nile – Maisons-Alfort.

³ Faunapath – Lyon.

⁴ ONCFS, Direction de la recherche et de l'expertise, Unité Avifaune migratrice – Villiers-en-Bois.

⁵ Fédération nationale des chasseurs – Issy-les-Moulineaux.

⁶ ADILVA, Laboratoire départemental d'analyses du Cher – Bourges.

⁷ Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Génétique virale de biosécurité – Ploufragan.

Contact : anouk.decors@oncfs.gouv.fr

► Encadré 1 • Le virus Usutu et son histoire

Le virus Usutu (USUV) a été identifié en 1959 en Afrique du Sud, près de la rivière éponyme. Il s'agit d'un arbovirus (acronyme de *Arthropod-Borne virus*), c'est-à-dire un virus transmis par un arthropode hématophage (Vourc'h *et al.*, 2009). Il est rattaché au genre *Flavivirus* et est donc phylogénétiquement proche de virus à enjeu pour la santé publique, tels que les virus de la dengue, de la fièvre jaune, du Nil occidental ou encore celui de zika.

Son cycle d'infection implique des oiseaux, qui sont les hôtes amplificateurs, et des moustiques du genre *Culex*, qui sont les vecteurs de la maladie. L'homme est considéré comme un hôte accidentel et un cul-de-sac épidémiologique¹. De récentes études montrent que le virus est également capable d'infecter d'autres mammifères (les chauves-souris, les chiens, le cerf élaphe et les chevaux) – (Cadar *et al.*, 2013 ; Benzarti *et al.*, 2019). Dans l'avifaune, USUV peut être responsable de mortalités importantes, en particulier chez les turridés (famille d'oiseaux comprenant les grives et les merles) et certains strigidés (rapaces en grande partie nocturnes comprenant certaines espèces de chouettes et de hiboux). En revanche, des infections expérimentales conduites sur des volailles domestiques montrent que ces espèces sont résistantes au virus (Chvala *et al.*, 2005 et 2006).

En 1996, le virus émerge hors du continent africain, provoquant une mortalité importante dans les populations de merles noirs dans la région italienne de Toscane (Weissenböck *et al.*, 2002 ; Ashraf *et al.*, 2015). Dans les années qui suivent, USUV est détecté dans de nombreux pays d'Europe : Allemagne, Autriche, Belgique, Croatie, Espagne, Hongrie, Italie, Pays-Bas, République tchèque, Serbie et Suisse (Weissenböck *et al.*, 2002 ; Hubalek *et al.*, 2014). Des titres significatifs d'anticorps spécifiques sont également mesurés dans des populations d'oiseaux de Grèce, Pologne et Slovaquie (Chaintoutis *et al.*, 2014 ; Clé *et al.*, 2018). Le virus est détecté pour la première fois en France en 2015.

Chez l'homme, l'infection par USUV passe le plus souvent inaperçue. De très rares cas de méningo-encéphalites, principalement chez des patients immunodéprimés, ont été décrits en Croatie, Italie et plus récemment en France (Simonin *et al.*, 2018).

1. Un cul-de-sac épidémiologique est une espèce ou un individu hébergeant un agent pathogène et ne permettant pas sa transmission dans les conditions habituelles.



▲ Le suivi de la mortalité dans l'avifaune, et en particulier celle du merle noir, est un moyen efficace pour détecter la circulation du virus Usutu et apprécier sa dynamique.

La mortalité des merles noirs, un moyen efficace de détecter la circulation d'USUV

Chez les oiseaux, USUV peut être responsable de mortalités importantes. Le suivi de la mortalité dans l'avifaune, et en particulier celle des merles noirs (très sensibles à l'infection), constitue ainsi un moyen efficace pour détecter la circulation du virus et apprécier sa dynamique. La surveillance d'USUV chez les oiseaux sauvages s'appuie principalement sur la collaboration entre le réseau SAGIR et le Laboratoire national de référence (LNR) de l'Anses.

Le réseau SAGIR est un outil de détection précoce des maladies de la faune sauvage, qui s'appuie sur la détection de mortalités anormales de mammifères et d'oiseaux. Il repose sur la collaboration entre l'Office national de la chasse et de la faune sauvage (ONCFS) et les fédérations de chasseurs (nationale – FNC – et départementales – FDC). La phase de diagnostic, quant à elle, s'appuie sur les laboratoires départementaux d'analyses ainsi que sur le LNR de l'Anses (Decors *et al.*, 2015).

USUV est capable d'infecter 93 espèces différentes appartenant à 35 familles d'oiseaux, les strigiformes et les passériformes y étant particulièrement sensibles (Benzarti *et al.*, 2019). Dans le cadre de la surveillance d'USUV, toutes les mortalités de passériformes transmises au réseau SAGIR suspectes d'infection par ce virus ont donc fait l'objet d'un dépistage systématique en début de saison vectorielle (présence de moustiques du genre *Culex* principalement de juillet à septembre – Balenghien *et al.*, 2006 ; Bisanzio *et al.*, 2011), afin de détecter précocement la circulation virale sur le territoire. Un cas suspect se définit comme suit : *tout passériforme présentant des troubles neurologiques ou locomoteurs, détecté dans le cadre d'une mortalité agrégée dans le temps et l'espace pendant la période à risque*. Les merles noirs représentant plus de 60 % de tous les spécimens d'oiseaux testés positifs en Europe (Nikolay, 2015), les mortalités chez cette espèce ont fait l'objet d'une attention particulière.

Une fois la circulation virale établie, l'objectif de la surveillance a ensuite évolué vers la description de la distribution spatio-temporelle de l'infection chez les oiseaux sauvages et l'identification des souches de virus impliquées. La surveillance a ainsi été rationalisée à partir du 4 septembre 2018. La mise en évidence de l'infection au moins une fois dans chaque département suffisait à répondre à cet objectif. Une fois l'infection confirmée dans un département, aucune



▲ Si le merle noir était très majoritaire parmi les oiseaux sauvages positifs à USUV analysés en 2018, le virus a également été détecté en France chez la grive musicienne, le geai des chênes, le rouge-gorge (photos), l'étourneau sansonnet et deux espèces de mésanges.

autre investigation n'a été menée sur les autres foyers du département, à moins que les mortalités n'aient concerné d'autres espèces d'oiseaux que le merle noir (autres passériformes ou strigidés en particulier, pour lesquels les effets morbides sont moins documentés).

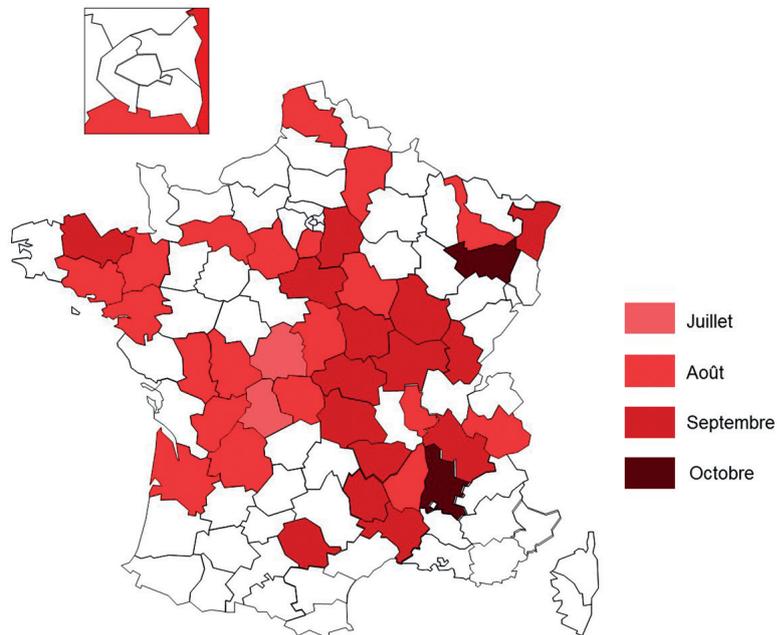
Le diagnostic de l'infection à USUV s'est appuyé sur un examen nécropsique couplé à la détection du matériel génétique du virus (par RT-PCR – Lecollinet *et al.*, 2016) par le LNR de l'Anses.

Une circulation virale plus précoce en 2018 et plus largement distribuée

39 départements concernés, 7 espèces touchées...

En 2018, la recherche d'USUV s'est majoritairement concentrée pendant la saison d'activité vectorielle (juillet à septembre), mais s'est étendue du 11 avril au 28 décembre. La circulation virale dans l'avifaune sauvage a été plus précoce et plus largement distribuée par rapport aux années précédentes (*tableau*). Elle a en effet débuté dès la fin de juillet et a concerné au moins 39 départements au terme de l'épisode de circulation virale (*figure 1*). Entre le 23 juillet (date de la mort du premier merle trouvé infecté au LNR) et le 31 août 2018, USUV a été détecté dans 22 départements. Cette même année 2018, une augmentation du

Figure 1 Départements français avec isolement d'USUV dans l'avifaune sauvage du 23 juillet au 31 octobre 2018. Les départements ont été colorés en fonction du mois au cours duquel les premiers signalements de mortalité ont été rapportés.



nombre de cas d'oiseaux infectés a également été rapportée dans des pays limitrophes (Allemagne, Belgique, Suisse), ainsi qu'aux Pays-Bas.

USUV a été recherché chez 21 espèces d'oiseaux appartenant à 13 familles différentes (accipitridés, anatidés, corvidés, colombidés, laridés, paridés, passéridés, phasianidés, rallidés, strigidés, sturnidés, sylviidés et turdidés). 139 oiseaux

sauvages ont été analysés dans le cadre du réseau SAGIR. USUV a été détecté sur 71 oiseaux appartenant à 7 espèces différentes (merle noir *T. merula*, étourneau sansonnet *Sturnus vulgaris*, geai des chênes *Garrulus glandarius*, grive musicienne *Turdus philomelos*, rougegorge familier *Erithacus rubecula*, mésange bleue *Cyanis caeruleus* et mésange d'une espèce non précisée). 90 % des oiseaux positifs étaient des merles noirs (64 individus). Ces résultats sont cohérents avec ce qui est observé dans la littérature (Nikolay, 2015). Cette forte fréquence de l'infection chez le merle noir par rapport à d'autres espèces n'est pour l'instant pas clairement expliquée, mais sa large distribution spatiale, son abondance, sa proximité étroite avec l'homme (et donc avec des gîtes larvaires) peuvent être des facteurs de risque. En France, il occupe la totalité du territoire, de la forêt dense aux zones agricoles et humides en passant par

Tableau Dates de signalement des premières mortalités dues à USUV dans l'avifaune sauvage de 2015 à 2018 et nombre de départements avec détection virale.

Année	Date de signalement de la première mortalité	Nombre de départements avec circulation virale chez les oiseaux (numéros de départements)
2015	2 septembre	2 (68, 69)
2016	25 août	5 (42, 57, 68, 69, 87)
2017	30 août	5 (07, 38, 41, 68, 73)
2018	31 juillet	39 (voir carte)

donc la transmission du virus aux hôtes sensibles.

Fros *et al.* (2015) ont par ailleurs montré que l'infection virale du moustique *Culex pipiens* était très dépendante de la température extérieure. *C. pipiens* est en effet plus compétent vis-à-vis d'USUV à des températures élevées. En résumé, plus les températures sont élevées, plus *C. pipiens* a des chances d'être abondant et compétent vis-à-vis du virus, plus le taux de contacts hôte-vecteur est important et plus la circulation d'USUV est active.

L'été 2018 a été le deuxième été le plus chaud enregistré en France depuis 1900, avec une température moyenne de 21,2 °C sur la saison, supérieure à la normale de 2 °C. Il se classe ainsi au 2^e rang des étés les plus chauds, loin derrière 2003 (+ 3,2 °C), mais devant 2017 (+ 1,5 °C). Il a été marqué par la persistance quasi continue de températures supérieures aux valeurs saisonnières, et par une vague de chaleur exceptionnelle qui a concerné l'ensemble du pays du 24 juillet au 8 août (<http://www.meteofrance.fr/climat-passe-et-futur/bilans-climatiques/bilan-2018/bilan-climatique-de-lete-2018>). Les premières déclarations d'infection par le virus USUV coïncident avec le début de cette vague de chaleur (date du premier signalement : 23 juillet). Sept départements ont détecté une circulation d'USUV pendant cette période (du 23 juillet au 9 août).

Comment circule le virus en France ?

Pendant l'été, l'infection par USUV a concerné principalement des populations nicheuses de merles noirs ; mais elle a pu toucher également, à partir du mois de septembre, des individus en migration.

Les patrons de dispersion du virus à l'intérieur de la France sont à ce jour inconnus. Il est toutefois fort probable que des foyers enzootiques² se soient installés depuis 2015, avec des virus capables de transhiverner chez les femelles *Culex* ou au sein des populations d'oiseaux. L'infection a pu se propager à partir de ces foyers enzootiques et être facilitée par une faible protection immunitaire de populations de merles, naïves vis-à-vis de cet agent infectieux.

D'autres facteurs sont probablement impliqués dans la dynamique de transmission d'USUV, tels que la densité de vecteurs et d'hôtes amplificateurs (oiseaux), la survie des moustiques et les patrons de dispersion des oiseaux et des moustiques.

2. Persistance de l'agent infectieux dans une région donnée, où la maladie sévit de façon permanente ou latente.



▲ En Allemagne, en dehors du merle noir, aucune différence de mortalité n'a été observée chez les autres espèces régulièrement touchées par la maladie (comme l'étourneau sansonnet – photo) entre les zones à risque et celles défavorables au virus.

Des études complémentaires (statut immunitaire des populations, suivi longitudinal des mortalités par infection à USUV et des souches de virus, modélisation des patrons de dispersion de l'infection, étude des mécanismes de persistance hivernale) permettraient de mieux comprendre les dynamiques de transmission intra-territoriales.

Quel est l'impact de ces mortalités pour les populations de merles ?

Du fait du cycle de transmission enzootique d'USUV, la question de l'impact du virus sur les populations d'oiseaux sauvages reste ouverte.

De récents résultats aux Pays-Bas (<https://www.sovon.nl/nl/actueel/nieuws/derde-jaar-merelsterfte-door-usutu-virus>) suggèrent que la mortalité associée à la circulation du virus constatée en 2018 peut avoir un impact négatif sur l'évolution des populations de certaines espèces comme le merle noir. Dans ce pays, certains chiffres préliminaires suggèrent en effet des populations de merles en baisse d'environ 15 % dans les villes et villages en comparaison avec 2017.

Lühken *et al.* (2017) se sont également intéressés à l'impact du virus sur les populations d'oiseaux sauvages en Allemagne. Ils ont observé un déclin important des populations de merles noirs dans les zones à risque vis-à-vis d'USUV. Les auteurs estiment que cinq ans après la première détection du virus en Allemagne, la mortalité additionnelle due à l'infection par USUV est de 15,7 % chez le merle dans les secteurs à risque par rapport aux secteurs

non favorables à USUV. En faisant le postulat d'une densité de l'ordre de 111,93 merles/km² (8 millions de couples nicheurs ayant chacun 3 oisillons par an et une surface à risque d'USUV de 9 510 km²), les auteurs estiment que plus de 167 119 individus sont morts d'USUV depuis 2011 en Allemagne. Chez les autres espèces pour lesquelles une infection à USUV est régulièrement décrite dans la littérature (étourneau sansonnet par exemple), aucune différence significative de mortalité n'a été observée entre les zones à risque USUV et les zones considérées comme défavorables au virus. Ce résultat est contraire à ce qui est usuellement observé pour d'autres maladies vectorielles : lors de la circulation du virus West-Nile en Amérique du Nord par exemple, des effets négatifs sont présents sur la communauté d'espèces sensibles et pas seulement sur une seule espèce.

Pour la France, il est encore trop tôt pour se prononcer sur l'impact démographique de l'épisode de 2018.

Identifier cet impact au niveau populationnel est un challenge puisque cela nécessite de distinguer les fluctuations populationnelles dues aux changements climatiques, aux changements de structures de l'habitat (etc.), de celles dues à l'infection par USUV. Cela requiert l'analyse de données d'abondance d'oiseaux sur le long terme, couvrant les périodes qui précèdent et suivent l'émergence du virus, et des territoires avec et sans circulation de l'agent infectieux. La reconduction de certains suivis populationnels à l'hiver 2018-2019 et au printemps 2019 devrait permettre d'apporter des éléments d'appréciation à l'horizon 2020-2021.

Remerciements

Nous tenons à remercier les services départementaux et les délégations inter-régionales de l'ONCFS, les fédérations départementales et régionales des chasseurs, les laboratoires départementaux d'analyses, les centres de réhabilitation et les vétérinaires libéraux. ●

Il est encore trop tôt pour se prononcer sur l'impact démographique qu'a eu l'épisode USUV de 2018 sur le merle noir en France. ▶



© R. Rouxel/ONCFS

Bibliographie

- ▶ Ashraf, U., Ye, J., Ruan, X., Wan, S., Zhu, B. & Cao, S. 2015. Usutu virus: an emerging flavivirus in Europe. *Viruses* 7 (1): 219-238.
- ▶ Balenghien, T., Fouque, F., Sabatier, P. & Bucout, D. 2006. Horse-, bird-, and human-seeking behavior and seasonal abundance of mosquitoes in a West-Nile virus focus in Southern France. *Journal of Medical Entomology* 43 (5): 936-946.
- ▶ Benzarti, E., Linden, A., Desmecht, D. & Garigliany, M. 2019. Mosquito-borne epornitic flaviviruses: an update and review. *Journal of General Virology* 100 (2): 119-132. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001203>.
- ▶ Bisanzio, D., Giacobini, M., Bertolotti, L., Mosca, A., Balbo, L., Kitron, U. & Vazquez-Prokopec, G.M. 2011. Spatio-temporal patterns of distribution of West-Nile virus vectors in eastern Piedmont Region, Italy. *Parasites and Vectors* 4 (1): 230. <http://dx.doi.org/10.1186/1756-3305-4-230>.
- ▶ Cadar, D., Lühken, R., van der Jeugd, H., Garigliany, M., Ziegler, U., Keller, M., Lahoreau, J., Lachmann, L., Becker, N., Kik, M., Oude Munnink, B.B., Bosch, S., Tannich, E., Linden, A., Schmidt, V., Koopmans, M.P., Rijks, J., Desmecht, D., Groschup, M.H., Reusken, C. & Schmidt-Chanasit, J. 2017. Widespread activity of multiple lineages of Usutu virus, western Europe, 2016. *Euro surveillance* 22 (4). <http://dx.doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.4.30452>.
- ▶ Chaintoutis, S.C., Dovas, C.I., Papanastassopoulou, M., Gewehr, S., Danis, K., Beck, C., Lecollinet, S., Antalis, V., Kalaitzopoulou, S., Panagiotopoulos, T., Mourelatos, S., Zientara, S. & Papadopoulos, O. 2014. Evaluation of a West Nile virus surveillance and early warning system in Greece based on domestic pigeons. *Comparative Immunology, Microbiology & Infectious Diseases* 37: 131-141. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cimid.2014.01.004>.
- ▶ Chvala, S., Bakonyi, T., Hackl, R., Hess, M., Nowotny, N. & Weissenböck, H. 2005. Limited pathogenicity of Usutu virus for the domestic chicken (*Gallus domesticus*). *Avian pathology: journal of the WVPA* 34 (5): 392-395.
- ▶ Chvala, S., Bakonyi, T., Hackl, R., Hess, M., Nowotny, N. & Weissenböck, H. 2006. Limited pathogenicity of usutu virus for the domestic goose (*Anser anser f. domestica*) following experimental inoculation. *Journal of veterinary medicine B, Infectious diseases and veterinary public health* 53 (4): 171-175.
- ▶ Clé, M., Salinas, S., Lecollinet, S., Beck, C., Gutierrez, S., Baldet, T., Vande Perre, P., Foulongne, V. & Simonin, Y. 2018. [Usutu virus: the phantom menace]. *Med Sci (Paris)* 34 (8-9): 709-716.
- ▶ Decors, A., Hars, J., Faure, E., Quintaine, T., Chollet, J.-Y. & Rossi, S. 2015. Le réseau SAGIR : un outil de vigilance vis-à-vis des agents pathogènes exotiques. *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* n° 66/Spécial vigilance vis-à-vis des maladies exotiques : 35-39.
- ▶ Eiden, M., Gil, P., Ziegler, U., Rakotoarivony, I., Marie, A., Frances, B., L'Ambert, G., Simonin, Y., Foulongne, V., Groschup, M.H., Gutierrez, S. & Eloit, M. 2018. Emergence of two Usutu virus lineages in *Culex pipiens* mosquitoes in the Camargue, France, 2015. *Infect Genet Evol.* 61: 151-154.
- ▶ Engel, D., Jöst, H., Wink, M., Börstler, J., Bosch, S., Garigliany, M., Jöst, A., Czajka, C., Lühken, R., Ziegler, U., Groschup, M.H., Pfeffer, M., Becker, N., Cadar, D. & Schmidt-Chanasit, J. 2016. Reconstruction of the evolutionary history and dispersal of Usutu virus, a neglected emerging arbovirus in Europe and Africa. *mBio* 7 (1): e01938-15. <https://doi.org/10.1128/mBio.01938-15>.
- ▶ Fros, J.J., Miesen, P., Vogels, C.B., Gaibani, P., Sambri, V., Martina, B.E., Koenraadt, C.J., van Rij, R.P., Vlak, J.M., Takken, W. & Pijlman, G.P. 2015. Comparative Usutu and West Nile virus transmission potential by local *Culex pipiens* mosquitoes in north-western Europe. *One Health* 1: 31-36. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2015.08.002>.
- ▶ Hubálek, Z., Rudolf, I., Capek, M., Bakonyi, T., Betáňová, L. & Nowotny, N. 2014. Usutu virus in blackbirds (*Turdus merula*), Czech Republic, 2011-2012. *Transboundary and Emerging Disease* 61: 273-276. <http://dx.doi.org/10.1111/tbed.12025>.
- ▶ Lecollinet, S., Blanchard, Y., Manson, C., Lowenski, S., Laloy, E., Quenault, H., Touzain, F., Lucas, P., Eraud, C., Bahuon, C., Zientara, S., Beck, C. & Decors, A. 2016. Dual Emergence of Usutu Virus in Common Blackbirds, Eastern France, 2015. *Emerging infectious diseases* 22 (12): 2225-2227. <https://dx.doi.org/10.3201%2Feid2212.161272>.
- ▶ Lühken, R., Jöst, H., Cadar, D., Thomas, S.M., Bosch, S., Tannich, E., Becker, N., Ziegler, U., Lachmann, L. & Schmidt-Chanasit, J. 2017. Distribution of Usutu virus in Germany and its effects on breeding birds populations. *Emerging infectious diseases* 23 (12): 1991-1998. <https://doi.org/10.3201/eid2312.171257>.
- ▶ Nikolay, B. 2015. A review of West Nile and Usutu virus co-circulation in Europe: how much do transmission cycles overlap? *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* 109: 609-618. <http://dx.doi.org/10.1093/trstmh/trv066>.
- ▶ Rubel, F., Brugger, K., Hantel, M., Chvala-Mannsberger, S., Bakonyi, T., Weissenböck, H. & Nowotny, N. 2008. Explaining Usutu virus dynamics in Austria: model development and calibration. *Preventive Veterinary Medicine* 85: 166-186. <http://dx.doi.org/10.1016/j.prevetmed.2008.01.006>.
- ▶ Simonin, Y., Sillam, O., Carles, M.J., Gutierrez, S., Gil, P., Constant, O., Martin, M.F., Girard, G., Van de Perre, P., Salinas, S., Leparc-Goffart, I. & Foulongne, V. 2018. Human Usutu Virus Infection with Atypical Neurologic Presentation, Montpellier, France, 2016. *Emerging Infectious Diseases* 24: 875-878.
- ▶ Vourc'h, G., Halos, L. & Desvars, A. 2009. Des animaux, des arbovirus et des hommes. *Virologie* 13(2): 67-72.
- ▶ Weissenböck, H., Kolodziejek, J., Url, A., Lussy, H., Rebel-Bauder, B. & Nowotny, N. 2002. Emergence of Usutu virus, an African mosquito-borne flavivirus of the Japanese encephalitis virus group, central Europe. *Emerging Infectious Diseases* 8 (7): 652-656.