

Influenza aviaire dans le monde: situation au 31 janvier 2015

Marisa Peyre (1,2) (marisa.peyre@cirad.fr), Nicolas Gaidet (1), Alexandre Caron (1,3), Julien Cappelle (1,2,4) Annelise Tran (1,5), François Roger (1)

(1) Cirad, Unité de recherche AGIRs, Montpellier, France

(2) Plateforme régionale GREASE, Bangkok, Thaïlande

(3) Plateforme RP-PCP, Harare, Zimbabwe

(4) Institut Pasteur du Cambodge, Phnom-Penh, Cambodge

(5) Cirad, UMR TETIS, Maison de la télédétection, Montpellier, France

Résumé

Une recrudescence des foyers de virus *influenza* aviaries hautement pathogène (IAHP) de type H5 est observée depuis novembre 2014, avec des foyers d'IAHP H5N8 et H5N1 observés en Europe, au Moyen-Orient, en Afrique et en Asie avec également des cas d'IAHP H5N2, H5N3, H5N6 et H7N9. Pour la première fois des cas d'infection par les virus H5N1, H5N2 et H5N8 ont été observés en Amérique du Nord chez des volailles domestiques et des oiseaux sauvages. Cette nouvelle vague d'IAHP H5N1 rappelle la panzootie de 2006 durant laquelle le virus s'était propagé en Europe et en Afrique suite à l'épizootie asiatique débutée en 2003. Ces nouvelles infections correspondent à l'apparition et la propagation d'une nouvelle souche d'IAHP H5N8 d'Asie vers l'Europe puis l'Amérique du Nord, qui en se recombinant avec des souches de virus faiblement pathogènes circulant localement en Amérique du Nord et en Asie a engendré de nouveaux variants d'IAHP H5N1, H5N2, H5N3. Cette souche est similaire à celle présente en Asie depuis 2010, sans cas humains déclarés. Elle s'apparente au virus IAHP H5N1 circulant toujours sous un mode endémique en Asie depuis 2003 et qui a infecté plus de 650 personnes avec un nombre probable de personnes exposées de plusieurs millions. Les risques de transmission du virus IAHP H5N8 sur de longues distances par les oiseaux sauvages ne peuvent être négligés, mais doivent être examinés de façon comparative aux autres voies d'introduction comme le commerce international de volailles. La gestion des risques liés aux virus H5 doit s'appuyer sur des études relatives aux mobilités animales et humaines et à des méthodes d'évaluation innovantes des systèmes de surveillance et de contrôle.

Mots-clés

Influenza aviaire, H5, Asie, Europe, avifaune, commerce, gestion

Abstract

Avian Influenza in Asia and Europe: update on 31 January 2015

The number of reported highly pathogenic avian influenza (HPAI) outbreaks has dramatically increased since November 2014. HPAI H5N8 and H5N1 have been detected in Europe, the Middle-East, Africa and Asia and H5N2, H5N3, H5N6 and H7N9 have also been found in Asia. For the first time, the H5N1 HPAI virus has been detected in North America along with H5N8 infection in domestic and wild birds. This new spread of H5N1 infection is reminiscent of the H5N1 panzootic of 2006 in which the virus was introduced into Europe and Africa following the mass 2003 epizootic in Asia. These newly reported cases are linked to the emergence in Asia and subsequent spread of a novel H5N8 strain in Europe and North America. Recombination of this novel strain with local LPAI circulating viruses has led to the emergence of novel HPAI H5N1, H5N2 and H5N3 variants. This strain is similar to the one occurring in Asia since 2010, for which no human cases have been reported. It is related to the HPAI H5N1 virus still circulating endemically in Asia since 2003, to which several million people have most likely been exposed and which has infected more than 650 people. The risk of transmission of HPAI H5N8 over long distances through the migration of wild birds cannot be ignored, but must be examined in relation to other pathways such as the international poultry trade. Risk management of H5 virus must be based on studies of animal and human mobility and innovative methods for assessing monitoring and control systems.

Keywords

Avian Influenza, H5, Asia, Europe, Wild birds, Trade, Management

Des foyers d'*influenza* aviaire hautement pathogène (IAHP) de type H5N8 ont été récemment déclarés dans des élevages avicoles de Grande-Bretagne, Allemagne, Pays-Bas et Italie. Cette souche s'apparente aux souches de H5N8 détectées et déclarées en Chine (depuis 2010), au Japon et en Corée (en 2014). Aucun cas de transmission à l'Homme n'a été documenté. Elle ne s'apparente pas à la souche IAHP H5N8 détectée en Europe (Irlande) en 1983.

La souche IAHP H5N1 vient d'être détectée pour la première fois en Amérique du Nord. Le virus a été isolé chez une sarcelle à ailes vertes (*Anas carolinensis*), dans l'État de Washington, dans le cadre d'un programme de surveillance (oiseau fourni par des chasseurs). Cette souche H5N1 diffère des souches asiatiques; c'est une souche plus proche génétiquement de la souche H5N8 détecté aux USA en décembre (faucon gerfaut et canard pilet).

Une souche IAHP H5N1 a également été détectée en janvier 2015 au Proche-Orient (Israël et Territoires palestiniens), en Bulgarie et au Nigéria. Chacun de ces cas constitue une première détection d' IAHP H5N1 depuis plusieurs années dans ces régions.

En Asie, les souches IAHP H5N1, H5N2, H5N3, H5N6 ainsi que l'IAFP (faiblement pathogène) H7N9 circulent toujours et peuvent représenter une menace pour les élevages avicoles des pays de l'Europe du Nord.

Cet article présente les informations les plus récentes sur la circulation des virus *influenza* aviaire en Asie et discute des hypothèses

d'introduction des virus IAHP en Europe et en Amérique du Nord. Il présente également les grands axes des recherches menées par le Cirad ainsi que les besoins en recherche afin d'améliorer la surveillance et le contrôle de ces agents pathogènes.

H5N1 IAHP: endémique en Asie et en Égypte, de nouvelles infections en Europe de l'Est, au Moyen-Orient et au Nigéria

Le virus *influenza* IAHP H5N1 (lignée eurasiennne) circule en Asie depuis 2003. Au cours de l'année 2014 on a recensé 44 cas humains d'IAHP H5N1 officiellement déclarés dans le monde (Tableau 1) dont 29 en Égypte. Le nombre de foyers aviaries rapportés en Égypte a également augmenté avec plus de 260 cas d'IAHP H5N1 rapportés dans des élevages de volailles depuis novembre 2014 (dans 20 gouvernorats). Cependant, il est important de noter que la surveillance active du virus IAHP H5N1 en Égypte a été renforcée en 2014 au travers des activités de surveillance participatives (Community-based Animal Health and Outreach (CAHO)) et qu'une augmentation de l'activité virale des virus IAHP est annuellement observée à partir des mois de novembre et décembre en Égypte et dans tous les pays enzootiques. Des scientifiques égyptiens ont identifiés dans les souches d'IAHP

Tableau 1. Pays ayant déclaré des cas humains d'IAHP H5N1 en 2014 (au 31 janvier 2015)

Pays	Foyers aviaires (volailles) Nombre cumulé (date première déclaration- dernière déclaration)	Cas humains déclarés à l'OMS nombres cumulés (morts)	Foyers aviaires ou détection virale déclarés en 2014	Cas humains déclarés en 2014 (morts)
Vietnam	2 723 (2004-2014)	127 (64)	45	2 (2)
Chine	126 (2003-2014)	47 (30)	57	2 (0)
Indonésie	261 (2003-2006)*	197 (165)	Pas de déclaration	2(2)
Égypte	1 084 (2006-2014)**	177 (63)	46	29 (11)***
Cambodge	42 (2005-2014)	56 (37)	5	9 (4)

Sources:

OMS: http://www.who.int/influenza/human_animal_interface/EN_GIP_20141002CumulativeNumberH5N1cases.pdf?ua=1

OIE, WAHIS database: http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Diseaseinformation/statusdetail

* Plus de déclaration de nouveaux foyers depuis le 26 septembre 2006, date à laquelle la situation épidémique a été déclarée à l'OIE

** Situation épidémique déclarée à l'OIE le 7 juillet 2008 mais poursuite de la déclaration de foyers

*** Dont 21 cas rapportés en novembre et décembre 2014

H5N1 isolées chez les volailles, deux nouvelles mutations associées avec une adaptation du virus aux mammifères (rapport officiel de la FAO, 7 janvier 2015). Cependant l'analyse génétique de deux virus isolés chez l'Homme début décembre ne révèle aucune modification génétique majeure (US Naval Medical Research Unit 3 (NAMRU-3)).

Il est important de noter que dans les autres pays où le virus est enzootique (Chine, Vietnam, Indonésie, Bangladesh) tous les foyers aviaires ne sont pas systématiquement rapportés. Dans ces pays, des souches virales de type IAHP H5N1 sont régulièrement isolées lors d'activités de surveillance dans les marchés d'oiseaux vivants et/ou dans le cadre de projets de recherche (Horm *et al.*, 2013).

Récemment, une souche de virus IAHP H5N1 a été détectée en Bulgarie chez un pélican frisé (*Pelecanus crispus*) trouvé mort le 22 janvier 2015 (Poda, province de Burgas).

Le virus de type H5N1 se décline en dix sous-types qui correspondent à des variants du gène de l'hémagglutinine (HA). Le sous-type 2 représente le groupe le plus détecté depuis 2003 et est divisé en sous-sous-types. Le sous-sous-type 2.2 circule en Égypte, les sous-types suivants ont circulés ou circulent en Asie (année de dernière détection): 0 (2008), 1 (2013); 2 (2.2 (2011) et 2.3 (2014)) et 7 (2013). Récemment le sous-sous-type 2.3.4.6 a été isolé et caractérisé en Chine en 2011 et plus récemment au Vietnam (2014). Les nouvelles souches émergentes de types H5N8 et H5N6 en Asie et plus récemment en Europe s'apparentent toutes au virus H5N1 du sous-sous-type 2.3.4.6, y compris le cas humain de H5N6 déclaré en Chine en 2014.

Emergence de nouvelles souches H5Nx en Asie, en Europe et en Amérique du Nord

Des foyers d'IAHP H5N8 ont été rapportés en Chine depuis 2010, en Corée du Sud et au Japon depuis début 2014 et plus récemment (novembre 2014) en Europe (Allemagne, Pays-Bas, Royaume-Uni et Italie) ainsi qu'en Amérique du Nord (Figure 1). Des foyers d'IAHP H5N1 ont par la suite été rapportés dans ces zones associés également à des foyers IAHP H5N2, H5N3 en Asie et d'IAHP H5N2 en Amérique du Nord, ces nouvelles souches virales étant issues d'une recombinaison du virus IAHP H5N8 et de souches virales d'IAFP ou IAHP circulant localement.

En Asie

La Corée du Sud (Lee *et al.*, 2014) a déclaré son premier cas d'IAHP H5N8 le 19 janvier 2014 dans deux élevages de canards. Depuis, 30 foyers ont été déclarés avec plus de douze millions de volailles abattues (le dernier cas date du 9 novembre 2014). Le virus a été isolé chez des oiseaux sauvages (et plus récemment chez des chiens). Les cas d'infection sur les oiseaux sauvages (n=38) ont dans un premier temps été détectés sur des cadavres d'anatidés migrateurs - *Anas formosa*

(sarcelle élégante), *Anas platyrhynchos* (canard colvert), *Anser fabalis* (oie des moissons), *Anser albifrons* (oie rieuse), *Cygnus columbianus* (cygne siffleur) - trouvés en relativement grand nombre (n>100) sur un important site d'hivernage de ces oiseaux migrateurs dans le sud de la Corée. Le virus IAHP H5N8 a par la suite été retrouvé chez des canards migrateurs capturés vivants - *Anas poecilorhyncha* (canard à bec tacheté), *Anas platyrhynchos* (canard colvert), *Anas crecca* (sarcelle d'hiver) - dans le cadre d'un programme de surveillance active (Jeong *et al.*, 2014).

Ce virus est apparenté à un virus de type H5N8 détecté en Chine en 2010.

Le Japon a déclaré un premier foyer le 13 avril 2014 dans une ferme, et plus récemment le virus a été détecté chez un cygne siffleur et un canard domestique (novembre 2014). Ces virus sont apparentés au virus H5N8 détecté en Corée du Sud en 2014.

En Chine, le virus H5N8 a été dernièrement isolé (septembre 2014) dans des prélèvements effectués dans des abattoirs (canards et prélèvements environnementaux) dans le cadre de son plan de surveillance nationale.

En Chine continentale et à Taiwan, des virus IAHP de type H5N2, H5N3 et H5N6 ont également été isolés en 2014.

Des virus de type H5N6 ont été détectés au Laos (dans le cadre du programme de surveillance) et au Vietnam (7 cas) en 2014; ces virus sont apparentés aux virus H5N6 détectés en Chine en 2013 et 2014.

En Europe

Le virus H5N8 a été détecté pour la première fois dans un élevage de dindes (31 000 têtes) en Allemagne le 4 novembre 2014 (notifié le 6 novembre 2014 à l'OIE) et plus récemment (22 novembre 2014) chez un canard migrateur *Anas crecca* (sarcelle d'hiver).

Il a ensuite été détecté aux Pays-Bas le 14 novembre 2014 dans un élevage de 150 000 poules (notifié à l'OIE le 16 novembre 2014), puis dans trois autres élevages de poules et un élevage de canards (notifications OIE du 19 au 30 novembre 2014) d'une compagnie leader dans la production de volailles et l'exportation d'œufs.

Puis au Royaume-Uni le 14 novembre, dans un élevage de canards (d'une compagnie ayant des activités commerciales en Chine et en Allemagne), cas notifié à l'OIE le 17 novembre 2014, ainsi qu'en Italie le 15 décembre 2014 dans un élevage de dindes (Porto Viro, Rovigo, Veneto).

En Amérique du Nord

Des virus IAHP H5N8 (Oregon, Californie, Idaho, Utah) puis H5N1 (Etat de Washington), H5N2 (Idaho, Oregon, Etat de Washington, Colombie britannique) ont été détectés depuis deux mois chez des volailles et des oiseaux sauvages aux États-Unis et au Canada.

Un cas d'IAHP H5N8 a été détecté chez un canard siffleur sauvage (*Anas penelope*), dans le comté de Davis, Utah (13 janvier 2015).

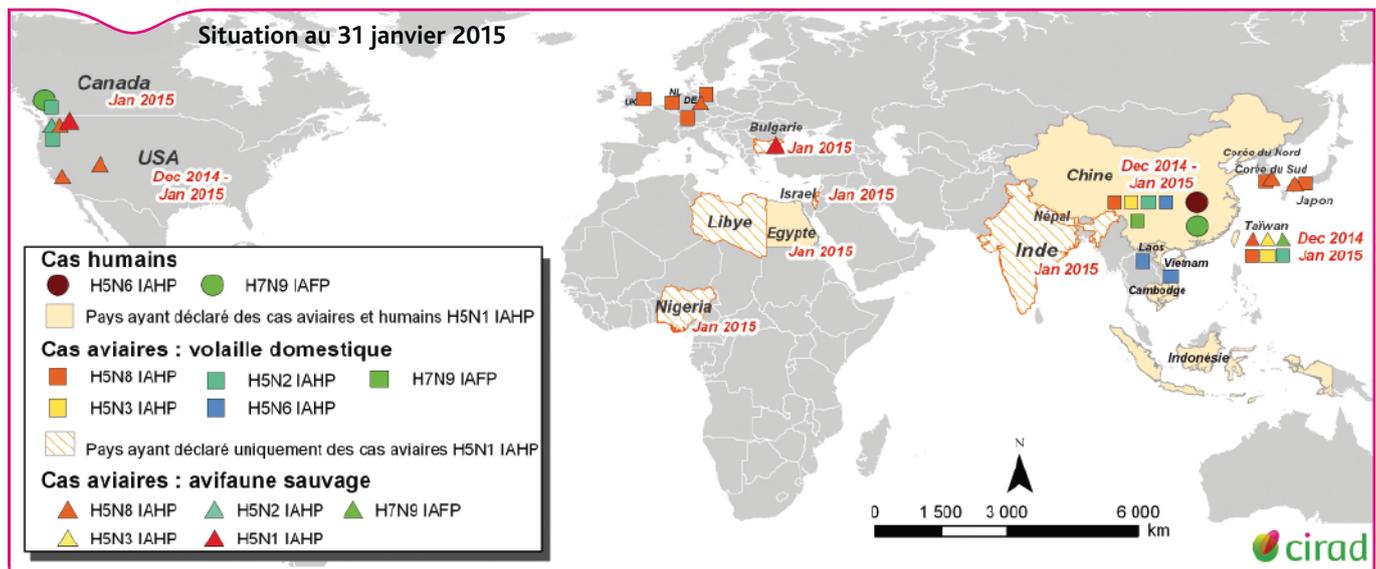


Figure 1. Localisation des foyers et des cas incidents d'influenza aviaire hautement pathogène à virus H5Nx et faiblement pathogènes H7N9, chez l'Homme et l'animal, entre janvier 2014 et janvier 2015 (situation au 31 janvier 2015)

Le même virus a été isolé début janvier en Californie chez un canard chipeau sauvage (*Anas strepera*) ainsi que le 10 décembre dernier chez un rapace en captivité (faucon gerfaut *Falco rusticolus*) dans l'État de Washington, dans le cadre d'un programme de renforcement de la surveillance chez les oiseaux sauvages. À la même période, le virus IAHP H5N2 a été détecté dans l'État de Washington chez un canard pilet (*Anas acuta*) et plus récemment le virus IAHP H5N1 chez une sarcelle d'hiver (*Anas carolinensis*). Ces souches sont issues d'une recombinaison du gène H5 de la souche eurasiennne IAHP H5N8 et de gènes N1 et N2 issues de souches IAHP circulant chez les oiseaux d'eau sauvages en Amérique du Nord. Cette recombinaison confirme la circulation de cette souche d'IAHP H5N8 au sein des oiseaux sauvages. Les voies d'entrée du H5N8 aux États-Unis ne sont pas encore confirmées. Des cas d'infection de volailles de basse-cour par une souche similaire d'IAHP H5N2 ont été rapportés dans le comté de Benton, Etat de Washington, le 7 janvier 2015. Des foyers d'IAHP H5N2 ont été rapportés pour la première fois dans des élevages de volailles (dindes et de poulets) sur le continent les 5 et 6 janvier 2015 (au Canada). Cette souche virale est similaire à celle détectée aux États-Unis en décembre 2014. Ce virus n'a pas encore été détecté chez des oiseaux sauvages au Canada. C'est la première fois que des virus d'IAHP H5 affectent des élevages de volailles en Amérique du Nord depuis le début de la panzootie d'IAHP H5N1 en Asie en 2003.

Implication en santé publique

Parmi les 200 types différents de virus d'influenza aviaire identifiés à ce jour (toutes espèces animales confondues), seulement un nombre limité peuvent infecter l'Homme: H5, H7, H10, H9, H6 (Song *et al.*, 2014).

Depuis 2003, l'influenza aviaire de type H5N1 a infecté plus de 650 personnes dans le monde avec un taux de létalité (*case-fatality rate*) de plus de 50 %. En 2014, on a recensé quarante-quatre cas humains (dont 11 fatals) d'IAHP H5N1; un cas humain (fatal) d'IAHP H5N6 (Figure 1). On peut cependant s'attendre à ce qu'un certain nombre de cas mortels ou sévères passent inaperçus ou soient attribués à une autre cause infectieuse. En revanche, le taux de létalité élevé ne retranscrit que le nombre de morts rapporté au nombre total de personnes malades. Récemment, il a été suggéré après des études de sérologie chez l'Homme, que le nombre de personnes exposées sans déclaration officielle de la maladie pourrait s'élever à plusieurs millions, rendant les taux de morbidité et de mortalité de l'IAHP H5N1 beaucoup plus faibles (Morens & Taubenberger, 2014). Une analyse épidémiologique approfondie de la situation actuelle en Égypte est

nécessaire pour confirmer ces hypothèses et la recrudescence de cas humains due ou non à la circulation d'un nouveau variant du virus H5N1.

Des cas humains dus à d'autres souches sont rapportés et notamment le H7N9 (faiblement pathogène chez les oiseaux) avec plus de 500 cas rapportés depuis mars 2013. La plupart des cas humains sont reliés à une exposition à des volailles vivantes au niveau des marchés (*Live-Bird Markets*) (Gilbert *et al.*, 2014). Selon un rapport récent du ministère de l'agriculture en Chine⁽¹⁾, 1,4 millions d'échantillons de volaille ont été testés entre mars 2014 et avril 2014 pour la souche IAHP H7N9, et 400 sérums positifs et 116 écouvillons positifs (confirmés par real time RT-PCR) au virus H7N9 ont été rapportés. Le rapport mentionne que dans les zones où aucun échantillon ne s'est révélé positif, aucun cas humain n'a été détecté (à l'exception de Pékin où 2 cas humains ont été rapportés sans aucun échantillon aviaire positif).

Deux cas humains d'infection au virus IAHP H10N8 ont également été rapportés en Chine (novembre 2013 et février 2014). Le H10N8 a été détecté chez des canards et des chiens en 2012 (Su *et al.*, 2014); une séroprévalence de 2,5 % a été estimée parmi 827 techniciens animaliers échantillonnés, signe d'une infection asymptomatique chez des personnes étroitement en contact avec des volailles (Qi *et al.*, 2013).

Un cas humain d'infection au virus IAHP H5N6 a été rapporté en Chine en avril 2014.

Aucun cas humain d'infection due au virus de type IAHP H5N8 circulant depuis 2013 en Asie n'a été rapporté à ce jour.

La transmission de l'Homme au Porc de la souche humaine H1N1 pandémique (H1N1 pdm09) a été démontrée dans plusieurs pays, notamment au Vietnam (Trevenec *et al.*, 2012) et au Cambodge (Rith *et al.*, 2013). Cette souche peut se recombinaison chez le Porc avec d'autres souches. Une nouvelle souche a été ainsi mise en évidence récemment chez le Porc au Vietnam: elle est le fruit d'un réassortiment d'une souche H3N2 et de la souche pandémique H1N1pdm09 (Baudon *et al.*, 2014). Des travaux sont en cours pour déterminer le niveau de protection actuel de la population humaine face à ces nouvelles souches potentiellement zoonotiques (protection croisée possible vis-à-vis de ces nouvelles souches induite par les souches *influenza* humaine H3N2 et H1N1 circulantes).

1. Promed, 2014. PRO/AH/EDR> Avian Influenza, human (120): China (JS, XJ) H7N9, WHO conf. Archive Number: 20141125.2989241 - <http://www.nlintelligence.com/2014/04/03/china-ministry-agriculture-publishes-h7n9-test-results/>

Voies d'introduction des virus H5 et H7 en Europe et en Amérique du Nord: rôle des oiseaux sauvages et des échanges commerciaux

Des oiseaux sauvages porteurs asymptomatiques

Les oiseaux sauvages peuvent jouer des rôles variés dans l'écologie des virus *influenza* (Swayne, 2009) à travers la maintenance des souches, leur circulation entre écosystèmes, régions et continents (notamment à travers les comportements de migration saisonnière) ou leur diffusion locale par contact direct entre les oiseaux aquatiques migrateurs et les volailles (Cappelle *et al.*, 2014) et/ou par l'intervention d'espèces relais (Caron *et al.*, 2014).

Les oiseaux migrateurs sont de nouveau mis en cause dans l'apparition de la souche H5N8 en Europe du Nord et en Amérique du Nord (et des souches recombinées H5N2 et H5N1). Cette souche H5N8 a été isolée chez des oiseaux migrateurs en Corée du Sud, au Japon, et en Allemagne, chez des oiseaux asymptomatiques mais également, en Asie, chez des individus trouvés morts. Ces oiseaux auraient pu ainsi depuis ce mois de novembre infecter plusieurs élevages européens ou à l'inverse avoir été infectés par un virus circulant dans les élevages. Cependant, une étude a montré que même si les canards migrateurs ont la capacité de transporter ces virus sur de longues distances en quelques jours, la probabilité d'un tel événement reste très faible (Gaidet *et al.*, 2010) et une étude récente (Verhagen *et al.*, 2014) suggère que les oiseaux migrateurs agiraient comme amplificateurs locaux de virus *influenza* plutôt que comme vecteurs sur de longues distances.

D'autre part, les mouvements migratoires se font essentiellement le long d'un axe Nord-Sud. Il n'existe pas de route de migration directe entre les régions asiatiques où le virus a été détecté (Chine, Corée, Japon) et l'Europe de l'Ouest ou l'Amérique du Nord. Une introduction par les oiseaux migrateurs depuis l'Est asiatique vers l'Europe ou les États-Unis et le Canada nécessite une transmission en Sibérie ou en Alaska au cours de l'été entre des oiseaux asiatiques et européens ou américains qui cohabitent sur certains sites de reproduction partagés. Ce scénario implique donc une série d'événements (dispersion du virus par oiseaux asiatiques migrateurs - porteurs asymptomatiques vers la Sibérie/l'Alaska, persistance du virus en Sibérie/Alaska pendant la période de reproduction, transmission locale à des oiseaux européens ou américains, dispersion du virus par oiseaux européens et américains migrateurs - porteurs asymptomatiques vers l'Europe et les États-Unis et le Canada) dont il est difficile d'estimer la probabilité d'occurrence (Gale *et al.*, 2014). On notera toutefois que ce type de transmission intercontinentale a pu se produire dans le cas du virus IAHP H5N1. Dans le cas de l'IAHP H5N8, il faut souligner également l'absence de foyers détectés en Asie centrale ou en Europe de l'Est comme cela avait été observé lors de la dispersion de l'IAHP H5N1 en 2005, puis en 2006 (Adlhoch *et al.*, 2014). Les cas d'infection par IAHP H5Nx en Amérique du Nord ont jusqu'à présent été détectés chez des oiseaux sauvages captifs (faucons) ou des canards sauvages tués à la chasse (pour lesquels il n'est donc pas possible de savoir s'ils étaient cliniquement atteints ou non) et donc il est difficile d'évaluer la capacité de dispersion de ces virus par les oiseaux sauvages.

À l'heure actuelle, au vu du peu d'informations disponibles sur l'infectiosité, la pathogénicité, le niveau de circulation et les espèces infectées par cette souche IAHP H5N8, il est difficile de déterminer la contribution des oiseaux migrateurs à l'introduction de ce virus en Europe (Anses, 2014). La détection de cas d'IAHP H5N8 dans l'avifaune sauvage nord-américaine pourrait être expliquée par une introduction de ce virus depuis l'Asie *via* des oiseaux sauvages migrateurs. Cependant, vu la détection concomitante de cas d'IAHP H5N8 dans la volaille domestique et le peu d'informations actuellement disponibles, il n'est pas possible de déterminer avec certitude l'origine sauvage (migration) ou domestique (commerce) de ce virus IAHP H5N8 en Amérique du Nord.

Ces risques de transmission par les oiseaux sauvages ne peuvent être négligés mais doivent être examinés relativement aux autres risques d'introduction parfois trop mal estimés par manque d'information, tel que le commerce international de volaille et/ou la mobilité humaine liée à la filière aviaire (responsables vétérinaires, agents techniques).

Des mobilités animales et humaines importantes

Plusieurs pistes d'introduction possible du virus IAHP H5N1 en Égypte et au Nigéria ont été identifiées et notamment l'importation de poussins d'un jour depuis la Chine (Ducatez *et al.*, 2006). Des travaux effectués en Asie du Sud-est ont démontré le rôle majeur des intermédiaires dans la filière de distribution des volailles avec notamment un risque d'infection plus élevé lié à la présence ou non de « collecteurs » de volaille (Desvaux *et al.*, 2011). Des travaux récents ont également mis en évidence les risques d'introduction des virus d'IAHP de la Chine vers le Vietnam *via* le commerce illégal (Desvaux *et al.*, 2014) qui peut être également constaté entre l'Asie et l'Europe.

Dans le cas récent d'infection dû au virus H5N8 en Angleterre, l'entreprise concernée a également des activités d'élevage de canards en Chine (The Telegraph, Communication personnelle FLI Allemagne). Dès lors, et ce malgré les différences de pratiques d'élevage avérées entre l'Asie et l'Europe, les risques d'introduction des virus IAHP liés au mouvement commercial des oiseaux, d'œufs ou par transfert mécanique à partir de matériel contaminé (cages, vêtements, etc.) ne sont pas à exclure. Les mobilités animales et humaines (poussins de 1 jour, œufs, techniciens animaliers ou vétérinaires qui participent régulièrement à des formations en Asie ou en Europe) doivent être prises en compte dans l'analyse des facteurs de risque d'introduction des virus IA en Europe. Une étude approfondie des échanges commerciaux et de la mobilité des personnes entre l'Asie, l'Europe et l'Amérique du Nord en lien avec la filière avicole commerciale s'avère nécessaire pour conclure sur les routes d'introduction des virus IAHP en Europe afin de mettre en place des mesures de surveillance et de contrôle adaptées.

Les socio-écosystèmes favorables à la circulation et à la persistance virale sont en particulier ceux associant riziculture et élevage de canards en zones humides, aussi bien en Asie du Sud-est qu'à Madagascar (Paul *et al.*, 2014) et en Égypte. Ces écosystèmes ne sont pas présents en Europe où par contre les élevages et filières industriels, combinés à une perte de diversité génétique peuvent être propices aux émergences et à la diffusion des virus *influenza* (Caron *et al.*, 2009; Leibler *et al.*, 2009).

Gestion: surveillance et contrôle

La diffusion et le maintien des virus *influenza* dans un pays donné dépendent également fortement des performances des services vétérinaires⁽²⁾ en termes de surveillance et de contrôle.

Des études d'évaluation des protocoles de surveillance en Afrique, en Asie du Sud-est et en Europe sont menées au travers du projet RISKSUR⁽³⁾ (*Development of decision support tools for the design of cost-effective risk-based surveillance systems*) et du programme REVASIA (Delabougliose *et al.*, 2014; Pham *et al.*, 2013). L'analyse des mouvements d'oiseaux et de porcs au sein des réseaux de filières commerciales a été menée en Égypte (Peyre *et al.*, 2014) et est également en cours en Asie afin de pouvoir mieux cibler les zones et périodes de surveillance.

La surveillance chez les oiseaux sauvages est globalement biaisée et non coordonnée: ponctuelle, géographiquement réduite et souvent limitée aux derniers foyers et à des sous-ensembles de virus (Machalaba *et al.*, In Press). Il y a un besoin d'investissements soutenus pour promouvoir un échantillonnage *ad hoc* et des tests standardisés, des méthodes de déclaration, incluant le séquençage génétique et le partage des isolats avec la communauté scientifique (EMPRES-i, *global animal disease*

2. <http://www.oie.int/fr/appui-aux-membres-de-loie/evaluations-pvs/loutil-pvs-de-loie/>
3. <http://www.fp7-risksur.eu/>

information system)⁽⁴⁾ en ciblant les régions où la diversité des virus *influenza* est importante chez les oiseaux sauvages. Pour comprendre les rôles joués par les oiseaux sauvages, la surveillance des virus aviaires doit davantage s'appuyer sur des études éco-épidémiologiques - ou intégrer le recueil en continu de métadonnées *ad hoc* - dans lesquelles le rôle des communautés d'oiseaux, de leurs écologies associées, ainsi que leurs interactions avec les populations domestiques sont pris en compte pour cibler la surveillance vers des espèces dont le rôle (maintenance, relai, diffusion à large échelle) est suspecté.

En terme de contrôle, des travaux associant le Cirad et la FAO sont en cours avec l'entreprise Ceva Santé Animale⁽⁵⁾ afin d'évaluer sur le terrain des stratégies de vaccination basées sur l'utilisation d'un nouveau vaccin efficace contre la souche H5 chez les poussins d'un jour dans les pays où le H5N1 est endémique. Des vaccins contre les autres souches (H7N9 IAHP, H5N6 IAHP, H5N8 IAHP) sont en cours de développement (communication personnelle, Ceva).

Les virus *influenza* aviaires H5 et H7 circulent toujours largement en Chine et en Asie du Sud-Est avec, pour certains, une transmission zoonotique. L'émergence et la diffusion de nouvelles souches sont régulièrement rapportées dans ces régions ainsi qu'en Europe où les services officiels ont récemment notifié des foyers dus au virus hautement pathogène H5N8. L'atténuation des risques liés à ces virus requiert un renforcement des systèmes de surveillance à la fois pour les volailles domestiques et les oiseaux sauvages. Des travaux plus fondamentaux sont également nécessaires pour comprendre les mécanismes et probabilités de transmission sur de longues distances et ainsi mieux définir et cibler les stratégies de surveillance et de contrôle.

Références bibliographiques

Adlhoc C, Gossner C, Koch G, Brown I, Bouwstra R, Verdonck F, et al. 2014. Comparing introduction to Europe of HPAI A(H5N8) in 2014 and A(H5N1) in 2005. *Euro Surveill.* 2014; 19(50):pii=20996

Anses., 2014. Avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif à une évaluation du niveau de risque d'introduction en France du virus IAHP H5N8 via l'avifaune et du risque potentiel pour la santé publique lié à cette circulation d'IA HP. Online Access (11/12/2014): <https://www.anses.fr/sites/default/files/documents/SANT2014sa0239.pdf>

Baudon, E., Fournie, G., Hiep, D., Ton, V., Peiris, J., Cowling, B., Peyre, M., 2013. Description of the swine production network in a province of northern Vietnam and implications for swine *influenza* transmission and surveillance, in: Proceedings. Presented at the Hong Kong College of Community Medicine Annual Scientific Meeting, HKCCM. Hong Kong.

Baudon, E., Poon, L.L., Dao, T.D., Pham, N.T., Cowling, B.J., Peyre, M., Nguyen, K.V., Peiris, M., 2014. Detection of Novel Reassortant *Influenza* A (H3N2) and H1N1 2009 Pandemic Viruses in Swine in Hanoi, Vietnam. *Zoonoses Public Health.* In Press.

Cappelle, J., Zhao, D., Gilbert, M., Nelson, M.I., Newman, S.H., Takekawa, J.Y., Gaidet, N., Prosser, D.J., Liu, Y., Li, P., Shu, Y., Xiao, X., 2014. Risks of Avian *Influenza* Transmission in Areas of Intensive Free-Ranging Duck Production with Wild Waterfowl. *EcoHealth* 11, 109–119.

Caron, A., Gaidet, N., De Garine-Wichatitsky, M., Morand, S., Cameron, E.Z., 2009. Evolutionary biology, community ecology and avian *influenza* research. *Infect. Genet. Evol.* 9, 298–303.

Caron, A., Grosbois, V., Etter, E., Gaidet, N., De Garine-Wichatitsky, M., 2015. Bridge hosts for Avian *Influenza* viruses at the wildlife/domestic interface: an eco-epidemiological framework implemented in southern Africa. *Prev. Vet. Med.* In Press.

Delabougli, A., Antoine-Moussiaux, N., Phan Dang, T., Truong Dinh, B., Dao Cong, D., Nguyen Tien, T., Nguyen Ngoc Thanh, X., Vu Dinh, T., Nguyen Viet, K., Salem, G., Peyre, M., 2014. Evaluating the social costs and benefits of surveillance: the case of HPAI in Vietnam, in: Proceedings. Presented at the 2nd International Conference on Animal Health Surveillance, ICAHS 2, May 2014, The Havana, Cuba.

Desvaux, S., Grosbois, V., Pham, T., Fenwick, S., Tollis, S., Pham, N., Tran, A., Roger, F., 2011. Risk factors of highly pathogenic avian *influenza* H5N1 occurrence at the village and farm levels in the red river delta region in Vietnam. *Transbound. Emerg. Dis.* 58, 492–502.

Desvaux, S., Nguyen, C.O., Vu, D.T., Henriquez, C., Ky, V.D., Roger, F., Fenwick, S., Goutard, F., 2014. Risk of Introduction in Northern Vietnam of HPAI Viruses from China: Description, Patterns and Drivers of Illegal Poultry Trade. *Transbound. Emerg. Dis.* In Press.

Ducatez, M., Olinger, C., Owoade, A., De Landtsheer, S., Ammerlaan, W., Niesters, H., Osterhaus, A., Fouchier, R., Muller, C., 2006. Avian flu: multiple introductions of H5N1 in Nigeria. *Nature* 442, 37–37.

Gaidet, N., Cappelle, J., Takekawa, J.Y., Prosser, D.J., Iverson, S.A., Douglas, D.C., Perry, W.M., Mundkur, T., Newman, S.H., 2010. Potential spread of highly pathogenic avian *influenza* H5N1 by wildfowl: dispersal ranges and rates determined from large-scale satellite telemetry: Potential dispersal of H5N1 HPAI virus by wildfowl. *J. Appl. Ecology* 47, 1147–1157.

Gale, P., Goddard, A., Breed, A.C., Irvine, R.M., Kelly, L., Snary, E.L., 2014. Entry of H5N1 highly pathogenic avian *influenza* virus into Europe through migratory wild birds: a qualitative release assessment at the species level. *J. Appl. Microbiol.* 116, 1405–1417.

Gilbert, M., Golding, N., Zhou, H., Wint, G.W., Robinson, T.P., Tatem, A.J., Lai, S., Zhou, S., Jiang, H., Guo, D., others, 2014. Predicting the risk of avian *influenza* A H7N9 infection in live-poultry markets across Asia. *Nat. Commun.* 5.

Horm, S.V., Sorn, S., Allal, L., Buchy, P., 2013. *Influenza* A(H5N1) Virus Surveillance at Live Poultry Markets, Cambodia, 2011. *Emerg. Infect. Dis.* 19, 305–308.

Jeong, J., Kang, H.-M., Lee, E.-K., Song, B.-M., Kwon, Y.-K., Kim, H.-R., Choi, K.-S., Kim, J.-Y., Lee, H.-J., Moon, O.-K., others, 2014. Highly pathogenic avian *influenza* virus (H5N8) in domestic poultry and its relationship with migratory birds in South Korea during 2014. *Vet. Microbiol.* 173, 249–257.

Lee, Y.-J., Kang, H.-M., Lee, E.-K., Song, B.-M., Jeong, J., Kwon, Y.-K., Kim, H.-R., Lee, K.-J., Hong, M.-S., Jang, I., others, 2014. Novel reassortant *influenza* A (H5N8) viruses, South Korea, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 20, 1087.

Leibler, J.H., Otte, J., Roland-Holst, D., Pfeiffer, D.U., Magalhaes, R.S., Rushton, J., Graham, J.P., Silbergeld, E.K., 2009. Industrial food animal production and global health risks: exploring the ecosystems and economics of avian *influenza*. *Ecohealth* 6, 58–70.

Machalaba, C.C., Elwood, S.E., Forcella, S., Smith, K.M., Hamilton, K., Ben Jebara, K., Swayne, D.E., Webby, Mumford, E., Mazet, J.A.K., Gaidet, N., Daszak, P., Karesh, W.B., 2015. Global Avian *Influenza* Surveillance in Wild Birds: A Strategy to Capture Viral Diversity. *Emerg. Infect. Dis.* <http://dx.doi.org/10.3201/eid2104.141415>.

Morens, D.M., Taubenberger, J.K., 2014. How Low Is the Risk of *Influenza* A(H5N1) Infection? *J. Infect. Dis.* pii: jiu530.

Paul, M.C., Gilbert, M., Desvaux, S., Rasamoelina Andriamanivo, H., Peyre, M., Khong, N.V., Thanapongtharm, W., Chevalier, V., 2014. Agro-Environmental Determinants of Avian *Influenza* Circulation: A Multisite Study in Thailand, Vietnam and Madagascar. *PLoS ONE* 9, e101958.

Peyre, M.-I., Choisy, M., Sobhy, H., Hassan, W., Dauphin, G., Roger, F., Lubroth, J., Jobre, Y., 2015. Modelling Avian *Influenza* Immunity Distribution Profile Through the Poultry Production Network in Egypt: a Decision Tool for Zoonotic *Influenza* Management, in: Proceedings. Presented at the 9th Avian *Influenza* International Symposium, Athens, GA, USA.

Pham Thi Thanh, H., Nguyen, T.T., Nguyen, V.K., Dao, T.H., Vu, D.T., Baudon, E., Peyre, M.-I., 2013. Using Participatory Epidemiology (PE) approach to prioritize swine diseases at commune level of a red river delta province, North Vietnam, in: Proceedings. Presented at the AITVM 14th International Conference, Johannesburg, South Africa.

Qi, W., Su, S., Xiao, C., Zhou, P., Li, H., Ke, C., Gray, G.C., Zhang, G., Liao, M., 2014. Antibodies against H10N8 avian *influenza* virus among animal workers in Guangdong Province before November 30, 2013, when the first human H10N8 case was recognized. *BMC Med.* 12, 205.

Rith, S., Netrabukkana, P., Sorn, S., Mumford, E., Mey, C., Holl, D., Goutard, F., Fenwick, S., Robertson, I., Roger, F., others, 2013. Serologic evidence of human *influenza* virus infections in swine populations, Cambodia. *Influenza Other Respir. Viruses.* 7, 271–279.

Song, W., Wang, P., Mok, B.W.-Y., Lau, S.-Y., Huang, X., Wu, W.-L., Zheng, M., Wen, X., Yang, S., Chen, Y., Li, L., Yuen, K.-Y., Chen, H., 2014. The K526R substitution in viral protein PB2 enhances the effects of E627K on *influenza* virus replication. *Nat. Commun.* 5, 5509.

Su, S., Qi, W., Zhou, P., Xiao, C., Yan, Z., Cui, J., Jia, K., Zhang, G., Gray, G.C., Liao, M., others, 2014. First Evidence of H10N8 Avian *Influenza* Virus infections among Feral Dogs in Live Poultry Markets in Guangdong Province, China. *Clin. Infect. Dis.* ciu345.

Swayne, D.E., 2009. *Avian influenza*. Wiley-Blackwell. ISBN: 978-0-8138-1866-5. 628 pp

Trevennec, K., Leger, L., Lyazrhi, F., Baudon, E., Cheung, C.Y., Roger, F., Peiris, M., Garcia, J.-M., 2012. Transmission of pandemic *influenza* H1N1 (2009) in Vietnamese swine in 2009–2010. *Influenza Other Respir. Viruses.* 6, 348–357.

Verhagen, J.H., Van Dijk, J.G.B., Vuong, O., Bestebroer, T., Lexmond, P., Klaassen, M., Fouchier, R.A.M., 2014. Migratory Birds Reinforce Local Circulation of Avian *Influenza* Viruses. *PLoS ONE* 9, e112366.

4. <http://empres-i.fao.org/eipws3/>

5. <http://www.ceva.com/fr>