

Épisode d'influenza aviaire hautement pathogène en Europe en 2016-2017

Julien Cauchard (1), Alizé Mercier (2,3)*, Sylvain Falala (2,3), Anne Van De Wiele (4), Matthieu Guillemain (5), Anne Bronner (6)**, Didier Calavas (1)**

Auteur correspondant: julien.cauchard@anses.fr

(1) Anses, Laboratoire de Lyon, Unité Épidémiologie, Lyon, France

(2) Cirad UMR 117 Animal, santé, territoires, risques et écosystèmes (Astre), Montpellier, France

(3) Inra UMR 1309 Animal, santé, territoires, risques et écosystèmes (Astre), Montpellier, France

(4) Office national de la chasse et de la faune sauvage, Direction recherche et expertise, Unité sanitaire de la faune, St-Benoît, France

(5) Office national de la chasse et de la faune sauvage, Direction recherche et expertise, Unité avifaune migratrice, Arles, France

(6) Direction générale de l'alimentation, Service des actions sanitaires en production primaire, Paris, France

* Membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme nationale d'épidémiologie en santé animale (Plateforme ESA)

** Membre de l'équipe de coordination de la Plateforme ESA

Résumé

Depuis octobre 2016, l'Europe a connu un des épisodes d'influenza aviaire les plus importants au cours de ces dernières années, impactant de façon conséquente aussi bien l'avifaune sauvage que les élevages de volailles. Cet épisode est dû à la propagation de virus H5N8, H5N5 et H5N6 originaires d'Asie, et qui sont différents des virus H5N8 et H5N1 qui avaient respectivement été impliqués en 2014 et en 2015. Le nombre total de foyers et de cas d'IAHP notifiés au 28 mai 2017 était de 2 702, dont 1 532 au sein de l'avifaune sauvage (78 espèces différentes touchées), 1 123 en élevage et 47 au sein de l'avifaune captive. Cet article présente et analyse l'évolution spatio-temporelle des cas et des foyers entre octobre 2016 et fin mai 2017.

Mots-clés

Influenza aviaire, Europe, H5N8

Abstract

Highly pathogenic avian influenza episode, Europe, 2016-2017

Since October 2016, Europe has experienced one of the most important episodes of avian influenza in recent years, impacting both wild birds and poultry farms. This episode is due to the spread of H5N8, H5N5 and H5N6 viruses originating in Asia, which are different from the H5N8 and H5N1 viruses that were implicated in 2014 and 2015 respectively. The total number of outbreaks and cases of HPAI notified up to 28 May 2017 was 2,702, of which 1,532 in wild birds (78 different species affected), 1,123 in poultry farms and 47 in captive avifauna. This article presents and analyses the spatial and temporal evolution of cases and outbreaks between October 2016 and the end of May 2017.

Keywords

Avian influenza, Europe, H5N8

La détection chez un cygne le 26 octobre 2016 en Hongrie d'un virus d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N8 a marqué le début de l'un des épisodes d'influenza aviaire les plus importants qu'ait connus l'Europe ces dernières années, impactant de façon conséquente aussi bien l'avifaune sauvage que les élevages de volailles. Cet épisode est dû à la propagation des virus H5N8, H5N5 et H5N6⁽¹⁾ originaires d'Asie, et qui sont différents des virus H5N8 et H5N1 qui avaient respectivement été impliqués en 2014 et en 2015. Les déclarations systématiques des cas (dans l'avifaune) et des foyers (en élevage) par les pays de l'Union européenne (UE) et la Suisse par le système ADNS (Animal Disease Notification System) et l'interface WAHID (World Animal Health Information Database) de l'Organisation mondiale de la Santé animale (OIE) ont permis d'assurer une surveillance épidémiologique quasiment en temps réel de la diffusion de la maladie sur le continent. Cet article dresse un bilan de l'évolution de l'épisode d'IAHP depuis le premier cas d'octobre 2016 jusqu'au 28 mai 2017, date à laquelle certains pays (Italie, Pays-Bas) déclaraient encore occasionnellement des cas dans l'avifaune et dans les élevages.

Extraction des données par les systèmes WAHID et ADNS

Les systèmes ADNS et WAHID permettent d'extraire des informations complémentaires sur les cas et foyers. Ils sont alimentés directement par les pays qui notifient à l'UE pour le système ADNS, et à l'OIE pour la base WAHID. Les informations obtenues par extraction à partir de ces deux bases de données sont significatives et complémentaires, mais peuvent s'avérer parfois incomplètes. En effet, le système ADNS n'a

pas été adapté à la notification systématique des nouveaux sous-types H5N8, H5N5 et H5N6, conduisant certains pays à notifier les foyers comme « H5Nx ». De plus, certains foyers ou cas sont notifiés à l'ADNS comme IAHP sans précision du sérotype (H ou N). Depuis octobre 2016, 24 foyers et cas d'IAHP ont ainsi été notifiés sans information sur le sérotype, dont un en Croatie, un en République Tchèque, quatre en Belgique, six en Roumanie et douze en Serbie. Ces foyers ne sont pas traités dans les tableaux ou dans les cartes de cet article.

Sauf spécification contraire, les virus IAHP H5 sont donc traités dans leur globalité dans cet article. L'analyse des données prend en compte les modifications parfois apportées ultérieurement aux alertes ADNS après la première déclaration, notamment la précision du sous-type pour certains foyers H5Nx (qui sont ensuite repris en foyers H5N5, H5N8 ou H5N6).

Caractérisation des virus circulants

Contrairement aux épisodes de 2006 et 2014 durant lesquels respectivement les virus H5N1 et H5N8 ont provoqué eux aussi une forte mortalité, les virus H5N5, H5N6 et H5N8 circulant en Europe cet hiver 2016-2017 appartiennent à la lignée asiatique A/goose/Guangdong/1/1996 du clade 2.3.4.4.

Ce résultat a été obtenu en comparant les séquences de l'hémagglutinine des virus isolés chez les animaux positifs. Il suggère par ailleurs que les virus de l'épisode de 2016 se répartissent en deux clusters génétiquement très proches, mais distincts quant à leur origine géographique. Les virus du premier cluster proviennent du Nord de l'Europe (Danemark, Allemagne, Pays-Bas, Pologne et Suède), alors que les virus du second cluster proviennent d'Europe centrale (Croatie et Hongrie), reflétant ainsi deux voies potentielles d'introduction en Europe de l'Ouest via les oiseaux migrateurs. La distance phylogénétique entre les virus de ces deux clusters est suffisamment proche pour envisager l'existence d'un ancêtre commun qui aurait rejoint l'Europe par des

(1) Un autre virus IAHP H5, le virus H5N1, a été détecté de manière sporadique en France, avec un foyer déclaré le 21 mars 2017 dans un élevage de palmipèdes du sud-ouest du pays. Il s'agit du virus H5N1 HP apparenté aux souches HP françaises détectées au cours de l'hiver 2015-2016 puis de l'été 2016, mais pas à la lignée asiatique A/goose/Guangdong/1/1996 du clade 2.3.4.4 qui a sévi en 2016-2017

routes différentes en 2016 et permet de les différencier du virus H5N8 de l'épisode 2014 (Source: rapport Efsa 2016 et communication interne LNR Anses Influenza aviaire).

Les virus les plus proches (mais néanmoins différents) de ceux de l'épisode européen de 2016 sont ceux qui ont été isolés en juin 2016-2017 chez des oiseaux du lacUvs-Nur à la frontière russo-mongole, ce qui permet de poser l'hypothèse de l'origine asiatique (Lee et al., 2017).

Tableau 1. Suivi du nombre de foyers et de cas d'IAHP de lignée asiatique A/goose/Guangdong/1/1996 clade 2.3.4.4 dans l'UE et en Suisse, et nombre de pays atteints (entre parenthèses) déclarés du 26 octobre 2016 au 28 mai 2017 (sources: OIE/ADNS/DGAL)

Date de relevé	Nb de foyers Avifaune captive (nb de pays)	Nb de foyers Oiseaux domestiques (nb de pays)	Nb de cas Avifaune sauvage (nb de pays)
28/11	3 (2)	36 (6)	127 (11)
26/12	7 (4)	320 (11)	345 (17)
23/01	16 (7)	547 (16)	525 (23)
21/02	37 (13)	782 (20)	964 (24)
27/03	46 (15)	1067 (20)	1460 (26)
24/04	47 (15)	1119 (20)	1513 (27)
28/05	47 (15)	1123 (20)	1532 (27)

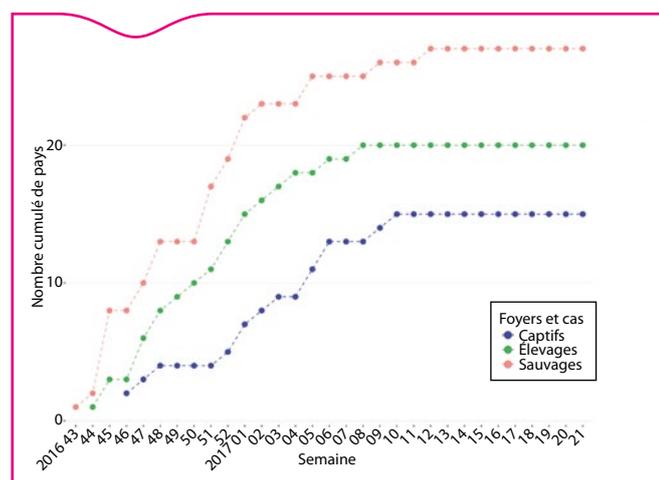


Figure 1. Nombre cumulé par semaine de pays ayant déclaré au moins un foyer/cas d'IAHP H5 de lignée asiatique A/goose/Guangdong/1/1996 clade 2.3.4.4 en Europe (UE et Suisse) du 26 octobre 2016 au 28 mai 2017 (inclus) (sources: ADNS/OIE/DGAL)

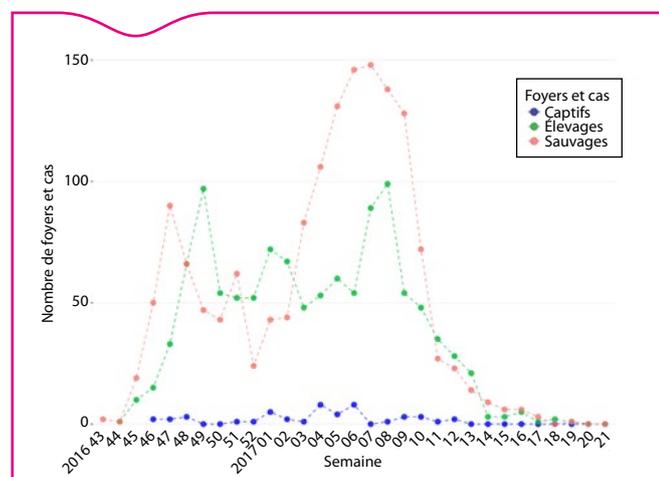


Figure 2. Nombre de foyers et de cas d'IAHP H5 de lignée asiatique A/goose/Guangdong/1/1996 clade 2.3.4.4 en Europe (UE et Suisse) par semaine du 26 octobre 2016 au 28 mai 2017 (inclus) (sources: ADNS/OIE/DGAL)

Les mutations observées ne suggéraient pas de risque de transmission à l'Homme, ce qui s'est confirmé avec, au 28 mai 2017, l'absence de déclaration de cas humain associé à ce virus.

Propagation du virus

Diffusion rapide en Europe

Une semaine après la première observation du virus dans l'avifaune sauvage en Hongrie, c'est également en Hongrie que l'infection d'un premier élevage a été confirmée. Par une diffusion progressive et rapide de l'Est vers l'Ouest, plusieurs pays européens ont notifié l'apparition du virus sur leur territoire⁽²⁾. Au total, des foyers et cas ont été identifiés dans quinze pays au sein de l'avifaune captive, 27 pays dans l'avifaune sauvage et vingt pays dans des élevages avicoles (Tableau 1 et Figure 1).

Le nombre total de foyers et de cas d'IAHP notifiés au 28 mai était de 2 702, dont 1 532 au sein de l'avifaune sauvage (78 espèces différentes touchées), 1 123 en élevage et 47 au sein de l'avifaune captive (Tableaux 1 & 2-5). Nous observons une diminution régulière du nombre de nouveaux foyers au cours des deux derniers mois (Figure 1).

La Figure 2 présente l'évolution du nombre de déclarations hebdomadaires de foyers et cas d'IAHP H5 du clade 2.3.4.4. en Europe. Les données agrégées pour l'Europe (Suisse incluse), avec des situations par pays très différentes du point de vue surveillance et épidémiologie, fournissent des indications globales. À l'échelle macroscopique, il est intéressant de noter que les courbes « élevages » et « sauvages » présentent des évolutions globalement parallèles jusqu'à la troisième semaine 2017, avec un décalage dans le temps de deux semaines. La courbe « sauvages » précède ainsi la courbe « élevages ». On retrouve ce même décalage entre les compartiments élevage et sauvage dans la représentation en cumulé du nombre de nouveaux pays déclarant leur premier foyer/cas d'IAHP (Figure 1).

L'évolution de ces courbes est cohérente avec une contamination des élevages par l'avifaune sauvage et suggérerait une absence d'évolution propre de l'épizootie dans le compartiment élevage, de manière globale sur le continent européen (ce qui n'exclut pas des situations particulières où localement on a pu observer une diffusion secondaire importante entre élevages). Toutefois, cette interprétation doit être prise avec précaution, les variations étant d'une part dépendantes de la pression de surveillance exercée dans les différentes populations, et d'autre part certainement différentes en fonction des pays (cas de la Hongrie et de la France qui ont déclaré un très grand nombre de cas en élevages mais peu dans l'avifaune, et à l'inverse de l'Allemagne et de la Suisse ayant déclaré un grand nombre de cas dans l'avifaune et très peu voire aucun en élevage).

Distribution des virus H5N5, H5N6 et H5N8

Les cas et foyers dus aux différents virus sont répartis ainsi: H5N5 (n=21), H5N8 (n=227) et H5N6 (n=1). Au total, 453 cas ou foyers notifiés notés H5Nx n'ont pu être caractérisés⁽³⁾.

Plusieurs pays ont déclaré la présence d'un virus de sous-type IAHP H5N5 dans l'avifaune (1 cas en Allemagne, 1 cas au Monténégro, 2 en Italie, 1 en Croatie, 1 en Grèce, 2 en Pologne, 3 en Slovénie, 8 en Serbie, 1 en Hongrie et 1 en Autriche), dans les élevages (3 foyers en Allemagne et 2 en Croatie), et au sein de l'avifaune captive (1 cas en Italie et 1 en République Tchèque). De plus, les Pays-Bas ont signalé un cas mixte d'infection IAHP H5N8/H5N5 dans l'avifaune sauvage en novembre 2016.

Un virus d'IAHP de sous-type H5N6, apparenté aux virus IAHP H5 du clade 2.3.4.4 qui circulent actuellement en Europe, a été détecté en Grèce au sein d'un élevage (espèce non précisée). Ce foyer avait initialement

(2) Une vision dynamique de la propagation du virus est disponible en utilisant la lecture vidéo de la carte interactive sur le site de la Plateforme ESA (<https://shiny-public.anses.fr/shiny-iahp/>).

(3) Une application, disponible sur le site de la Plateforme ESA (<https://shiny-public.anses.fr/shiny-iahp/>), permet de visualiser l'évolution des foyers et cas d'IAHP sous forme de carte et de série temporelle interactives.

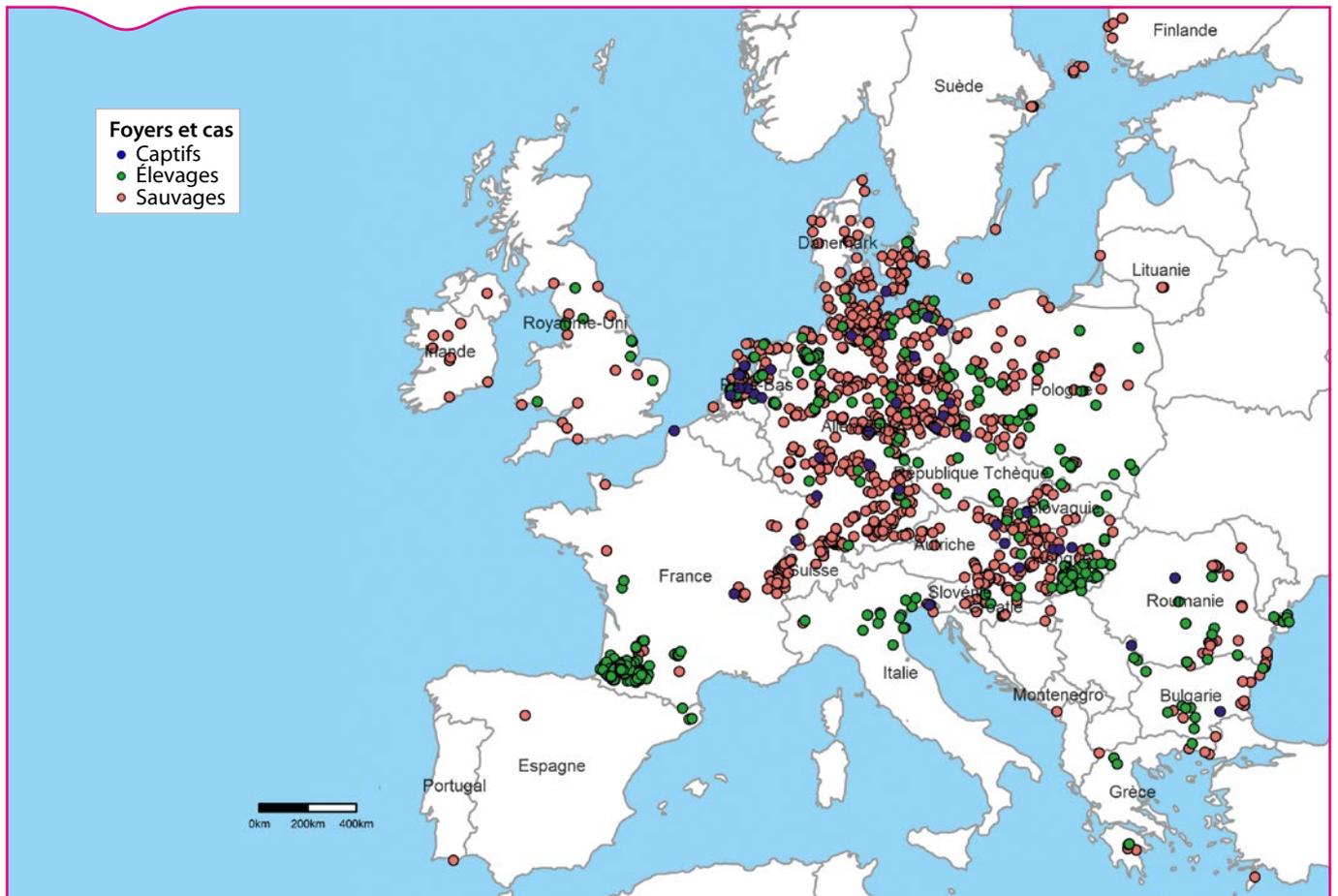


Figure 3. Carte des foyers et de cas d'IAHP H5N5, H5N6 et H5N8 déclarés dans l'UE et en Suisse entre le 26 octobre 2016 et le 28 mai 2017 inclus (sources: OIE/ADNS/DGAL)

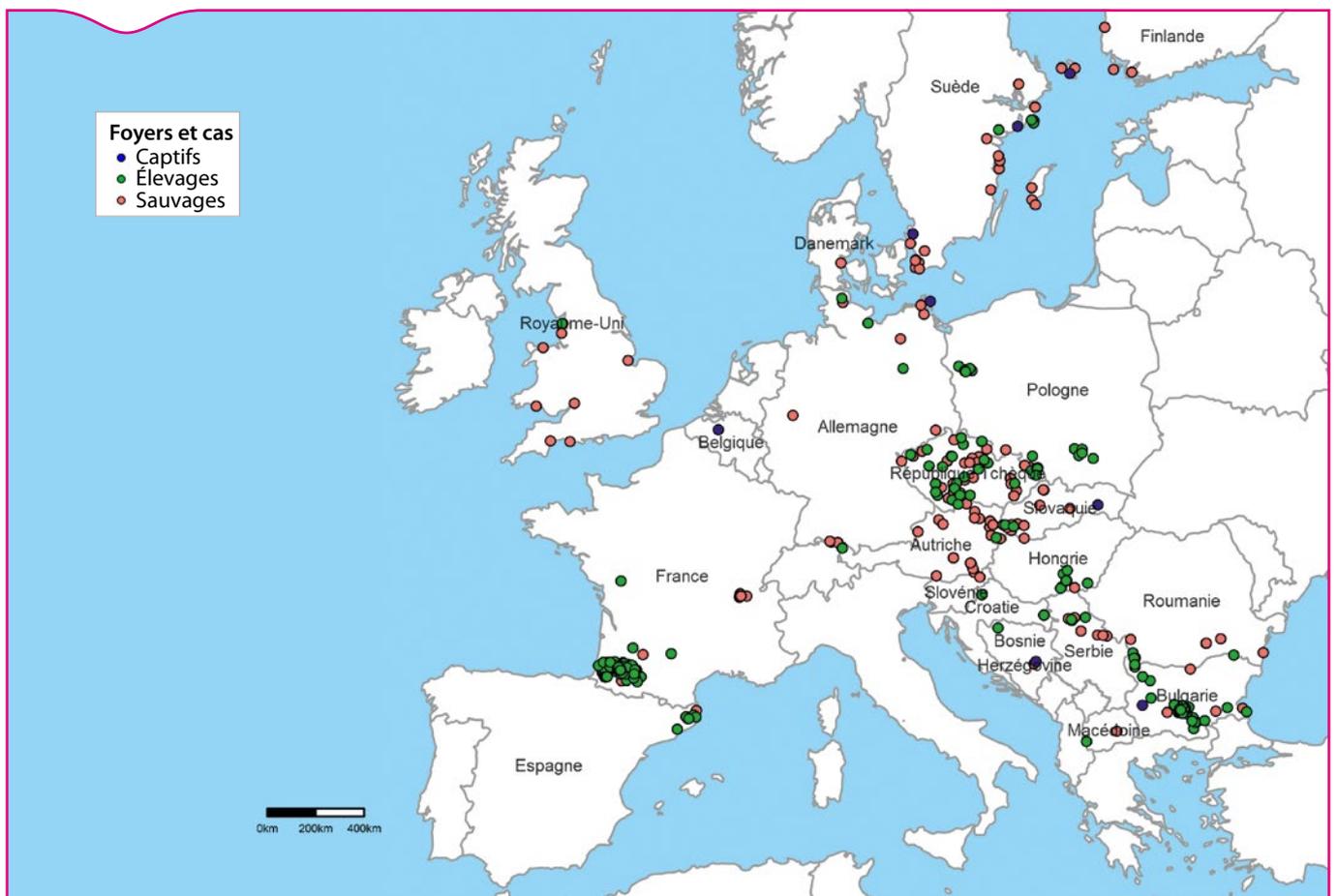


Figure 4. Carte des foyers et de cas d'IAHP H5Nx déclarés dans l'UE entre le 26 octobre 2016 et le 28 mai 2017 inclus (sources: OIE/ADNS/DGAL)

Tableau 2. Nombre de foyers et de cas d'IAHP H5NX, H5N5 et H5N8 domestiques, sauvages et captifs par pays dans l'UE et en Suisse du 26 octobre 2016 au 28 mai 2017 inclus (sources: OIE/ADNS/DGAL)

	Captifs			Domestiques			Sauvages		
	H5NX	H5N5	H5N8	H5NX	H5N5	H5N8	H5NX	H5N5	H5N8
Allemagne	1		14	2	3	91	10	1	726
Autriche			1	2		1	28	1	26
Belgique	1								
Bosnie-Herzégovine	1			1			1		
Bulgarie	1		1	62		10	3		9
Croatie				7	2	2		1	11
Danemark			1			1	1		50
Espagne				6		4	1		1
Finlande	1						6		9
France			3	136		348	19		33
Grèce						5		1	8
Hongrie			5	8		232	1	1	62
Irlande									10
Italie		1				15		2	4
Lituanie									5
Macédoine (ARYM)				1			1		
Monténégro								1	
Pays-Bas			9			9		1	47
Pologne				22		43		2	66
Portugal									1
République tchèque		1		29		7	35		5
Roumanie			2	1		42	5		84
Royaume-Uni				2		11	7		15
Serbie				4			8		
Slovaquie	1		1	2		7	10		48
Slovénie							1	3	40
Suède	2			3		1	20		14
Suisse									87
TOTAL	8	2	37	288	5	829	157	14	1361

été déclaré comme H5N8 HP le 16 février, et la confirmation du sous-type HP H5N6 a été faite en laboratoire le 2 mars.

Faune sauvage

Impact des virus sur la faune sauvage

Un total de 1 532 cas a été notifié au sein de la faune sauvage libre et captive dans l'UE et en Suisse. Les principales familles concernées étaient les anatidés, les laridés et les accipitridés. Les 78 différentes espèces d'oiseaux atteintes dans l'avifaune captive et sauvage en Europe avec leurs familles respectives sont ⁽⁴⁾:

- **Accipitridés**: Autour des palombes, Aigle spp., Buse de Harris, Buse pattue, Buse variable, Épervier d'Europe, Pygargue à queue blanche
- **Anatidés**: Bernache à cou roux, Bernache cravant, Bernache du Canada, Bernache nonnette, Canard chipeau, Canard colvert, Canard musqué, Canard pilet, Canard siffleur, Cygne de Bewick, Cygne chanteur, Cygne noir, Cygne tuberculé, Eider à duvet, Fuligule milouin, Fuligule milouinan, Fuligule morillon, Garrot à œil d'or, Harle bièvre, Macreuse noire, Nette rousse, Oie à bec court, Oie cendrée, Oie cygnoïde, Oie d'Égypte, Oie des moissons, Oie naine, Oie rieuse, Sarcelle d'hiver, Tadorne de Belon
- **Ardéidés**: Butor étoilé, Héron cendré, Héron gardes-bœufs, Grande aigrette

(4) Les oiseaux classés comme migrateurs figurent ci-dessous en italique dans la liste des espèces atteintes de l'avifaune.

- **Ciconiidés**: Cigogne blanche
- **Colombidés**: Pigeon ramier, Tourterelle turque
- **Corvidés**: Corneille mantelée, Corneille noire, Grand corbeau, Pie bavarde
- **Dromaiidés**: Emeu
- **Falconidés**: Faucon crécerelle, Faucon pèlerin, Faucon sacre
- **Laridés**: Goéland argenté, Goéland brun, Goéland cendré, Goéland leucophaée, Goéland marin, Mouette rieuse, Sterne pierregarin
- **Pelecanidés**: Pélican blanc, Pélican à bec tacheté
- **Phalacrocoracidés**: Cormoran pygmée, Grand cormoran
- **Podicipédidés**: Grèbe castagneux, Grèbe huppé
- **Psittacidés**: Perroquet jaco
- **Rallidés**: Foulque à crête, Foulque macroule, Gallinule poule d'eau
- **Scolopacidés**: Chevalier cul-blanc, Courlis spp.
- **Strigidés**: Hibou grand-duc, Chouette de l'Oural
- **Sturnidés**: Etourneau sansonnet
- **Turdidés**: Merle noir, Grive litorne, Grive musicienne

Rôle des oiseaux migrateurs

Afin d'étudier le rôle des oiseaux migrateurs dans l'épisode d'IAHP, les espèces de l'avifaune sauvage figurant dans les déclarations de l'ADNS ont été catégorisées en « résidentes » et « migratrices ». Le dénombrement des cas concernant des migrateurs et résidents

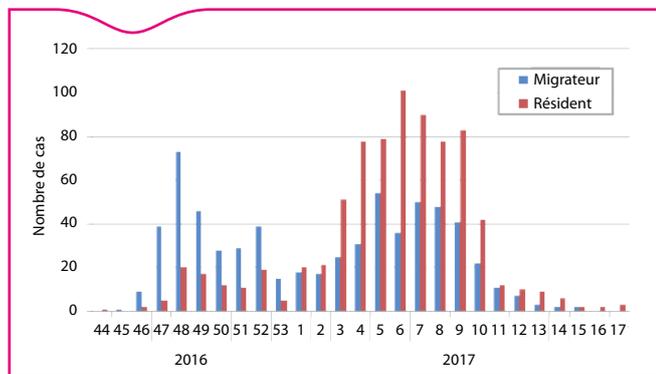


Figure 5. Nombre de cas dans l'avifaune par semaine en fonction du caractère migrateur ou résident des oiseaux en Europe (UE et Suisse) du 26 octobre 2016 au 28 mai 2017 (inclus) (source: ADNS)

a été réalisé en classant les déclarations ADNS, et non pas le nombre d'oiseaux morts ou malades précisés dans les déclarations car cette information est souvent manquante. Les déclarations globales listant à la fois des cas concernant des oiseaux migrateurs et des oiseaux résidents ont été comptées dans les deux catégories. Les déclarations ne spécifiant pas l'espèce atteinte n'ont pas été comptabilisées.

La répartition chronologique des 1 425 cas validés dans l'avifaune libre, en fonction du caractère migratoire ou résident des espèces (Figure 5) montre une distribution distincte entre les deux catégories. La première partie de l'hiver a été caractérisée par une majorité de cas chez les espèces migratrices, alors que la seconde partie a été caractérisée par une majorité de cas chez les espèces résidentes. Cette observation corrobore l'hypothèse de l'origine asiatique du virus responsable de l'épisode 2016-2017. On peut supposer que les oiseaux migrateurs en contact avec des individus asiatiques, constituant les premiers cas, ont propagé le virus au sein des espèces résidentes (et dans les élevages avicoles) qui ont développé la maladie dans un second temps. Il est également probable que certaines espèces résidentes, typiquement commensales de l'homme (tourterelles, étourneaux) aient été contaminées localement par leur fréquentation d'élevages infectés. La diminution progressive du nombre hebdomadaire de cas se fait de façon concomitante entre les deux catégories pour atteindre un niveau nul chez les migrateurs au début du mois de mai et un niveau très faible chez les résidents au 28 mai 2017. La réduction du nombre de cas détectés chez les oiseaux résidents à mesure que le nombre de cas chez les oiseaux migrateurs diminue semble signifier l'absence d'un cycle auto-entretenu au sein de l'avifaune résidente.

Conclusion

La notification des cas et des foyers d'IAHP, respectivement dans l'avifaune et en élevage par les pays de l'UE et la Suisse a permis de suivre en temps réel la diffusion spatio-temporelle de l'épizootie de manière précise. Cela a permis de produire des points de situation épidémiologique hebdomadaires dans le cadre de l'activité de la Plateforme ESA. L'augmentation exponentielle de la fréquentation du Centre de ressources de la Plateforme ESA témoigne de l'importance de pouvoir fournir des points de situation précis et fréquents. Ces points et les analyses correspondantes ont d'ailleurs été repris régulièrement par les alertes ProMED.

L'analyse de ces données de notification, issues en très grande majorité d'une surveillance événementielle qui par essence sous-estime l'importance réelle de la maladie et dont les performances peuvent varier d'un pays à l'autre, permet néanmoins de tirer des enseignements généraux sur la dynamique épidémiologique de l'épizootie. Le rôle de l'avifaune dans l'introduction de la maladie en Europe est attesté par l'analyse des séquences de déclaration des cas dans l'avifaune migratrice et résidente, et des foyers en élevage. Couplé à des analyses génomiques, cela permet de comprendre l'origine de l'introduction en Europe de l'Ouest a été touchée, à la fois par des flux migratoires depuis le Nord-Est de l'Europe et via l'Europe centrale. L'atteinte différentielle selon les pays de l'avifaune et des élevages avicoles indique, modulo bien entendu des performances de surveillance potentiellement différentes, des schémas épidémiologiques divers, quant à l'importance de l'épizootie dans l'avifaune et en élevage, soulignant d'une part des différences dans le niveau d'atteinte de l'avifaune sauvage dont il conviendrait de comprendre les déterminants, et d'autre part le rôle central des mesures de contingentement en élevage.

Références bibliographiques

- EFSA, 2014. Highly pathogenic avian influenza A subtype H5N8. EFSA Journal 2014;12(12):3941, 32 pp. doi:10.2903/j.efsa.2014.3941.
- EFSA, 2016. Urgent request on avian influenza. EFSA Journal 2017;15(1):4687, 32 pp. doi:10.2903/j.efsa.2016.4687.
- H5N8 highly pathogenic avian influenza (HPAI) of clade 2.3.4.4 detected through surveillance of wild migratory birds in the Tyva Republic, the Russian Federation – potential for international spread, Empreswatch septembre 2016.
- Lee DH, Sharshov K, Swayne DE, Kurskaya O, Sobolev I, Kabilov M, Alekseev A and Shestopalov A, 2017. Novel reassortant clade 2.3.4.4 avian influenza A(H5N8) virus in wild aquatic birds, Russia, 2016. Emerg Infect Dis. 15, 23(2).
- Plateforme d'épidémiologie en santé animale, consulté le 1^{er} juin 2017. www.plateforme-esa.fr
- The Global Consortium for H5N8 and Related Influenza Viruses 2016. Role for migratory wild birds in the global spread of avian influenza H5N8, Science, 14 Oct 2016:Vol. 354, Issue 6309, p213-217. DOI: 10.1126/science.aaf8852.