

## Conclusion

On peut émettre l'hypothèse que l'épisode 2016-2017 d'IAHP H5Nx qui a touché l'Europe est arrivé en Europe de l'Est par des oiseaux migrateurs, touchant un nombre de plus en plus important de pays et d'espèces d'oiseaux sauvages, et selon les pays, en y trouvant dans certains cas un relais particulièrement favorable à son développement dans les élevages de palmipèdes et/ou de galliformes. La diffusion de l'épizootie de l'Asie à l'Europe de l'Ouest (puis vers l'Afrique) ayant globalement suivi les routes migratoires utilisées à cette période de l'année, cela n'incite pas à envisager d'autres hypothèses d'introduction.

Les mesures de gestion prises en élevage, le cycle des migrations et l'arrivée du printemps avec la montée des températures extérieures ont fait évoluer la situation plus favorablement.

D'autres épisodes d'IAHP peuvent survenir au cours des hivers à venir, cela représente une menace importante pour les élevages, et pourrait également affecter certaines espèces d'oiseaux sauvages.

Il faut rester vigilant sur les signaux qui nous proviennent des quatre pays lointains et qui peuvent être annonciateurs des prochains foyers ou cas, maintenir en routine une surveillance minimale, et trouver les moyens de cohabitation entre les élevages et la faune sauvage, ainsi qu'avec les utilisateurs de la nature.

## Remerciements

À l'ensemble des acteurs du réseau Sagir, et aux personnes mobilisées dans la surveillance active des mortalités d'oiseaux sauvages.

À Isabelle Guerry de la DGAL qui suit ce dossier pour la DGAL.

## Références bibliographiques

- Avis Anses du 14 octobre 16 révisé le 8 mars 17 (saisine 2016-SA-0196).
- Avis Anses du 17 novembre 16 relatif au risque IAHP H5N8 (saisine 2016-SA-0240).
- Avis Anses du 21 décembre 16 relatif à l'ajustement des niveaux de risque IAHP H5N8 (saisine 2016-SA-0245).
- Avis Anses du 1<sup>er</sup> décembre 16 relatif à l'aménagement des mesures cynégétiques (saisine 2016-SA-0246).
- Avis Anses du 17 janvier 17 relatif au périmètre optimal de dépeuplement préventif (saisine 2017-SA-0011).
- Avis Anses du 10 février 17 relatif aux conditions de mise en place de volailles (saisine 2017-SA-0026).
- Avis Anses du 17 février 17 relatif aux conséquences de la détection d'IAHP dans la faune sauvage (saisine 2017-SA-0028).
- Avis du 27 février 17 relatif aux conditions d'utilisation des parcours en élevage plein air (saisine 2017-SA-0032 et 2017-SA-0033).
- Hars J, Ruetter S, Benmergui M, Fouque C, Fournier JY, Legouge A, Cherbonnel M, Daniel B, Dupuy C, Jestin V. (2008). The epidemiology of the highly pathogenic H5N1 avian influenza in Mute swan (*Cygnus olor*) and other Anatidae in the Dombes region (France), *Journal of Wildlife Diseases*, 44(4), 2008, pp. 811–823.
- Verhagen JH, Lexmond P, Vuong O, Schutten M, Guldemeester J, Osterhaus ADME, Elbers ARW, Slaterus R, Hornmann M, Koch G, Fouchier RAM. (2017) Discordant detection of avian influenza virus subtypes in time and space between poultry and wild birds; Towards improvement of surveillance programs. *PLoS ONE* 12(3): e0173470. doi:10.1371/journal.pone.0173470.

## Brève. Situation épidémiologique mondiale de l'influenza aviaire hautement pathogène (2016 – 2017) *Short item. Worldwide epidemiological situation of highly pathogenic avian influenza (2016 – 2017)*

Alizé Mercier (1,2)\*, Eric Niqueux (3), Sylvain Falala (1,2), Julien Cauchard (4)\*

Auteur correspondant: alize.mercier@cirad.fr

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

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

(3) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité de virologie immunologie parasitologie avicoles et cunicoles, Laboratoire national de référence pour l'influenza aviaire, Anses-Ploufragan, France

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

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

**Mots-clés: Influenza aviaire, IAHP, monde/Keywords: Avian influenza, HPAI, World**

Les virus d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) entraînent chaque année au plan mondial de nombreux foyers chez les oiseaux domestiques et cas dans l'avifaune sauvage pouvant entraîner de fortes mortalités. De plus, ces virus IAHP peuvent avoir un taux de mutation important et un potentiel zoonotique difficilement prévisible (au même titre que les virus influenza aviaire faiblement pathogènes (IAFP)). La surveillance de la situation épidémiologique de l'IAHP à l'échelle internationale est donc essentielle pour informer les autorités sanitaires et, si nécessaire, mettre en place des moyens de lutte adaptés. Dans le cadre de cette surveillance, nous avons analysé les données épidémiologiques relatives aux foyers d'IAHP extraites de la base de données Empres-i de la FAO qui utilise plusieurs sources (OIE, autorités locales, agents FAO, Commission européenne, etc.).

Du 1<sup>er</sup> janvier 2016 au 30 avril 2017, 4009 foyers d'IAHP ont été déclarés dans 65 pays à travers le monde, principalement en Europe (2087 déclarations) et en Asie (1 999 déclarations) (Figure 1). Ces déclarations ont concerné principalement les élevages de volailles (69,5 %), mais aussi l'avifaune sauvage (29,5 %), l'avifaune captive (0,7 %) et l'Homme (0,3 %). Les principales épizooties qui ont eu lieu en 2016 et 2017 ont été dues à des virus H5 de clade 2.3.4.4 en Europe et en Asie du Sud-Est et H5N1 en Afrique et en Asie du Sud (Figure 1).

Au moins onze sous-types de virus IAHP ont été recensés au cours de la période d'étude, dont six sous-types H5 et cinq sous-types H7. Les sous-types HP détectés en 2016-2017 ont été:

- les sous-types H5N1, H5N8 et H7N1 en Afrique,

- les sous-types H5N2, H7N8 et H7N9 en Amérique du Nord et H7N3 au Mexique,
- les sous-types H5N1, H5N2, H5N6, H5N8 et H7N9 en Asie,
- les sous-types H5N1, H5N2, H5N5, H5N6, H5N8, H5N9 et H7N7 en Europe.

Tous les virus H5 HP précédents sont apparentés à la lignée A/goose/Guangdong/1/1996 à l'exception des virus H5N1, H5N2 et H5N9 détectés en Europe.

La distribution temporelle des foyers d'IAHP révèle une forte augmentation de l'activité virale d'octobre 2016 à avril 2017 (Figure 2). Le sous-type H5N1 était responsable de la plupart des foyers d'IAHP de janvier à septembre 2016, puis l'émergence du sous-type H5N8 en Europe et la réapparition du sous-type H5N6 en Asie ont entraîné une forte augmentation du nombre de foyers d'IAHP d'octobre 2016 à avril 2017.

En Asie, de nombreux foyers d'IAHP ont été déclarés dans 21 pays, dont principalement l'Indonésie, le Japon, Taïwan, la Chine et la République de Corée. Le sous-type H5N1 a circulé dans quatorze pays d'Asie avec un total de 455 foyers (dont 450 dans des élevages de volailles et cinq au sein de l'avifaune sauvage), et un cas humain a été recensé en Chine en janvier 2016. Le sous-type H5N6 a été responsable de la plupart des foyers d'IAHP en Asie du Sud-Est avec 424 foyers déclarés dans sept pays, touchant la faune domestique et sauvage. Par ailleurs, douze cas humains d'infection dus à un virus H5N6 ont été recensés en Chine au cours de l'année 2016. Le

sous-type H5N8 a aussi circulé en Asie avec 138 foyers notifiés dans neuf pays, avec une forte augmentation des déclarations à partir de novembre-décembre. Le sous-type H7N9 a circulé en Chine avec dix-huit foyers déclarés au sein d'élevages de volailles en février et mars 2017. Les autorités sanitaires ont recensé trois cas humains d'infection dus à un virus H7N9 HP en Chine (un homme de 57 ans et une femme de 43 ans en janvier 2017) et à Taiwan (un homme de 69 ans en février 2017) contre plusieurs centaines dues au virus H7N9 FP.

Trente foyers de sous-type H7N3 ont été déclarés au Mexique de mars à juin 2016 et en avril 2017, la plupart au sein d'élevages de volailles. Aux États-Unis, un foyer de sous-type H7N8 a été identifié dans un élevage de dindes en janvier 2016, deux foyers de sous-type H7N9 ont été recensés au sein d'élevages de volailles en mars 2017, et des virus de sous-type H5N2 ont été détectés à deux reprises chez des canards sauvages en août 2016 et en janvier 2017.

Des foyers de sous-type H5N1 ont été déclarés tout au long de la période d'étude en Afrique, avec 620 foyers dans des élevages de volailles en Afrique de l'Ouest et en Égypte, ainsi que quatre cas au sein de l'avifaune sauvage au Nigéria en janvier 2016. Douze cas humains d'infection dus à un virus H5N1 ont été signalés en Égypte, les plus récents étant un homme de 48 ans et un garçon de 4 ans tombés malades en février 2017. Des foyers de sous-type H5N8 ont été notifiés dans de nombreux pays africains, avec cinq cas au sein de l'avifaune et 45 foyers au sein d'élevages de volailles déclarés principalement en Égypte. Le virus H7N1 a été détecté en octobre 2016 chez 1 300 oiseaux sauvages retrouvés morts en Algérie.

Un total de sept sous-types différents de virus IAHP H5 et H7 ont circulé en Europe de janvier 2016 à avril 2017, dont le principal a été le

sous-type H5N8 qui a été détecté en Russie en juin 2016 puis déclaré en Hongrie en octobre 2016 avant de se propager à une vingtaine de pays d'Europe et entraîner plus de 2 000 foyers au sein d'élevages et de l'avifaune sauvage (voir l'article de J. Cauchard et al. dans ce même numéro). De nouveaux sous-types de virus, apparentés au virus H5N8, ont émergé en Europe à partir de fin 2016 : le sous-type H5N5 qui a été identifié pour la première fois dans un cas de co-infection avec H5N8 chez des fuligules morillons (*Aythya fuligula*) aux Pays-Bas en décembre 2016, et le sous-type H5N6 identifié en Grèce au sein d'un élevage en mars 2017 (il est à noter que ce virus est différent du virus H5N6 circulant actuellement en Asie du Sud-Est).

D'autres virus ont circulé à bas bruit au sein d'élevages de volailles comme un virus H7N7 en Italie en mai 2016, des virus de sous-types H5N2 et H5N9 en France de janvier à avril 2016, ou des virus de sous-type H5N1 en France de janvier à avril 2016, en juillet 2016 et février 2017.

Cette analyse souligne la diversité génétique et géographique des virus IAHP au niveau mondial. La circulation de plusieurs souches d'IAHP au sein des populations animales domestiques et sauvages renforce le besoin de mieux évaluer le rôle de chaque compartiment (domestique et sauvage) dans le maintien et la propagation des virus d'IAHP, et la nécessité d'adapter les systèmes de surveillance à l'échelle nationale et internationale.

## Références bibliographiques

FAO EMPRES Global Animal Disease Information System (Empres-i). <http://empres-i.fao.org/eipws3g/>.

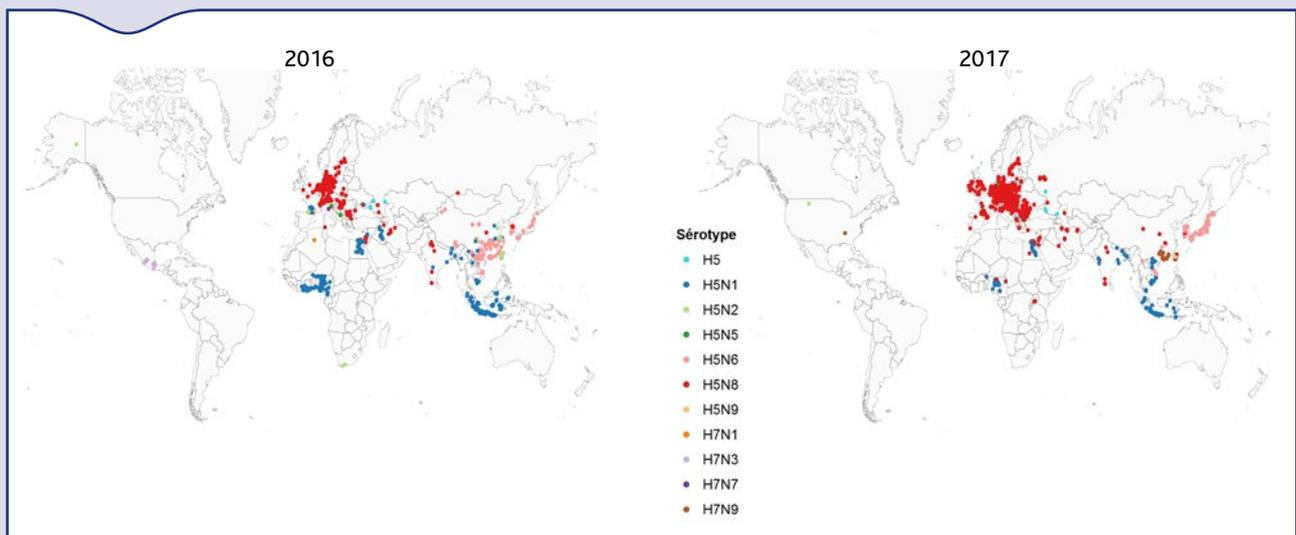


Figure 1. Distribution géographique mondiale des infections à virus IAHP déclarés entre le 1<sup>er</sup> janvier 2016 et le 30 avril 2017 (source: FAO Empres-i)

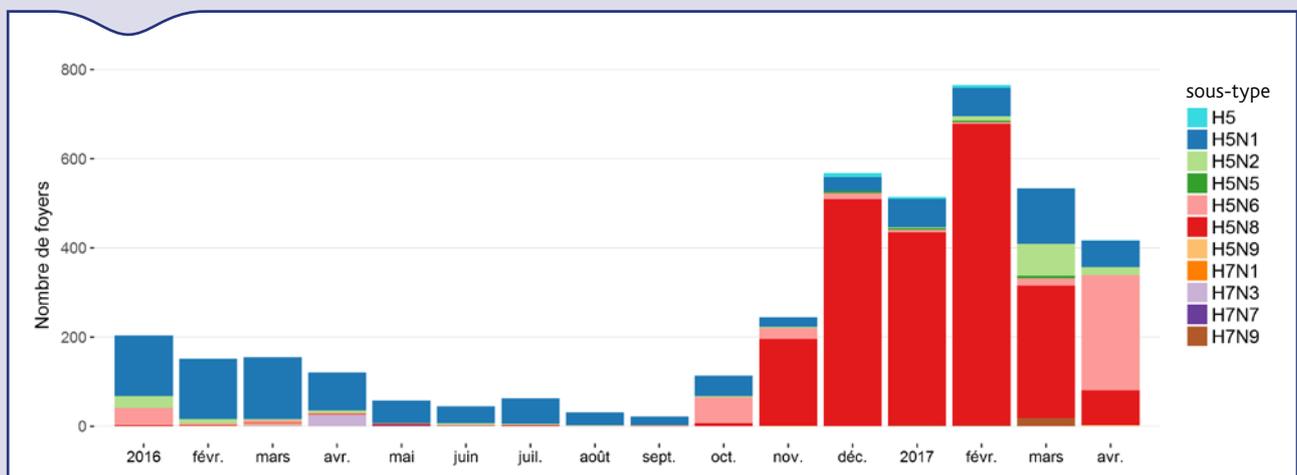


Figure 2. Distribution temporelle des infections à virus IAHP déclarés entre le 1<sup>er</sup> janvier 2016 et le 30 avril 2017 (source: FAO Empres-i)