



Bulletin épidémiologique

Santé animale - alimentation

Juillet 2017 trimestriel/numéro 79

Page 2

Première estimation des coûts vétérinaires et de laboratoire de la surveillance et de la lutte vis-à-vis des maladies réglementées chez les ruminants en France en 2014

Page 12

Note de lecture. Les virus influenza aviaire H5Nx et leurs évolutions au cours des dernières panzooties

Page 13

Description de l'épisode d'influenza aviaire hautement pathogène en France en 2016-2017

Page 18

Dynamique de propagation du virus influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) sous-type H5 (clade 2.3.4.4) chez les volailles domestiques en France 2016-2017

Page 22

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

Page 27

Épisode H5N8 d'Influenza aviaire en France en 2016-2017: quel rôle pour la faune sauvage ?

Page 31

Breve. Situation épidémiologique mondiale de l'Influenza aviaire hautement pathogène (2016 – 2017)

Page 33

Breve. Premières identifications, en France, de virus influenza porcins réassortants comportant des gènes internes du virus A/H1N1 (2009)

Page 35

Breve. Détection de *Varroa* spp. à La Réunion

Le *Bulletin épidémiologique* est une publication conjointe de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail et de la Direction générale de l'Alimentation du ministère de l'Agriculture et de l'Alimentation.

ÉDITORIAL

Dans ce numéro, nous avons rassemblé plusieurs articles sur l'épizootie d'influenza aviaire hautement pathogène qu'a connue l'Europe entre la fin de l'année 2016 et le début de l'année 2017. Certains articles sont une synthèse consolidée des notes qui ont été publiées au cours du temps dans le cadre du suivi de l'épizootie par la Plateforme ESA (<https://www.plateforme-esa.fr/>), que ce soit au niveau de la France ou au niveau européen. D'autres articles sont issus de travaux spécifiques soit à partir des données de surveillance (modélisation spatio-temporelle), soit à partir d'études ou d'investigations de terrain. L'ensemble de ces articles permet de dresser une description épidémiologique précise de la situation sanitaire et de son évolution dans le temps et dans l'espace. L'analyse et la modélisation des données de surveillance, même imparfaites car issues de dispositifs de surveillance événementielle, permettent quant à elles d'avancer des hypothèses solides par rapport à la dynamique et aux déterminants de cette épizootie.

Les virus influenza sont très divers, et au-delà de ceux qui circulent chez les volailles, d'autres sont spécifiques de la filière porcine. La découverte de nouveaux virus influenza porcins réassortants, via la surveillance exercée en particulier dans le cadre du réseau Résavip, montre l'importance d'une vigilance vis-à-vis de ces virus qui évoluent très rapidement et dont le potentiel zoonotique peut également varier à la faveur de ces évolutions.

La Réunion étant jusqu'alors considérée comme indemne de *varroa*. La découverte récente de l'infestation dans cette île via des ruchers sentinelles souligne le risque permanent de diffusion des dangers sanitaires au plan mondial, y compris dans des zones insulaires où a priori les risques de diffusion sont plus faibles, et renforce la nécessité d'une vigilance continue.

Enfin, un article produit une première estimation de l'ensemble des coûts de surveillance et de lutte contre les dangers sanitaires réglementés (première et deuxième catégories) chez les ruminants, ainsi que la part prise par l'État et par les organisations d'éleveurs. Cette estimation est bien sûr incomplète et sous-estimée, car elle ne prend pas en compte les coûts structurels de l'action sanitaire (moyens matériels et humains mis à disposition par l'État, les collectivités locales et les organismes d'élevage), pour lesquels on ne dispose pas d'outil de mesure standardisé. Quoi qu'il en soit, cette première estimation constitue un élément indispensable dans une perspective d'amélioration de l'efficacité de l'action sanitaire (recherche de la meilleure qualité au moindre coût), en particulier pour la surveillance qui représente la plus grande part de ces coûts. Cet objectif de recherche d'efficacité constitue la finalité et la raison d'être de la Plateforme ESA.

Le comité de rédaction

Première estimation des coûts vétérinaires et de laboratoire de la surveillance et de la lutte vis-à-vis des maladies réglementées chez les ruminants en France en 2014

Viviane Hénaux (1), David Ngwa-Mbot (2), Sophie Memeteau (3), Anne Touratier (2), Anne Bronner (4), Didier Calavas (1)

Auteur correspondant: viviane.henaux@anses.fr

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

(2) GDS France, Paris, France

(3) Acersa, Paris, France

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

Résumé

La surveillance et la lutte vis-à-vis des maladies animales constituent un outil essentiel d'aide à la décision en matière de santé publique et vétérinaire, mais l'absence d'information sur le coût de ces dispositifs est un frein aux réflexions actuelles sur l'amélioration de leur efficacité. Cette étude visait à proposer une première estimation du coût de la surveillance et de lutte des dangers sanitaires (DS) des ruminants en France métropolitaine en 2014, à partir des données disponibles dans les bilans sanitaires du *Bulletin épidémiologique – spécial Maladies animales réglementées et émergentes* – et celles fournies par GDS France (Fédération nationale des groupements de défense sanitaire). Basées sur les seules informations présentées dans les bilans sanitaires, les estimations issues de cette étude sont en deçà du coût réel, car elles ne prennent pas en compte certains coûts liés notamment aux frais de personnel, de maintien de l'activité de référence, les coûts de prévention (vaccination, visites sanitaires obligatoires, etc.) ou encore des coûts connexes tels que ceux liés à la traçabilité des animaux. Cette remarque préalable étant faite, le coût estimé de la surveillance et la lutte pour les DS faisant l'objet de mesures réglementées chez les bovins s'est élevé à 87,7 millions (M)€ HT, incluant 63,4 M€ HT pour la surveillance programmée, 10,0 M€ HT pour les actions de surveillance événementielle et la gestion des suspicions et 14,3 M€ HT pour les mesures de lutte. Pour chaque DS, les dépenses se répartissaient (de manière variable) entre l'État et la profession agricole, à l'exception du dispositif pour l'encéphalopathie spongiforme bovine (ESB) pour lequel les abattoirs ont pris en charge les prélèvements et une partie des frais d'analyses (14,8 M€ HT). Mis à part ce cas particulier, les dépenses de surveillance et de lutte chez les bovins ainsi estimées ont été prises en charge à 54 % par l'État et à 46 % par la profession agricole (avec une participation des collectivités territoriales pour certains départements, dont le montant n'est toutefois pas disponible). Pour les petits ruminants, le coût estimé était de 11,8 M€ HT (pris en charge également à 54 % par l'État et à 46 % par la profession agricole), incluant 11,0 M€ HT pour la surveillance programmée, 0,4 M€ HT pour la surveillance événementielle et la gestion des suspicions et 0,4 M€ HT pour la lutte. Comparativement, le coût était de 8,5 € HT/unité gros bétail (UGB) pour les bovins et 5,5 € HT/UGB pour les petits ruminants. Le coût estimé total pour les bovins et les petits ruminants était de 99,5 M€ HT. Ces coûts seraient à mettre en balance avec les bénéfices tirés des actions de surveillance et lutte menées dans la filière (économies directes pour les éleveurs, ouverture ou maintien de marchés aux échanges et exports, etc.), et des études complémentaires seraient nécessaires dans ce sens. Même si cette évaluation financière est incomplète, elle fournit des premiers éléments d'estimations des coûts et un niveau de référence, quoiqu'imparfait, qui pourrait permettre de suivre l'évolution des dépenses dans le temps, guider au mieux les décisions en matière de surveillance et identifier les aspects budgétaires qui pourraient être améliorés.

Mots-clés

Danger sanitaire, surveillance, lutte, coût

Abstract

Initial estimate of veterinary and laboratory costs for surveillance and control of regulated diseases in ruminants in France in 2014

Surveillance and control of animal diseases constitute an essential decision-making tool in terms of public and veterinary health. However, the lack of information about the cost of these systems hinders the current assessment of ways to improve their efficiency. This study aims to propose an initial estimate of the cost of surveillance and control of health hazards in ruminants in mainland France in 2014, using available data from the health reviews in the Bulletin épidémiologique – Special edition on regulated and emerging diseases, and data provided by GDS France (French livestock farmers association). Since they are based only on the information from the health reviews, the estimates from this study are below the actual cost because they do not take into account certain expenses related to staff, maintenance of reference activity, and prevention (vaccination, mandatory health visits, etc.), or associated costs such as those related to the traceability of animals. Bearing in mind these preliminary remarks, the estimated cost for the surveillance and control of regulated diseases in cattle was € 87.7 million (M) (excluding VAT), including € 63.4 M for programmed surveillance, € 10.0 M for outbreak surveillance and investigation of suspect cases, and € 14.3 M for control. For each disease, expenses were distributed (variably) between Government services and the agricultural sector, except for the system for bovine spongiform encephalopathy (BSE) for which slaughterhouses paid for sampling and a part of analysis costs (€ 14.8 M). Apart from this particular case, surveillance and control expenses in cattle were funded at 54% by Government services and 46% by the agricultural sector (with a contribution of an unknown amount from regional and local authorities in some départements). For small ruminants, the estimated cost was € 11.8 M (also funded at 54% by Government services and 46% by the agricultural sector), including € 11.0 M for programmed surveillance, € 0.4 M for outbreak surveillance and investigation of suspect cases, and € 0.4 M for control. By comparison, the cost was € 8.5 / livestock unit (LU) for cattle and € 5.5 / LU for small ruminants. The estimated total cost for cattle and small ruminants was € 99.5 M. These costs would need to be weighed up against the benefits of surveillance and control measures carried out in the sector (direct savings for farmers, opening or maintenance of markets to trade and export, etc.), and further studies would be needed in this direction. Although this cost evaluation is incomplete, it provides an initial estimate of costs and a reference level, although imperfect, to monitor the changes in expenses over time, orient as well as possible the decisions in terms of surveillance, and identify the budget aspects that could be improved.

Keywords

Health hazards, Surveillance, Control, Cost

Cette étude est basée sur les données publiées dans le *Bulletin épidémiologique spécial Maladies réglementées et émergentes (MRE)*. Ces données sont issues des données consolidées par les DDecPP dans le système d'information de l'alimentation (Sigal), des données transmises sous la responsabilité des DDecPP à l'occasion du rapport annuel, et des données transmises par les GDS (maître d'œuvre de la surveillance pour certaines maladies). Certaines données sont incomplètes et de qualité hétérogène entre départements ; par conséquent, il convient d'être prudent quant à l'interprétation des résultats présentés et en particulier en ce qui concerne la comparaison des coûts entre dispositifs de surveillance différents et entre la part prise en charge par l'État versus par les professionnels.

Les maladies réglementées incluent les dangers sanitaires de première catégorie (DS1) qui correspondent aux maladies ayant un impact sanitaire et économique particulier, justifiant une action publique réglementée pour l'intérêt général, et les dangers sanitaires de deuxième catégorie (DS2) réglementés qui nécessitent une mobilisation collective pour améliorer les conditions de production (Fediaevsky et al., 2013). Les dispositifs de surveillance des maladies réglementées constituent des outils indispensables pour démontrer le statut indemne du pays ou d'une région, suivre l'évolution de la situation épidémiologique ou détecter précocement leur introduction, réintroduction ou résurgence (Tableau 1). Les données collectées par ces dispositifs permettent de définir et réviser les politiques de prévention, surveillance et de lutte (vaccination, assainissement des cheptels, etc.) (Dufour et Hendriks, 2011).

La surveillance des maladies réglementées s'appuie, d'une part, sur des dépistages programmés et des contrôles à l'introduction qui conditionnent la qualification indemne des troupeaux vis-à-vis des maladies surveillées et contribuent par ailleurs à la détection d'éventuels foyers. D'autre part, la surveillance événementielle, qui repose sur les déclarations de suspicions des maladies réglementées par les acteurs de terrain, doit permettre une détection précoce d'une (ré-)introduction ou d'une résurgence. Dans ces deux contextes, toute suspicion clinique ou analytique est suivie d'investigations épidémiologiques et analytiques pour confirmer (ou infirmer) l'infection de manière systématique pour les DS1 et de manière variable selon le DS2 concerné. En cas de confirmation, des mesures de contrôle ou de lutte (abattage, vaccination, ou traitements) sont appliquées, et dans le cadre des DS1, l'élevage infecté est placé sous arrêté préfectoral portant déclaration d'infection (APDI).

Si le montant payé par l'État pour les opérations techniques réalisées dans le cadre de la surveillance et de la lutte vis-à-vis des maladies animales est publié chaque année dans le *Bulletin épidémiologique spécial MRE* à partir des données fournies par les DDecPP répondantes, le montant payé par la profession agricole a jusqu'à présent été globalement estimé uniquement pour la brucellose bovine (Hénaux et al., 2015) et la brucellose des petits ruminants (Diabaté et al., 2016). Or le coût total de la surveillance et de la lutte vis-à-vis des maladies réglementées constitue une donnée essentielle en termes de gestion. De telles données sont notamment utiles dans le cadre de la Plateforme nationale d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA) pour travailler sur les perspectives d'amélioration de l'efficacité des dispositifs de surveillance épidémiologique en France.

Dans ce contexte, les objectifs de cette étude étaient d'estimer au mieux le coût total des actions de surveillance et de lutte vis-à-vis des principales maladies réglementées des ruminants en France en 2014 à partir des données publiques disponibles, et d'appréhender la répartition des coûts par filière de production et maladie, en distinguant la part supportée respectivement par l'État et par les éleveurs. Pour chaque maladie, l'évaluation financière est basée principalement sur les données publiées dans le bilan sanitaire 2014 du *Bulletin épidémiologique spécial MRE* ; pour les DS2, des données complémentaires ont été fournies par GDS France (Fédération nationale des groupements de défense sanitaire). Cette approche visait à établir des premiers éléments d'estimations des coûts et un niveau de référence, quoiqu'imparfait, qui pourrait permettre de suivre

l'évolution de ces dépenses dans le temps, avec un traitement et une analyse des données aisément réalisables.

Sont incluses dans cette évaluation les maladies suivantes : tuberculose bovine, brucellose bovine, brucellose des petits ruminants, encéphalopathie spongiforme bovine (ESB), encéphalopathies spongiformes transmissibles (EST) des petits ruminants, et fièvre catarrhale ovine (FCO) pour les DS1 ; rhinotrachéite infectieuse bovine (IBR), hypodermose bovine et leucose bovine enzootique (LBE) pour les DS2. Les autres maladies réglementées⁽¹⁾ sont soit exotiques (avec un nombre de visites et prélèvements très faible à nul), soit ne font pas l'objet de mesures réglementées par l'État (par ex. diarrhée virale bovine), soit les informations à disposition ne permettraient pas une valorisation nationale sur ces DS. Il est à noter que cette analyse inclut uniquement les opérations de surveillance et de lutte fixées par la réglementation et n'a pas pris en compte les dispositifs volontaires de surveillance (telle que la certification IBR en 2014), ni les mesures de prévention (stocks de vaccins fièvre aphteuse, visites sanitaires, etc.). Par ailleurs, les coûts de gestion, suivi et organisation de la surveillance et de la lutte n'ont pas été pris en compte car, en l'état, très difficiles à évaluer.

Matériels et méthode

Les objectifs et modalités des dispositifs de surveillance et de lutte des maladies réglementées incluses dans l'analyse sont indiqués dans le Tableau 1.

Surveillance programmée

Pour l'ESB, la FCO et les EST des petits ruminants, les coûts de la surveillance sont pris en charge par l'État (à l'exception d'une partie des analyses d'ESB prise en charge par les abattoirs) et ont été extraits directement des bilans 2014 du *Bulletin épidémiologique spécial MRE*. Pour les autres DS, les coûts sont payés par la profession agricole avec une participation de l'État pour le dépistage de la tuberculose bovine, la FCO, l'hypodermose en zone frontalière, la brucellose des petits ruminants dans les troupeaux jugés à risque et le génotypage des ovins pour les EST. Les nombres d'opérations techniques réalisées dans le cadre du dépistage programmé et des contrôles à l'introduction ont été extraits des bilans 2014 (référéncés dans le Tableau 1).

Les coûts unitaires de ces opérations ont été extraits des arrêtés préfectoraux ou conventions bilatérales (article R. 203-14 du Code rural et de la pêche maritime) conclues entre des représentants de la profession vétérinaire (ordre régional des vétérinaires et organisation syndicale des vétérinaires) et des représentants des propriétaires ou détenteurs d'animaux (organisme à vocation sanitaire et chambres d'Agriculture) pour l'année 2013 ou la campagne de prophylaxie 2013-2014. Ces conventions avaient été obtenues de la DGAL dans le cadre d'une précédente étude (Hénaux et al., 2015). Elles précisaient les tarifs de rémunération des vétérinaires sanitaires pour les opérations de prophylaxie collective dirigées par l'État (dépistage programmé, contrôle à l'introduction, acquisition et maintien de dérogation pour les cheptels d'engraissement). Quand le défraiement du déplacement des vétérinaires n'était pas mentionné et inclus dans le coût de la visite, celui-ci a été compté au tarif forfaitaire ou calculé à partir du tarif kilométrique sur la base d'un trajet aller-retour de 15 km, comme cela est pratiqué dans certains départements. Le coût du matériel n'a pas été inclus dans les calculs car peu de conventions précisaient si ce coût était inclus ou non (une seule convention - parmi celles consultées - a précisé le coût du matériel, à savoir 0,23 € HT pour le tube et l'aiguille de prélèvement de sang).

Les tarifs des analyses de dépistage de la brucellose bovine ont été obtenus pour 2013 via une enquête réalisée dans les laboratoires

(1) DS1 : clavelée, dermatose nodulaire contagieuse, fièvre aphteuse, fièvre charbonneuse, fièvre de la vallée du Rift, maladie d'Aujeszky, maladie hémorragique épizootique des cervidés, péripneumonie contagieuse bovine, peste bovine, peste des petits ruminants, rage, stomatite vésiculeuse, variole caprine ; DS2 : arthrite encéphalite caprine (CAEV), maladie des muqueuses ou diarrhée virale bovine (BVD), *Visna-Maëdi*.

Tableau 1. Objectifs et modalités des dispositifs de surveillance et de lutte des maladies réglementées des ruminants en France en 2014.

Maladie	Objectifs	Surveillance programmée	Surveillance événementielle	Lutte
Tuberculose bovine (Cavalerie et al., 2015)	<ul style="list-style-type: none"> Détection des cas afin de parvenir à l'éradication de la maladie Maintien du statut officiellement indemne des élevages et du territoire national 	<ul style="list-style-type: none"> Dépistage prophylactique (par intradermo-tuberculination) ; la fréquence de dépistage, le nombre d'animaux testés et l'âge de dépistage varient selon la situation sanitaire départementale Dépistage lors du mouvement de tous les bovins de plus de six semaines si le délai de transfert entre l'exploitation d'origine et celle de destination excède 6 jours (sauf pour les bovins provenant de troupeaux présentant un risque sanitaire particulier) 	<ul style="list-style-type: none"> Surveillance systématique à l'abattoir 	<ul style="list-style-type: none"> Assainissement par abattage total ou partiel du troupeau
Brucellose bovine (Perrin et al., 2015c)	<ul style="list-style-type: none"> S'assurer du maintien du statut de pays officiellement indemne de brucellose bovine Détecter précocement toute ré-émergence de brucellose chez les bovins domestiques 	<ul style="list-style-type: none"> Dépistage sérologique annuel sur 20 % des bovins de plus de deux ans ou sur lait de tank Dépistage lors du mouvement pour les bovins provenant de troupeaux présentant un risque sanitaire particulier ou si le délai de transfert entre l'exploitation d'origine et celle de destination excède 6 jours 	<ul style="list-style-type: none"> Déclaration de tout avortement 	<ul style="list-style-type: none"> Abattage total du troupeau si <i>Brucella abortus</i> ou <i>B. melitensis</i> est isolée
Brucellose des petits ruminants (Perrin et al., 2015d)	<ul style="list-style-type: none"> Détecter précocement l'apparition de tout nouveau foyer S'assurer du maintien du statut officiellement indemne de brucellose ovine et caprine des 95 départements bénéficiant de ce statut 	<ul style="list-style-type: none"> Dépistage sérologique obligatoire effectué à un rythme variable en fonction des départements sur tous les animaux mâles non castrés âgés de plus de six mois, tous les animaux introduits (hors naissance), 25 % des femelles en âge de reproduction (sexuellement matures) ou en lactation 	<ul style="list-style-type: none"> Déclaration des épisodes abortifs (3 avortements ou plus sur 7 jours ou moins) 	<ul style="list-style-type: none"> Abattage total du troupeau si <i>Brucella abortus</i> ou <i>B. melitensis</i> est isolée
LBE (Perrin et al., 2015b)	<ul style="list-style-type: none"> Vérifier le statut de pays officiellement indemne de LBE Détecter une recrudescence de cas chez les bovins domestiques 	<ul style="list-style-type: none"> Surveillance par dépistage sérologique quinquennal à partir de prélèvements sanguins sur au moins 20 % des animaux de plus de deux ans ou sur lait de mélange 	<ul style="list-style-type: none"> Surveillance des lésions suspectes de LBE à l'abattoir lors de l'inspection post mortem systématique 	<ul style="list-style-type: none"> Abattage des bovins reconnus infectés
ESB (Sala et al., 2015)	<ul style="list-style-type: none"> Établir la prévalence de l'ESB chez les bovins Détecter, le cas échéant, une reprise de l'épizootie d'ESB 	<ul style="list-style-type: none"> Programme abattoir: dépistage systématique de l'ensemble des bovins de plus de 72 mois et des bovins « à risque » de plus de 48 mois Programme équarrissage: dépistage de tous les bovins de plus de 48 mois, morts à la ferme ou euthanasiés pour des raisons de maladie ou d'accident 	<ul style="list-style-type: none"> Surveillance clinique des animaux à la ferme et à l'abattoir (suspensions détectées lors de l'inspection ante-mortem) 	<ul style="list-style-type: none"> Euthanasie des bovins appartenant à la même cohorte de naissance que le cas et des bovins élevés avec le cas au cours de leur première année de vie dans les exploitations de naissance et d'élevage du cas, et euthanasie des bovins nés du cas (s'il s'agit d'une femelle) dans les deux ans précédant sa mort
EST (Tremblante) (Cazeau et al., 2015)	<ul style="list-style-type: none"> Fournir une estimation de la prévalence des EST chez les petits ruminants Détecter, le cas échéant, la présence d'ESB chez des petits ruminants 	<ul style="list-style-type: none"> Programme abattoir: dépistage de 10 000 ovins et 10 000 caprins de plus de 18 mois choisis aléatoirement Programme équarrissage: dépistage de 40 000 ovins de plus de 18 mois choisis aléatoirement et dépistage systématique des caprins de plus de 18 mois 	<ul style="list-style-type: none"> Surveillance de signes cliniques en élevage ou lors de l'inspection ante-mortem à l'abattoir 	<ul style="list-style-type: none"> Les mesures varient en fonction de la souche d'EST diagnostiquée (d'un suivi strict à l'élimination du cheptel)
IBR (Gache et al., 2015)	<ul style="list-style-type: none"> Fournir une estimation de la prévalence de l'IBR dans les cheptels bovins Détecter les bovins infectés en vue d'une éradication progressive Concourir à la qualification du statut sanitaire des cheptels français 	<ul style="list-style-type: none"> Dépistage sérologique à l'introduction des animaux introduits non connus positifs/vaccinés Dépistage sérologique semestriel sur lait de tank dans les élevages laitiers et annuel sur prélèvement sanguin des bovins de plus de 24 mois dans les élevages allaitants (avec allègement du nombre de bovins dépistés en zones à « statut épidémiologiquement favorable ») 	<ul style="list-style-type: none"> Aucun 	<ul style="list-style-type: none"> Vaccination de tout animal positif dans les deux mois, à moins qu'il ne soit abattu
Hypodermose bovine (Taveau et al., 2015)	<ul style="list-style-type: none"> Vérifier le statut « assaini » ou « indemne » des différentes régions sur le territoire métropolitain Détecter précocement tout foyer d'hypodermose 	<ul style="list-style-type: none"> Dépistage sérologique d'un échantillon aléatoire de cheptels sur sérums ou laits de mélange Dépistage orienté des cheptels ou des animaux considérés à risque Surveillance des introductions, avec traitement hypodermicide des bovins issus de cheptels à risque 	<ul style="list-style-type: none"> Déclaration de toute lésion évocatrice d'hypodermose bovine 	<ul style="list-style-type: none"> Traitement hypodermicide des bovins cliniquement atteints et traitement tactique des bovins issus de cheptels à risque (situés en zone frontalière)
FCO (Perrin et al., 2015a)	<ul style="list-style-type: none"> Identifier toute introduction d'un sérotype exotique (sérotypes 1 et 8 compris) Documenter le maintien du statut indemne du territoire continental 	<ul style="list-style-type: none"> Enquête sérologique annuelle sur quinze animaux (de préférence des bovins de moins de deux ans, non vaccinés) provenant de trois élevages différents par département 	<ul style="list-style-type: none"> Déclaration de tout signe clinique évocateur de FCO 	<ul style="list-style-type: none"> En cas de foyer de FCO en zone indemne, le plan national d'intervention sanitaire d'urgence est mis en place

d'analyses vétérinaires et laboratoires interprofessionnels d'analyse laitière (Hénaux et al., 2015). Pour les autres maladies, les tarifs des différentes analyses de dépistage ont été extraits des catalogues tarifaires pour 2014 (ou à défaut 2013) mis en ligne par certains laboratoires. Les valeurs médianes des honoraires vétérinaires et tarifs d'analyses départementaux ont été utilisées pour calculer le coût des opérations techniques de surveillance des maladies réglementées.

Les choix effectués pour le calcul des coûts pour certaines maladies sont décrits ci-dessous.

Tuberculose bovine

Le coût des tuberculines bovine et aviaire a été ajouté au coût de l'intradermo-tuberculation quand celui-ci n'était pas inclus (cas de 82 % des conventions), à partir du tarif mentionné dans une des conventions (0,43 € HT pour la tuberculine bovine et 1,86 € HT pour la tuberculine aviaire).

Brucellose bovine

Pour les analyses de dépistage sur sang de la brucellose bovine, les laboratoires utilisent au choix l'Elisa sur mélange de dix sérums ou l'épreuve à l'antigène tamponné (EAT); en 2013, la proportion d'échantillons analysés par chaque méthode était de 54 % et 45 %, respectivement, 1 % des échantillons ayant été analysés par Elisa sur sérum individuel (Hénaux et al., 2015). Par ailleurs, du fait de l'absence de données sur le nombre de recontrôles en première intention par EAT (suite à une Elisa positive) et de résultats positifs à l'EAT, il a été compté une analyse FC pour tous les animaux ayant obtenu un résultat positif au contrôle sérologique de première intention. Le nombre de bovins dépistés pour les contrôles à l'introduction (et le nombre d'élevages concernés) et les données relatives aux visites de conformité en cheptels d'engraissement nécessaires à l'obtention et au maintien d'une dérogation aux dépistages n'étaient pas précisés dans le bilan annuel. Ces données ont été extraites de l'étude sur le coût du dispositif de surveillance de la brucellose bovine pour 2013 (Hénaux et al., 2015).

Leucose bovine enzootique

Le dépistage de la LBE est réalisé tous les cinq ans sur 20 % des animaux de plus de deux ans (les mêmes animaux que ceux dépistés pour la brucellose bovine). Le nombre d'élevages dépistés pour la LBE a été extrait du bilan 2014 et le nombre de prélèvements a donc été calculé par proportionnalité à partir des données de dépistage de la brucellose bovine.

IBR

Le dépistage de l'IBR concerne l'ensemble des élevages, à l'exception des ateliers dérogatoires en bâtiment fermé. C'est également le cas du dépistage de la brucellose bovine, et par conséquent, le nombre d'élevages testés pour l'IBR a été déterminé à partir du nombre d'élevages dépistés (sur sang ou lait de mélange) pour la brucellose (Perrin et al., 2015c) en France continentale car les modalités de dépistage de l'IBR ne s'appliquent pas en Corse.

Lors de dépistage sur sang, doivent être dépistés les élevages détenant au moins un animal de plus de 24 mois. Il s'agit d'un dépistage de 100 % des bovins de plus de 24 mois, sauf dans les zones à « statut épidémiologiquement favorable » (ZEF) où seuls 20 % des bovins peuvent être testés (avec un minimum de 10 bovins) (Anonyme, 2006). En 2013-2014, les départements de Bretagne et le Doubs étaient en ZEF et bénéficiaient de l'allègement à 20 %. Toutefois, comme un minimum de dix bovins est prélevé dans les élevages détenant moins de 50 bovins de plus de 24 mois, la proportion de bovins de plus de 24 mois testés était de 42 % en Bretagne et 35 % dans le Doubs (données GDS France). Pour tous les autres départements, le nombre de prélèvements de sang pour le dépistage de l'IBR (animaux de plus de 24 mois) a été calculé par proportionnalité à partir du nombre de prélèvements pour la surveillance de la brucellose bovine en France continentale. Le taux de dépistage de la brucellose est fixé par la réglementation à 20 % mais un minimum de dix animaux doit être testé par élevage (Anonyme, 2008). Comme observé pour l'IBR en ZEF, il a été considéré qu'en moyenne le dépistage pour la brucellose

bovine était effectué sur 40 % des animaux. Il est à noter que ce choix tend à sous-estimer le nombre et le coût des prélèvements et analyses IBR, si une plus faible proportion d'animaux est effectivement dépistée pour la brucellose bovine. Enfin, 75 % des animaux connus positifs et vaccinés pour l'IBR n'ont pas été testés lors du dépistage programmé (ni en cas de mouvements entre exploitations) et ont donc été exclus des prélèvements et analyses (données GDS France). Il a été considéré un dépistage par analyse Elisa sur mélange de dix sérums. Le coût des analyses sur sérum individuel en cas de résultat positif sur mélange de sérums n'a pas été inclus du fait du manque de données sur le nombre de ces opérations de recontrôle.

Dans le cadre des dépistages sur lait de mélange, les cheptels concernés sont soumis à deux analyses par an, sauf dans les ZEF (Bretagne et Doubs) où ce contrôle est annuel. Le nombre de cheptels dépistés sur lait pour la brucellose bovine (Perrin et al., 2015c) a été multiplié par deux pour obtenir le nombre d'analyses IBR sur lait, sauf pour les ZEF où un seul contrôle a été compté pour les cheptels sous appellation qui sont très largement prédominants dans ces départements (données GDS France). En l'absence de données sur le tarif de l'analyse de dépistage de l'IBR sur lait de mélange, celui appliqué à la brucellose bovine a été utilisé.

Tout bovin introduit en élevage (excepté en atelier dérogatoire en bâtiment) doit faire l'objet d'une analyse sérologique individuelle. Peuvent déroger à ce contrôle les animaux sous appellation indemne d'IBR, transportés de manière maîtrisée. Le taux de dérogation a été estimé à environ 22 % sur des données partielles de 2014 (données GDS France). Ce taux a été appliqué au nombre d'introductions (Gache et al., 2015) pour aboutir à un nombre de prélèvements et d'analyses.

Hypodermose bovine

En ce qui concerne l'hypodermose bovine, la surveillance repose sur l'analyse sérologique des sérums ou des laits de mélange prélevés dans le cadre des opérations de « prophylaxie collective » bovine réglementée ou par contrôle visuel, dans un échantillon d'élevages désignés par tirage au sort et dans des élevages ciblés pour leur niveau de risque plus élevé (Anonyme, 2009). Le nombre d'élevages testés sérologiquement pour l'hypodermose (Taveau et al., 2015) représentant 5,4 % de ceux testés pour l'IBR en 2014, une proportion identique a été considérée pour calculer le nombre d'animaux (parmi ceux prélevés pour l'IBR) dépistés pour l'hypodermose bovine. En l'absence de données sur le tarif de l'analyse de dépistage de l'hypodermose sur lait de mélange, celui appliqué à la brucellose bovine a été utilisé.

Répartition des coûts entre plusieurs maladies

Pour les bovins, les opérations techniques de dépistage programmé des maladies réglementées sont menées de manière conjointe pour plusieurs maladies (incluant la tuberculose bovine, la brucellose bovine, la LBE, l'hypodermose bovine et l'IBR) et, par conséquent certains coûts ne sont facturés qu'une seule fois pour plusieurs maladies. Il s'agit du coût des visites (incluant les indemnités de déplacement) et du coût des prélèvements de sang. Pour chaque opération, le coût attribuable à chaque maladie a donc été calculé en prenant en compte le nombre de maladies dépistées à chaque opération.

Ainsi, pour trois maladies X, Y et Z, pour lesquelles le nombre d'opérations (visite ou prélèvement de sang) réalisées dans le cadre de la surveillance est N_x , N_y et N_z , respectivement, avec $N_x > N_y > N_z$ et en supposant que $N_z \subseteq N_y \subseteq N_x$ (\subseteq signifie « est un sous-ensemble de »), le nombre d'opérations attribuables (O) à chaque maladie est calculé comme suit:

$$O_x = (N_x - N_y) + 1/2 \times (N_y - N_z) + 1/3 \times N_z$$

$$O_y = 1/2 \times (N_y - N_z) + 1/3 \times N_z$$

$$O_z = 1/3 \times N_z$$

À titre d'exemple, considérons une région comprenant 6000 exploitations et trois maladies X, Y et Z, pour lesquelles les taux de dépistage sont de 100 %, 40 % et 10 % des élevages de cette région, respectivement. En nombre de visites, cela correspond à: $N_x = 6000$, $N_y = 2400$ et $N_z = 600$. Il est supposé que le dépistage des trois maladies se fait de manière conjointe, et par conséquent 600 visites

Tableau 2. Honoraires vétérinaires et tarifs des analyses de laboratoire (en € HT) pour la surveillance programmée des maladies réglementées des ruminants, estimés à partir des données disponibles

Actes	N ¹	Médiane [intervalle interquartile], en € HT
Prise de sang bovin	66	2,29 [2,19 – 2,72]
Visite + déplacement (prophylaxie bovine) ²	65	31,27 [27,27 – 41,25]
Tuberculose (DS1)		
Intradermo-tuberculation simple + tuberculine bovine	65	2,76 [2,22 – 2,93]
Intradermo-tuberculation comparative + tuberculines bovine et aviaire	61	7,29 [4,71 – 9,08]
Visite de lecture des intradermo-tuberculations	38	20,92 [19,37 – 21,86]
Brucellose bovine (DS1)		
Elisa mélange de sérums	39	9,54 [7,75 – 12,59]
EAT	47	1,95 [1,70 – 2,65]
FC	47	6,52 [5,59 – 8,62]
Elisa lait de mélange	8	3,25 [2,88 – 5,12]
Leucose bovine enzootique (DS2)		
Elisa mélange de sérums	9	6,17 [5,40 – 6,38]
Elisa lait de mélange	1	6,10
IBR (DS2)		
Vaccination (sans vaccin)	48	1,86 [1,42 – 2,03]
Vaccin	3	5,54 [4,85 – 7,37]
Elisa sérum individuel	8	5,90 [5,58 – 6,11]
Elisa mélange de sérums	4	8,61 [7,32 – 9,73]
Hypodermose bovine (DS2)		
Analyse sérologique sur sérum individuel	9	7,27 [6,10 – 8,18]
Analyse sérologique sur mélange de 10 sérums	8	8,33 [6,95 – 10,27]
Visite pour traitement tactique	7	22,85 [11,11 – 27,09]
Tarif microdose	29	1,25 [1,13 – 1,52]
Brucellose des petits ruminants (DS1)		
Visite + déplacements ²	55	31,80 [28,01 – 38,15]
Prise de sang ovin/caprin	63	1,27 [1,10 – 1,46]
EAT	52	1,99 [1,69 – 2,56]
FC	47	6,52 [5,59 – 8,62]

¹ Nombre de départements pour lesquels l'information était disponible

² Les indemnités kilométriques pour les déplacements ont été calculées à partir du montant forfaitaire ou à partir du tarif kilométrique sur la base d'un trajet aller-retour de 15 km

(N_Z) servent au dépistage des trois maladies, 1 800 visites (N_Y – N_Z) aux maladies X et Y, et 3 600 visites (N_X – N_Y) uniquement à la maladie X. Le nombre d'opérations attribuables à la maladie X correspond à la somme du nombre de visites où seule la maladie X est dépistée (soit 3 600 visites), de 50 % du nombre de visites où les maladies X et Y sont dépistées (900 visites), et de 33 % du nombre de visites où les trois maladies sont dépistées (200 visites). Ainsi, 4 700 visites sont attribuables à la surveillance de X (soit 78,3 % des 6 000 visites), 1 100 visites (18,3 %) à la surveillance de la maladie Y et 200 visites (3,3 %) au dépistage de la maladie Z.

Surveillance événementielle, gestion des suspicions et mesures de lutte

IBR

Les coûts de lutte pour l'IBR (vaccination) sont financés par la profession agricole. Ces coûts ont été calculés à partir des données issues des conventions bipartites pour les honoraires vétérinaires et, en ce qui concerne le nombre de cas, des bilans sanitaires 2014 et de données fournies par GDS France.

La vaccination IBR consiste le plus souvent en deux injections (donc

deux visites du vétérinaire) lors de la primo-vaccination, suivi d'un rappel annuel (semestriel dans certains cas). À noter que les animaux confirmés positifs sont le plus souvent réformés en priorité. En 2014, la vaccination a également concerné 45 000 bovins introduits, quel que soit leur statut, en remplacement du contrôle sérologique à l'introduction. Par ailleurs, 75 % des bovins positifs ont fait l'objet d'une vaccination dont 9 % en primo-vaccination (données GDS France).

Autres maladies

Les coûts annuels pris en charge par l'État ont été extraits directement des bilans sanitaires 2014. La distinction entre les mesures mises en place pour la surveillance événementielle, la gestion des résultats de surveillance non négatifs et les opérations de lutte a été précisée quand l'information était disponible.

Comparaison des coûts entre maladies et filières

Les coûts totaux des dispositifs de surveillance et de lutte ont été comparés entre maladies et filières de production en utilisant l'indicateur simplifié de l'unité gros bétail (UGB): un bovin laitier ou allaitant de plus de deux ans équivaut à 1 UGB et un petit ruminant adulte est équivalent à 0,3 UGB. Il a été considéré un effectif de 10,29 millions de bovins de plus de deux ans et 7,11 millions de petits ruminants reproducteurs en 2014 (Agreste, 2016).

Résultats

Surveillance programmée

Les valeurs médianes et l'intervalle interquartile des honoraires vétérinaires et des tarifs des analyses de laboratoire pour chaque maladie réglementée sont indiqués dans le [Tableau 2](#).

Les coûts estimés pour les opérations techniques de surveillance programmée sont indiqués dans le [Tableau 3](#). Chez les bovins, le coût des visites de surveillance programmée a été réparti entre les maladies surveillées en proportion du nombre de visites attribuable à chaque maladie: 45,5 % pour la brucellose bovine, 44,7 % pour l'IBR, 6,0 % pour la LBE, 2,6 % pour la tuberculose et 1,2 % pour l'hypodermose. De la même manière, le coût associé aux prélèvements de sang se répartissait comme suit: 75,8 % pour l'IBR, 20,1 % pour la brucellose bovine, 2,8 % pour la LBE et 1,4 % pour l'hypodermose.

Pour les contrôles à l'introduction vis-à-vis de la tuberculose, de la brucellose et de l'IBR chez les bovins et de la brucellose chez les petits ruminants, le nombre d'élevages concernés et/ou le nombre d'animaux dépistés n'étaient pas toujours précisés dans les bilans annuels. Pour la brucellose bovine, le coût lié aux contrôles à l'introduction avait été estimé pour 2013 à 2,66 millions (M)€ HT (Hénaux et al., 2015). Toutefois, la brucellose étant dépistée en même temps que l'IBR et la tuberculose bovine, les honoraires vétérinaires pour les visites ont été répartis entre ces trois maladies et ceux des prélèvements entre la brucellose et l'IBR (le dépistage de la tuberculose se faisant par intradermo-tuberculation). Pour l'IBR, les résultats concernant le nombre de bovins dépistés à l'introduction étaient disponibles; par conséquent, les dépenses en commun avec la brucellose bovine ont donc été déduites de celles estimées pour l'IBR ([Tableau 3](#)).

De même, le coût des visites d'acquisition et de maintien des dérogations aux opérations de prophylaxie en cheptel d'engraissement avait été estimé à 0,5 M € HT en 2013. Ces dérogations concernent la brucellose bovine, la tuberculose et la LBE et ont donc été distribuées entre ces trois maladies ([Tableau 3](#)).

L'État prend en charge totalement ou en partie les coûts de la surveillance programmée pour certaines maladies:

- 16,50 M€ HT pour la surveillance de l'ESB à l'abattoir et à l'équarrissage. Ce montant ne prend pas en charge les frais relatifs à la réalisation des prélèvements à l'abattoir par les agents de l'État et ne couvre qu'en partie les frais d'analyse correspondants. Ainsi, l'État prend en charge le coût des prélèvements et des analyses réalisées à l'équarrissage (soit 4,0 M€ HT et 5,7 M€ HT, respectivement) et

Tableau 3. Nombre et coût estimé (en M€ HT) des opérations techniques réalisées dans le cadre de la surveillance programmée vis-à-vis des maladies réglementées des ruminants en 2014, au vu des données disponibles

Opérations techniques		Tuberculose bovine	Brucellose bovine	LBE	Hypoderme bovine	IBR	Brucellose ovins-caprins
Dépistage programmé							
Visite ¹	Nombre	13 714	117 194	25 482	6 771 ²	116 345	36 226
	Coût	(96 623) ³	(1 666 476) ³	(219 285) ³	(42 346) ³	(1 639 928) ³	1 151 987
Intradermo-tuberculinations	Nombre	690 754	-	-	-	-	-
	Coût	2 882 352	-	-	-	-	-
Visites de lecture	Nombre	13 714	-	-	-	-	-
	Coût	286 931	-	-	-	-	-
Troupeaux dépistés sur sang							
Prélèvements	Nombre	-	1 430 874	311 121	175 766	3 232 605	1 361 339
	Coût	-	(1 486 064) ³	(203 947) ³	(100 626) ³	(5 612 027) ³	1 728 901
Analyses	Nombre	-	735 884	31 113	17 577	323 261	1 361 363
	Coût	-	2 025 359 ⁴	266 786	146 325	2 783 273 ⁵	2 702 414
Troupeaux dépistés sur lait de mélange							
Analyses	Nombre	-	57 242	10 659	3 684	109 279 ⁶	-
	Coût	-	185 750	65 020	11 973	354 610	-
Contrôles d'introduction							
Visites	Nombre	> 48 064 ^{7,8}	48 064 ^{7,8}	-	-	> 48 064 ^{7,8}	? ⁷
	Coût	> (549 169) ³	(549 169) ³	-	-	> (549 169) ³	Non estimé
Prélèvements	Nombre	-	138 399 ^{7,8}	-	-	1 084 922	? ⁷
	Coût	-	(222 921) ³	-	-	(2 261 552) ³	Non estimé
Analyses ou intradermo-tuberculinations	Nombre	139 429	186 760 ^{7,8}	-	-	1 084 922	? ⁷
	Coût	384 824	570 136	-	-	6 401 041	Non estimé
Visites de conformité de cheptels d'engraissement							
Visites	Nombre	9 076	9 076	9 076	-	-	-
	Coût	(165 429) ³	(165 429) ³	(165 429) ³	-	-	-
Total		> 4 365 327	6 871 303⁹	920 467	301 270	> 19 601 599	> 5 583 302

¹ Le coût inclut la visite et les indemnités de déplacements

² Nombre de visites de dépistage sur sang, sur sang et lait, ou visuel

³ Les visites et prélèvements de sang sont réalisés conjointement pour plusieurs maladies et les coûts ont donc été répartis entre les maladies dépistées

⁴ Coûts calculés en considérant que les analyses de premières intention ont été faites par Elisa sur mélange de dix sérums pour 54 % des échantillons et par EAT pour les autres (d'après Hénaux et al., 2015)

⁵ Le coût des analyses de recontrôle sur sérum individuel n'a pas été comptabilisé du fait de l'absence de données

⁶ Dépistage semestriel sauf en zones à « statut épidémiologiquement favorable » où il s'agit d'un dépistage annuel

⁷ Données non disponibles dans les bilans du *Bulletin épidémiologique spécial MRE*

⁸ D'après Hénaux et al., 2015

⁹ Ce total n'inclut pas les coûts d'obtention et de maintien de la dérogation aux opérations de surveillance dans les cheptels d'engraissement (0,5 M€ HT en 2013)

participe à hauteur de 8 € par test au coût des analyses à l'abattoir (soit 6,9 M€ HT). Sachant que 857 102 tests ont été réalisés sur des prélèvements à l'abattoir, la part payée par les abattoirs était de 14,8 M€ HT (en supposant un coût unitaire moyen par analyse de 25,28 €; données non publiées);

- 650 000 € HT pour la tuberculose bovine, soit un montant total pour la profession agricole de 3,00 M€ HT;
- 32 000 € HT pour la surveillance de la FCO en France continentale;
- la majeure partie des 60 000 € HT d'aides pour la surveillance de l'hypoderme bovine en zone frontalière, ce poste étant maintenant le plus important;
- 181 000 € HT pour la brucellose des petits ruminants, soit un coût pour la profession agricole de 5,40 M€ HT;
- 4,85 M€ HT pour la surveillance des EST à l'abattoir et à l'équarissage et 560 000 € HT pour le programme de génotypage dans le cadre de la lutte contre la tremblante classique chez les ovins.

Pour les bovins, le coût de la surveillance programmée pour l'ensemble des DS inclus dans l'étude était de 63,40 M€ HT. La partie du coût relatif à la surveillance programmée de l'ESB prise en charge par les abattoirs n'a pas été pris en compte dans l'analyse du partage des coûts entre Etat et profession agricole. Pour le reste, 17,18 M€ HT (35 %) ont été pris en charge par l'Etat et 31,41 M€ HT (65 %) par la profession agricole. Pour les petits ruminants, le coût total de la surveillance était

de 11,00 M€ HT, dont 5,60 M€ HT (51 %) payé par l'Etat et 5,40 M€ HT (49 %) par la profession agricole.

Surveillance événementielle et gestion des suspicions

Le coût de la surveillance événementielle et des opérations de confirmation (ou infirmation) du statut des animaux non séronégatifs sont pris en charge à 100 % par l'Etat pour les DS1 et la LBE. Ces dépenses ont été estimées à 29,17 M€ HT pour les bovins et 0,40 M€ HT pour les petits ruminants. Les dépenses par maladies se répartissaient ainsi:

- pour la tuberculose bovine, 1,00 M€ HT pour la surveillance dans la faune sauvage et 5,45 M€ HT d'honoraires vétérinaires et frais de laboratoire pour la surveillance systématique en abattoir et sur les bovins équarris;
- 3,40 M€ HT pour la surveillance événementielle de la brucellose bovine (investigations des avortements);
- 11 630 € HT pour les analyses de laboratoire dans le cadre des opérations de police sanitaire vis-à-vis de la LBE;
- 103 500 € HT pour la surveillance événementielle de la FCO;
- 403 730 € HT pour la surveillance des avortements dans le cadre du dispositif vis-à-vis de la brucellose des petits ruminants.

Pour l'IBR, les coûts des recontrôles liés aux suspicions, prévus dans le cadre de la gestion des appellations (dispositif volontaire), n'ont pas été comptabilisés.

Lutte

Le coût total lié aux opérations de lutte pour les différents DS étudiés s'est élevé à 14,30 M€ HT pour les bovins (pris en charge à 85 % par l'État) et 0,43 M€ HT pour les petits ruminants (financé à 100 % par l'État), réparti comme suit entre les différentes maladies :

- 11,45 M€ HT pour la tuberculose bovine, incluant les indemnités des éleveurs, les dépenses de nettoyage et désinfection, et des frais divers;
- 6 170 € HT pour la lutte vis-à-vis de la LBE;
- 2,09 M€ HT pour la vaccination IBR des bovins positifs, dans le cadre du dépistage programmé ou des contrôles à l'introduction, ou des bovins vaccinés en lieu et place d'un dépistage à l'introduction (le coût des visites n'a pas été inclus pour les vaccinations d'animaux introduits du fait de l'absence de données sur le nombre d'élevages concernés);
- 750 000 € HT pour la vaccination FCO en Corse;
- 5 600 € HT pour les indemnités et frais divers relatifs aux suspicions de brucellose des petits ruminants;
- 420 000 € HT pour la gestion des foyers d'EST des petits ruminants.

Coût global

Au total, le coût des dispositifs de surveillance et de lutte pour les maladies réglementées des ruminants en France en 2014 a été estimé à 99,50 M€ HT (Tableau 4).

Pour la filière bovine, le coût s'est élevé à 87,68 M€ HT. Parmi les coûts attribuables à l'un des acteurs, 54 % ont été pris en charge par l'État et 46 % par la profession agricole. Quatre maladies ont concentré 98 % du coût total de la surveillance : l'ESB (36 %), la tuberculose bovine (25 %), l'IBR (25 %) et la brucellose bovine (12 %).

Pour les petits ruminants, le coût total était de 11,83 M€ HT, pris en charge également à 54 % par l'État et 46 % par la profession agricole. Les coûts se partageaient de manière équilibrée entre les deux maladies : 51 % pour la brucellose et 49 % pour les EST.

Comparaison des coûts entre maladies et filières

Le coût total de chaque dispositif par UGB est donné dans le Tableau 5. Chez les petits ruminants, le poids financier des dispositifs de surveillance rapporté à la valeur économique d'un animal était relativement important (environ 2,80 € HT/UGB par maladie), avec un coût total de 5,50 €/UGB. Chez les bovins, le coût par UGB variait de 0,03 à 3,0 € HT/UGB par maladie, avec un total de 8,5 € HT/UGB; le coût pour l'ESB était nettement supérieur aux autres maladies avec 3,0 € HT/UGB.

Discussion

Cette étude fournit une compilation des coûts pris en charge par la profession agricole et par l'État pour la surveillance sanitaire et la lutte contre les maladies réglementées chez les ruminants à partir des données disponibles dans les bilans sanitaires. Une partie des coûts payés par l'État pour la surveillance événementielle, la gestion des suspicions et les opérations de lutte (et pour certaines maladies, le dépistage programmé dans les élevages à risque) est publiée annuellement pour les principaux DS. Les dépenses payées par la profession agricole ne sont pas centralisées au niveau national mais, pour la plupart des maladies réglementées, ont pu être estimées à partir des données sur le nombre d'opérations disponibles dans les bilans sanitaires publiés dans le *Bulletin épidémiologique spécial MRE*. Même si cette évaluation financière est incomplète, elle fournit néanmoins une première estimation du coût actuel de la surveillance et de la lutte des principales maladies réglementées pour cette filière.

Limites de l'évaluation

Les coûts des dispositifs de surveillance de la brucellose bovine et de la brucellose des petits ruminants ont été précédemment estimés à partir des données brutes sur le nombre d'interventions et d'analyses

(enregistrées dans le système d'information de la DGAL, Sigal) (Diabaté et al., 2016; Hénaux et al., 2015). Les montants estimés à partir des bilans sanitaires pour le dépistage programmé vis-à-vis de ces deux maladies s'accordent avec les résultats de ces deux évaluations. De même, pour l'hypodermose bovine, les montants déclarés par les régions pour les contrôles orientés et aléatoires, et les traitements tactiques étaient de 296 000 € HT (avec toutefois des données manquantes pour deux régions) (données GDS France), ce qui est du même ordre de grandeur que le montant estimé dans cette étude (321 000 € HT).

Néanmoins, les résultats de cette évaluation ne représentent pas les coûts réellement engagés pour la surveillance et la lutte, puisque basés sur un nombre d'opérations et des coûts unitaires, et non sur les paiements eux-mêmes. Par ailleurs, des informations concernant certaines modalités de surveillance (contrôles à l'introduction, acquisition et maintien des dérogations à la surveillance) ou la gestion des suspicions n'étaient pas disponibles (Tableau 4). Les coûts de dépistage de la brucellose bovine à l'introduction ont été extraits de l'évaluation faite pour 2013 (Hénaux et al., 2015) et répartis entre les maladies qui sont dépistées lors de ces contrôles. Toutefois, pour la tuberculose et l'IBR, les frais vétérinaires pour les visites d'introduction sont probablement sous-estimés car ces deux maladies sont dépistées sur un plus grand nombre d'animaux (et donc d'élevages) que la brucellose bovine (Tableau 1).

Cette étude souligne l'intérêt qu'il y aurait à améliorer la complétude et l'exactitude des données pour conduire une analyse plus fine des données centralisées au niveau national. Ainsi, le coût total estimé à 99,5 M€ HT constitue un premier niveau de référence, qui pourrait permettre de suivre l'évolution des dépenses dans le temps. Par ailleurs, le coût pris en charge par les éleveurs peut être surestimé, compte tenu de la participation financière de certaines collectivités territoriales aux actions sanitaires qui n'a pu être intégrée faute d'information disponible. Des études financières détaillées, incorporant l'ensemble des opérations de surveillance et prenant en compte la variabilité interdépartementale dans les honoraires vétérinaires et les tarifs des analyses, permettraient de quantifier plus précisément le coût de chaque dispositif et la part payée par les éleveurs et l'État.

Par ailleurs, le fonctionnement des dispositifs de surveillance et de lutte engendre des dépenses en ressources humaines pour le suivi des opérations, les actions de sensibilisation des éleveurs et la formation des vétérinaires, ainsi que des dépenses de fonctionnement et des charges de structure pour les services de l'État et les organismes délégataires (GDS). Ainsi, le coût total du dispositif de surveillance et de lutte vis-à-vis de l'hypodermose bovine (avec toutefois des données manquantes pour deux régions) a été chiffré à 543 790 € HT (Taveau et al., 2015), incluant 296 000 € HT (54 %) pour les contrôles orientés et aléatoires, et les traitements tactiques, dont 60 000 € HT d'aides de l'État pour l'ensemble du dispositif en zone frontalière, et donc environ 248 000 € HT (46 %) pour les actions de sensibilisation des éleveurs et le suivi administratif du dispositif menées par les organisations sanitaires (données GDS France). Pour l'ensemble des délégations de service public aux GDS, il avait été estimé un montant de 4,9 M€ uniquement pour les charges de personnel dans 70 % des GDS (Repiquet et Thevenon-Le Morvan, 2008), soulignant l'importance des dépenses de fonctionnement. La multiplicité et la variabilité des missions effectuées par les agents des DDecPP et des GDS (qui dépendent de la situation sanitaire locale) et des modalités de financement de la surveillance (participation des collectivités territoriales dans certains départements) rendent difficiles l'estimation des dépenses liées à la gestion administrative et à l'animation des dispositifs. Enfin, cette étude n'intègre pas les coûts liés à l'activité de référence, aux mesures de prévention, ni les coûts annexes tels que ceux liés à l'identification et à la traçabilité des ruminants.

Variabilité des coûts entre maladies

Cette étude a montré que le coût global des opérations de surveillance et de lutte se répartissait de manière relativement équilibrée entre

l'État et la profession agricole. Toutefois, la part payée par chacun des acteurs est très variable d'une maladie à l'autre et selon le type d'action, la surveillance étant très majoritairement prise en charge par les éleveurs et la lutte par l'État.

Nos résultats soulignent notamment le poids important de la surveillance et de la lutte vis-à-vis de l'IBR pour la filière bovine avec un coût annuel de 2,10 € HT/UGB. Cette maladie a été soumise à des actions de surveillance et de lutte réglementées par l'État au niveau national, suite à la volonté de plus de 60 % des éleveurs de mettre en place des mesures pour améliorer la situation sanitaire et à terme éradiquer la maladie (Bronner et al., 2010). Le coût élevé du dépistage, notamment pour les élevages allaitants (en moyenne 86 € contre 6 € pour un élevage laitier – sans le coût des contrôles à l'introduction), demeure néanmoins inférieur au coût d'assainissement dans un élevage infecté (environ 16 € par animal-an (GDS Moselle, 2015)). Les efforts importants vis-à-vis de l'IBR sont pris en charge uniquement par les éleveurs, ce qui fait que cette maladie représente 65 % du coût total de la surveillance et de la lutte pour la profession agricole. Ce dispositif est en évolution (Anonyme, 2016) : il prévoit la généralisation de la qualification IBR (qui est volontaire actuellement) et la mise en place de mesures complémentaires telles que le dépistage des animaux de 12 à 24 mois dans les élevages à risque et le contrôle avant départ pour les bovins sans appellation. Ces mesures vont représenter à court terme une dépense supplémentaire pour les cheptels non qualifiés ou à risque, et les inciter à se qualifier. À moyen terme, l'éradication progressant, le nombre d'élevages sous appellation va augmenter, permettant un allègement significatif des mesures de surveillance et une diminution du coût de la lutte. Par exemple, le passage de la région Bourgogne en zone à situation épidémiologique favorable se traduirait par une diminution des coûts totaux de lutte contre l'IBR (hors réforme préférentielle) de plus 30 % par un effet mécanique sur la diminution du nombre de dépistages.

La brucellose bovine représentait 21 % des dépenses de la profession agricole pour les DS des bovins, ce qui est non négligeable pour un nombre de foyers très limité (deux en 2012 sur les dix dernières années, ayant toutefois entraîné deux cas humains). Comme la plupart des dispositifs, la surveillance de la brucellose bovine a été mise en place dans un contexte de forte prévalence. Les bénéfices liés au contrôle étant évidents, les performances coût/efficacité (ou efficacité) de cette surveillance n'ont jamais été évaluées. L'évaluation (via l'utilisation de modèles de simulation) de l'efficacité de dispositifs alternatifs de surveillance-lutte devrait permettre d'identifier des plans de surveillance-lutte plus efficaces, adaptés au contexte sanitaire actuel. En parallèle, des réflexions sont en cours au sein de la Plateforme ESA pour faire évoluer le dispositif de déclaration des avortements (à l'image de ce qui a été fait pour les petits ruminants) afin de le rendre plus performant.

Pour l'État, les dépenses engagées se concentraient principalement sur la tuberculose bovine (47 %) en raison de résurgences et de la persistance de la maladie en élevage et dans la faune sauvage. La tuberculose bovine est d'ailleurs le premier poste de dépenses en matière de lutte. L'ESB était la deuxième source de dépenses (42 %), mais le poids financier de cette maladie pour l'État était compensé à hauteur de 41 % par des cofinancements européens (non déduits du total) (Anonyme, 2013). Depuis 2015, les efforts de surveillance de l'ESB en abattoir se concentrent uniquement sur les animaux nés avant 2002 et les coûts vont donc progressivement diminuer pour l'État, ainsi que pour les autres acteurs sur lesquels sont répercutés les coûts pris en charge par les abattoirs (environ 14,8 M€ HT en 2014).

Nos résultats indiquent qu'en 2014, les coûts de lutte pour les maladies réglementées des bovins étaient de 14,31 M€ HT, soit 16 % des dépenses globales pour cette filière en matière de surveillance et de lutte. Le coût de la lutte vis-à-vis des maladies réglementées dépend de la situation sanitaire, toute introduction ou résurgence pouvant impacter fortement le coût. Ainsi, le coût des opérations de « police sanitaire » prises en charges par l'État (incluant la gestion des suspicions et la lutte, mais également la surveillance événementielle)

Tableau 4. Estimation du coût (en M€ HT) des dispositifs de surveillance et de lutte des maladies réglementées chez les ruminants en France en 2014, au vu des données disponibles

Maladies réglementées ¹	Etat	Éleveur	Total	Données partielles ou non disponibles
Tuberculose bovine	18,56	3,72	22,27	Surveillance des mouvements (réponse de 78 départements) et à l'abattoir (65 départements)
Brucellose bovine	3,40	6,87	10,27	Surveillance renforcée dans le massif du Bary ; dérogations aux mesures de surveillance pour les ateliers d'engraissement
ESB	16,50	0,00	31,31 ²	Prélèvements et une partie des analyses à l'abattoir
LBE	0,02	0,92	0,94	Analyses suite à des résultats de dépistage non négatifs
Hypodermose bovine	0,06	0,24	0,30	
IBR	0,00	21,70	21,70	Dispositif de surveillance obligatoire (réponse de 86 départements) ; contrôles d'introduction ; recontrôles liés aux suspicions dans le cadre de la gestion des appellations
FCO	0,89	0,00	0,89	
Total - Bovins	39,42	33,44	87,68	
Brucellose ovins-caprins	0,59	5,40	5,99	Surveillance des troupeaux ; contrôles d'introduction
EST	5,83	0,00	5,83	
Total – Petits ruminants	6,42	5,40	11,83	
Total	45,84	38,85	99,50	

¹ Les montants dépensés par l'État ont été extraits de Cavalerie et al. (2015) pour la tuberculose bovine, Perrin et al. (2015c) pour la brucellose bovine, Sala et al. (2015) pour l'ESB, Perrin et al. (2015b) pour la LBE, Taveau et al. (2015) pour l'hypodermose bovine, Perrin et al. (2015a) pour la FCO, Perrin et al. (2015d) pour la brucellose des petits ruminants et Cazeau et al. (2015) pour les EST
² Inclut la part prise en charge par l'État et par les abattoirs pour les prélèvements et analyses

Tableau 5. Coût total de chaque dispositif par unité gros bovin (UGB) en 2014, au vu des données disponibles

Filière	Maladies réglementées	Coût (€ HT)/UGB*
Bovins	Tuberculose bovine	2,17
	Brucellose bovine	1,00
	ESB	3,04
	LBE	0,09
	Hypodermose bovine	0,03
	IBR	2,11
	FCO	0,09
	Total	8,52
Petits ruminants	Brucellose	2,81
	EST	2,74
	Total	5,54

* 1 bovin de plus de deux ans = 1 UGB et 1 petit ruminant reproducteur = 0,3 UGB, sachant qu'il y avait 10,29 millions de bovins et 7,11 millions de petits ruminants reproducteurs en 2014

pour la brucellose bovine a augmenté de 56 % entre 2011 et 2012 suite à la gestion de deux foyers, et aux actions de surveillance consécutives (Rautureau et al., 2013). Inversement, l'amélioration de la situation épidémiologique entraîne une réduction des coûts de la lutte pour le dispositif concerné. En 2011, l'arrêt de la campagne de vaccination contre la FCO (dont le coût s'élevait à près de 100 M€ HT avec un cofinancement de l'Union européenne) a ainsi considérablement réduit l'effort financier alloué à la lutte (Languille et al., 2012; Languille et al., 2011). Pour les maladies exotiques, il est essentiel de réfléchir au

« réglage global » de la performance souhaitée des dispositifs, intégrant à la fois la surveillance et le contrôle des maladies, en fonction de leurs caractéristiques épidémiologiques. En effet, la vitesse de diffusion d'une maladie va influencer directement les coûts économiques liés à l'apparition de cas dans la population considérée et à la mise en place de mesures de lutte. Le choix d'une sensibilité moindre du dispositif de surveillance pourrait ainsi être étudié pour des maladies à diffusion inter-élevages relativement lente (par ex. brucellose) par rapport à des maladies à diffusion très rapide (par ex. fièvre aphteuse). Il convient de souligner que ces réflexions impliquent un réel changement de paradigme de la part des acteurs de la surveillance. Il s'agit d'accepter le fait qu'aucun système de surveillance ne pourra jamais être sensible à 100 % (i.e. garantir la détection du premier cas d'une maladie donnée dès son occurrence), quels que soient les montants financiers mobilisés, et, ainsi, s'interroger sur le meilleur rapport coût/efficacité des dispositifs de surveillance.

Optimisation des coûts

La réalisation des opérations de dépistage programmé ou à l'introduction pour plusieurs maladies bovines en une seule visite permet d'optimiser le coût des honoraires vétérinaires. Par exemple, le coût brut du dispositif de surveillance de la brucellose bovine a été estimé à 17 M€ HT, mais plus de 30 % de ce coût était imputable aux maladies dépistées en même temps (Hénaux et al., 2015). De plus, l'investigation des avortements est susceptible de participer à la surveillance d'autres maladies abortives exotiques (comme la fièvre de la Vallée du Rift) ou enzootiques (telle que la fièvre Q).

Chez les petits ruminants, le coût des dispositifs de surveillance et de lutte vis-à-vis des deux maladies réglementées s'élevait à 11,8 M€ HT, pris à part égale par l'État et la profession agricole. Il est à noter toutefois qu'une petite partie de ces coûts est attribuable à la surveillance d'autres maladies puisque, dans certaines régions, les visites de surveillance programmée de la brucellose dans les troupeaux ovins sont mises à profit pour le dépistage du *Visna-Maëdi* et de la Border disease, mais ces situations ne représentent qu'une faible fraction des élevages de petits ruminants.

Du fait de la répartition des coûts entre plusieurs maladies, l'allègement des mesures de surveillance vis-à-vis d'une maladie (suite à l'amélioration de la situation sanitaire, à l'obtention du statut indemne ou pour améliorer l'efficacité du dispositif) aura un effet limité sur les dépenses globales si les opérations en question doivent être maintenues pour la surveillance d'autres maladies.

Perspectives

Le coût des dispositifs de surveillance et de lutte vis-à-vis des maladies réglementées dans les autres filières de production (apicole, avicole, équine, piscicole et porcine) représentait seulement 9 % des dépenses totales engagées par l'État en 2014 (estimé à environ 50 M€ à partir des chiffres publiés dans le *Bulletin épidémiologique spécial MRE*; toutefois l'information n'était pas disponible pour certains départements et certaines maladies réglementées). Ce résultat souligne le poids important de ces dispositifs chez les ruminants par rapport aux autres espèces. Il mériterait toutefois d'être mis en balance avec les bénéfices tirés des actions de surveillance et lutte menées dans la filière (économies directes pour les éleveurs, ouverture ou maintien de marchés aux échanges et exports...). Le chiffre d'affaires total des productions de ruminants a été estimé à 20,5 milliards € en 2011, dont 5 milliards € pour les productions ovine et bovine allaitantes et 15,5 milliards € pour les filières laitières (bovine, caprine et ovine) (Coudurier et al., 2013). Les dépenses de surveillance-lutte en élevage étaient donc de l'ordre de 4,85 € par millier d'€ de la valeur de la production de ruminants. En Europe, peu de chiffres sont disponibles sur le coût global de la surveillance des maladies réglementées. Au Royaume-Uni, il a été estimé que les dépenses de surveillance chez les ruminants s'élevaient à environ 6,07 € par millier d'€ de chiffre d'affaires de la filière en 2011 (Drewe et al., 2012). Il est toutefois difficile de comparer ce chiffre avec notre estimation car certaines

informations sur les coûts de la surveillance étaient indisponibles ou incomplètes dans les deux études. Ces données sont pourtant essentielles à l'évaluation de l'efficacité de la surveillance.

Dans le contexte actuel de contraintes budgétaires croissantes, la collecte et l'analyse des données financières apparaissent indispensables afin de guider au mieux les décisions en matière de surveillance et d'identifier les aspects budgétaires qui pourraient être améliorés. Plus largement, l'apparition ou la disparition des maladies réglementées sur le territoire français affecte sensiblement le prix de vente des animaux quel que soit leur destination, à la hausse ou à la baisse, par le jeu de l'ouverture ou de la fermeture des marchés de ruminants, notamment sur les marchés d'exportation. C'est pourquoi rendre la surveillance des DS plus efficace est un enjeu majeur pour l'économie de l'élevage français. Cette recherche d'efficacité de la surveillance et de la lutte constitue l'objectif central de la Plateforme ESA, tel que précisé en 2016 dans le cadre des discussions sur l'avenir de la Plateforme. Se doter d'un outil fiable et précis d'évaluation des coûts constitue un élément essentiel permettant d'améliorer l'efficacité globale du système de surveillance-lutte dans son ensemble. La présente étude représente une base de travail à partir de laquelle devra s'engager une réflexion pour se doter d'un tel outil.

Références bibliographiques

- Agreste 2016. Statistique agricole annuelle (SAA) - Cheptel présent : Bovins, porcins, ovins, caprins, équidés, volailles et lapins, résultats 2013 définitifs et 2014 définitifs (Agreste).
- Anonyme 2006. Arrêté du 27 novembre 2006 fixant des mesures de prophylaxie collective de la rhinotrachéite infectieuse bovine (IBR).
- Anonyme 2008. Arrêté du 22 avril 2008 fixant les mesures techniques et administratives relatives à la prophylaxie collective et à la police sanitaire de la brucellose des bovins.
- Anonyme 2009. Arrêté du 21 janvier 2009 fixant les mesures de prophylaxie collective et de police sanitaire de l'hypodermose bovine.
- Anonyme 2013. Décision d'exécution de la commission 2013/722/EU du 29 novembre 2013 portant approbation des programmes annuels et pluriannuels d'éradication, de lutte et de surveillance concernant certaines maladies animales et zoonoses soumis par les États membres pour l'année 2014 et les années suivantes, et de la participation financière de l'Union à ces programmes. Consulté le 30 mars, 2016. <http://eur-lex.europa.eu/fr/index.htm>.
- Anonyme 2016. Arrêté du 31 mai 2016 fixant des mesures de prévention, de surveillance et de lutte contre la rhinotrachéite infectieuse bovine (IBR).
- Bronner, A., Guerrier-Chatellet, M.C., Languille, J., Petit, E., Duquesne, V., Dubois, E., 2010. La lutte contre la rhinotrachéite infectieuse bovine (IBR) en France : un dispositif original. Présentation, bilan et perspectives. *Bull Epid Santé Anim Alim* 41, 12-15.
- Cavalerie, L., Courcoul, A., Boschiroli, M.L., Réveillaud, E., Gay, P., 2015. Tuberculose bovine en France en 2014: une situation stable. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 4-11.
- Cazeau, G., Perrin, J.B., Loywyck, V., Bouffartigue, B., Calavas, D., 2015. Surveillance des encéphalopathies spongiformes des petits ruminants en 2014 : aucun foyer de tremblante classique détecté. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 28-32.
- Coudurier, B., Georget, M., Guyomard, H., Peyraud, J.L. 2013. Vers des agricultures à hautes performances. Volume 4. Analyse des voies de progrès en agriculture conventionnelle par orientation productive. Inra, 484.
- Diabaté, L., Calavas, D., Bronner, A., Touratier, A., Perrin, J.B., Hénaux, V., 2016. Evaluation du coût global du dispositif de surveillance de la brucellose des petits ruminants en France en 2014. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 73, 2-6.
- Drewe, J.A., Hoinville, L.J., Cook, A.J., Floyd, T., Stark, K.D., 2012. Evaluation of animal and public health surveillance systems: a systematic review. *Epidemiology and Infection* 140, 575-590.
- Dufour, B., Hendrikx, P., 2011. Surveillance épidémiologique en santé animale, 3e Edition. Quae éditions, Versailles.
- Fediaevsky, A., Marcé, C., Delefosse, H., Hendrikx, P., Calavas, D., Guériaux, D., 2013. La catégorisation des dangers sanitaires apporte de la flexibilité et partage les responsabilités. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 60, 30-32.
- Gache, K., Ngwa-Mbot, D., Mémeteau, S., Wendling, S., Valas, S., Vialard, J., 2015. Bilan de la surveillance réglementée et facultative de la

- rhinotrachéite infectieuse bovine en France en 2013-2014: une situation stable et de nouvelles perspectives. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 33-36.
- GDS Moselle 2015. Assemblée générale. Consulté le 15 juin, 2016. http://www.gdsreseau3m.com/documents/fichiers/pages/1432217652_GDS57_presentation_AG_2015_restreint_diffusion.compressed.pdf.
- Hénaux, V., Bronner, A., Perrin, J.B., Touratier, A., Calavas, D., 2015. Evaluation du coût global du dispositif de surveillance de la brucellose bovine en France en 2013. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 69, 28-35.
- Languille, J., Sailleau, C., Bréard, E., Desprat, A., Viarouge, C., Zientara, S., 2012. Bilan de la surveillance et de la vaccination contre la fièvre catarrhale ovine en France continentale en 2011: vers l'éradication de la maladie. *Bull Epid Santé Anim Alim* 54, 32-34.
- Languille, J., Sailleau, C., Bréard, E., Zientara, S., 2011. Bilan de la surveillance de la fièvre catarrhale ovine en France continentale en 2010: vers une maîtrise clinique de la maladie. *Bull Epid Santé Anim Alim* 46, 24-25.
- Perrin, J.B., Desvaux, S., Sailleau, C., Bréard, E., Viarouge, C., Bournez, L., Zientara, S., 2015a. Fièvre catarrhale ovine en 2014 : maintien du statut indemne en France continentale, maîtrise de l'épizootie de sérotype 1 en Corse. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 41-44.
- Perrin, J.B., Gay, P., Valas, S., 2015b. Bilan favorable pour la leucose bovine enzootique en France en 2014: maintien du statut officiellement indemne. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 22-23.
- Perrin, J.B., Rautureau, S., Bronner, A., Hosteing, S., Dufour, B., Garin-Bastuji, B., Jay, M., 2015c. L'absence de brucellose bovine est confirmée en 2014, mais la vigilance reste de mise. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 12-16.
- Perrin, J.B., Rautureau, S., Bronner, A., Hosteing, S., Jay, M., Garin-Bastuji, B., Dufour, B., 2015d. Brucellose des petits ruminants en 2014 : 95 départements de France métropolitaine sont désormais indemnes. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 17-21.
- Rautureau, S., Dufour, B., Jay, M., Garin-Bastuji, B., 2013. Deux cas de brucellose bovine en 2012 appellent à la vigilance. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 59, 11-14.
- Repiquet, D., Thevenon-Le Morvan, F. 2008. Rapport relatif aux délégations de service public aux Groupements de défense sanitaire du cheptel, Rapport CGAAER n° 1552.
- Sala, C., Perrin, J.B., Biacabe, A.G., Calavas, D., 2015. Encéphalopathie spongiforme bovine en 2014 : une situation toujours très favorable permet l'acquisition du statut « à risque négligeable » en 2015. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 24-27.
- Taveau, C., Gache, K., Wendling, S., Perrin, C., Mémeteau, S., 2015. Hypodermose bovine en France en 2014: aucun foyer détecté. *Bull Epid Santé Anim Alim* 71, 37-40.

D'après l'article de JK Tautenberger et DM Morens publié en février 2017 dans *Emerging Infectious Diseases* « H5Nx Panzootic Bird Flu–Influenza's Newest Worldwide Evolutionary Tour » https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/23/2/16-1963_article.

Traduction revue par Didier Calavas (1)*, Laure Bournez (2), Sophie Le Bouquin (3), Anne Bronner (4)*, Eric Niqueux (5)

Auteur correspondant : didier.calavas@anses.fr

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

(2) Anses, Direction des laboratoires, Unité de coordination et d'appui à la surveillance, Maisons-Alfort, France

(3) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité d'épidémiologie et bien-être en aviculture et cuniculture, Ploufragan, France

(4) Direction générale de l'alimentation, Paris, France

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

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

Mots-clés: Influenza aviaire, épidémiologie. Keywords: Avian epidemiology, Epidemiology

Les virus influenza A (VIA) sont responsables d'épidémies annuelles, de pandémies périodiques et d'infections enzootiques chez de nombreuses espèces animales, dont les chevaux, les chiens, les porcs, les phoques et les baleines. L'avifaune aquatique est le réservoir naturel de ces virus, avec différentes espèces de l'ordre des Anseriformes (canards et oies) et de l'ordre des Charadriiformes (oiseaux côtiers, goélands et mouettes), susceptibles de transporter de manière continue une collection impressionnante de VIA sur de grandes distances lors des migrations.

Chez les oiseaux sauvages, les VIA entraînent en général des infections inapparentes au niveau du tractus intestinal inférieur. Ces virus influenza aviaire faiblement pathogènes (IAFP) représentent la majorité des VIA; ils sont transmis de temps à autre aux volailles domestiques, principalement aux gallinacés (poules et poulets) et aux dindes. Les gallinacés n'étant pas des hôtes naturels de ces VIA, la circulation de ces virus chez ces espèces se traduit par des évolutions génétiques qu'on ne retrouve pas chez les VIA adaptés à d'autres hôtes, tels que l'avifaune ou les mammifères.

Chez les VIA, on connaît 18 sous-types d'hémagglutinines (une glycoprotéine de surface majoritaire qui induit la réponse immunitaire chez l'hôte). Deux sous-types, H5 et H7, peuvent connaître des mutations spontanées au niveau du site de clivage de l'hémagglutinine, aboutissant à des virus hautement pathogènes (IAHP), entraînant des infections systémiques chez les volailles et parfois chez les oiseaux sauvages qui entrent en contact avec les volailles. Il faut souligner que les dénominations IAFP et IAHP qualifient le type d'infections observées chez les oiseaux, sans préjuger de la pathogénicité de ces virus pour l'Homme en cas d'exposition à de tels virus.

Alors que les infections dues à des IAFP peuvent passer inaperçues chez les volailles, les foyers d'IAHP chez les galliformes sont manifestes et ont été décrits depuis plus de deux siècles. Une lignée asiatique d'IAHP H5N1 dénommée A/goose/Guangdong/1/1996 H5N1 est apparue en 1996 et s'est diffusée depuis dans la plupart des pays d'Asie, d'Europe, du Moyen-Orient et d'Afrique, entraînant près de 900 cas d'infections sévères chez l'Homme et plus de 400 morts. Ce chiffre, qui peut paraître alarmant, est en réalité relativement faible au regard des millions de personnes exposées et en comparaison avec la mortalité due aux virus influenza A chez l'Homme. Cela témoigne d'une faible adaptativité du virus à l'Homme avec une faible réceptivité individuelle de l'Homme vis-à-vis de ce virus.

Au cours des deux dernières décennies, la lignée H5N1 s'est diversifiée en de multiples sous-lignées et a connu de multiples réassortiments qui ont entraîné des altérations génétiques majeures du virus, tout en conservant généralement le sous-type initial de neuraminidase N1.

Au cours de la période 2013-2015, une sous-lignée d'IAHP H5N1, dénommée clade 2.3.4.4, détectée pour la première fois en Chine en 2008, s'est répandue de manière explosive chez des oiseaux dans la majeure partie du monde. Cette sous-lignée de virus a connu de multiples réassortiments aboutissant à des virus IAHP H5 chez lesquels la neuraminidase N1 a été remplacée par d'autres sous-types, dont N2, N3, N5, N6 et N8, générant de multiples virus dénommés H5Nx, c'est à dire des virus H5 du clade 2.3.4.4 incluant une neuraminidase autre que N1. Au cours de cette période 2013-2015, ces virus H5Nx se sont diffusés de manière panzootique à partir de la Chine, les virus H5N6 étant prédominants en Asie, tandis que les virus H5N8 se répandaient sous différentes sous-lignées vers l'ouest en Europe et vers l'est en Amérique du Nord. En Amérique du Nord, ce virus H5N8 s'est réassorti en virus H5N1 et H5N2, se diffusant début 2015 dans 21 états des États-Unis d'Amérique et entraînant la destruction de plus de 50 millions de volailles et la perte de 5 milliards de dollars. Environ six mois après, ces virus disparaissaient d'Amérique du Nord et rétrocédaient considérablement en Europe. En revanche, en Chine méridionale, le virus H5N6 s'était si largement diffusé dans les populations de canards qu'il avait remplacé le virus H5N1 pour devenir le virus dominant.

Au cours de l'été 2016, des virus H5N8 du clade 2.3.4.4 étaient à l'origine d'une nouvelle panzootie explosive, suivant les voies migratoires depuis la Mongolie et de manière distincte vers l'Europe et l'Afrique du Nord, le Moyen-Orient et l'Inde. Au même moment, des virus H5N6 du clade 2.3.4.4 continuaient à se diffuser dans toute l'Asie, faisant craindre la résurgence de vagues épizootiques en Amérique du Nord. Contrairement à la vague panzootique de 2014-2015, où la mortalité était faible dans l'avifaune comme c'est en général la règle pour des virus IAHP adaptés aux volailles, la panzootie en cours en 2016 en Europe, Afrique, Moyen-Orient et Inde a entraîné une mortalité marquée chez les palmipèdes d'élevage, ainsi que chez un grand nombre d'espèces de l'avifaune.

De manière historique, on considère que les virus IAHP se diffusent au sein des élevages industriels de volailles par les mouvements de volailles infectées, les échanges de matériel et de personnes, et les contacts entre élevages infectés et élevages sains. Cependant, la diffusion massive de ces nouveaux virus IAHP H5Nx le long des couloirs migratoires après les périodes de couvain et de mue témoigne d'un rôle majeur des oiseaux migrateurs lors des deux dernières panzooties. Même si les bases génétiques de cette diffusion explosive ne sont pas connues à ce jour, on peut faire l'hypothèse que ces nouveaux virus H5Nx seraient davantage transmissibles et stables à la fois dans l'environnement et dans l'avifaune au cours de ces grandes migrations.

Description de l'épisode d'influenza aviaire hautement pathogène en France en 2016-2017

Anne Bronner (1)*, Eric Niqueux (2), Audrey Schmitz (2), Sophie Le Bouquin (3), Adeline Huneau-Salaün (3), Claire Guinat (4), Mathilde Paul (4), Aurélie Courcoul (5), Benoît Durand (5)

Auteur correspondant : anne.bronner@agriculture.gouv.fr

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

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

(3) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité d'épidémiologie et bien-être en aviculture et cuniculture, Ploufragan, France

(4) École nationale vétérinaire de Toulouse, Toulouse, France

(5) Anses, Laboratoire de santé animale, Unité Épidémiologie, Maisons-Alfort, France

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

Résumé

La France a été confrontée à une épizootie sans précédent au cours de l'hiver 2016-2017, due à un virus influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N8, introduit en Europe par des oiseaux sauvages migrateurs. Au total, 484 foyers d'IAHP H5N8 ont été détectés en élevage, 52 cas dans l'avifaune libre et trois dans l'avifaune captive. Les foyers ont principalement concerné des élevages de palmipèdes (80 % des 484 foyers), en particulier des élevages d'animaux prêt-à-gaver (76 % des foyers détectés en élevage de palmipèdes ont une activité de prêt-à-gaver). La diffusion entre élevages s'est faite majoritairement de proche en proche. Le pic de l'épizootie a été observé au cours du mois de février, après la survenue de foyers sur des distances de plusieurs dizaines de kilomètres par rapport aux foyers précédemment détectés, en zone à forte densité d'élevages dans le département des Landes. La propagation de l'infection est apparue principalement liée aux mouvements d'animaux, de véhicules ou de personnels entre les élevages. Le rôle de la diffusion aéroportée ou de l'avifaune, qui, selon les avis de l'Anses, serait moindre, n'est toutefois pas quantifié à ce stade.

Mots-clés

IAHP, H5N8, volailles

Abstract

Description of the Highly Pathogenic Avian Influenza episode, France 2016-2017

France faced an unprecedented epidemic in 2016-2017 due to the highly pathogenic avian influenza virus H5N8 introduced into Europe through migratory wild birds. A total of 484 outbreaks were detected on poultry farms, 52 cases in free wild birds and three in captive wild birds. The outbreaks were especially recorded on web-footed bird farms (80% of the outbreaks), and among them, mainly in pre-force-feeding farms (76% of outbreaks detected on web-footed bird farms). The disease spread mostly over short distances. The number of outbreaks was highest in February 2017, following the spread of the infection over long distances, with some outbreaks detected in a high-density area of farms in the Landes département. From November 2016 to March 2017, the spread of infection appeared to be related mainly to movements of animals, vehicles or personnel between farms. According to the ANSES opinions, airborne transmission and wild birds appear to have played a smaller role, although their influence has not been quantified to date.

Keywords

HPAI, H5N8, Poultry

L'influenza aviaire (IA) touche les oiseaux sauvages et domestiques, chez lesquels elle peut entraîner une mortalité extrêmement élevée. Dans certains cas, les virus de l'IA peuvent s'adapter aux mammifères et conduire à l'émergence sporadique de cas humains. Du fait de son importance économique et de son potentiel zoonotique, l'influenza aviaire fait l'objet de mesures réglementées aux niveaux national et international.

Les virus IA sont classés en sous-types en fonction de deux antigènes de surface, l'hémagglutinine (il en existe 16 sous-types) et la neuraminidase (il en existe neuf sous-types), sous l'appellation HxNy. Ils se présentent sous deux formes, faiblement pathogènes (FP) ou hautement pathogènes (HP) pour les sous-types H5 et H7. Certains virus faiblement pathogènes, H5 ou H7, peuvent muter et devenir hautement pathogènes. Les signes cliniques observés chez les oiseaux dépendent de la virulence des souches (les virus FP circulant généralement de manière asymptomatique) et des espèces d'oiseaux (les galliformes sont très sensibles, contrairement aux palmipèdes, chez lesquels l'infection circule habituellement de manière asymptomatique). Les oiseaux aquatiques sauvages appartenant notamment à l'ordre des Anseriformes (canards, oies, cygnes) constituent le réservoir « naturel » de ces virus et peuvent diffuser l'infection sur de grandes distances lors de migrations.

Des épisodes d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) sont régulièrement rapportés au niveau mondial. En 2015-2016, la France a fait face à un premier épisode notable d'IAHP, avec 81 foyers⁽¹⁾ détectés en élevage dans le Sud-Ouest du pays entre novembre 2015 et août 2016, dus à des virus HP H5N1, H5N2 et H5N9, circulant à

bas bruit dans les élevages de palmipèdes. Cet épisode serait lié à la mutation début 2014 sous forme HP de virus H5 IAFP circulant chez les palmipèdes depuis plusieurs années (LeBouquin et al., 2016; Briand et al., 2017). La situation sanitaire a conduit début 2016 à la mise en place d'un dépeuplement progressif et d'un vide sanitaire coordonnés dans les élevages de palmipèdes de dix-sept départements du Sud-Ouest. Les exigences de biosécurité dans les élevages de volailles ont par ailleurs été renforcées⁽²⁾.

Entre novembre 2016 et mars 2017, la France a fait face à un nouvel épisode d'IAHP, dû au virus H5N8 HP de lignée A/Gs/Gd/1/96 clade 2.3.4.4, véhiculé par les oiseaux migrateurs en provenance d'Asie. L'objectif de cet article est de présenter de manière synthétique les différentes actions de surveillance et de contrôle mises en place suite à la découverte d'un premier cas d'IAHP H5N8 dans l'avifaune captive en France le 25 novembre 2016 dans le Pas-de-Calais, les résultats de cette surveillance et l'interprétation qui peut en être faite à ce stade.

Mesures de prévention, surveillance et lutte mises en place (Figure 1)

Niveau de risque lié à l'avifaune et mesures de prévention mises en place en élevage

Au-delà des mesures générales de biosécurité devant être mises en place dans les élevages⁽²⁾, les mesures de prévention de la contamination des élevages ont été renforcées vis-à-vis du risque lié à l'avifaune.

(1) Un foyer est défini comme un élevage infecté. Un cas concerne la découverte d'oiseaux sauvages, libres ou captifs (tels que les appelants).

(2) Arrêté du 8 février 2016 relatif aux mesures de biosécurité applicables dans les exploitations de volailles et d'autres oiseaux captifs dans le cadre de la prévention contre l'influenza aviaire.

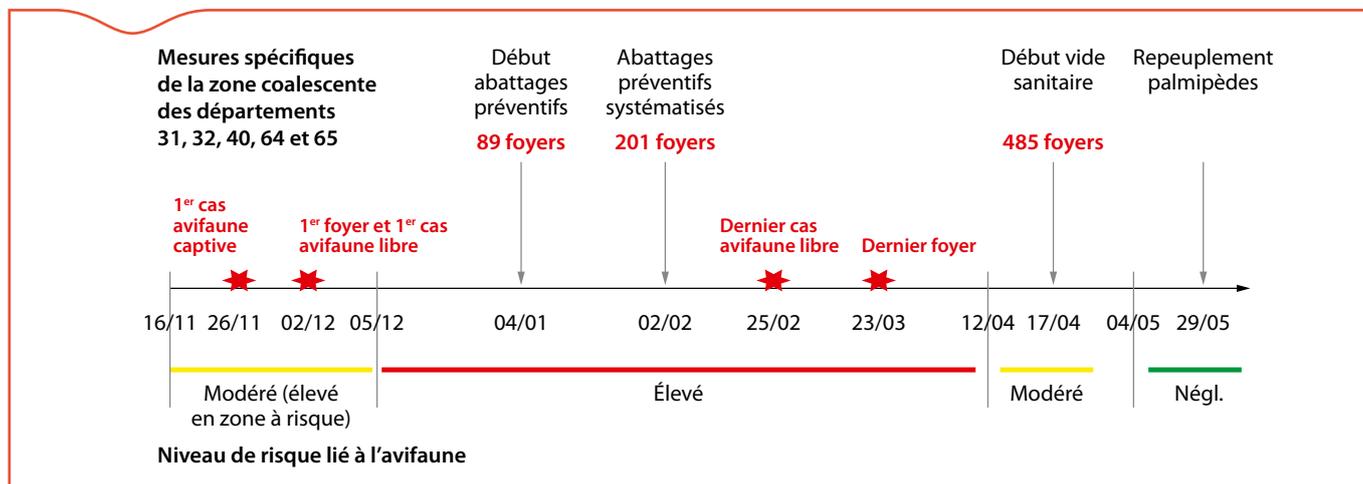


Figure 1. Chronologie des principales mesures mises en place entre le 16 novembre 2016 et le 29 mai 2017
Négl.: négligeable. Les nombres indiqués en rouge correspondent à des incidences cumulées pour les élevages de volailles (nombre de foyers)

Au 16 novembre 2016, suite à la déclaration de cas d'IAHP H5N8 dans l'avifaune en Suisse et en Allemagne, le niveau de risque lié à la circulation d'IAHP dans l'avifaune est passé de « négligeable » à « modéré » sur l'ensemble du territoire, à l'exception des zones à risque particulier pour lesquelles le niveau de risque a été qualifié d' « élevé »⁽³⁾. Cette modification du niveau de risque a conduit: i) à la claustration des volailles dans les zones à risque élevé (sans dérogation possible pour les élevages non commerciaux), ii) à des restrictions relatives à la tenue de rassemblements d'oiseaux et aux mouvements de gibier à plumes et appelants, et iii) au renforcement de la surveillance événementielle dans l'avifaune (voir article d'Anne Van de Wiele et al. dans ce même numéro).

Au 5 décembre 2016, suite à la détection de cas d'IAHP H5N8 sur le territoire national et compte tenu de la situation fortement évolutive au niveau européen, le niveau de risque est passé à « élevé » sur l'ensemble du territoire métropolitain⁽⁴⁾. Au-delà du renforcement des mesures mises en place depuis le 16 novembre 2016 et étendues sur l'ensemble du territoire, l'ONCFS a mis en place une surveillance programmée dans dix zones les plus fréquentées par les oiseaux d'eau migrateurs.

Après plus d'un mois sans détection de nouveaux cas dans l'avifaune et compte tenu de la fin de la période de migration des oiseaux d'eau dans le sens sud-nord, le niveau de risque lié à la circulation d'IA dans l'avifaune est redevenu sur l'ensemble du territoire national « modéré » au 12 avril 2017⁽⁵⁾, puis « négligeable » au 4 mai 2017⁽⁶⁾.

Mesures de lutte en élevage

Mesures systématiques

Dès la découverte d'un foyer d'IAHP en élevage, les mesures suivantes ont été appliquées⁽⁷⁾: dépeuplement et assainissement du foyer, mise en place d'une zone de protection (ZP) dans un rayon de 3 km, et d'une zone de surveillance (ZS) dans un rayon de 10 km.

Au cours de cet épisode 2016-2017, la notion de « stabilisation » d'une zone réglementée a par ailleurs été définie: il s'agissait d'une zone de protection ou de surveillance au sein de laquelle aucun nouveau foyer n'avait été détecté depuis au moins quinze jours (quel que soit le mode de détection, événementielle ou programmée), permettant par la suite

d'alléger les conditions de dérogation à l'interdiction de mouvements des volailles domestiques.

Mesures renforcées dans les départements 31, 32, 40, 64 et 65

À partir du 4 janvier 2017, des mesures d'abattage préventif ont été mises en place autour des foyers, par décision du ministre chargé de l'Agriculture⁽⁸⁾. L'abattage ciblait les élevages de palmipèdes élevés en plein-air, et s'est fait à l'abattoir. À partir du 2 février 2017, ces mesures d'abattage préventif ont été systématisées autour des foyers, suite à l'avis de l'Anses 2017-SA-0011⁽⁹⁾: en cas de découverte d'un foyer, tous les élevages de volailles ont fait l'objet d'un abattage dans un rayon de 1 km, et les élevages de palmipèdes prêt-à-gaver (PAG) ont fait l'objet d'un abattage dans un rayon de 3 km (en cas d'un seul foyer) ou de 10 km (en cas de plusieurs foyers). L'abattage préventif avait pour objectif de diminuer rapidement la pression d'infection et stopper la propagation virale, que les mesures de gestion classiques ne permettaient pas de réduire suffisamment compte tenu de la forte densité d'élevages, des niveaux d'excrétion élevés, et de la difficulté à mettre en place des mesures préventives efficaces dans la filière.

Le dernier foyer en élevage a été détecté le 23 mars 2017 (et notifié officiellement le 28 mars). À compter du 17 avril 2017, un vide sanitaire a été organisé dans la zone coalescente réglementée couvrant les départements du Gers, de Haute-Garonne, des Landes, des Pyrénées-Atlantiques et des Hautes-Pyrénées⁽¹⁰⁾, jusqu'au 28 mai 2017. Les palmipèdes ont pu être remis en place à compter du 29 mai 2017 sous réserve du respect de mesures de biosécurité et de surveillance. Ces cinq départements concentraient 95 % (n=459) des foyers en élevage.

Modalités de surveillance en élevage

La surveillance en élevage repose tout au long de l'année sur une surveillance événementielle, basée sur la déclaration obligatoire de toute suspicion clinique d'IAHP, et une enquête sérologique reconduite chaque année selon un cadre européen.

D'autres mesures de surveillance programmée ont été mises en place dans le contexte de l'épisode 2016-2017:

- une surveillance réalisée avant la levée des ZP (avec visite clinique de l'ensemble des élevages commerciaux et non-commerciaux et, dans les élevages de palmipèdes, dépistage virologique de l'infection sur 20 oiseaux) et des ZS (avec visite clinique des élevages commerciaux de palmipèdes et d'une partie des élevages de galliformes, à raison

(3) Arrêté ministériel du 16 novembre 2016 qualifiant le niveau de risque en matière d'influenza aviaire hautement pathogène et note de service DGAL/SDSPA/2016-889 du 18/11/2016.

(4) Arrêté ministériel du 5 décembre 2016 qualifiant le niveau de risque en matière d'influenza aviaire hautement pathogène et note de service DGAL/SDSPA/2016-934 du 07/12/2016.

(5) Arrêté du 12 avril 2017 qualifiant le niveau de risque en matière d'influenza aviaire hautement pathogène.

(6) Arrêté du 4 mai 2017 qualifiant le niveau de risque en matière d'influenza aviaire hautement pathogène.

(7) Arrêté du 18 janvier 2008 fixant des mesures techniques et administratives relatives à la lutte contre l'influenza aviaire

(8) Arrêté du 4 janvier 2017 relatif aux mesures complémentaires techniques et financières pour la maîtrise de l'épizootie d'influenza aviaire due au virus H5N8 dans certains départements et note de service DGAL/SDSPA/2017-19 du 04/01/2017.

(9) Note de service DGAL/SASPP/2017-142 du 16/02/2017.

(10) Arrêté du 31 mars 2017 déterminant des dispositions de prévention, de surveillance et lutte complémentaires contre l'influenza aviaire hautement pathogène dans certaines parties du territoire.

Tableau 1. Répartition de l'ensemble des foyers par département et types d'oiseaux concernés

Département	Élevage domestique	Avifaune captive	Avifaune libre
01			24
12	2		
31	1		
32	96		7
40	286		4
44			1
47	13		3
50			1
62		1	
64	52		3
65	24		1
67			1
68		1	
69		1	
74			2
79	3		
81	8		2
88			3
Total	485	3	52

Tableau 2. Distribution des foyers en élevage de palmipèdes selon leur type de production lorsque celui-ci est connu précisément
Un élevage est défini par un numéro unique de Siret.

	Nombre d'élevages (proportion en %)
Élevages de PAG et de gavage	155 (41)
Élevages de PAG	131 (34)
Élevages de gavage	78 (21)
Élevages de palmipèdes reproducteurs seul	9 (2)
Élevages de palmipèdes reproducteurs + PAG	3 (1)
Élevages de palmipèdes reproducteurs + gavage	3 (1)
Élevages de palmipèdes reproducteurs +PAG + gavage	1
Total	380

d'un élevage sélectionné tous les 9 km², et dépistage sérologique et virologique dans ces élevages de galliformes ou de palmipèdes sur 20 oiseaux),

- le dépistage des animaux avant tout mouvement à partir des zones réglementées (ces mouvements se faisant sous laissez-passer sanitaire),
- le dépistage des animaux faisant l'objet d'un abattage préventif à l'abattoir, avec un dépistage virologique à raison de 60 écouvillons cloacaux par élevage et journée d'abattage,
- le dépistage dans les élevages ayant fait l'objet d'une dérogation au vide sanitaire dans la grande zone coalescente des départements du Gers, de Haute-Garonne, des Landes, des Pyrénées-Atlantiques et des Hautes-Pyrénées, entre le 17 avril et le 28 mai, et au moment des premières remises en place dans cette zone à compter du 29 mai après le vide sanitaire imposé dans la zone.

Résultats de la surveillance

Au total, entre le 25 novembre 2016 et le 28 mars 2017, 485 foyers d'IAHP ont été détectés en élevage (dont 348 dus au virus H5N8 HP, 136 dus à un virus H5 HP apparenté au virus H5N8 HP mais pour lequel la neuraminidase n'a pas pu être identifiée, et un foyer lié à un virus H5N1 HP, fortement apparenté à la souche ayant circulé en 2015-2016), de trois cas d'IAHP détectés dans l'avifaune captive (sur des canards ou des oies) et de 52 cas d'IAHP détectés dans l'avifaune libre (dont 33 dus au virus H5N8 HP et 19 à un virus H5 HP apparenté au virus H5N8 HP mais pour lequel la neuraminidase n'a pas pu être identifiée).

Le premier cas dans l'avifaune captive a été détecté le 25 novembre (dans le Pas-de-Calais), le premier foyer en élevage l'a été le 28 novembre (dans le Tarn) et le premier cas dans l'avifaune libre le 2 décembre (en Haute-Savoie) (Figure 1). Au 4 janvier, 89 foyers avaient été confirmés en élevage, cinq dans l'avifaune libre et un dans l'avifaune captive. Au 2 février, ces chiffres étaient respectivement de 201, dix-sept et un (Figure 1).

Départements atteints

Les foyers en élevage se sont concentrés dans neuf départements issus de deux régions : Nouvelle Aquitaine (Deux Sèvres, Landes, Pyrénées-Atlantiques), Occitanie (Aveyron, Gers, Haute-Garonne, Hautes-Pyrénées, Lot-et-Garonne, Tarn). Les cas d'IAHP dans l'avifaune libre ont été détectés dans douze départements. Les départements du Gers, des Landes, du Lot-et-Garonne, des Pyrénées-Atlantiques, des Hautes-Pyrénées du Tarn ont présenté des foyers en élevage et dans l'avifaune, soit deux tiers (6/9) des départements ayant présenté des foyers en élevage, et la moitié (6/12) des départements ayant présenté des cas dans l'avifaune (Tableau 1). Ainsi, l'Ain, ayant recensé 24 cas dans l'avifaune, n'a présenté aucun foyer en élevage domestique.

Types de production

Les foyers d'IAHP déclarés en élevage concernaient pour 80,0 % (387/485) d'entre eux des élevages de palmipèdes, 12,2 % (59/485) des élevages de galliformes, et 5,6 % (27/485) des élevages multi-espèces. Pour 12 foyers (2,5 %, 12/485), l'information relative à l'espèce n'était pas disponible au moment de l'analyse des données.

Le type de production a pu être identifié précisément pour 380 foyers de palmipèdes (Tableau 2). Parmi ces élevages, 96 % (364/380) détiennent des palmipèdes à l'étage de production, 2 % (9/380) des palmipèdes à l'étage de reproduction et 2 % (7/380) des palmipèdes à l'étage de production et de reproduction. La majorité des foyers avait une activité de PAG, en plein-air (76 %, 290/380), et 62 % des foyers détenaient au moins une salle de gavage (n=236). Certains foyers détectés dans des élevages de reproduction de palmipèdes avaient également une activité de production, ce qui peut constituer un risque particulier d'infection de l'étage de reproduction.

Variations temporelles du nombre de foyers

Entre le 28 novembre 2016 et le 23 mars 2017, dates de déclaration de la première et de la dernière suspicion clinique d'un foyer d'IAHP en élevage, l'incidence hebdomadaire moyenne du nombre de foyers en élevage a été de 28 foyers, avec toutefois des variations fortes, entre un minimum de six foyers détectés la semaine du 13 mars et un maximum de 76 foyers détectés la semaine du 6 février (Figure 2).

Entre le 2 décembre 2016 et le 25 février 2017, dates de découverte du premier et dernier cas d'IAHP dans l'avifaune libre, l'incidence hebdomadaire moyenne du nombre de cas dans l'avifaune a été de quatre cas, variant entre zéro cas détectés les semaines du 26 décembre et 2 janvier, et un maximum de onze cas la semaine du 11 février. Les trois cas détectés dans l'avifaune captive l'ont été les semaines du 28 novembre, 13 février et 28 février (Moisson et al, 2017).

Modalités de détection

Parmi les 485 foyers déclarés en élevage, 55 % (267/485) sont issus de la surveillance programmée, principalement détectés lors du dépistage des animaux lors de l'abattage préventif (28,7 %, 139/485) et avant mouvement des animaux à partir des zones réglementées (18,6 %, 90/485); 45 % des foyers ont été détectés par la surveillance événementielle.

La part de la surveillance événementielle dans la détection de foyers a varié en fonction des espèces : elle a permis de détecter 93 % des foyers en élevage de galliformes (55/59), contre 37 % des foyers dans les élevages de palmipèdes (142/387).

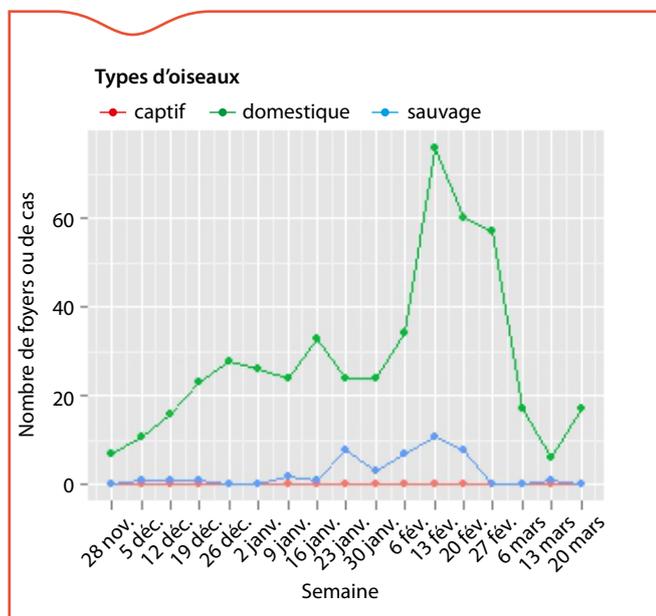


Figure 2. Évolution hebdomadaire de l'incidence des foyers d'IAHP en élevage et des cas dans l'avifaune captive ou libre. La date retenue est la date de déclaration de la suspicion du foyer ou du cas

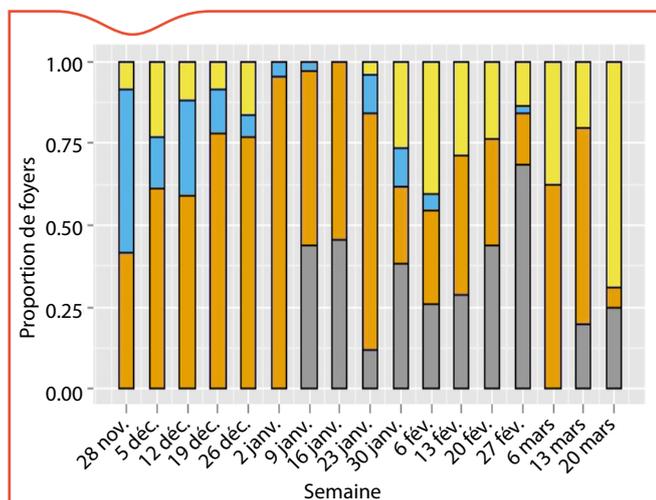


Figure 3. Évolution hebdomadaire de la proportion de foyers IAHP détectés en élevage selon les modalités de surveillance. En gris : abattage préventif, orange : surveillance événementielle, bleu : lien épidémiologique, jaune : surveillance en zone réglementée. La date retenue est la date de déclaration de la suspicion du foyer

Cette proportion d'élevages détectés par la surveillance événementielle a également varié au fil du temps, entre 6 % (la semaine du 20 mars) et 95 % (la semaine du 26 décembre, Figure 3). La proportion d'élevages détectés dans le cadre des abattages préventifs a varié entre 0 % (les semaines précédant la semaine du 2 janvier, début des abattages préventifs, et la semaine du 6 mars) et 68 % (la semaine du 27 février). Ainsi, une majorité de foyers a été détectée en début d'épizootie par la surveillance événementielle et les enquêtes épidémiologiques. La surveillance via les abattages préventifs, dès lors qu'elle a été mise en place, et la surveillance en zone réglementée, ont permis de détecter une proportion significative de foyers à partir de janvier, aux côtés de la surveillance événementielle qui, elle, s'est maintenue.

Discussion

Entre novembre 2016 et mars 2017, la France a fait face à une épizootie d'IAHP sans précédent. La quasi-totalité des pays européens a été touchée, mais la France est celui qui a été le plus fortement impacté en élevage.

Les premiers cas dans l'avifaune captive et en élevage ont été détectés grâce à la vigilance clinique des éleveurs, des chasseurs et des vétérinaires. L'importance de cette surveillance événementielle dans la détection des cas et des foyers est restée cruciale tout au long de l'épisode. Elle a toutefois été complétée par d'autres modalités de surveillance en élevage, indispensables également, qui ont permis d'identifier des foyers soit infectés pré-symptomatiques, infectés asymptomatiques, ou infectés symptomatiques mais sans que les signes cliniques aient conduits à la déclaration d'une suspicion. Les données disponibles ne permettent pas de faire la part entre ces différentes situations.

Il est intéressant de noter que l'augmentation du nombre de cas dans l'avifaune, la semaine du 23 janvier, fait suite à l'augmentation du nombre de foyers détectés en élevage la semaine précédente : ces déclarations portent sur les mêmes départements (Gers, Landes et Pyrénées-Atlantiques) et il est possible qu'elles soient liées à une augmentation de la sensibilisation des observateurs de terrain (chasseurs, promeneurs, éleveurs...) vis-à-vis du risque lié à l'avifaune et/ou à une augmentation effective du nombre de cas dans l'avifaune, suite à sa contamination par les élevages infectés de la zone. À l'inverse, les augmentations concomitantes du nombre de foyers et de cas la semaine du 13 février sont deux phénomènes distincts, l'augmentation du nombre de foyers concernant principalement le département des Landes (n=62 foyers déclarés cette semaine), alors que l'augmentation du nombre de cas dans l'avifaune libre concernait l'Ain en majorité (n=10).

L'épisode a touché principalement les élevages de palmipèdes et en particulier les élevages détenant des PAG. Le pic de l'épizootie a été atteint au cours du mois de février avec un total de 211 foyers ayant fait l'objet d'une déclaration de suspicion au cours de ce mois, dans les départements des Landes (n=182), des Pyrénées-Atlantiques (n=13), du Gers (n=8), du Lot-et-Garonne (n=5) et des Hautes-Pyrénées (n=3). La première semaine de février est celle au cours de laquelle sept foyers ont été détectés à plus de 10 km d'un précédent foyer (Bronner et al., 2017), alors que la transmission se faisait principalement de proche en proche lors des précédentes semaines ; ces élevages étaient situés en zone de Haute Chalosse, à forte densité de volailles. Au cours de cette même semaine, le taux d'attaque (ou proportion d'élevages infectés autour d'un nouveau foyer, calculé dans un rayon de 1 à 10 km) a augmenté par rapport aux semaines précédentes. Des rassemblements d'éleveurs ont eu lieu dans plusieurs élevages des Landes au cours de la dernière semaine de janvier, et il est possible qu'ils aient contribué à la diffusion de l'épizootie, sans toutefois que leur rôle puisse être quantifié à ce stade. Le rôle de la tempête, survenue le 3 février dans ce même département, sur la survenue de foyers après la première semaine de février, ne peut être exclu, sachant que d'autres facteurs ont certainement joué également un rôle (mouvements de personnes, véhicules, animaux, etc.).

L'avifaune et la diffusion aéroportée ont été évoquées à plusieurs reprises par les acteurs de terrain comme de potentiels facteurs de risque d'introduction de la maladie et de diffusion de l'épizootie (transport passif de particules virales, rôle éventuel de la tempête survenue le 3 février dans les Landes), notamment à l'occasion d'enquêtes épidémiologiques ponctuelles au cours desquelles aucun facteur de contamination n'apparaissait évident. Cependant, de par leur méthodologie, les enquêtes épidémiologiques ne permettent que très rarement d'identifier la cause d'apparition d'un foyer, et d'autant moins pour des facteurs difficilement objectivables que sont les contacts directs ou indirects avec l'avifaune et la transmission aéroportée.

En l'état actuel des connaissances, il est impossible de quantifier la part de ces deux facteurs dans la propagation de l'épizootie. Le fait que des cas aient été détectés dans l'avifaune dans des départements ne faisant l'objet d'aucun foyer en élevage (cas notable de la Dombes), et que les élevages de galliformes soient moins touchés que les élevages de palmipèdes semble conforter à ce stade l'hypothèse selon laquelle les principaux facteurs de diffusion sont liés aux mouvements d'animaux, de véhicules et de personnes, nettement plus intenses au sein de la

filière palmipèdes gras qu'au sein de la filière *Gallus* (notamment en raison d'une segmentation des étapes d'élevage plus importante au sein de la filière palmipèdes gras). Toutefois, l'hypothèse selon laquelle les galliformes seraient moins réceptifs que les palmipèdes à une infection par ce virus IAHP pourrait expliquer une partie de ces différences (Bertran et al., 2016; Pantin-Jackwood et al., 2016).

Ainsi, comme le soulignent également les avis de l'Anses n°2017-SA-0026, n°2017-Sa-0028 et n°2017-Sa-0032, l'avifaune et la diffusion aéroportée semblent avoir joué un rôle « non prépondérant » dans l'épisode en cours. En revanche, les mouvements d'animaux, personnes et véhicules internes à la filière de palmipèdes apparaissent jouer un rôle prépondérant dans la diffusion de l'infection. La propagation de l'infection est par ailleurs favorisée par les conditions climatiques, propices à un maintien du virus dans l'environnement, et ce d'autant plus que les charges virales excrétées par les animaux apparaissent élevées. Bien que leur mode d'élevage comporte un accès des animaux à des parcours extérieurs, le nombre de foyers détectés dans des élevages de PAG serait, selon l'Anses, bien plus attribuable à un moindre respect des mesures de biosécurité vis-à-vis du risque de transmission inter-élevages par rapport aux autres élevages en claustration, qu'à un risque spécifique de ces élevages vis-à-vis de l'introduction directe du virus par l'avifaune (non considéré comme prédominant), ou de la diffusion par voisinage (dont l'importance est jugée faible mais non qualifiée précisément par les experts).

Ces résultats descriptifs sont fondés sur les données disponibles et analysées fin mai 2017 et leur interprétation est bien évidemment susceptible d'évoluer, notamment avec des données plus précises sur les facteurs pouvant influencer la proportion d'élevages infectés, qui, au-delà de la taille des élevages, peuvent porter sur la densité d'élevages, l'effet du dépeuplement, la présence d'élevages vides, la mise en place de restrictions de mouvements dans un rayon de 10 km, etc. Des études complémentaires d'épidémiologie analytique seront par ailleurs nécessaires afin d'objectiver et de quantifier l'effet des différents facteurs dans la diffusion de l'infection, qu'il s'agisse de la diffusion aéroportée ou de l'avifaune (complexes à étudier) ou de l'effet du dépeuplement sur la maîtrise de l'infection. D'autres études complémentaires sont également envisagées afin de mieux comprendre le lien éventuel entre la contamination des élevages de palmipèdes et celles des élevages de galliformes, ce lien ne semblant pas être évident au vu des premières analyses descriptives à l'échelle de la commune.

En conclusion, cette crise sans précédent a eu des impacts économiques notables pour la filière et l'État. La situation sanitaire a été fortement évolutive entre fin novembre 2016 et mars 2017, et les mesures de prévention, de surveillance et de lutte ont dû être adaptées continuellement. Ainsi, les analyses des résultats de la surveillance ont souligné une contamination de proche en proche majoritaire et conforté la décision d'un abattage préventif autour des foyers nouvellement détectés. La diffusion sur de plus grandes distances a toutefois conduit à l'extension de l'épizootie de manière notable.

Cette crise a montré que l'organisation de la filière palmipèdes, les interventions humaines et les mouvements entre élevages jouent un rôle majeur dans la diffusion des virus d'IA. La filière avicole et les pouvoirs publics se sont engagés à faire évoluer les modèles de

prévention et de lutte contre les épizooties afin d'éviter qu'une telle crise ne se reproduise, dans le cadre d'un *Pacte de lutte contre l'Influenza aviaire et de relance de la filière foie gras* signé le 13 avril (<http://agriculture.gouv.fr/le-pacte-de-lutte-contre-linfluenza-aviaire-et-de-relance-de-la-filiere-foie-gras>).

Le renforcement des mesures de prévention (biosécurité) et de surveillance implique l'ensemble des acteurs, à tous les étages de la filière (éleveurs, transporteurs, intervenants en élevage). Seule la surveillance événementielle est à même d'assurer une couverture théorique de l'ensemble des élevages, et une détection précoce. Mais compte tenu de ses limites (sous-déclaration, portage asymptomatique), cette surveillance événementielle doit être complétée par une surveillance programmée renforcée. L'arrêté du 10 juillet 2017, d'application au 1^{er} septembre 2017, a ainsi renforcé les mesures de biosécurité mais également de dépistage. Ainsi, lorsque le risque d'IAHP est avéré du fait de la circulation au sein de l'avifaune sauvage ou de la circulation actuelle ou récente du virus en élevage, des dépistages virologiques devront être effectués sous la responsabilité du détenteur de palmipèdes élevés en plein air avant certains mouvements à destination d'autres élevages afin de prévenir le risque de propagation d'une infection non détectée. Les élevages de reproducteurs de palmipèdes devront faire l'objet d'une surveillance régulière.

Références bibliographiques

- Bertran, K., Swayne, D.E., Pantin-Jackwood, M.J., Kapczynski, D.R., Spackman, E., Suarez, D.L.: Lack of chicken adaptation of newly emergent Eurasian H5N8 and reassortant H5N2 high pathogenicity avian influenza viruses in the U.S. is consistent with restricted poultry outbreaks in the Pacific flyway during 2014-2015 (2016) *Virology*, 494, 190-197.
- Briand F, Schmitz A, Ogor K, Le Prioux A, Guillou-Cloarec C, Guillemoto C, Allée C, Le Bras M, Hirchaud E, Quenault H, Touzain F, Cherbonnel-Pansart M, Lemaitre E, Courtillon C, Gares H, Daniel P, Fediaevsky A, Massin P, Blanchard Y, Eterradossi N, van der Werf S, Jestin V, Niqueux E.: Emerging highly pathogenic H5 avian influenza viruses in France during winter 2015/16: phylogenetic analyses and markers for zoonotic potential. *Euro Surveillance* (2017), 22(9):pii=30473. DOI: <http://dx.doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.9.30473>.
- Bronner A., Moisson M-C., Calavas D., Hendriks P., Paul M., Guinat C., Jabert P., Gerbier G., Saussac M., Durand B., Courcoul A.: Influenza aviaire hautement pathogène en France en lien avec le virus H5N8: premiers éléments d'interprétation épidémiologique-clinique. <https://plateforme-esa.fr/article/influenza-aviaire-hautement-pathogene-en-france-en-lien-avec-le-virus-h5n8-premiers-elements>.
- Le Bouquin S. Huneau-Salaün A., Hamon A., Moisson MC., Scoizec A., Niqueux E., Schmitz A., Briand F-X., Van de Wiele A., Bronner A.: L'épisode d'influenza aviaire en France en 2015-2016 – Situation épidémiologique au 30 juin 2016 (2016) *Bull. Epid.Santé Anim. Alim.* 75. 2-8.
- Moisson M-C., Bronner A., Van de Wiele A., Humeau A., Hendriks P., Le Bouquin-Leneveu S., Scoizec A., Huneau-Salaün A.: Situation de l'influenza aviaire en France au 06/03/2017 (20h00). <https://plateforme-esa.fr/article/situation-de-l-influenza-aviaire-en-france-au-06032017-20h00>.
- Pantin-Jackwood, M.J., Costa-Hurtado, M., Shepherd, E., DeJesus, E., Smith, D., Spackman, E., Kapczynski, D.R., Suarez, D.L., Stallknecht, D.E., Swayne, D.E.: Pathogenicity and transmission of H5 and H7 highly pathogenic avian influenza viruses in mallards (2016) *J Virol*, 90 (21), 9967-9982.

Dynamique de propagation du **virus influenza aviaire hautement pathogène (IAHP)** sous-type H5 (clade 2.3.4.4) chez les volailles domestiques en France 2016-2017

Claire Guinat (1), Gaëlle Nicolas (2), Timothée Vergne (3), Anne Bronner (4)*, Benoît Durand (5), Aurélie Courcoul (5), Marius Gilbert (2,6), Jean-Luc Guérin (1), Mathilde Paul (1)

Auteur correspondant: c.guinat@envt.fr

(1) École nationale vétérinaire de Toulouse, Inra, UMR 1225 IHAP, Toulouse, France

(2) Université libre de Bruxelles, Spatial Epidemiology Lab., Brussels, Belgium

(3) Institut de recherche pour le développement, UMR MIVEGEC, Montpellier, France

(4) Direction générale de l'alimentation, Paris, France

(5) Université Paris-Est, Anses, Maisons-Alfort, France

(6) Fonds national de la recherche scientifique, Bruxelles, Belgique

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

Résumé

Le virus de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N8 a émergé en novembre 2016 en France et représente un problème majeur dans le domaine de la santé animale et de la filière volaille. Dans cette étude, nous avons examiné la répartition spatio-temporelle des foyers IAHP-H5N8 survenus en France dans les élevages domestiques entre novembre 2016 et mars 2017. Les résultats montrent la présence d'interactions spatio-temporelles entre les foyers présents au début de l'épizootie dans une fenêtre de 8 km et 13 jours. La vitesse de propagation du front d'invasion a été estimée à une moyenne de 5,5 km par semaine, augmentant à partir de début février 2017. Les résultats de cette étude suggèrent une diffusion de la maladie de proche en proche de novembre 2016 à fin janvier 2017, suivie par une propagation sur de plus grandes distances à partir de février 2017.

Mots-clés

Influenza aviaire hautement pathogène, volailles, agrégats spatio-temporels, vitesse de diffusion, épidémiologie spatiale

Abstract

Dynamics of the spread of highly pathogenic avian influenza virus subtype H5 (clade 2.3.4.4) in domestic poultry in France in 2016-2017

Since November 2016, there have been several outbreaks of highly pathogenic avian influenza (HPAI) caused by virus subtype H5N8 in France, resulting in severe socio-economic consequences for the poultry sector. In this study, we investigated the spatial and temporal distribution of the HPAI-H5N8 outbreaks that occurred in French domestic poultry holdings between November 2016 and March 2017. Results indicate the presence of significant spatio-temporal interaction between outbreaks at the beginning of the epidemic within a window of 8 km and 13 days. Disease spread was estimated to be at an average rate of 5.5 km/week, and increased from early February 2017. The results of this study suggest a local transmission process from November 2016 to late January 2017, followed by spread over longer distances from February 2017.

Keywords

Highly pathogenic avian influenza, Domestic poultry, Spatio-temporal clustering, Spread rate, Spatial epidemiology

Le 28 novembre 2016, la France a connu le premier foyer l'influenza aviaire hautement pathogène sous-type H5N8 (IAHP-H5N8) en volailles domestiques (OIE 2016). Malgré la mise en place de mesures de contrôle, c'est à dire des restrictions concernant les mouvements de volailles, la mise en place de zones de protection et de surveillance sur un rayon de 3 et 10 km autour des foyers, l'abattage des volailles infectées ainsi que les abattages préventifs dans les zones de restrictions, le virus a continué à se propager. Au 23 mars 2017, 484 foyers IAHP-H5N8 ont été reportés en élevage de volailles. Environ 6,5 millions de volailles ont été abattues dans le cadre de mesures de contrôle (données Union européenne en cours de consolidation), avec des répercussions financières importantes pour l'État et la filière. Depuis novembre 2016,

la plupart des foyers de IAHP-H5N8 ont été signalés dans la région sud-ouest de la France. L'ampleur de la propagation du virus IAHP-H5N8 témoigne de la difficulté à contrôler la propagation de l'IAHP dans cette région, caractérisée par une forte densité de volaille, une production en plein air et de nombreux mouvements de volailles entre les différentes unités de production (Encadré 1).

Les mécanismes de propagation du virus IAHP-H5N8 dans les exploitations de volailles en France restent mal connus. L'objectif de cette étude était de caractériser la dynamique de propagation du virus en France, afin d'apporter des éléments de connaissance contribuant à mieux définir les stratégies de surveillance et de contrôle.

Encadré 1. Foyers IAHP-H5N8 et production de volailles en France

Les enquêtes sur les foyers IAHP-H5N8 ont montré des signes cliniques et des mortalités fréquents et marqués dans les exploitations de canards. Les propriétés pathobiologiques de IAHP-H5N8 ont changé depuis son émergence en 2014, probablement en raison de récents événements de réassortiments (Pohlmann et al. 2017). Les foyers IAHP-H5N8 en volaille ont été reportés en France dans 9 départements, tous situés dans la région sud-ouest du pays. Cette zone, qui est également le deuxième bassin de production de volaille domestique, se caractérise par une forte densité de production, un élevage de volaille en plein air et de nombreux mouvements entre unités de production. La saisonnalité de la production de canard gras en France, caractérisée par des mouvements intenses avant les festivités de fin d'année, a probablement aussi contribué à la dispersion du virus au sein des réseaux commerciaux. Les exploitations de volailles dans ce secteur sont notamment vulnérables à l'introduction du virus par les oiseaux sauvages et à sa diffusion entre les élevages.

Matériau et méthodes

Collecte et gestion des données

Cette étude a porté sur les foyers IAHP-H5N8 de volaille détectés via la surveillance événementielle (i.e. avec l'origine de la suspicion basée sur l'apparition de signes cliniques) en France durant l'épizootie 2016-2017. Les données ont été obtenues auprès de la Direction générale de l'alimentation (DGAL) au ministère de l'Agriculture, Paris, France. Les données regroupaient la liste des foyers confirmés, les espèces concernées, les lieux géographiques (coordonnées cartésiennes) et la date de suspicion. Un foyer a été défini comme la détection d'au moins un animal infecté IAHP-H5N8 confirmé en laboratoire (par isolation de virus ou PCR) dans une exploitation de volailles domestiques. Les foyers pour lesquels les coordonnées étaient manquantes se sont vus attribuer les coordonnées du centroïde de la commune correspondante, obtenus auprès de GEOFLA® (<http://professionnels.ign.fr/geofla>).

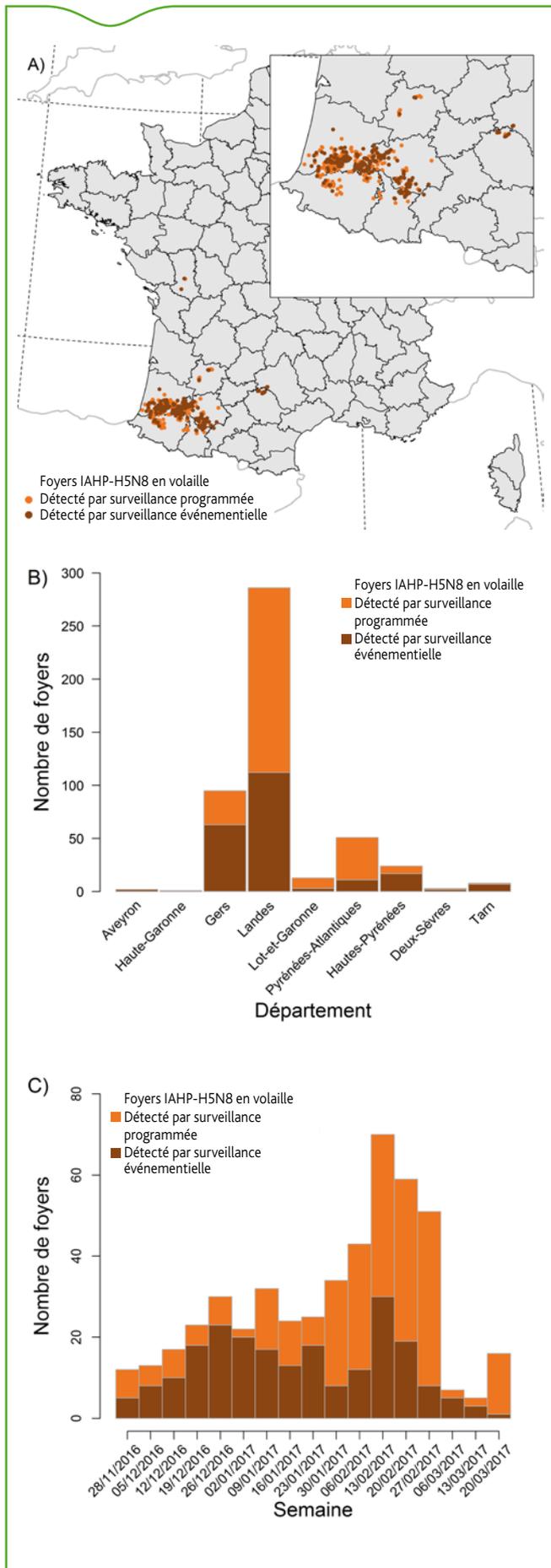


Figure 1. Répartition des foyers IAHP-H5N8 (n = 483), dont ceux déteés via la surveillance événementielle (n = 218), reportés en volaille domestique du 28 novembre 2016 au 23 mars 2017 en France. A) Distribution spatiale, B) Distribution par département français, C) Distribution temporelle

Analyse des données

Analyse spatio-temporelle

La présence d'interaction spatio-temporelle entre les foyers IAHP-H5N8 déteés par la surveillance événementielle a été étudiée en utilisant la space-time K fonction (Diggle et al. 1995). Deux périodes d'étude ont été définies en fonction des mesures de contrôle appliquées: la première période a été définie du 28 novembre 2016 au 2 février 2017, au cours de laquelle l'abattage préventif des canards en plein air dans un rayon de 3 km centré sur foyers reportés a été mis en place, et ce, surtout dans le département de Gers (au cas par cas). Au cours de la deuxième période, du 3 février 2017 au 23 mars 2017 (date du dernier foyer IAHP-H5N8 en volaille), l'abattage préventif a été systématisé en cas de foyer, concernant toutes les volailles dans un rayon de 1 km centré sur les foyers reportés et les élevages de palmipèdes en plein air dans un rayon de 3 (en cas de détection d'un seul foyer) à 10 km (en cas de plusieurs foyers). Cet abattage préventif a été mis en place suite à l'augmentation importante du nombre de foyers reportés dans le département des Landes à partir de début février 2017. L'analyse a été conduite sur une fenêtre spatio-temporelle maximale de 30 km et 30 jours, en générant 9999 permutations aléatoires de Monte Carlo. Les analyses ont été effectuées avec la version 3.3.2 du logiciel R (R Development Core Team 2011) en utilisant le package 'splancs' (Rowlingson and Diggle 1993).

Analyse de la vitesse de propagation

La vitesse de propagation du front d'invasion des foyers IAHP-H5N8 déteés par la surveillance événementielle a été étudiée via l'analyse de la surface de tendance (Tisseuil et al. 2016). Le modèle crée une couche raster de résolution spatiale de 1 km avec pour chaque valeur de pixel une estimation de la vitesse de propagation du front d'invasion en kilomètre par semaine. Les valeurs de vitesse estimées par le modèle ont été sélectionnées pour les foyers situés dans la zone principalement affectée par IAHP-H5N8, i.e. pour 192 foyers localisés dans la région sud-ouest de la France. Les analyses ont été effectuées avec le logiciel R 3.3.2 (R Development Core Team 2011) en utilisant le package 'fields' (Nychka et al. 2016).

Résultats

Analyse descriptive

Du 28 novembre 2016 au 23 mars 2017, 484 foyers IAHP-H5N8 ont été reportés en volailles domestiques en France dans 9 départements. Sur ces 484 foyers, 218 (45,1 %) ont été déteés par surveillance événementielle et 266 (54,9 %) par surveillance programmée (i.e. via l'identification d'un lien épidémiologique, localisation dans une zone de protection ou d'abattage préventif, ou suite à une sortie de zone de restriction) (Figure 1A). Les coordonnées du centroïde de communes ont été attribuées à deux foyers dont les coordonnées manquaient. Les foyers IAHP-H5N8 en volaille (qu'ils soient déteés par surveillance événementielle ou non) ont été principalement reportés dans le sud-ouest de la France (Figure 1A), avec 59,1 % (286 sur 484) des foyers localisés dans les Landes, 19,8 % (96 sur 484) dans le Gers, 10,5 % (51 sur 484) en Pyrénées-Atlantiques et 5,0 % (24 sur 484) en Hautes-Pyrénées (Figure 1B). L'incidence de foyers IAHP-H5N8 a varié au cours du temps (Figure 1C), avec deux pics successifs observés fin décembre 2016 et début février 2017.

Analyse spatio-temporelle

L'interaction spatio-temporelle globale des foyers IAHP-H5N8 en volaille domestique était statistiquement significative pour chaque période d'étude (valeur $p < 0,05$). Au cours de la première période d'étude (137 foyers analysés du 28 novembre au 2 février 2017), l'interaction spatio-temporelle a été identifiée comme particulièrement importante (valeurs de $D_0 > 1$, probabilité d'observer un foyer au moins deux fois plus élevée que celle attendue s'il n'y avait pas d'interaction spatio-temporelle) dans une fenêtre de 8 km et 13 jours. Au cours de la deuxième période (du 3 février au 23 mars

2017), l'intensité de l'interaction spatio-temporelle était beaucoup plus petite ($D_0 < 1$) que celle de la première période ($D_0 > 1$).

Analyse de la vitesse de propagation

La vitesse de propagation du front d'invasion des foyers IAHP-H5N8 entre décembre 2016 et mars 2017 a été estimée à une moyenne de 5,5 km par semaine (Figure 2). Environ 93 % des foyers (179 sur les 192 foyers inclus pour cette analyse) correspondaient à une vitesse de propagation estimée inférieure à 10 km par semaine. Au cours des semaines, les vitesses moyennes ont légèrement augmenté, atteignant 7,9 km par semaine lors de la semaine du 20 février 2017 (Figure 2).

Discussion

Cette étude a permis de caractériser la distribution spatio-temporelle des foyers IAHP-H5N8 reportés en élevage de volailles, et d'estimer la vitesse de propagation du front d'invasion de la maladie dans les 4 mois ayant suivi l'introduction du virus en France en novembre 2016.

Les résultats montrent une interaction spatio-temporelle significative entre les foyers IAHP-H5N8 détectés par la surveillance événementielle dans les exploitations de volailles au cours de l'épizootie 2016-2017. L'analyse de deux périodes d'étude a permis d'émettre des hypothèses sur l'impact des stratégies de contrôle appliquées durant chaque période, en supposant que leur effet aurait eu un impact relativement rapide sur l'apparition d'un foyer. Au cours de la première période d'étude (de fin novembre 2016 à début février 2017), les résultats suggèrent que l'apparition de nouveaux foyers était plus susceptible de se produire sur une période de 13 jours et sur une distance de 8 km autour des foyers existants, probablement en lien avec des facteurs locaux ayant facilité la propagation de la maladie. La diminution de l'intensité de l'interaction spatio-temporelle de début février à fin mars 2017 pourrait suggérer que les mesures d'abattage préventif mises en œuvre dans les zones définies dans un rayon de 1, 3 et 10 km autour des foyers ont relativement réduit la propagation locale de l'infection, bien qu'elles n'aient pas permis d'endiguer des phénomènes de propagation à plus longue distance.

Les résultats concernant l'estimation de la vitesse du front d'invasion de l'infection soulèvent des questions sur le processus de diffusion de la maladie en France. La vitesse moyenne de transmission de la maladie a été estimée à 5,5 km par semaine. Treize foyers sur 192 (soit environ 7 % des foyers), apparus dans le département des Landes entre le 13 février et le 4 mars 2017, présentaient une vitesse estimée supérieure à 10 km par semaine. Une explication possible à ce phénomène tient au fait que ces foyers étaient principalement situés dans la région de Chalosse, caractérisée par une forte densité de canards plein air et d'élevages de poulets.

Les résultats de cette étude semblent indiquer une diffusion de la maladie de proche en proche entre fin novembre 2016 et fin janvier 2017, avec des foyers proches dans l'espace et dans le temps et une vitesse de propagation assez constante. À partir de début février 2017, les analyses suggèrent une diffusion de la maladie sur de plus longues distances, avec des foyers plus dispersés dans le temps et l'espace et une vitesse de propagation augmentée. La part respective des différents facteurs influençant le processus de diffusion reste encore à ce jour non quantifiée. Bien que la réglementation ait empêché tout mouvement de volaille vers l'extérieur et dans la zone de restriction (exception faite pour les palmipèdes, pour un abattage immédiat et vers une salle de gavage) (Anses 2017a; EC 2005), des mouvements de véhicules, d'équipements et de personnes entre les exploitations de volailles pouvaient toujours avoir lieu pendant la période d'étude et peuvent en partie expliquer les résultats observés. Par ailleurs, et bien que peu d'information soit disponible, une hypothèse parfois invoquée est celle d'une transmission par voie aéroportée, notamment en lien avec les tempêtes survenues dans le Sud-Ouest de la France au début du mois de février 2017. En plus des mouvements, la présence d'oiseaux sauvages à proximité des exploitations de volailles pourrait également contribuer à l'apparition de foyers d'IAHP (Al 2017; Gaidet et al. 2010).

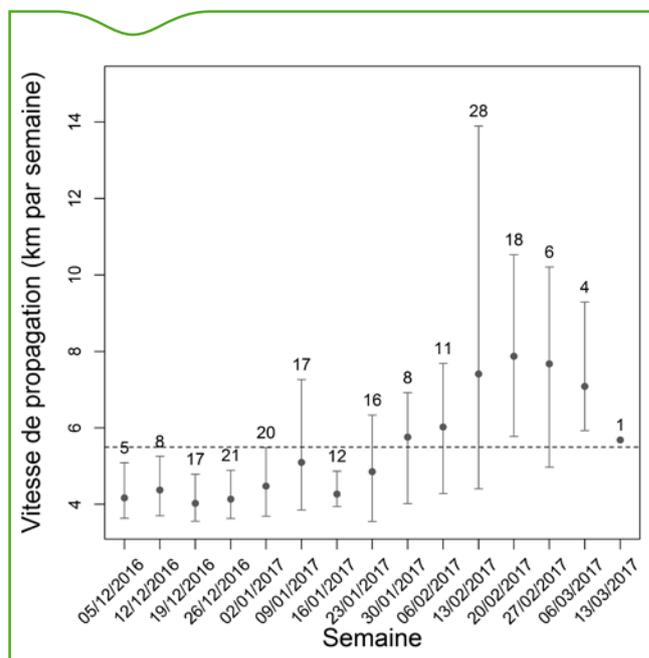


Figure 2. Estimations de la vitesse de propagation du front d'invasion IAHP-H5N8 (km par semaine) (moyenne, intervalle de confiance à 95 %) par semaine dans les exploitations de volailles domestiques entre le 28 novembre 2016 et le 23 mars 2017. La ligne pointillée indique la vitesse moyenne estimée à partir de 192 foyers IAHP-H5N8 et le nombre de foyers considérés dans l'analyse est indiqué pour chaque semaine.

Au 23 mars 2017, 52 cas de IAHP ont été signalés dans des espèces de l'avifaune sauvage libre (principalement des anatidés, mais également des laridés, des colombidés et des falconidés) principalement dans les régions sud-ouest et est de la France (Anses 2017b). L'ensemble de ces hypothèses restent encore à tester dans le cadre d'études d'épidémiologie analytique.

Cette étude présente certaines limites. Tout d'abord, la surveillance événementielle rend impossible de déterminer le statut des exploitations de volailles où la présence de IAHP-H5N8 n'a pas été détectée cliniquement. Compte tenu du fait que les foyers ont été caractérisés par l'apparition de signes cliniques sévères d'infection à la fois chez les poulets et les canards, le risque de sous-déclaration des cas cliniques peut être considéré comme relativement faible dans l'épizootie actuelle. Deuxièmement, l'analyse se réfère à la date de suspicion, à savoir la date à laquelle les premiers signes cliniques ont été observés, et non pas à la date de l'introduction de la maladie dans l'élevage. Cela pourrait influencer légèrement les résultats de l'étude, sachant que la période d'incubation pourrait varier entre 1 à 5 jours à l'échelle de l'individu (et être plus large à l'échelle de l'élevage), bien que son estimation soit encore difficile aujourd'hui (Pantin-Jackwood et al. 2016).

Cette étude souligne que des facteurs de transmission locale auraient influencé la dynamique de propagation de l'infection IAHP-H5N8, en particulier au début de l'épizootie 2016-2017. Les résultats soulignent l'importance d'adapter les stratégies sanitaires à cette diffusion locale, mais aussi l'importance d'y adjoindre une restructuration des mouvements pour prévenir les infections futures. En outre, cette étude souligne le besoin de développer des travaux de recherche dédiés à la quantification de l'effet des facteurs liés à la transmission HPAI-H5N8, notamment concernant les mouvements de volailles et les variables agro-environnementales, afin de mieux comprendre les processus sous-jacents à la diffusion du virus. L'épizootie 2016-2017 a donné récemment naissance au Pacte de lutte contre l'IA et de relance de la filière foie gras, regroupant les acteurs de la filière afin qu'ils s'engagent à améliorer les modes de prévention et de lutte afin d'éviter de futures épizooties dès l'hiver prochain (DGAL 2017).

Remerciements

Les auteurs remercient la direction générale de l'Alimentation (DGAL, France) du Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt (MAAF) pour le partage des données, en particulier Marie-Cécile Moisson d'avoir apporté des informations détaillées supplémentaires sur les données, Séverine Rautureau, Marie-Pierre Donguy, Evelyne Bouvier pour leur appui dans l'interprétation des résultats. Ils remercient également Sophie Lebouquin-Leneveu et Axelle Scoizec (Anses, France) pour leurs commentaires sur cette étude, Jean Artois (Spell ULB, Belgique) pour ses conseils sur les approches spatiales et le géocodage, et Mattias Delpont (ENVT, France) pour avoir fourni des informations détaillées sur la filière volaille française. Ce travail a été conduit dans le cadre de la Chaire de biosécurité aviaire de l'École nationale vétérinaire de Toulouse (ENVT, France), financée par le MAAF. Cette étude a été financée par le People Programme (Marie Curie Actions) du European Union's Seventh Framework Programme (FP7/2007-2013) dans le cadre de la convention de subvention REA n. PCOFUND-GA-2013-609102, à travers le programme Prestige coordonné par Campus France.

Références bibliographiques

Al, E. Jourdain et. 2017. "Bird Migration Routes and Risk for Pathogen Dispersion into Western Mediterranean Wetlands - Volume 13, Number 3—March 2007 - Emerging Infectious Disease Journal - CDC." Accessed April 10. doi:10.3201/eid1303.060301.

Anses. 2017a. "Avis de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail relatif au « Périmètre optimal de dépeuplement préventif influenza aviaire IA HP H5N8 » [Available at: <https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2017SA0011.pdf> (Accessed in April 2017)]."

———. 2017b. "Plateforme Épidémiosurveillance santé animale, situation de l'influenza aviaire en France au 18/04/2017 [Available at: <http://plateforme-esa.fr/article/situation-de-l-influenza-aviaire-en-france-au-18042017-20h00> (Accessed in April 2017)]."

DGAL. 2017. "Le pacte de lutte contre l'influenza aviaire et de relance de la filière foie gras [Available at: <http://agriculture.gouv.fr/le-pacte-de-lutte-contre-l-influenza-aviaire-et-de-relance-de-la-filiere-foie-gras> (Accessed in May 2017)]."

Diggle, P.J., A.G. Chetwynd, R. Häggkvist, and S.E. Morris. 1995. "Second-Order Analysis of Space-Time Clustering." *Statistical Methods in Medical Research* 4 (2): 124–36. doi:10.1177/096228029500400203.

EC. 2005. "COUNCIL DIRECTIVE 2005/94/EC of 20 December 2005 on Community Measures for the Control of Avian Influenza and Repealing Directive 92/40/EEC. [Available at: <http://eur-lex.europa.eu/legal-content/en/txt/pdf/?uri=CELEX:32005L0094&from=EN> (Accessed in April 2017)]."

Gaidet, Nicolas, Julien Cappelle, John Y. Takekawa, Diann J. Prosser, Samuel A. Iverson, David C. Douglas, William M. Perry, Taej Mundkur, and Scott H. Newman. 2010. "Potential Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 by Wildfowl: Dispersal Ranges and Rates Determined from Large-Scale Satellite Telemetry." *Journal of Applied Ecology* 47 (5): 1147–57. doi:10.1111/j.1365-2664.2010.01845.x.

Nychka, R. Furrer, J. Paige, S. Sain, and N.D. Nychka. 2016. "Package 'fields' [Available at: <https://cran.r-project.org/web/packages/fields/fields.pdf> (Accessed in April 2017)]."

OIE. 2016. "World Organisation for Animal Health. Exceptional Epidemiological Events [Available at: http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Countryinformation/Countryreports (Accessed in April 2017)]."

Pantin-Jackwood, Mary J., Mar Costa-Hurtado, Eric Shepherd, Eric DeJesus, Diane Smith, Erica Spackman, Darrell R. Kapczynski, David L. Suarez, David E. Stallknecht, and David E. Swayne. 2016. "Pathogenicity and Transmission of H5 and H7 Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses in Mallards." *Journal of Virology* 90 (21): 9967–82. doi:10.1128/JVI.01165-16.

Pohlmann, Anne, Elke Starick, Timm Harder, Christian Grund, Dirk Höper, Anja Globig, Christoph Staubach, et al. 2017. "Outbreaks among Wild Birds and Domestic Poultry Caused by Reassorted Influenza A(H5N8) Clade 2.3.4.4 Viruses, Germany, 2016." *Emerging Infectious Diseases* 23 (4): 633–36. doi:10.3201/eid2304.161949.

R Development Core Team. 2011. "R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, [Available at: <http://www.R-project.org> (Accessed in April 2017)]."

Rowlingson, B. S., and P. J. Diggle. 1993. "Splancs: Spatial Point Pattern Analysis Code in S-Plus." *Computers & Geosciences* 19 (5): 627–55. doi:10.1016/0098-3004(93)90099-Q.

Tisseuil, Clément, Aiko Gryspeirt, Renaud Lancelot, Maryline Pioz, Andrew Liebhold, and Marius Gilbert. 2016. "Evaluating Methods to Quantify Spatial Variation in the Velocity of Biological Invasions." *Ecography* 39 (5): 409–18. doi:10.1111/ecog.01393.

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 lac Uvs-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)

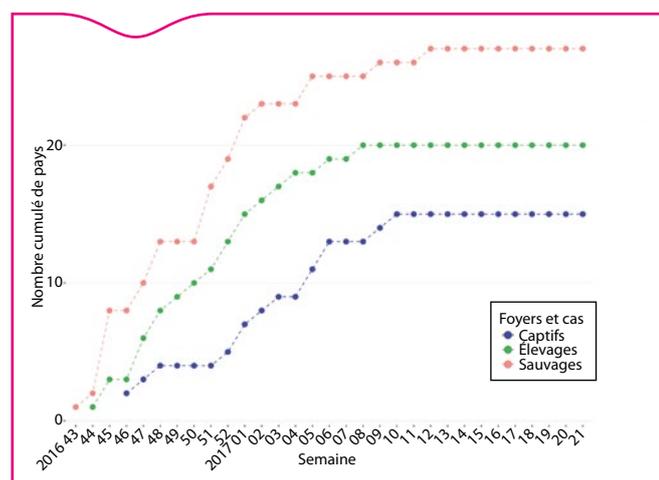


Figure 1. Nombre cumulé par semaine de pays ayant déclaré au moins un foyer/cas d'IAHP H5 de lignée asiatique A/goose/Guangdong/1/1996 clade 2.3.4.4 en Europe (UE et Suisse) du 26 octobre 2016 au 28 mai 2017 (inclus) (sources: ADNS/OIE/DGAL)

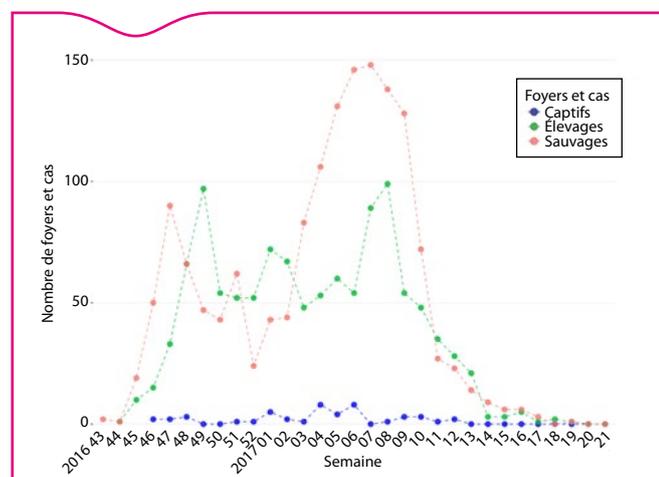


Figure 2. Nombre de foyers et de cas d'IAHP H5 de lignée asiatique A/goose/Guangdong/1/1996 clade 2.3.4.4 en Europe (UE et Suisse) par semaine du 26 octobre 2016 au 28 mai 2017 (inclus) (sources: ADNS/OIE/DGAL)

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=2227) 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.

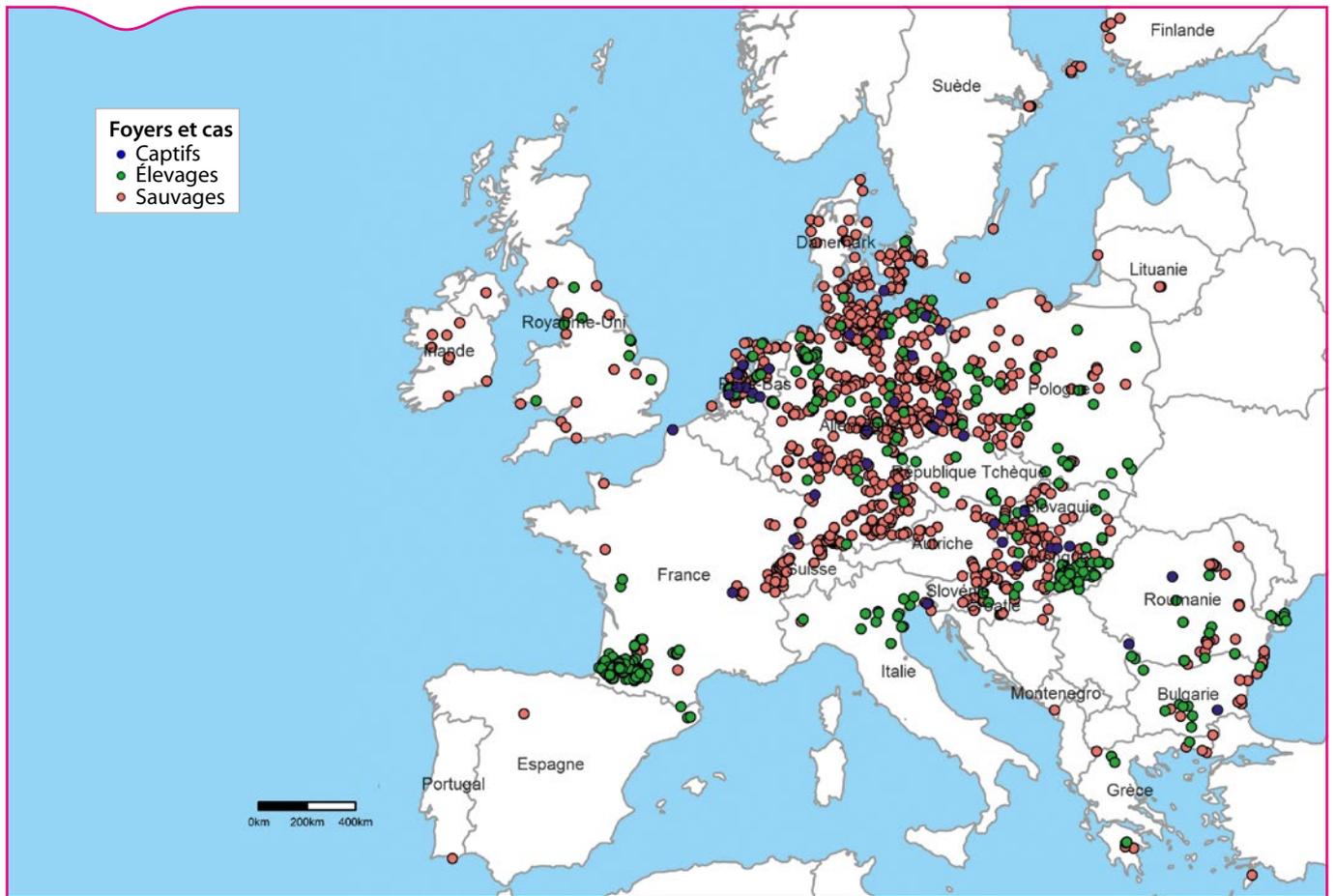


Figure 3. Carte des foyers et de cas d'IAHP H5N5, H5N6 et H5N8 déclarés dans l'UE et en Suisse entre le 26 octobre 2016 et le 28 mai 2017 inclus (sources: OIE/ADNS/DGAL)

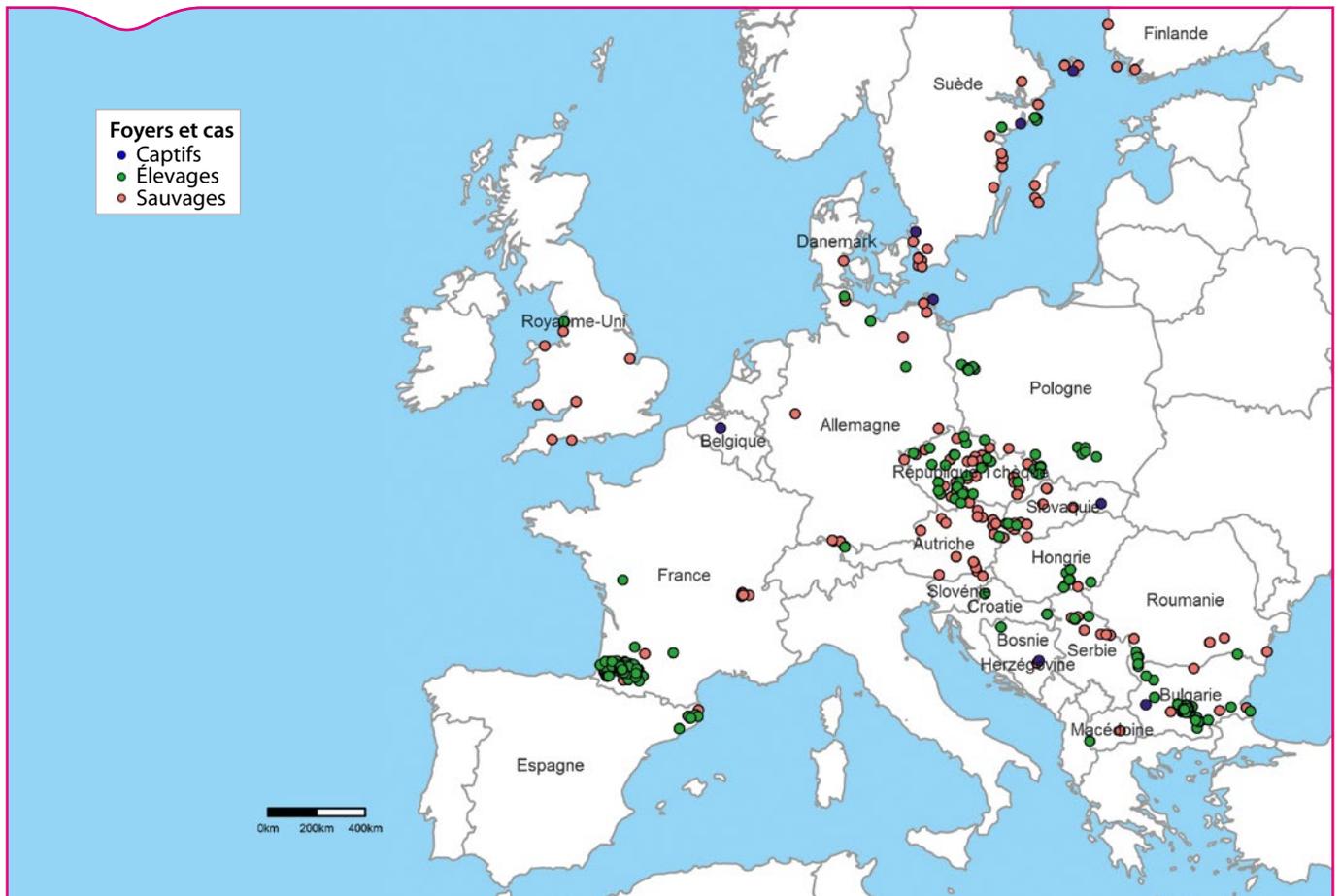


Figure 4. Carte des foyers et de cas d'IAHP H5Nx déclarés dans l'UE entre le 26 octobre 2016 et le 28 mai 2017 inclus (sources: OIE/ADNS/DGAL)

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

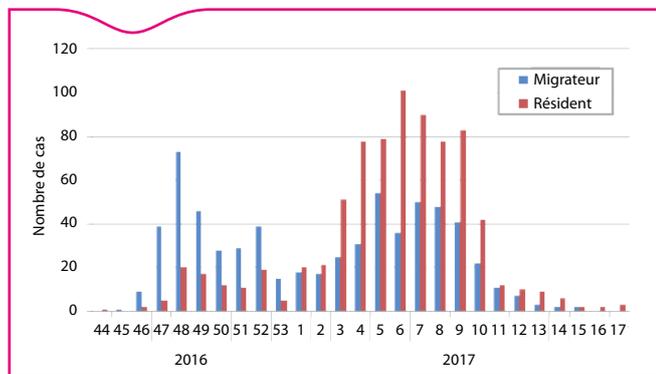


Figure 5. Nombre de cas dans l'avifaune par semaine en fonction du caractère migrateur ou résident des oiseaux en Europe (UE et Suisse) du 26 octobre 2016 au 28 mai 2017 (inclus) (source: ADNS)

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.

Épisode H5N8 d'influenza aviaire en France en 2016-2017 : quel rôle pour la faune sauvage ?

Anne Van De Wiele (1)*, Antoine Humeau (1), Anne Bronner (2)*, Matthieu Guillemain (3), Guillaume Le Loc'h (4), Jean-Luc Guérin (4), Julien Cauchard (5)**, Alizé Mercier (6)**, Didier Calavas (5)**

Auteur correspondant : anne.van-de-wiele@oncs.gouv.fr

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

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

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

(4) École nationale vétérinaire de Toulouse, Toulouse, France

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

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

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

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

Résumé

L'influenza aviaire (IA) est une menace permanente, qui arrive parfois en Europe par le biais des oiseaux migrateurs. Un dispositif de surveillance est en place en permanence pour surveiller les mortalités dans l'avifaune, et particulièrement celles des oiseaux d'eau migrateurs.

En octobre 2016, un épisode d'IA H5N8 qui était surveillé depuis sa survenue en République de Touva (Fédération de Russie, avril 2016) s'est déclaré en Europe. Il a entraîné des pertes conséquentes dans certaines populations d'oiseaux sauvages en Europe, ainsi que dans des filières avicoles. La situation en France s'est révélée paradoxale : l'atteinte a été majeure dans la filière avicole de canards gras du Sud-Ouest, mais les cas dans la faune sauvage sont restés peu nombreux et circonscrits. Ce n'est pas faute d'avoir renforcé la surveillance, soit événementielle (analyse des oiseaux trouvés morts) soit active autour des foyers domestiques. Plus de 800 cadavres d'oiseaux sauvages ont été analysés, dont beaucoup d'anatidés, 90 ont été détectés infectés regroupés en 55 cas dans l'avifaune libre et captive, et dix sites stratégiques ont fait l'objet d'une recherche intensifiée des cadavres et n'ont permis de trouver aucun cas positif supplémentaire. Plus de 300 oiseaux commensaux des élevages domestiques foyers ont été analysés et se sont tous révélés négatifs.

Les performances du système de surveillance ne semblent pas pouvoir être mises en cause, et il apparaît donc qu'il y a bien eu des différences de circulation du virus par rapport à nos voisins d'outre-Rhin, mal expliquées à ce stade mais la situation en France est similaire à celle observée en Italie et en Espagne cet hiver, et correspond assez bien à l'épisode H5N8 qui avait circulé en Europe fin 2014/début 2015, sans toucher la France.

Mots-clés

Influenza aviaire, virus H5N8, avifaune

Abstract

Avian influenza H5N8 episode in France in 2016-2017: what was the role of wildlife?

Avian influenza (AI) is a constant threat that sometimes enters Europe through migratory wild birds. A surveillance system is in place to continuously monitor the mortality of wild birds, particularly migratory waterbirds.

In October 2016, an AI H5N8 episode that had been monitored since its emergence in the Tuva Republic (Russian Federation, April 2016) was found to have reached Europe. It has led to substantial losses in some wild bird populations throughout Europe, as well as in the poultry sector. The situation in France has proved to be contradictory: there was a significant impact on the fattening-duck industry in the southwest, but the cases in wild birds were few in number and geographically limited to specific areas. This was not due to a lack of surveillance which had been enhanced at that time, both event-based (analysis of wild birds found dead) and active surveillance around infected farms. Over 800 wild bird cadavers were analysed, mainly from the Anatidae: 90 were found H5N8 positive and regrouped into 55 cases in wild and captive wild birds. Ten sentinel sites were thoroughly monitored for cadavers but no additional positive cases were detected. Over 300 commensal birds found near infected farms were analysed and were all negative.

The performance of the surveillance system does not seem to be at fault. The circulation of the virus appears to be different from that observed in Germany and Switzerland although these differences remain to be clarified at this point. The situation in France is similar to that observed in Italy and Spain this winter, and corresponds in many ways to the H5N8 episode that circulated in Europe in late 2014 and early 2015, without affecting France.

Keywords

Avian influenza, H5N8 virus, Wildbirds

L'épisode d'influenza aviaire (IA) dans la faune sauvage en France de 2006 a laissé beaucoup de traces dans les mémoires, notamment par la mobilisation générale qu'il a suscitée dans les réseaux de surveillance animale, en lien avec le grand public d'une part, et en imposant d'utiliser des équipements de protection sanitaire individuels face au risque pour la santé humaine.

Depuis 2008, des dispositifs permanents de surveillance de la faune sauvage sont en place, en s'appuyant sur l'administration et en collaboration avec le réseau Sagir, un réseau porté par l'ONCFS, la FNC (Fédération nationale des chasseurs) et des FDC (fédérations départementales)

Une première alerte a eu lieu en 2014, lorsqu'une souche d'IA hautement pathogène (IAHP) H5N8 a circulé dans les pays d'outre-Rhin voisins de la France. Le niveau de risque avait alors été réglementairement porté à 'modéré' sur l'ensemble du territoire, pour finalement redevenir 'négligeable' par arrêté ministériel le 12 mai 2015. Dans le même temps,

un épisode lié à un virus H5N2 aux États-Unis retenait également l'attention.

À ensuite eu lieu l'épisode d'IA de 2015/2016 qui a touché la filière avicole, pendant lequel plusieurs programmes ont concouru à démontrer que la faune sauvage n'avait pas été impactée.

Tous ces facteurs expliquent que lorsque la FAO (Food and Agricultural Organisation, Nations Unies) a émis une alerte en septembre 2016 sur des cas d'IAHP H5N8 signalés chez des canards sauvages et autres oiseaux sauvages en République de Touva (Fédération de Russie), la progression de ce virus ait été suivie de près. En octobre 2016, les premiers pays européens étaient touchés sur la faune sauvage (Hongrie, puis Pologne et Allemagne), en novembre les cas se sont accumulés en Allemagne et en Suisse, dont un certain nombre juste de l'autre côté de la frontière française, l'espèce la plus touchée étant le Fuligule morillon (*Aythya fuligula*). Le 17 novembre 2016, les premiers canards appelants pour la chasse étaient ramassés morts et déclarés positifs dans le Nord

de la France. Deux goélands ont ensuite été confirmés infectés en France près du Lac Léman et donc à proximité de cas déclarés en Suisse (voir l'article de J. Cauchard et al. dans ce même numéro).

Dès que le niveau de risque a été réglementairement augmenté (arrêté ministériel (AM) du 16 novembre 16 puis AM du 5 décembre 16), le réseau Sagir a été mobilisé et la surveillance a été considérablement renforcée.

Malgré ce renforcement, peu de résultats positifs ont été détectés, contrairement à nos pays voisins, particulièrement d'outre-Rhin comme en témoigne la carte de répartition des cas en Europe (voir l'article de J. Cauchard et al. dans ce même numéro).

En parallèle, un épisode particulièrement sévère s'est étendu dans les élevages avicoles du Sud-Ouest de la France.

Deux catégories d'oiseaux sauvages ont été incriminées dans cet épisode, posant deux questions :

- pour les oiseaux sauvages migrateurs : peut-on expliquer les différences épidémiologiques observées par rapport à nos voisins ?
- pour les oiseaux sauvages commensaux des élevages : ont-ils pu entretenir voire diffuser la maladie sur de courtes distances ?

L'analyse des résultats issus des différents protocoles de surveillance permet d'apporter des éléments de réponse face à ces interrogations.

Les protocoles de surveillance

Surveillance événementielle

Un protocole permanent encadrant la surveillance des mortalités d'oiseaux sauvages est en place en France depuis 2008, et a été actualisé en juin 2016. Depuis 2016, l'ONCFS pilote cette surveillance, en mobilisant le réseau Sagir (Encadré). Il s'agit d'acheminer les oiseaux trouvés morts qui présentent un intérêt pour la surveillance de l'IA vers le réseau des laboratoires agréés. Cette surveillance concerne en priorité les oiseaux d'eau migrateurs, mais également toutes les espèces d'oiseaux en cas de mortalité groupée.

Surveillance supplémentaire dans les zones à risque particulier

Devant le faible nombre de cas positifs détectés en France par la surveillance événementielle, notamment en comparaison avec la situation en Allemagne et en Suisse, un protocole a été mis en place dès novembre 2016 pour identifier si des cadavres d'oiseaux avaient pu échapper à la surveillance via Sagir. Ce protocole de surveillance spécifique de la mortalité a été mené dans dix secteurs sélectionnés sur la base des comptages Wetlands International de janvier 2015⁽¹⁾ : sept pour leurs effectifs de fuligules morillons (espèce la plus touchée dans les pays voisins), et trois pour leurs effectifs globaux en oiseaux d'eau migrateurs (Figure 1). Un coordinateur a été nommé pour chacune de ces zones. Son rôle était de mobiliser les observateurs qui allaient réaliser une surveillance régulière (au minimum hebdomadaire) de la présence de cadavres d'oiseaux sauvages sur ces sites, et de rapporter les résultats de leurs observations à l'ONCFS, en les mettant en parallèle si possible au nombre d'oiseaux vivants présents lors des observations

Surveillance active sur les oiseaux commensaux

Dès le premier foyer détecté en élevage, des oiseaux sauvages ont été observés à proximité immédiate des élevages infectés. Par ailleurs, en lien avec la disponibilité des ressources alimentaires, les éleveurs ont l'habitude de voir des oiseaux commensaux fréquenter leurs élevages, et en ces périodes de circulation virale, ils étaient enclins à les soupçonner de porter la maladie.

Plusieurs initiatives ont alors vu le jour pour évaluer localement ce

(1) Le comptage Wetland International est un recensement international des oiseaux d'eau qui s'effectue annuellement dans toutes les zones humides de la planète.

Encadré. La surveillance événementielle IA et le réseau Sagir

La surveillance événementielle de la mortalité des oiseaux sauvages est organisée depuis 2008 par une instruction de la DGAL, modifiée en 2016 (NS DGAL/SDSPA/2016-507 du 22 juin 2016: 'Surveillance de la mortalité des oiseaux sauvages'). Cette surveillance s'appuie sur le réseau Sagir qui est un réseau commun entre l'ONCFS, la FNC (Fédération nationale des chasseurs) et les FDC (fédérations départementales). Les agents de ces structures collectent les oiseaux trouvés morts et les acheminent à un laboratoire de proximité, qui prépare alors les prélèvements pour un laboratoire agréé, qui va réaliser les analyses virologiques par PCR sur un écouvillon cloacal et un écouvillon trachéal.

Des critères spécifiques ont été définis pour orienter les choix d'oiseaux à collecter.

Ces critères reposent en priorité sur une cartographie de communes considérées comme à risque particulier (ZRP = zones à risque particulier) en lien avec la présence constatée d'oiseaux d'eau. Cette cartographie a été établie en 2008 sur la base des comptages coordonnés par Wetlands International¹, qui recense chaque année à la mi-janvier les effectifs d'oiseaux migrateurs hivernants sur l'ensemble de leur aire de répartition (en France mais également dans les autres pays d'Europe et en Afrique pour les oiseaux concernant la France). Cette liste de communes est reprise dans l'arrêté ministériel du 16 mars 2016 relatif aux niveaux de risque épizootique en raison de l'infection de l'avifaune par l'IAHP.

L'instruction prévoit deux modalités de surveillance :

- une surveillance 'classique' qui prévoit des analyses à partir de trois oiseaux trouvés morts dans la même espèce sur une même unité de lieu et de temps,
- une surveillance 'renforcée' qui s'intéresse particulièrement aux oiseaux d'eau (appartenant aux familles des anatidés, rallidés et laridés) en déclenchant l'analyse IA dès le premier oiseau trouvé mort.

En temps normal, la surveillance renforcée est appliquée exclusivement et en permanence sur les ZRP. Sur les autres secteurs, c'est la surveillance normale qui s'applique.

Lorsque le niveau de risque IA augmente, la surveillance renforcée s'applique sur l'ensemble du territoire concerné.

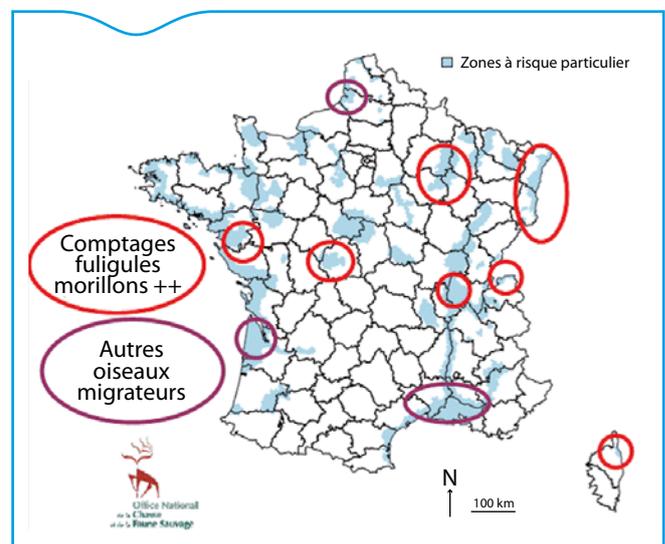


Figure 1. Répartition des dix secteurs sélectionnés pour le protocole de surveillance active des mortalités d'oiseaux

risque, une de ces initiatives ayant été encadrée scientifiquement par l'École nationale vétérinaire de Toulouse.

Après obtention des autorisations nécessaires auprès de la Dreal (direction régionale de l'environnement, de l'aménagement et du logement), huit espèces d'oiseaux ont été prélevées par tir en décembre 2016 et janvier 2017 dans trois départements, à proximité immédiate de 29 foyers domestiques d'IAHP, immédiatement après abattage sanitaire de l'élevage (tourterelle turque, vanneau huppé, pie bavarde, héron gardes-bœufs, pigeon biset domestique, pigeon ramier, corneille noire et étourneau sansonnet), comptabilisant 324 oiseaux analysés en

Tableau 1. Nombre d'oiseaux récoltés lors de la campagne de tirs selon l'espèce et le département

Espèce		Département			Total
Nom commun	Nom latin	Tarn	Hautes Pyrénées	Gers	
Héron gardes-bœufs	<i>Bubulcus ibis</i>		29		29
Vanneau huppé	<i>Vanellus vanellus</i>			27	27
Pigeon biset domestique	<i>Columba livia</i>	25	8		33
Pigeon ramier	<i>Columba palumbus</i>		1	23	24
Tourterelle turque	<i>Streptopelia decaocto</i>	32	61	10	103
Corneille noire	<i>Corvus corone</i>		5	9	14
Pie bavarde	<i>Pica pica</i>		3	2	5
Étourneau sansonnet	<i>Sturnus vulgaris</i>		59	30	89

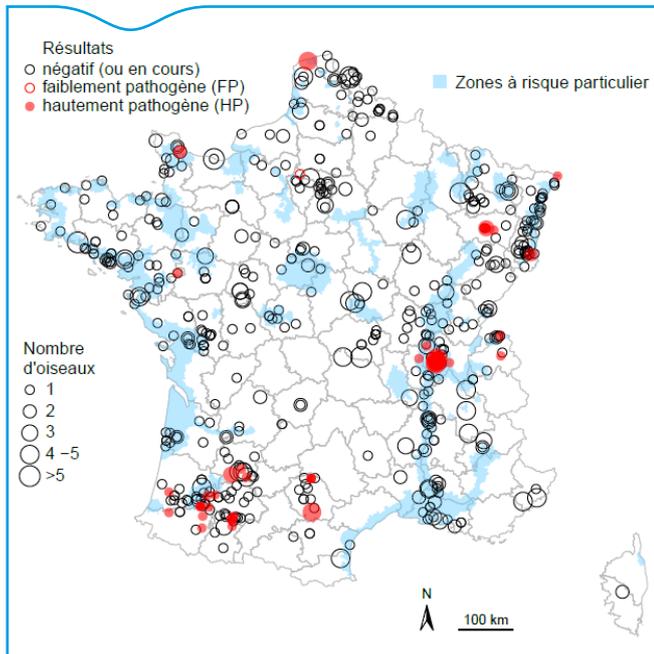


Figure 2. Répartition des oiseaux sauvages collectés par le réseau Sagir en France pour la surveillance de l'IA et localisation des oiseaux négatifs et déclarés positifs en IAHP et IAFP entre le 1^{er} novembre 2016 et le 23 mai 2017 (cartographie ONCFS)

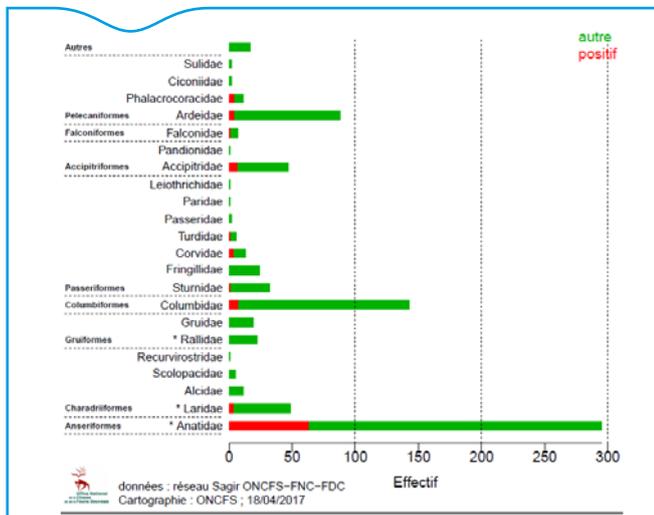


Figure 3. Répartition par famille des oiseaux collectés par le réseau Sagir pour recherche d'IA entre le 1^{er} novembre 2016 et le 16 avril 2017 et résultats des analyses (Autre: résultat négatif ou analyse en cours à la publication des résultats).

tout (Tableau 1). Tous les oiseaux ont été autopsiés et la recherche du virus de l'influenza aviaire a été effectuée sur des écouillons cloacaux et oro-pharyngés chez tous les individus.

Résultats

Surveillance événementielle

Suite à l'augmentation progressive du niveau de risque, devenu 'élevé' sur tout le territoire à partir du 5 décembre 2016, la collecte des oiseaux via le réseau Sagir s'est intensifiée. Le nombre d'oiseaux collectés a ainsi été multiplié par vingt entre le 1^{er} novembre 2016 et le 23 mai 2017 (par rapport à la même période un an auparavant), pour atteindre 817 oiseaux collectés sur la période (Figure 2).

Au total, 90 oiseaux sauvages ont été trouvés positifs en H5 HP correspondant à 55 cas différents, 52 dans l'avifaune libre et trois dans l'avifaune captive (cas uniques ou groupés).

Après l'épisode de gel de janvier 2017, c'est le Cygne tuberculé qui était l'espèce la plus touchée, tant en France qu'en Europe de l'Ouest.

La plupart des cas sont restés des événements sporadiques, sans conséquence particulière (appelants dans le Pas-de-Calais, goélands en Haute-Savoie, canards siffleurs dans la Manche, cygne en Loire-Atlantique, (Tableau 2)).

La sensibilité des espèces étant très variable en fonction des familles, il était intéressant de suivre la répartition de la collecte des oiseaux morts par famille d'oiseaux concernée.

On a ainsi pu constater que si les columbidés (pigeons, tourterelles...) ont été la famille la plus collectée dans un premier temps, suivie d'assez près par les sturnidés (étourneaux), ces oiseaux étant assez facilement visibles et proches des activités humaines, la famille des anatidés a vite repris la première place (Figure 3).

Surveillance supplémentaire dans les zones à risque particulier

Au 30 janvier 2017, sur les dix sites sélectionnés, 74 jours d'observations avaient été comptabilisés, permettant d'observer plus de 400000 oiseaux vivants. Seuls vingt oiseaux morts ont été détectés pendant ces observations, quatre ont été analysés (les autres étaient non analysables, car trop décomposés par exemple) et tous étaient négatifs.

Surveillance active sur les oiseaux commensaux

Les 324 oiseaux commensaux des foyers domestiques IAHP H5N8 prélevés se sont tous révélés négatifs en RT-PCR VIA (gène M).

Discussion

La situation vis-à-vis de l'IA dans la faune sauvage a été très variable d'un pays à l'autre en Europe au cours de cet épisode 2016-2017 (voir l'article d'A Mercier et al. dans ce même numéro), et notamment le rapport entre le nombre de foyers en élevage et le nombre de cas sauvages, laissant à penser que deux dynamiques d'infection ont pu coexister, une dynamique générale au plan européen concernant les oiseaux sauvages principalement migrateurs, et une dynamique locale qui dans certaines situations a pris le relais au sein des filières animales lorsqu'un élevage était atteint (et qui touche alors également les oiseaux sauvages sédentaires, commensaux des élevages).

Les oiseaux migrateurs ont été particulièrement touchés chez nos voisins allemands, suisses et néerlandais. Pendant ce temps, le nombre de cas positifs déclarés en France dans l'avifaune restait très faible. Deux hypothèses peuvent alors être avancées :

soit la présence des espèces d'oiseaux sauvages impliquées dans l'épizootie était différente entre la France et nos voisins du Nord et de l'Est. Il est notable en particulier que la France est plus éloignée des zones de reproduction du Nord-Est de l'Europe que ne le sont l'Allemagne ou la Pologne, par exemple. Ainsi, notre pays peut

Tableau 2. Évolution chronologique des cas d'IA HP déclarés dans la faune sauvage en France entre le 1^{er} novembre 2016 et le 23 mai 2017 (données Sagir et DGAL)

Date de collecte	Département	Espèce	nb oiseaux	libre/captif
17/11/2016	Pas-de-Calais	Canard chipeau et canard siffleur	4	captif
25/11/2016	Haute-Savoie	Goéland leucophée	1	libre
30/11/2016	Haute-Savoie	Goéland argenté	1	libre
01/12/2016	Tarn	Pie bavarde	3	libre
09/12/2016	Tarn	Tourterelle turque	4	libre
16/12/2016	Manche	Canard siffleur	2	libre
01/01/2017	Lot-et-Garonne	Canard colvert	3	libre
05/01/2017	Ain	Cygne tuberculé	2	libre
07/01/2017	Pyrénées-Atlantiques	Pigeon ramier	1	libre
pendant janvier 2017	Gers	Buse variable	4	libre
pendant janvier 2017	Landes	Buse variable	2	libre
13/01/2017	Gers	Faucon crécerelle	1	libre
17/01/2017	Loire-Atlantique	Cygne tuberculé	1	libre
19/01/2017	Hautes-Pyrénées	Goéland pontique	1	libre
21/01/2017	Gers	Grive musicienne	1	libre
23/01/2017	Landes	Héron garde-boeufs	1	libre
27/01/2017	Ain	Héron cendré	1	libre
30/01/2017	Ain	Oie cendrée	2	libre
30/01/2017	Pyrénées-Atlantiques	Pigeon ramier	1	libre
pendant février 2017	Vosges	Cygne tuberculé	8	libre
pendant février 2017	Ain	Cygne tuberculé	37	libre
03/02/2017	Ain	Grand Cormoran	4	libre
07/02/2017	Gers	Buse variable	1	libre
09/02/2017	Ain	Oie cendrée	1	libre
13/02/2017	Lot-et-Garonne	Tourterelle turque	1	libre
13/02/2017	Pyrénées-Atlantiques	Buse variable	1	libre
16/02/2017	Lot-et-Garonne	Héron garde-boeufs	1	libre
17/02/2017	Landes	Étourneau sansonnet	1	libre
18/02/2017	Ain	Grande Aigrette	1	libre
18/02/2017	Ain	Butor étoilé	1	libre
21/02/2017	Rhône	Oie cendrée	1	captif
25/02/2017	Bas-Rhin	Bernache du Canada	1	libre
07/03/2017	Haut-Rhin	Oie sp.	2	captif

simplement être moins exposé car recevant moins d'individus migrateurs des espèces concernées. Un élément en faveur de cette hypothèse est que notre situation vis-à-vis de l'avifaune est similaire de celle de l'Italie et de l'Espagne, qui ont également déclaré très peu de cas dans l'avifaune et qui sont également éloignés le long des couloirs migratoires. Cette situation avait déjà été rencontrée lors de l'épisode H5N8 de fin 2014/début 2015, qui avait touché nos voisins d'outre-Rhin sans être détectée en France,

soit la surveillance a été moins efficace en France que dans d'autres pays. Toutefois, les résultats des protocoles complémentaires mis en place confirment qu'il n'y a pas eu d'épisode de mortalité particulière qui serait passé inaperçu, et également que c'est bien le protocole Sagir qui est le plus efficace pour détecter des oiseaux morts, et en conséquence les oiseaux infectés.

Cela corrobore les résultats obtenus depuis 2006, où aucun oiseau n'a jamais été trouvé positif par des dispositifs alternatifs à celui basé sur Sagir, tels que l'analyse d'oiseaux sentinelles (2006), des oiseaux tués à la chasse (2006), des appelants (2016) ou des oiseaux sauvages capturés vivants dans les foyers (2016).

Les oiseaux sauvages représentent-ils un risque permanent ?

Des épisodes d'IA sont régulièrement décrits dans le monde, particulièrement aux États-Unis et en Asie du Sud-Est et parfois en Europe (voir article de D Calavas et al. dans ce même numéro).

Seuls deux épisodes ont concerné les oiseaux sauvages en France pour l'instant, à dix ans d'intervalle (l'un en 2006/2007, l'autre en 2016/2017). Mais il n'est pas possible de prévoir quand aura lieu le prochain épisode. Il convient donc de prendre des mesures de

biosécurité pour les élevages et pour les usagers de la nature, et de surveiller attentivement l'évolution des vagues d'épizootie au plan mondial (voir l'activité de veille sanitaire internationale dans le cadre de la Plateforme ESA), pour mettre en alerte le système de surveillance français lorsqu'il y a lieu.

Selon les avis d'expertise collective de l'Anses, la période pendant laquelle un oiseau sauvage est susceptible de porter, et donc de transmettre un virus d'IA est très courte (de l'ordre de quelques jours à quelques semaines), quelle que soit la souche virale incriminée. À l'issue de cette période, soit l'oiseau est mort, soit le virus a disparu. En matière de protection des élevages, l'objectif est donc qu'un oiseau sauvage contaminé ne puisse entrer en contact pendant cette courte période qu'avec le nombre le plus limité d'oiseaux, domestiques ou sauvages. La biosécurité des élevages est la mesure centrale pour éviter le plus possible les contacts entre oiseaux sauvages et oiseaux domestiques, mais les facteurs de dispersion des populations d'oiseaux sauvages potentiellement contaminées doivent également être considérés. Un facteur bien identifié pouvant conduire à une dispersion des oiseaux sauvages est la chasse, principalement au gibier à plumes. La réglementation prévoit par conséquent souvent des aménagements de cette pratique durant les périodes de crise, en général limitées aux zones les plus proches des foyers. Sans se limiter à la chasse, tous les facteurs humains de dispersion potentielle des oiseaux et de diffusion du virus d'un oiseau à l'autre doivent être pris en compte, en mettant en place des mesures proportionnées, comme des interdictions temporaires d'accès à certaines zones de concentration de l'avifaune ou zones à risque de circulation virale, ou des précautions sanitaires particulières (nettoyage/désinfection des semelles et des roues des voitures, changement de tenue en cas de contact avec d'autres oiseaux...) peuvent être prises.

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^{er} 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^{er} 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/>.

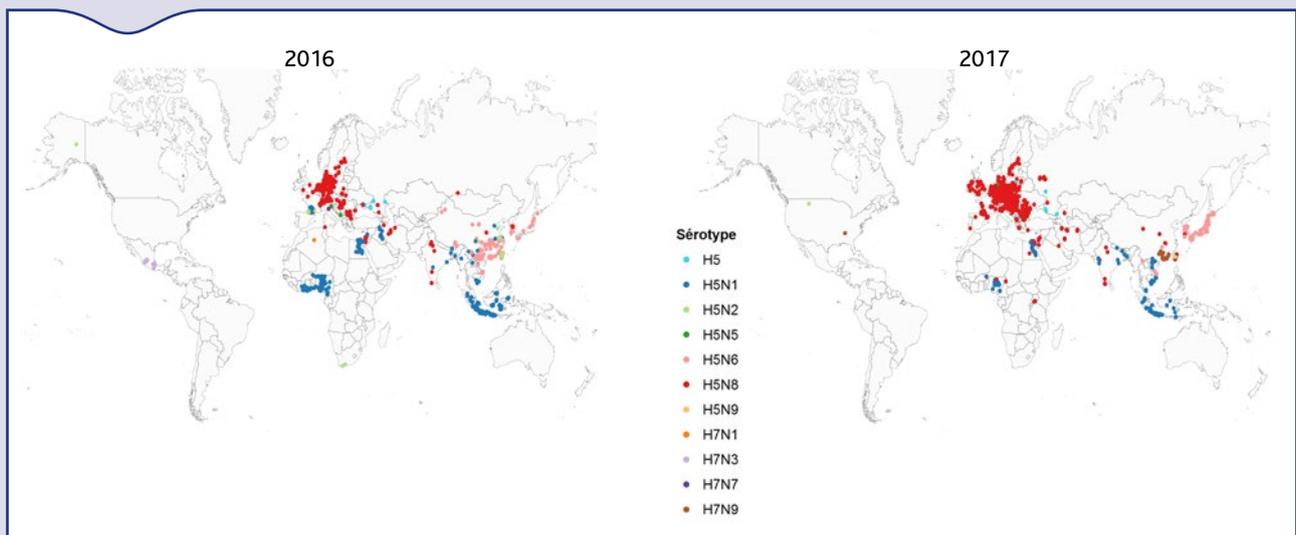


Figure 1. Distribution géographique mondiale des infections à virus IAHP déclarées entre le 1^{er} janvier 2016 et le 30 avril 2017 (source: FAO Empres-i)

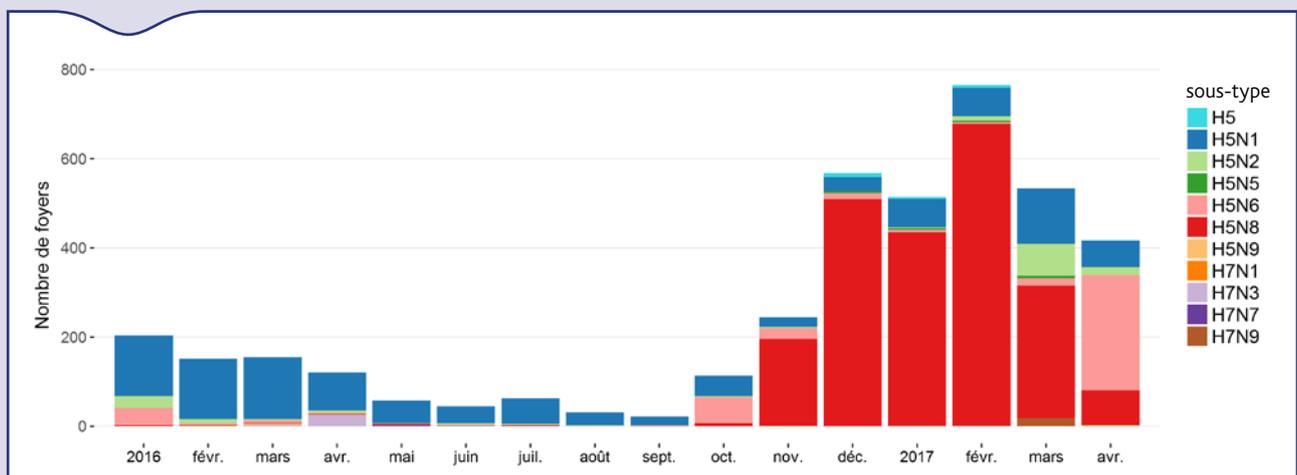


Figure 2. Distribution temporelle des infections à virus IAHP déclarées entre le 1^{er} janvier 2016 et le 30 avril 2017 (source: FAO Empres-i)

Brève. Premières identifications, en France, de virus influenza porcins réassortants comportant des gènes internes du virus A/H1N1 (2009)

Short item. First identifications, in France, of reassortant swine influenza viruses having internal genes from the A/H1N1 (2009) virus

Emilie Bonin (1), Séverine Hervé (1), Christelle Fablet (2), Stéphane Quéguiner (1), Edouard Hirchaud (3), Nicolas Barbier (1), Véronique Beven (3), Stéphane Gorin (1), Emmanuel Garin (4)*, Yannick Blanchard (3), Nicolas Rose (2), Gaëlle Simon (1)

Auteur correspondant: gaelle.simon@anses.fr

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Virologie immunologie du porc, Laboratoire national de référence Influenza porcine, Ploufragan, France

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Épidémiologie et bien-être porcine, Ploufragan, France

(3) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Génétique virale et biosécurité, Plateforme NGS, Ploufragan, France

(4) Coop de France, Paris, France

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

Mots-clés: Virus Influenza A, grippe, porc/Keywords: Influenzavirus A, Flu, Pig

La diversité génétique et antigénique des virus influenza porcins (VIP) de type A ne cesse de croître depuis 2009, suite à l'introduction, dans la population porcine mondiale, du virus A/H1N1 responsable de la dernière pandémie (H1N1pdm) (Simon et al., 2014). Le virus H1N1pdm étant depuis lors responsable, avec d'autres virus humains, de la grippe saisonnière chez l'Homme, des transmissions de l'Homme au Porc ont également lieu régulièrement au moment des épidémies hivernales (Nelson and Vincent, 2015). Outre la circulation chez le Porc du virus H1N1pdm lui-même, de nombreux virus issus de réassortiments (échanges de matériel génétique parmi les 8 segments génomiques) entre d'autres VIP enzootiques et le virus H1N1pdm ont été identifiés dans des élevages du monde entier au cours des dernières années (Vijaykrishna et al., 2011; Watson et al., 2015). Même si la plupart sont sporadiques, certains d'entre eux sont devenus enzootiques dans certaines régions du monde, y compris en Europe (Krog et al., 2017; Lange et al., 2013).

En France métropolitaine, le virus H1N1pdm a également été détecté dans des élevages porcins dès 2010 (Hervé et al., 2012; Simon et al., 2011; Simon et al., 2012). Depuis lors, il est régulièrement détecté sur tout le territoire (bien que rarement en Bretagne, région qui présente la plus forte densité porcine), comptant pour environ 4 % des virus identifiés de 2010 à 2016 (données LNR). En 2016, des VIP réassortants comportant des gènes dits « internes » (autres que ceux codant l'hémagglutinine et la neuraminidase) du virus H1N1pdm ont été identifiés pour la première fois dans des élevages français, suite au séquençage de génomes viraux complets (8 segments d'ARN par génome):

- un virus triple réassortant de sous-type H1_{av}N2 comportant les gènes HA, PB2, PB1, PA, NP, NS du virus enzootique « avian-like

swine H1_{av}N1 », le gène NA d'un virus H3N2 humain saisonnier et le gène M du virus H1N1pdm. Ce virus a été identifié dans un élevage naisseur-engraisseur localisé en Indre-et-Loire, atteint de grippe dite « récurrente » et suivi depuis plusieurs années par les épidémiologistes de l'Anses Ploufragan. Il a été isolé en mai 2016 chez des porcelets de 50 jours d'âge, nés de truies vaccinées (Resporc Flu3) mais présentant un syndrome grippal d'intensité élevée. En 2012, un virus réassortant H1_{av}N2 atypique, comportant sept gènes du lignage H1_{av}N1 et le gène NA d'un virus H3N2 humain de 2003 avait déjà été caractérisé dans cet élevage (Bonin et al., 2016; Watson et al., 2015). Il semble donc que le virus réassortant identifié en 2016 se soit maintenu dans l'élevage, jusqu'à faire l'objet d'un nouveau réassortiment avec le virus H1N1pdm à la faveur d'une nouvelle co-infection (Figure 1). L'origine du virus H1N1pdm ayant ici donné son gène M au virus H1_{av}N2 n'est pas connue à ce stade des investigations, mais elle peut être humaine (transmission du H1N1pdm de l'Homme au Porc au cours de l'épidémie hivernale 2015-2016) ou porcine (infection par le virus H1N1pdm en circulation dans l'espèce porcine).

- un virus réassortant de sous-type H3N2, comportant les gènes HA et NA des VIP H3N2 enzootiques européens et les six gènes internes (PB2, PB1, PA, NP, M, NS) du virus H1N1pdm. Ce virus a été isolé en juin 2016 dans un élevage post-sevreux-engraisseur localisé dans le Pas-de-Calais chez des animaux en fin d'engraissement (âgés de 18 à 24 semaines) prélevés dans le cadre de la surveillance événementielle menée par Résavip, le réseau national de surveillance des virus influenza A chez le Porc. Un virus similaire avait été identifié en Belgique en 2013 dans le cadre du réseau européen ESNIP3 (Watson et al., 2015).

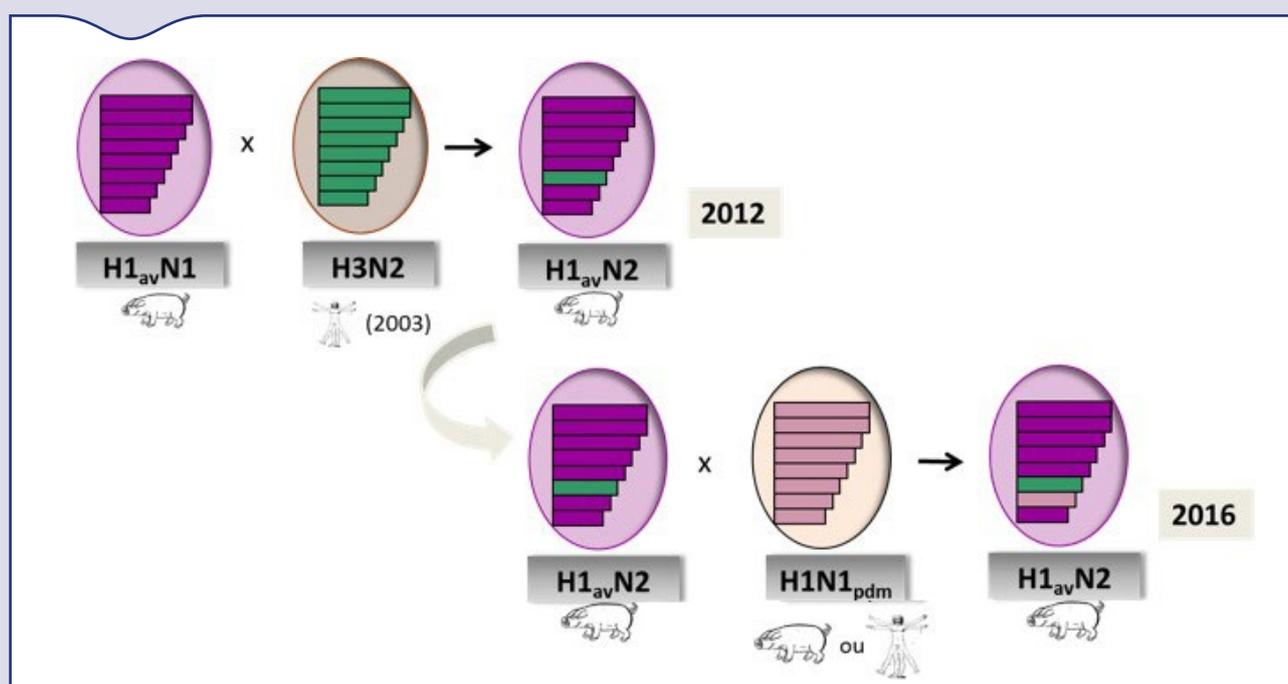


Figure 1. Représentation schématique de la genèse du virus triple réassortant H1_{av}N2 identifié dans un élevage français en 2016

L'émergence, en France, de tels virus comportant un ou plusieurs gènes du virus H1N1pdm, était attendue depuis l'introduction de ce nouveau virus dans la population porcine (Simon et al., 2013). Ils n'ont donc pas de caractère exceptionnel, comparativement à d'autres virus de ce type largement décrits par ailleurs dans le monde. Des VIP réassortants comportant le gène M du virus H1N1pdm ont cependant été à l'origine de cas d'infections humaines aux États-Unis ces dernières années (Bowman et al., 2014; Nelson et al., 2016) et le gène M du virus H1N1pdm a été suspecté favoriser le passage de la barrière interspécifique (Lakdawala et al., 2011). En fonction des combinaisons de gènes et de l'origine humaine de certains d'entre eux, de tels virus réassortants pourraient avoir un potentiel zoonotique accru par rapport aux virus parentaux et requièrent donc une attention et un suivi particuliers.

Ces identifications sont l'occasion de rappeler d'une part que des règles de biosécurité sont à appliquer dans les élevages porcins pour tenter de limiter les transmissions inter-espèces (notamment de l'Homme au Porc et du Porc à l'Homme) des virus grippaux (note de service DGAL/SDSPA/N2012-8015) et d'autre part que la grippe « récurrente » constituerait une condition favorable à la co-circulation de virus grippaux et donc à l'émergence de nouveaux virus *via* le mécanisme de réassortiment génétique (Rose et al., 2013). Les nouveaux réassortants peuvent, le cas échéant, présenter un potentiel zoonotique accru.

Remerciements

Les auteurs remercient les vétérinaires et les éleveurs ayant permis l'investigation des cas de grippe qui ont conduit à l'identification de ces virus, ainsi que l'ensemble des membres de Résavip.

Références bibliographiques

Bonin E., Hervé S., Quéguiner S., Barbier N., Gorin S., Garin E., Wendling S., Simon G., 2016. Distinction de plusieurs sous-populations de virus influenza porcins H1avN2 en France. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 75, 11.

Bowman A.S., Nelson S.W., Page S.L., Nolting J.M., Killian M.L., Sreevatsan S., Slemons R.D., 2014. Swine-to-Human Transmission of Influenza A(H3N2) Virus at Agricultural Fairs, Ohio, USA, 2012. *Emerg Infect Dis* 20, 1472-1480.

Hervé S., Barbier N., Simon G., 2012. Confirmation de la circulation du virus influenza pandémique A/H1N1 (2009) chez le porc en France métropolitaine. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 51, 22.

Krog J.S., Hjulsgager C.K., Larsen M.A., Larsen L.E., 2017. Triple-reassortant influenza A virus with H3 of human seasonal origin, NA of swine origin and internal A(H1N1) pandemic 2009 genes is established in Danish pigs. *Influenza Other Respir Viruses in press.*

Lakdawala S.S., Lamirande E.W., Suguitan A.L., Jr., Wang W., Santos C.P., Vogel L., Matsuoka Y., Lindsley W.G., Jin H., Subbarao K., 2011. Eurasian-origin gene segments contribute to the transmissibility, aerosol release, and morphology of the 2009 pandemic H1N1 influenza virus. *PLoS Pathog* 7, e1002443.

Lange J., Groth M., Schlegel M., Krumbholz A., Wiczorek K., Ulrich R., Koppen S., Schulz K., Appl D., Selbitz H.J., Sauerbrei A., Platzer

M., Zell R., Durrwald R., 2013. Reassortants of the pandemic (H1N1) 2009 virus and establishment of a novel porcine H1N2 influenza virus, lineage in Germany. *Vet Microbiol.* 167,345-356.

Nelson M.I., Stucker K.M., Schobel S.A., Trovao N.S., Das S.R., Dugan V.G., Nelson S.W., Sreevatsan, S., Killian, M.L., Nolting, J.M., Wentworth, D.E., Bowman, A.S., 2016. Introduction, évolution, and dissemination of Influenza A viruses in exhibition swine in the United States during 2009 to 2013. *J Virol* 90, 10963-10971.

Nelson M.I., Vincent A.L., 2015. Reverse zoonosis of influenza to swine: new perspectives on the human-animal interface. *Trends Microbiol* 23, 142-153.

Rose N., Hervé S., Eveno E., Barbier N., Eono F., Dorenlor V., Andraud M., Camsusou C., Madec F., Simon G., 2013. Dynamics of influenza A virus infections in permanently infected pig farms: evidence of recurrent infections, circulation of several swine influenza viruses and reassortment events. *Vet Res* 44, 72.

Simon G., Hervé S., Rose N., 2013. Épidémiologie de la grippe chez le porc en France entre 2005 et 2012: dispositifs, virus détectés et données épidémiologiques associées. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 56, 17-22.

Simon G., Hervé S., Saulnier A., Quéguiner S., Gorin S., Barbier N., Deblanc C., Pol F., Eveno E., Rose N., Madec F. 2011. Virus Influenza pandémique H1N1 2009 chez le porc: problématique, développement de nouveaux outils de diagnostic et résultats de la surveillance menée en France en 2009-2010. *Journées de la Recherche Porcine* 41, 273-280.

Simon G., Hervé S., Saulnier A., Rose N., Marcé C., 2012. Détections du virus influenza pandémique A/H1N1 (2009) chez des porcs en France métropolitaine. *Bull. Epid. Santé Anim. Alim.* 48, 14.

Simon G., Larsen L.E., Durrwald R., Foni E., Harder T., Van Reeth K., Markowska-Daniel I., Reid S.M., Dan A., Maldonado J., Huovilainen A., Billinis C., Davidson I., Aguero M., Vila T., Hervé S., Breum S.O., Chiapponi C., Urbaniak K., Kyriakis C.S., Brown I.H., Loeffen W., 2014. European surveillance network for influenza in pigs: surveillance programs, diagnostic tools and swine influenza virus subtypes identified in 14 European countries from 2010 to 2013. *PloS One* 9, e115815.

Vijaykrishna D., Smith G.J., Pybus O.G., Zhu H., Bhatt S., Poon L.L., Riley S., Bahl J., Ma S.K., Cheung C.L., Perera R.A., Chen H., Shortridge K.F., Webby R.J., Webster R.G., Guan Y., Peiris J.S., 2011. Long-term evolution and transmission dynamics of swine influenza A virus. *Nature* 473, 519-522.

Watson S.J., Langat P., Reid S.M., Lam T.T.-Y., Cotten M., Kelly M., Van Reeth K., Qiu Y., Simon G., Bonin E., Foni E., Chiapponi C., Larsen L., Hjulsgager C., Markowska-Daniel I., Urbaniak K., Durrwald R., Schlegel M., Huovilainen A., Davidson I., Dan A., Loeffen W., Edwards S., Bublot M., Vila T., Maldonado J., Valls L., Brown I.H., Pybus O.G., Kellam P., 2015. Molecular Epidemiology and Evolution of Influenza Viruses Circulating within European Swine between 2009 and 2013. *J Virol* 89, 9920-9931.

Brève. Détection de *Varroa* spp. à La Réunion Short item. Detection of *Varroa* spp. in La Réunion island

Olivier Esnault (1), Patrick Garcia (2), Marie-Pierre Chauzat (3), Fayçal Meziani (4)*, Stéphanie Franco (5)

Auteur correspondant: olivier.esnault@gds974.re

(1) Groupement de défense sanitaire de La Réunion, La Plaine des Cafres, France

(2) Direction de l'Alimentation, de l'Agriculture et de la Forêt de La Réunion, Saint-Pierre, France

(3) Anses, Direction des laboratoires, Unité de Coordination et d'appui à la surveillance, Maisons-Alfort, France

(4) Direction générale de l'Alimentation, Paris, France

(5) Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, Laboratoire de Sophia Antipolis, Unité Pathologie de l'abeille, Sophia Antipolis, France

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

Mots-clés: Abeille domestique, *Varroa*, La Réunion/Keywords: Honeybee, *Varroa*, La Réunion

La Réunion est un département d'Outre-Mer situé dans le Sud-Ouest de l'Océan Indien. L'abeille domestique présente sur cette île est *Apis mellifera unicolor*, originaire de Madagascar. L'apiculture y est socio-économiquement très importante avec plus de 500 apiculteurs pour environ 24 000 colonies.

Une étude sur la filière apicole réunionnaise dont les objectifs étaient de déterminer la prévalence des agents pathogènes réunionnais d'une part et évaluer les risques d'introduction d'autres agents pathogènes dont *Varroa destructor* d'autre part, avait été réalisée en 2013 par le Groupement de défense sanitaire (GDS) de La Réunion⁽¹⁾. Cette étude avait montré l'absence des principaux dangers sanitaires pour l'abeille, particulièrement de *Varroa destructor*, danger sanitaire majeur pour les colonies (Encadré).

C'est dans ce contexte, qu'en accord avec la direction de l'Alimentation, de l'Agriculture et de la Forêt de La Réunion (DAAF) et les partenaires de la profession (syndicat apicole de La Réunion, Coopemiel, ADA Réunion), le GDS de La Réunion a déployé début 2016 un réseau épidémiologique spécifique (réseau SEA – Suivis épidémiologiques des maladies des abeilles) ayant pour objectif de détecter précocement les agents pathogènes exotiques. Pour cela, et entre autres modalités, un réseau de ruchers sentinelles a été déployé dans différentes zones de l'île.

Un des objectifs de la filière apicole réunionnaise était d'obtenir courant 2017 un statut européen de territoire officiellement indemne de varroa.

Découverte du parasite sur l'île

Le 4 mai 2017, quatre varroas ont été mis en évidence grâce à la méthode de détection sur abeilles basée sur l'utilisation de sucre glace dans une colonie sentinelle située sur la commune de Saint-Denis.

Le lendemain, une cellule de crise a été mise en place par la DAAF. Eu égard au statut de varroa en France qui n'est pas un danger sanitaire de première catégorie et n'impliquant de ce fait pas de mesures de police sanitaire spécifiques, des mesures de gestion adaptées aux particularités de l'île ont été décidées en urgence.

Deux zones circulaires de 5 et 10 km de rayon ont été définies autour du foyer initial. Au sein du premier zonage, le recensement et l'inspection de l'ensemble des ruchers ont été réalisés (détection par les méthodes du sucre glace et d'examen du couvain de mâles). Dans la seconde zone, des mesures similaires ont été appliquées, les visites étant cependant réalisées sur un échantillon de ruchers. En cas de détection, les mesures prévoyaient la destruction des colonies présentes. Enfin, toute transhumance a été interdite dans l'île. Dans le même temps, des acariens ont été envoyés au laboratoire national de référence (Anses, Sophia Antipolis) pour l'identification officielle de *Varroa*.

Les inspections menées par les équipes de la DAAF et du GDS dans la zone des 5 km ont montré la présence du parasite dans quasiment tous les ruchers inspectés.

Le 8 mai, un apiculteur a signalé la présence du parasite à Saint-Louis (commune située à 45 km de Saint-Denis). Des investigations plus étendues ont alors été menées et ont montré, à la date du 26 mai 2017, la présence de varroa dans treize communes sur les 24 de l'île. Aucun cas clinique de varroose n'a pour l'instant été détecté sur l'île. Étant donné le nombre et le caractère étendu des foyers, les mesures prévoyant la destruction des ruchers infestés ont été abandonnées

(seul le foyer initial (7 colonies dans le rucher sentinelle) et un autre foyer (23 colonies chez un apiculteur) ont été détruits).

Le 22 mai, la DGAL a notifié à l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE), la présence de *Varroa destructor* sur l'île.

Des visites sont prévues jusqu'au 30 juin afin de rassembler et d'agréger le maximum de données sur la situation sanitaire. Ce travail permettra de préciser et d'adapter les mesures de gestion et de surveillance à mettre en œuvre.

De nouveaux enjeux pour la filière apicole réunionnaise

L'apparition de *Varroa* sur l'île de La Réunion va bouleverser l'apiculture locale qui devra répondre à des enjeux multiples:

- Prendre conscience du danger sanitaire et apprendre à vivre avec: les pratiques apicoles et les itinéraires techniques devront être adaptés.
- Renforcer les connaissances sanitaires sur la maîtrise de cet acarien parasite: des actions de sensibilisation et de formation devront être conduites au bénéfice des apiculteurs de l'île.
- Assurer la qualité des produits de la ruche: la filière devra s'assurer de la bonne utilisation des antiparasitaires et de l'absence de résidus dans les produits de la ruche.
- Améliorer le recensement des apiculteurs: le développement de ruches « de loisir » chez les particuliers ces dernières années a occasionné la multiplication de colonies qui ne sont pas forcément déclarées.
- Assurer les services écosystémiques: de nombreuses cultures maraîchères et fruitières dépendent de la pollinisation assurée par les abeilles, tout comme de nombreuses espèces végétales indigènes et endémiques dans les écosystèmes naturels.
- Conserver la diversité génétique de l'abeille indigène: l'impact de la varroose sur les colonies pourrait réduire la diversité génétique de l'abeille indigène.
- Renforcer la recherche et l'expérimentation: de nombreux champs s'ouvrent aux organismes de recherche et d'expérimentation concernant la biologie de l'abeille, de varroa et des mesures de contrôle à mettre en œuvre vis-à-vis du parasite, dans le contexte particulier de l'île, en particulier en raison du type particulier d'abeilles présent (de la lignée A).

Encadré. *Varroa destructor*, un danger sanitaire majeur pour les colonies d'abeilles

Varroa destructor est un acarien parasite externe de l'abeille mellifère. Il se développe dans le couvain et se nourrit d'hémolymphe. Il est également le vecteur de différents virus, en particulier du virus des ailes déformées et du virus de la paralysie aiguë de l'abeille, pour qui il constitue un vecteur actif (multiplication du virus dans varroa).

De par son action spoliatrice, *V. destructor* est par ailleurs un facteur d'affaiblissement important pour les colonies d'abeilles, à l'origine de mortalités et pouvant favoriser le développement d'autres maladies.

L'infestation se propage par contact direct entre abeilles adultes et à la faveur des déplacements d'abeilles et de couvain infestés. Le nombre de parasites s'accroît progressivement avec le développement du couvain et l'augmentation de la population dans la colonie.

Originaire d'Asie, *V. destructor* a actuellement une répartition mondiale. Seuls quelques territoires en sont indemnes.

La varroose est classée comme danger sanitaire de deuxième catégorie dans la réglementation française. Cette maladie est également réglementée dans le cadre européen et fait partie de la liste de l'Organisation mondiale pour la santé animale (OIE).

(1) O. Esnault 2013 « Bilan sanitaire de la filière apicole réunionnaise et évaluation des risques d'introduction d'agents pathogènes exotiques », rapport d'étude.

Directeur de publication: Roger Genet
Directeur associé: Patrick Dehaumont
Comité de rédaction: Didier Boisseleau, Anne Brisabois, Corinne Danan, Benoît Durand, Françoise Gauchard, Pascal Hendrikx, Paul Martin, Elisabeth Repérant, Sylvain Traynard
Rédacteur en chef: Didier Calavas
Rédactrices en chef adjointes: Anne Bronner, Corinne Danan

Editeur scientifique: Julien Cauchard
Responsable d'édition: Fabrice Coutureau
Assistante d'édition: Céline Leterq
Anses - www.anses.fr
14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort Cedex
Courriel: bulletin.epidemie@anses.fr

Conception et réalisation: Parimage
Crédits photos: Anses, Parimage
Impression: Bialec
23 Allée des Grands Pâquis - 54180 Heillecourt
Tirage: 3500 exemplaires
Dépôt légal à parution/ISSN 1630-8018

