

## Brève. Situation épidémiologique globale de l'influenza aviaire hautement pathogène (2015-2016) Short item. World epidemiological situation of Highly Pathogenic Avian Influenza (2015-2016)

E. Arsevska (1,2) (elene.arsevska@cirad.fr), A. Mercier (1,2)\*, S. Falala (1,2)\*, E. Niqueux (3), J. Cauchard (4)\*

(1) Cirad, UMR Contrôle des maladies animales exotiques et émergentes (CMAEE), Montpellier, France

(2) Inra, UMR 1309 CMAEE, Montpellier, France

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

L'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) a un impact imprévisible sur les santés humaines et animales ainsi que sur le commerce à l'échelle globale. Parmi les nombreux outils d'information et de lutte contre ces maladies émergentes, la base de données WAHID (World Animal Health Information Database) de l'Organisation mondiale pour la santé animale (OIE) rassemble des données relatives aux foyers d'IAHP dans le monde permettant de connaître la situation sanitaire à l'échelle internationale, d'en informer les différents pays et de prendre le cas échéant des mesures de prévention, surveillance et lutte adaptées. En utilisant les données de la base WAHID de l'OIE, nous présentons une mise à jour de la situation épidémiologique globale de l'IAHP du 1<sup>er</sup> janvier 2015 au 22 juillet 2016 par une analyse descriptive détaillant les pays, régions et localisations des foyers d'IAHP, ainsi que les hôtes infectés et le nombre de cas déclarés à l'OIE. Toutes les analyses et la visualisation des données ont été réalisées à l'aide du logiciel R (principalement les packages 'crosstab', 'maps', 'ggplot' et 'country codes').

Sur la période étudiée, 2 120 foyers ont été déclarés par 38 pays. Au moins neuf sous-types H5 HP différents ont été recensés, et un seul sous-type H7 HP. Les principaux sous-types associés aux foyers étaient (Figure 1):

- le sous-type IAHP H5N1 en Afrique de l'Ouest, au Sud-Est de l'Europe et au Moyen-Orient,
- les sous-types H5N2 et H5N8 en Amérique du Nord,

- le sous-type H7N3 en Amérique centrale,
- les sous-types H5N1, H5N2 et H5N8 en Asie du Sud-Est.

La distribution temporelle des foyers révèle une période de forte activité virale de décembre 2015 à mars 2016: environ 65 % des foyers déclarés en 2015 l'ont été en décembre et 80 % des foyers déclarés en 2016 l'ont été entre janvier et mars (Figure 2).

De nombreux foyers d'IAHP ont été signalés en Asie en 2015 et particulièrement en janvier (738 foyers déclarés au cours de ce mois), suite à l'émergence des sous-types H5N2 (365 foyers, 49 % des foyers) et H5N8 (268 foyers, 36 % des foyers). Ces foyers étaient principalement signalés dans des élevages de volailles, par le Taïpei chinois (Figure 1 & 2), avec un taux moyen de mortalité apparente déclarée de 28 % (pour le sous-type H5N2) et 22 % (pour le sous-type H5N8) dans les populations de volaille atteintes du pays. Pour le Taïpei, il s'agit bien d'une émergence en début 2015. Pour d'autres pays d'Asie du Sud-Est, il s'agit plutôt de la circulation persistante de souches proches de virus ayant déjà été déclarés pour la 1<sup>re</sup> fois en Corée du Sud en 2014 (H5N8), et en Chine à partir de 2013 (H5N2).

Un total de 577 foyers d'IAHP de sous-type H5N1 a été déclaré dans cinq pays d'Afrique de l'Ouest, parmi lesquels le Nigéria fut le plus touché (Figure 1). Dans ce pays, le pic de déclaration a été observé de janvier à mars 2016, avec un taux moyen de mortalité apparente déclarée, calculé à partir des notifications, de 18 % dans les élevages de volailles atteints.

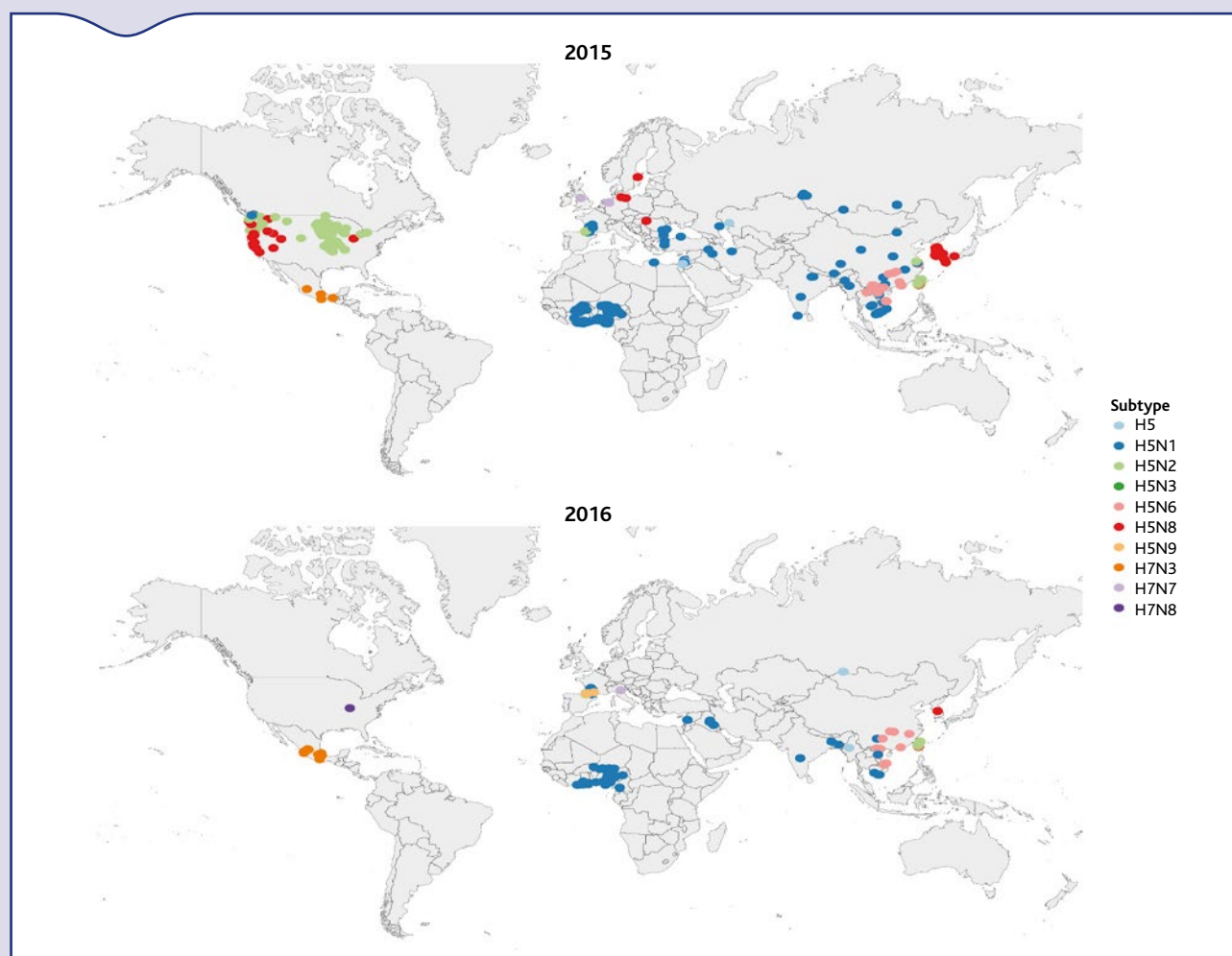


Figure 1. Distribution géographique mondiale des infections à virus IAHP de janvier 2015 à juin 2016

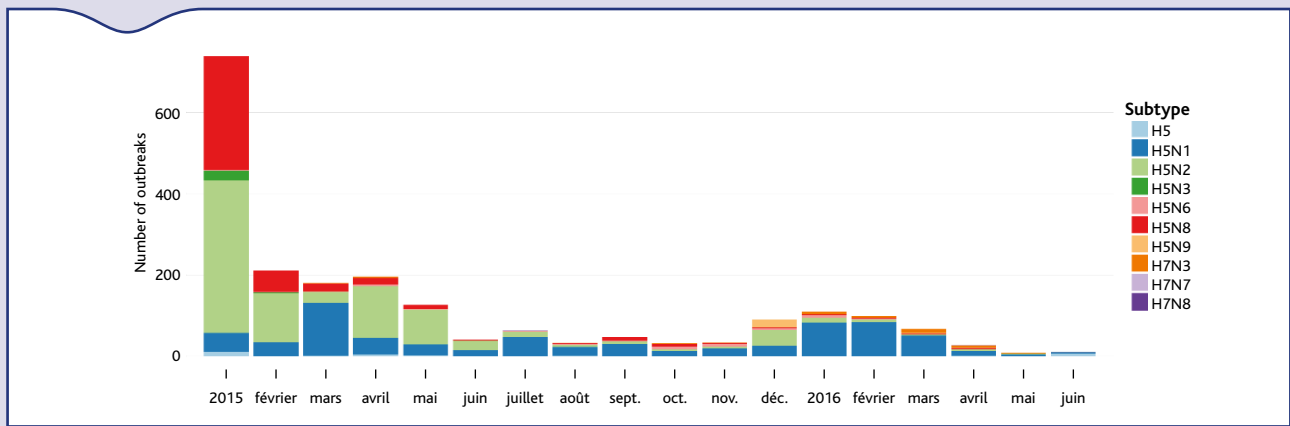


Figure 2. Saisonnalité des infections à virus IAHP de janvier 2015 à juin 2016

Neuf pays européens ont signalé un total de 109 foyers de cinq sous-types d'H5 HP différents, avec un pic observé en décembre 2015. Parmi les sous-types responsables figurent de nouvelles souches des sous-types H5N1, H5N2 et H5N9 qui sont apparues en France en novembre 2015, non apparentées aux virus de la lignée A/goose/Guangdong/1/1996 responsable de la panzootie encore en activité. Les foyers d'IAHP H5N1 et d'IAHP H5N8 dans les autres pays d'Europe ont été signalés principalement dans l'avifaune sauvage et de manière sporadique dans les élevages de volailles (Figure 1).

La majorité des foyers d'IAHP déclarés en Amérique du Nord sont de sous-type H5N2 et ont principalement touché les élevages de volaille (211 foyers) avec un taux moyen de mortalité apparente déclarée, calculé à partir des notifications de 27 %. Ce sous-type est apparu dans la région en novembre 2014 dans un élevage de dindes au Canada et a entraîné un pic de déclarations en avril et mai 2015. De nouvelles souches d'IAHP H5N1 et H5N8 ont également été identifiées dans des élevages de volailles et chez des oiseaux sauvages dès décembre 2014 aux États-Unis d'Amérique, et ont été par la suite détectées de janvier à mai 2015 en Amérique du Nord. Le sous-type IAHP H7N3 a

été détecté au Mexique, touchant à la fois des élevages de volailles et des populations d'oiseaux sauvages (Figure 1).

Il est important de noter que les notifications à l'OIE ne sont pas exhaustives et que parfois, les données qui y sont mentionnées (notamment nb de morts / nb de malades) sont à prendre également avec prudence. Toutefois, comme présenté ci-dessus, cette mise à jour souligne la diversité génétique et géographique des virus IAHP de sous-type H5 au niveau mondial. La présence de plusieurs souches d'IAHP H5 à la fois dans les populations d'élevages de volailles et dans l'avifaune sauvage pourrait indiquer un changement de l'épidémiologie du virus influenza aviaire ainsi que du rôle de réservoir de l'avifaune sauvage. L'identification de ces changements au niveau de l'épidémiologie de la maladie doit déboucher sur des adaptations des systèmes de surveillance nationaux et internationaux.

## Références

[http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home)