

Influenza aviaire hautement pathogène en France Bilan de la saison 2022-2023

Le Bouquin Sophie¹, Palumbo Loïc², Briand Francois-Xavier³, Scoizec Axelle¹, Van de Wiele Anne⁴, Schmitz Audrey³, Grasland Béatrice³, Villaudy Sylvain⁵, Carlène Trevennec⁵, Cauchard Julien⁶, Gerbier Guillaume⁷, Niqueux Eric³

Auteur correspondant : sophie.lebouquin-leneveu@anses.fr

¹ Anses, Laboratoire de Ploufragan- Plouzané - Niort, Unité Epidémiologie Santé et Bien Être (EPISABE), Ploufragan, France

² Office Français de la Biodiversité (OFB), Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique (DRAS) – Santé Agri, Orléans, France

³ Anses, Laboratoire de Ploufragan- Plouzané - Niort, Unité de Virologie, immunologie, Parasitologie Aviaires et Cunicoles (VIPAC), Laboratoire National de Référence pour l'influenza aviaire, Ploufragan, France

⁴ Office Français de la Biodiversité (OFB), Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique (DRAS) – Villeneuve de Rivière (31), France

⁵ INRAE, CIRAD Campus International de Baillarguet, Unité Animal, Santé, Territoires, Risques, Ecosystèmes (ASTRE), Montpellier, France

⁶ Anses, Laboratoire de Lyon, Unité EAS, Lyon, France

⁷ Direction Générale de l'Alimentation, Bureau de la Santé Animale, Paris, France

Résumé

La saison 2022-2023 a été marquée une nouvelle fois par une épizootie majeure liée au sous type H5N1 de clade 2.3.4.4.b, avec 396 foyers déclarés en élevages sur la période. Elle a tout particulièrement affecté les populations d'oiseaux sauvages, notamment certaines espèces de laridés vivant en colonies qui ont été touchées sur leur zone de nidification. Un autre élément marquant de cet épisode réside dans l'absence d'intersaison habituellement observée pour cette maladie, avec la détection de cas d'IAHP toute l'année. Ce constat observé au cours de l'été 2021 se confirme, notamment dans la faune sauvage de manière concomitante avec l'observation de foyers sporadiques en élevage. Pour la première fois en France des cas ont été rapportés sur des mammifères, suscitant un renforcement de la vigilance des acteurs de santé publique vis-à-vis de ce virus au potentiel zoonotique.

Mots-clés

Influenza aviaire, Hautement pathogène, oiseau sauvage, volaille

Abstract

Title: Highly pathogenic avian influenza in France - overview of the 2022-2023 season

The 2022-2023 season was again characterised by a major epizootic linked to the H5N1 subtype of clade 2.3.4.4.b, with 396 outbreaks reported on farms during this period. It mainly affected wild bird populations, in particular certain colonial species of Laridae, in their nesting areas. Another striking feature of this episode was the absence of the seasonal pattern usually observed for this disease, with cases of HPAI being detected throughout the year. This observation was confirmed in the summer of 2021, particularly in wild birds, at the same time as sporadic outbreaks were observed in farms. For the first time, mammalian cases have been reported in France, prompting public health authorities to increase their vigilance for this potentially zoonotic virus.

Keywords

Avian Influenza, high pathogen, wild bird, poultry

La saison 2022-2023 a été une nouvelle fois marquée par une forte épizootie d'Influenza Aviaire Hautement Pathogène (IAHP) comme les deux saisons précédentes, impactant fortement les activités des filières avicoles (Le Bouquin et al., 2023). De moindre ampleur que l'épizootie de 2021-2022 au cours de laquelle 1378 foyers de volailles avaient été déclarés, l'épizootie de 2022-2023 a été responsable de 396 foyers recensés en élevages, 557 cas dans l'avifaune sauvage et 92 cas sur les oiseaux captifs entre le 01/08/2022 et le 31/07/2023 (Encadré 1). Les données ADIS présentées ci-dessous (source : Commission européenne) ont été extraites le 07/08/2023.

Bilan de la surveillance 2022-2023

Dans la faune sauvage

Le début de saison a été marqué par une circulation virale inhabituelle, en termes de période et de fréquence de détection. Entre août et septembre, 105 cas ont été déclarés en grande majorité sur les départements du littoral de la mer du Nord, de la Manche et de l'Atlantique (départements de la Somme à la Gironde). Les détections concernaient essentiellement plusieurs espèces d'oiseaux coloniaux, avec une majorité de cas sur les fous de Bassan (*Morus bassanus*) et les laridés dont les goélands argentés (*Larus argentatus*). Des cas ont également été détectés sur des anatidés (oies, cygnes et canards) plus anecdotiquement. À l'automne (octobre, novembre), les détections se sont poursuivies avec toutefois une moindre incidence que dans les pays d'Europe du nord. Une

large diversité d'espèces étaient concernées avec une proportion décroissante au cours de la période des oiseaux marins au profit de certaines populations d'anatidés, notamment les cygnes tuberculés. Après une courte accalmie en fin d'année observée dans tous les pays d'Europe, l'incidence a repris fin décembre dans de nombreux pays dont la France (109 cas) sur les anatidés, jusqu'en mars 2023. Dans le même temps, des cas ont été détectés sur des laridés, en particulier sur des mouettes rieuses en région parisienne et sur le littoral Manche Atlantique et le Rhône, associés à des épisodes de mortalité parfois intenses. Ces épisodes de mortalité importante localisés en région parisienne, Centre Val de Loire, Rhône et Grand Est se sont poursuivis chez les laridés (mouettes et goélands) jusque fin février où le pic de détection a été atteint (107 cas sur les laridés en février). Les détections de cas sauvages se sont ensuite étendues progressivement vers le sud le long du couloir rhodanien pour atteindre finalement le littoral méditerranéen. Un grand nombre d'espèces ont été concernées au cours de cette saison, notamment des espèces de rapaces (par exemple des faucons ornithophages) et plusieurs espèces de laridés dont certaines considérées comme menacées, qui ont été touchées en période de reproduction sur leurs sites de nidification (sternes caugek, sternes pierregarin, mouettes mélanocéphales, ...).

Au bilan, 557 cas ont été déclarés dans le compartiment sauvage sur l'ensemble du territoire pour la saison 2022-2023, sans aucune trêve estivale. Les virus identifiés appartenaient tous au sous-type H5N1 (un cas H5Nx).

Encadré 1. L'influenza aviaire, une maladie saisonnière

L'influenza aviaire étant une maladie à évolution saisonnière, il a été décidé en 2020 d'en tenir compte pour la présentation des résultats de surveillance. Ainsi, depuis cette date, le nombre de foyers est calculé sur une période allant chaque année du 1er août de l'année n au 31 juillet de l'année n+1. Ces dates de bornage des saisons ont été définies en fonction des périodes de migration descendante (post-nuptiale) des oiseaux sauvages (anatidés majoritairement), sur la base de la biologie des espèces concernées et des données de baguage des anatidés, les premiers migrants arrivant en France à partir du mois d'août (observations sporadiques en juillet).

Malgré l'absence de période estivale d'incidence nulle de cette infection, relevée depuis l'été 2022, la pertinence des bornes ainsi définies pour les saisons épidémiologiques reste réelle avec une augmentation toujours marquée de l'incidence, liée aux migrations post-nuptiales.

Références bibliographiques

Guillemain, M. et al., 2021. « La migration des anatidés : patron général, évolutions et conséquences épidémiologiques ». Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 94 (14) : 1-13

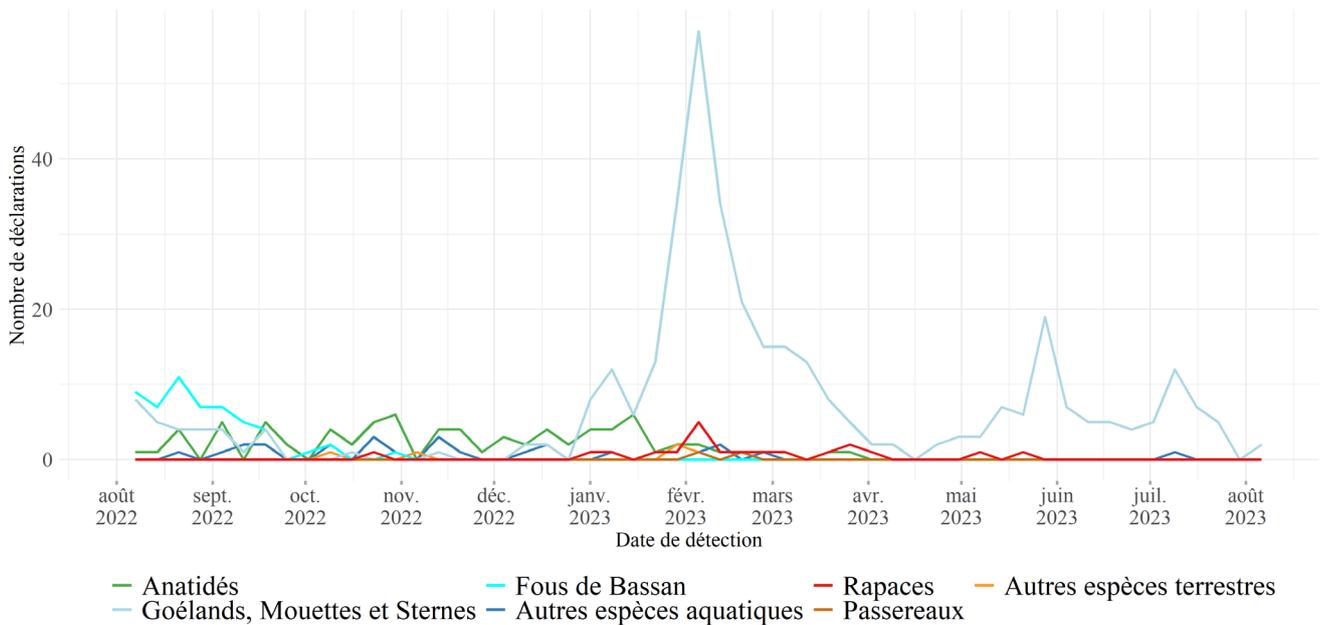


Figure 1. Incidence hebdomadaire (nombre de déclarations par semaine) des cas dans l'avifaune sauvage par groupe d'espèces d'oiseaux sauvages en France du 01/08/2022 au 31/07/2023 (Source : Commission européenne ADIS le 07/08/2023)

Dans les élevages domestiques

Plusieurs foyers isolés ont été détectés au cours de l'été 2022. Ces cas sporadiques étaient anormaux pour la saison et très probablement à mettre en lien avec la survenue, atypique sur cette période, de cas de détection de virus IAHP dans l'avifaune sauvage et avec la contamination importante des milieux naturels qui en a découlé. Le premier foyer de volailles de la saison a été détecté le 16/08/2022 dans le Morbihan dans un élevage de dindes en engraissement. Sur les mois d'août à octobre, des foyers sporadiques ont ensuite été détectés dans de nombreux départements et sur la majorité des filières (palmipèdes, dindes, *gallus*) de manière inhabituelle pour la saison.

Une première vague épizootique a été observée à partir d'octobre dans l'Ouest de la France, en particulier le bassin de production des Pays de la Loire / Deux-Sèvres, dans des élevages essentiellement situés en zone à risque de diffusion (ZRD). Un pic épizootique a été observé en décembre avec 154 foyers détectés sur le mois. L'épisode s'est poursuivi jusqu'en février 2023.

Les premiers foyers du sud-ouest ont été détectés fin 2022 dans les Hautes Pyrénées puis le Gers. Par la suite des foyers groupés se sont déclarés dans le

Sud-Ouest en janvier-février puis en Bretagne (Côtes-d'Armor) en février-mars 2023.

Une seconde vague épizootique tardive dans la saison épidémiologique a ensuite touché les départements du Sud-Ouest (Gers, Landes, Pyrénées-Atlantiques et Hautes-Pyrénées). Après deux mois sans détection de foyer de volailles, un nouveau foyer a été détecté le 03/05/2023 dans un élevage de canards gras dans le Gers. Le pic épizootique de cette seconde vague a été atteint au mois de mai et a touché essentiellement les départements du Gers et des Landes. Le dernier foyer de la saison a été détecté le 10/07/2023 à Dax dans les Landes, dans un élevage de canards gras.

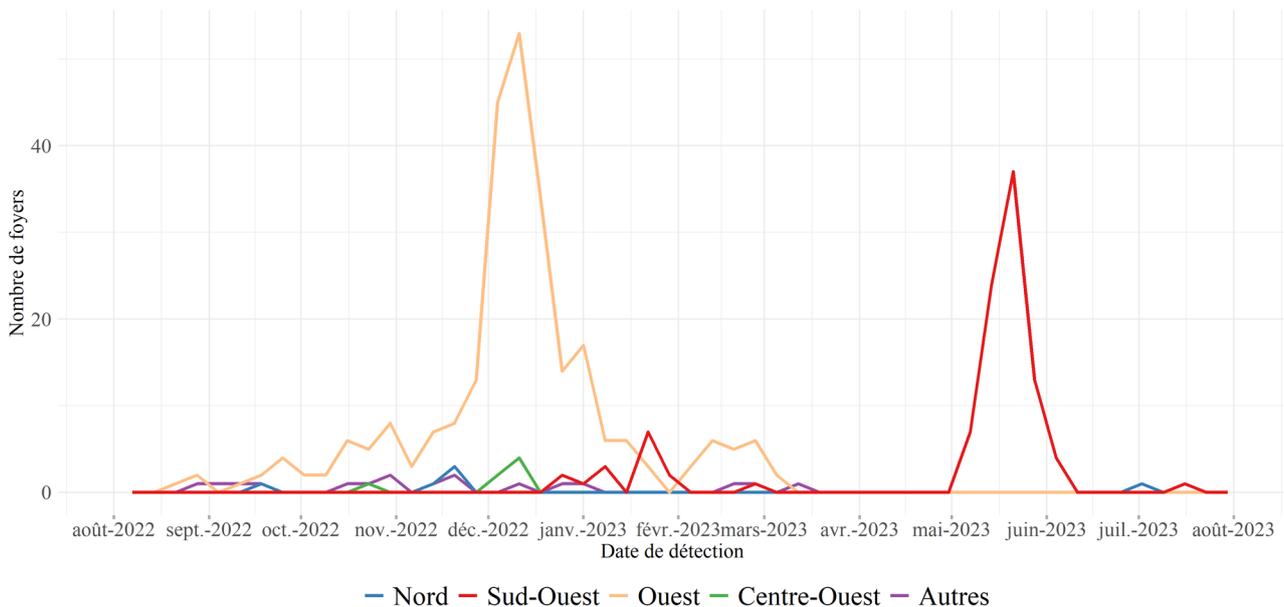
Les départements ayant déclaré le plus de foyers sur la saison sont la Vendée (n=120), suivi du Gers (70 foyers), du Maine-et-Loire (n=44), des Deux-Sèvres (n=35), des Landes (n=28) et des Côtes d'Armor (n=27).

Au bilan, 396 foyers ont fait l'objet d'une déclaration sur la période, faisant de la France le pays d'Europe déclarant le plus grand nombre de foyers de volailles (Plateforme ESA, 2024).

Tous les types de production avicole ont été touchés, avec une majorité de foyers concernant les palmipèdes (62 %), suivis par les Gallus (19 %), et les dindes (11 %).

Tableau 1. Nombre de foyers détectés du 01/08/2022 au 31/07/2023 par zones géographiques (Source : Commission européenne ADIS le 07/08/2023)

Secteurs géographiques	Régions/ départements concernés	Nombre de foyers
Ouest	Deux-Sèvres Régions Pays de la Loire, Bretagne, Normandie	263
Centre Ouest	Dordogne	8
Sud- Ouest	Gers, Hautes-Pyrénées, Pyrénées Atlantique, Landes, Tarn et Garonne	103
Nord	Région des Hauts de France	7
Autres	Ain, Eure et Loir, Indre, Indre et Loire, Loiret, Meuse, Rhône, Saône et Loire, Seine et Marne, Tarn, Vaucluse	15

**Figure 2.** Nombre hebdomadaire de foyers de volaille détectés du 01/08/2022 au 31/07/2023 (Source : Commission européenne ADIS le 07/08/2023).

Chez les oiseaux captifs

87 foyers ont été déclarés sur des oiseaux captifs au cours de cette saison. Ces foyers ont été détectés dans toutes les régions. S'ils ont majoritairement concerné des basses-cours, certains de ces foyers se sont déclarés dans des parcs zoologiques ou ornithologiques, sur des canards appelants et dans la filière d'oiseaux d'ornement.

Des cas détectés chez des mammifères pour la première fois en France

Pour la première fois en France, quatre cas indépendants de contamination par un virus H5N1

de clade 2.3.4.4.b ont été détectés chez des carnivores sauvages captifs ou libres (ours noir tibétain (*Ursus thibetanus*), deux renard roux (*Vulpes vulpes*)) et domestique (chat domestique), l'un des renards roux ayant été détecté positif rétrospectivement. Ces événements sont rares mais en augmentation depuis quelques années. Compte tenu du potentiel zoonotique de ces cas, ils font l'objet d'une surveillance toute particulière au niveau européen (cf. annexe II du règlement 2020/689).

Un premier cas a été détecté sur deux ours noirs tibétains présentant des signes respiratoires et

d'infection systémique dans un parc zoologique de l'Aude en novembre 2022. Simultanément des cas ont été confirmés sur plusieurs espèces d'oiseaux en captivité et sauvages dans et autour du parc. Tous les virus étaient apparentés entre eux ce qui laisse supposer une transmission directe entre ces animaux ou une contamination par une même source virale (Briand *et al.* 2024).

Un mois plus tard (20/12/2022), un chat a été détecté infecté à proximité immédiate d'un élevage de canards foyer dans le département des Deux-Sèvres. Cet animal qui présentait des symptômes neurologiques et respiratoires prononcés a dû être euthanasié. Enfin un renard a été détecté le 10/02/2023 en Seine et Marne dans une zone où de fortes mortalités dans la faune sauvage avaient été constatées. Il est probable que l'origine de ces cas soit liée à la consommation par ces mammifères d'oiseaux sauvages morts ou malades (Briand *et al.* 2024).

L'un des renards roux a été retrouvé mort dans le département de Seine et Marne en février, à proximité de deux autres renards morts (non analysés) et dans une zone de forte mortalité de mouettes rieuses positives IAHP. Le second renard positif a été admis en février dans un centre de soin de Loire Atlantique avec des troubles neurologiques et y a été autopsié. Ce renard n'a été testé positif que rétrospectivement.

Les analyses comparatives des séquences virales associées ont par ailleurs montré la présence de mutations d'adaptation et d'augmentation de la virulence chez les mammifères, pour les virus identifiés chez l'ours noir tibétain et le chat domestique. Ces mutations n'étaient pas présentes dans les séquences virales les plus proches (génétiquement et épidémiologiquement parlant) détectées chez les oiseaux.

Génotypes circulants

Comme lors de la saison précédente, les virus circulants en France en 2022-23 appartenaient tous à un seul sous type de virus IAHP A(H5N1) de clade 2.3.4.4b, aux rares exceptions près de virus IAHP A(H5) de ce même clade pour lesquels le sous-type de neuraminidase n'a pas pu être déterminé. Sur l'ensemble de la saison 2022-2023 et toutes détections confondues (volailles, oiseaux captifs, oiseaux sauvages libres et mammifères), neuf génotypes ont été identifiés.

Chez les oiseaux sauvages, les génotypes dominants différaient selon les familles d'oiseaux infectés. Par ordre de fréquence de détection décroissante, rapportée à l'ensemble de la saison :

- le génotype FR9 (EA-2022-BB) était dominant et associé aux infections chez les laridés, il a circulé pendant l'ensemble de la saison ;
- le génotype FR2 (EA-2021-AB) était dominant et associé aux infections chez les anatidés et les ardéidés, il a également circulé pendant l'ensemble de la saison ;
- le génotype FR1 (EA-2021-C) était dominant et associé aux infections chez les sulidés (fous de Bassan), il n'a été détecté qu'entre août et mi-septembre 2022.

Chez les volailles et les oiseaux de basse-cour, deux génotypes majoritaires ont représenté plus de 96 % des virus dont le génotype a pu être déterminé :

- le génotype FR2 (EA-2021-AB) était majoritaire pendant le début de la saison, jusqu'à mi-mars 2023, et a circulé de façon intense dans l'ouest de la France (régions Pays-de-la-Loire et Bretagne) ; Les analyses phylogénétiques des séquences associées au génotype FR2 ont montré que la fréquence importante de détection de celui-ci était associée à de nombreuses nouvelles incursions indépendantes en France : au moins dix groupes phylogénétiques ont été identifiés dès l'automne 2022, qui n'étaient pas apparentés (pour l'essentiel des détections) aux séquences de génotype FR2 qui avaient circulé massivement pendant la saison épidémiologique précédente 2021-2022. Par ailleurs, la circulation en élevages de volailles a été typiquement la conséquence de plusieurs introductions primaires distinctes suivies par une transmission secondaire inter-élevages, limitée ou étendue (comme dans le cas de la 1^{ère} vague épizootique de novembre-décembre 2022).
- le génotype FR12 (EA-2022-CC) était quasi-exclusivement le seul détecté pendant la 2^{ème} vague épizootique en élevages de volailles, à partir du mois de mai 2023, et a circulé majoritairement dans le sud-ouest de la France (régions Occitanie et Nouvelle-Aquitaine). Les analyses phylogénétiques suggèrent que l'épizootie de mai dans le Sud-Ouest, due au génotype FR12, était secondaire aux précédents foyers observés en début d'hiver et constituait une résurgence « vraie » (nouvelle détection du même virus ou d'un virus très étroitement apparenté dans une même zone). Le virus pourrait avoir ensuite diffusé secondairement par les mouvements de volailles.

Discussion et conclusions

Evolution de la réglementation

Le programme de surveillance de l'Union européenne est basé sur une surveillance des virus de l'influenza aviaire (VIA) des sous types H5 et H7

dans les élevages commerciaux, afin de garantir l'absence de circulation des VIA sous forme sous-clinique. Depuis le 21/04/2020, l'IAHP est classée dans les maladies de catégorie A +D+E de la LSA (Règlement 2018/1882). Elle reste donc une maladie à plan d'urgence au sens de l'article L201-5 du code rural et de la pêche maritime. L'IAFP (classée D+E) est désormais soumise à une nécessité de surveillance mais plus à l'application de mesures de lutte.

Pour ce qui est de la surveillance, les instructions nationales en lien avec la surveillance événementielle de l'IAHP restent en application sur la période :

- Note de service DGAL/SDSPA/2015-1145 du 23/12/2015 Surveillance événementielle de l'influenza aviaire hautement pathogène chez les oiseaux domestiques
- Note de service DGAL/SDSPA/2016-507 du 22/06/2016 Surveillance événementielle des mortalités d'oiseaux sauvages au regard du risque influenza aviaire

La surveillance programmée qui consistait en la réalisation d'une enquête sérologique annuelle n'a pas été reconduite en 2022-2023.

Une atteinte sans précédent de l'avifaune sauvage

Les populations d'oiseaux sauvages ont été touchées de manière exceptionnelle au cours de cette saison tant par l'ampleur du phénomène que par la diversité d'espèces touchées et la période où les détections se sont produites (557 cas en 2022-2023 versus 72 en 2021-2022). Une incidence inédite a été constatée à partir de juin 2022 sur tout le littoral de la Manche et de l'Atlantique Nord (Palumbo *et al.*, 2023). Certaines espèces ont été tout particulièrement touchées, notamment parmi les oiseaux coloniaux (sulidés et laridés) et les rapaces (vautours fauves, faucons). Ceci confirme l'absence de trêve estivale qui commençait à se dessiner lors de l'été 2021 et la persistance de la circulation virale au cours de ce qui constituait jusqu'à présent une intersaison pour l'activité IAHP en France. Les analyses génétiques ont en effet montré que le virus avait persisté en Europe chez les oiseaux sauvages non migrateurs pendant et après les mois d'été (Plateforme ESA, 2024). La contamination de l'environnement est de ce fait restée élevée facilitant la diffusion virale et le risque d'introduction sporadique dans les élevages de volailles et chez les oiseaux captifs, même en été.

Ces mortalités massives, à l'échelle nationale mais également européenne voire mondiale, peuvent représenter un réel danger pour la conservation des

espèces menacées qui ont été affectées. Ainsi l'unique colonie française de nidification de fous de Bassan située dans la réserve naturelle des Sept-Îles (Côtes d'Armor, Bretagne) a été sévèrement touchée en 2022, avec plus de 1200 oiseaux morts dénombrés et une perte estimée à 80 % des poussins de l'année (Scoizec *et al.*, 2024).

Un impact moindre mais néanmoins important dans les élevages

La saison 2022-2023 a une nouvelle fois été marquée par une épizootie d'IAHP majeure dans les élevages, toutefois de moindre ampleur que celles des deux années précédentes, notamment de celle de 2021-2022 (respectivement 492 foyers en élevages en 2020-21 et 1378 en 2021-22). Des foyers ont été détectés tout au long de l'année principalement dans des élevages exposés à l'avifaune sauvage infectée, dans un contexte de très forte pression virale environnementale. Par ailleurs, des pics épizootiques à la fois précoces (dès octobre dans les Pays de la Loire) et tardifs (jusqu'en mai dans le Sud-Ouest), augmentant ainsi l'amplitude par rapport à la saison épidémiologique habituelle laissent craindre une endémisation des virus IAHP dans l'avifaune autochtone (Scoizec *et al.*, 2024). Les bassins de production de palmipèdes ont une nouvelle fois été particulièrement touchés mais dans une moindre mesure que lors de l'épizootie précédente, notamment pour la région des Pays de la Loire (853 foyers en 2021-2022). La France a été le pays ayant déclaré le plus grand nombre de foyers de volailles en Europe suivie de la Hongrie qui a totalisé 168 foyers (Plateforme ESA, 2024).

Le risque d'un virus qui s'adapte aux mammifères

La découverte de cas chez plusieurs mammifères en France, et dans le monde, justifie d'être vigilants face à ce virus potentiellement zoonotique susceptible de s'adapter aux mammifères dont l'homme. Les carnivores domestiques et sauvages sont les espèces les plus touchées (avec les mammifères marins dans certaines parties du globe). Ils peuvent ainsi devenir un risque potentiel d'exposition pour d'autres animaux et les propriétaires d'animaux de compagnie (Plateforme ESA, 2024). Depuis l'hiver 2021-2022, le nombre de cas rapportés d'infection des mammifères par le virus IAHP H5N1 a fortement augmenté en Europe et en Amérique du Nord y compris chez l'homme. Quelques cas de contamination inter-mammifères ont été constatés dans un élevage de visons en Espagne (Agüero *et al.*, 2023) et sur une colonie de phoques aux Etats Unis (Puryear *et al.*, 2023) dans un contexte de forte densité d'animaux infectés et d'exposition virale massive. Néanmoins, par

mutation et réassortiments, le génome viral peut également acquérir des marqueurs moléculaires d'adaptation aux mammifères justifiant une surveillance accrue de son évolution.

La répétition des crises sanitaires et leur ampleur ont conduit les autorités sanitaires à revoir la stratégie de prévention et de lutte contre l'IAHP en mettant en place la vaccination dans les élevages de canards français en complément des mesures existantes (surveillance, biosécurité, etc.) à partir du 1^{er} octobre 2023.

Remerciements

Les auteurs adressent leurs remerciements à l'ensemble des éleveurs, vétérinaires sanitaires, chasseurs, personnels des DDecPP, de l'OFB, des fédérations départementales et nationale des chasseurs, des laboratoires vétérinaires reconnus et agréés, du LNR et du comité de rédaction de veille sanitaire et internationale de la plateforme ESA.

Références bibliographiques

- Agüero M., Monne I., Sánchez A., Zecchin B., Fusaro A., et al. 2023. « Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, Spain, October 2022 ». *Euro Surveill. Bull. Eur. Mal. Transm.* 28, 1560. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9853945/pdf/eurosurv-28-3-2.pdf>
- Briand F-X., Beltrame M., Guillemoto C., Busson R., Pigeyre L. et al., 2024 « Highly pathogenic avian influenza A (H5N1) clade 2.3.4.4b virus infection in captive bears (*Ursus thibetanus*) and in captive and wild birds, France, 2022 ». *Ger. J. Vet. Res* 4 (1) :77-82 Doi: <https://doi.org/10.51585/gjvr.2024.1.0077>
- Briand F-X., Souchaud F, Pierre I, Beven V, Hirchaud E, et al. 2023 « Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus in Domestic Cat, France, 2022 ». *Emerg Infect Dis.* Aug;29(8):1696-1698. doi: 10.3201/eid2908.230188. Epub 2023 Jun 28. PMID: 37379514; PMCID: PMC10370847.
- Palumbo L., Van De Wiele A, 2023. [Bilan de l'IAHP, en 2022, dans le compartiment sauvage en France \(plateforme-esa.fr\)](https://www.plateforme-esa.fr)
- Plateforme ESA, 2024. « Bilan de la saison 2022-2023 d'influenza aviaire hautement pathogène en Europe. Bilan Plateforme ESA, Veille sanitaire internationale. https://www.plateforme-esa.fr/sites/default/files/2024-07/2024-07-16_bilan-iahp-2022-2023_vf.pdf
- Le Bouquin, S., Palumbo, L., Niqueux, N., Scoizec, A., Schmitz, A., Grasland, B., Villaudy, S., Trevenec, C., Cauchard, J., Gerbier, G., 2023. « Influenza aviaire hautement pathogène en France: deux épizooties majeures au cours des saisons 2020-2021 et 2021-2022. ». *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation de l'Anses* 100: 1-8.
- Palumbo, L., Decors, A., Van de Wiele, A., Grasland, B., Niqueux, É., Schmitz, A., Briand, F.X., Amat, J.P., Carles, S., E., C., Cauchard, J., Dupuy, C., Gerbier, G., Hénaux, V., Lancelot, R., Locquet, C., Trevenec, C., Villaudy, S., 2023. « Bilan de l'IAHP, en 2022, dans le compartiment sauvage en France ». *Plateforme ESA – épidémiosurveillance santé animale*: 1-6.
- Puryear W., Sawatzki K., Hill N., Foss A., Stone J. J. et al. « Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Outbreak in New England Seals, United States ». *Emerg. Infect. Dis.* 2023, 29, 786–791. https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/29/4/22-1538_article
- Scoizec A., Niqueux E., Schmitz A., Grasland B., Palumbo L., Huneau-Salaün A. et Le Bouquin S. 2024 « New Patterns for Highly Pathogenic Avian Influenza and Adjustment of Prevention, Control and Surveillance Strategies: The Example of France ». *Viruses* 16(1), 101; <https://doi.org/10.3390/v16010101> - 10 Jan 2024 <https://www.mdpi.com/1999-4915/16/1/101/xml>

Encadré 2. Définition des compartiments domestique et sauvage pour l'Influenza Aviaire Hautement Pathogène

Selon la réglementation européenne, l'IAHP doit être notifiée quelle que soit la population atteinte. Le règlement (UE) 2016/429, complété notamment par le règlement délégué 2020/2002 relatif aux notifications et rapportages des maladies catégorisées définissent deux catégories de population dans le système ADIS :

- "Volailles" : les oiseaux élevés ou détenus en captivité aux fins de 1) production de viande, d'œufs ou autres produits, 2) la fourniture de gibier sauvage de repeuplement et l'élevage d'oiseaux [reproducteurs] utilisés pour les types de production visés aux deux points précités [point 9 de l'article 4 du règlement (UE) n°2016/429].

- "Autres que les volailles dont les oiseaux sauvages". Cette catégorie distingue à présent les "oiseaux captifs" qui rassemblent les oiseaux autres que des volailles, détenus en captivité à toute autre fin que celles définies pour la catégorie "Volaille" (incluant les basses-cours, les parcs zoologiques et les oiseaux d'ornement, y compris ceux qui sont détenus aux fins de spectacles, de courses, d'expositions, de compétitions, d'élevage ou de vente [point 10 de l'article 4 du règlement (UE) n°2016/429]).

Référence bibliographique

<https://wiki.esa.inrae.fr/books/sources-dinformatons-et-modalites-de-gestion-des-donnees-utilisees-pour-la-veille-sanitaire-internationale/page/agection-et-interpretation-des-donnees-de-declaration>

Encadré 3. Surveillance et police sanitaire de la maladie au 31/07/2023, chez les oiseaux détenus, en application de la LSA

Objectif de la surveillance

Les objectifs principaux sont définis par l'annexe II du règlement 2020/689 à savoir :

- Détection précoce de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) chez les volailles.
- Détection de l'IAHP chez des espèces de volailles ne présentant généralement pas de signes cliniques significatifs.
- Détection des virus d'influenza aviaire faiblement pathogène (VIAFP) en circulation susceptibles de se propager facilement entre les cheptels de volailles, notamment dans les zones où la densité d'établissements de volailles est importante, compte tenu du potentiel de mutation vers un virus IAHP.

Population surveillée

La surveillance concerne tous les oiseaux détenus. Au sens de la LSA, cela inclut les volailles et les oiseaux captifs. Les populations d'oiseaux sauvages font également l'objet d'une surveillance par le réseau SAGIR.

Champ de surveillance

Les virus Influenza Aviaire Hautement et Faiblement Pathogènes.

Modalités de la surveillance

Surveillance événementielle et surveillance programmée dans le compartiment domestique. Surveillance événementielle dans le compartiment sauvage.

Il est à noter que le règlement délégué 2023/1798 complétant le règlement 2016/429 entré en

vigueur en juillet 2023 inclut une surveillance des animaux détenus ou des animaux sauvages d'espèces qui ne sont pas répertoriés aux fins de la maladie concernée lorsque l'autorité compétente considère qu'ils présentent un risque pour la santé animale et humaine.

Police sanitaire

Les mesures de police sanitaire sont décrites dans le règlement 2020/687.

Définition du cas (annexe I du règlement 2020/689)

Un animal ou un groupe d'animaux doit être considéré, par l'autorité compétente, comme un cas confirmé d'IAHP si :

- a) l'agent pathogène responsable de l'IAHP, à l'exclusion des souches vaccinales, a été isolé sur un échantillon prélevé sur un animal ou sur un groupe d'animaux ;
- b) un acide nucléique spécifique de l'agent pathogène de l'IAHP, sans lien avec la vaccination, a été identifié dans un échantillon prélevé sur un animal ou sur un groupe d'animaux ; ou
- c) un résultat positif à une méthode de diagnostic indirecte, sans lien avec la vaccination, a été obtenu sur un échantillon prélevé sur un animal détenu ou sur un groupe d'animaux détenus présentant des signes cliniques évoquant la maladie ou un lien épidémiologique avec un cas suspect ou confirmé.

Mesures en cas de foyer confirmé

En cas de confirmation de l'infection par une souche hautement pathogène, l'ensemble des oiseaux présents doit être mis à mort. Des zones réglementées sont instaurées.

Référence(s) réglementaire(s)

Règlement 2016/429 (LSA) et règlements délégués (2018/1882, 2020/687 et 2020/689 notamment)

Arrêté du 16 mars 2016 relatif aux niveaux du risque épizootique en raison de l'infection de l'avifaune

par un virus de l'influenza aviaire hautement pathogène et aux dispositifs associés de surveillance et de prévention chez les volailles et autres oiseaux captifs

Pour citer cet article :

Le Bouquin S., Palumbo L., Briand F-X., Scoizec A., Van de Wiele A., Schmitz A., Grasland B., Villaudy S., Trevenec C., Cauchard J., Gerbier G., Niqueux E. 2024. « Influenza aviaire hautement pathogène en France Bilan de la saison 2022-2023 » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 103 (7) : 1-9.

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Benoît Vallet

Directeur associé : Maud Faipoux

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Jean- Philippe Amat, Diane Cuzzucoli, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler

Comité de rédaction : Martine Denis, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Virginie Eymard

Responsable d'édition : Fabrice Coutureau
Vicaire

Assistante d'édition : Flore Mathurin

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Sous dépôt légal : CC BY-NC-ND
ISSN : 1769-7166