

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.

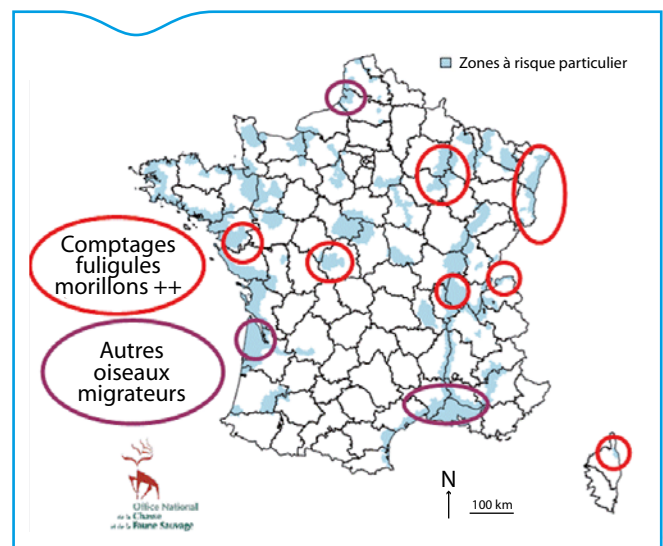


Figure 1. Répartition des dix secteurs sélectionnés pour le protocole de surveillance active des mortalités d'oiseaux

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

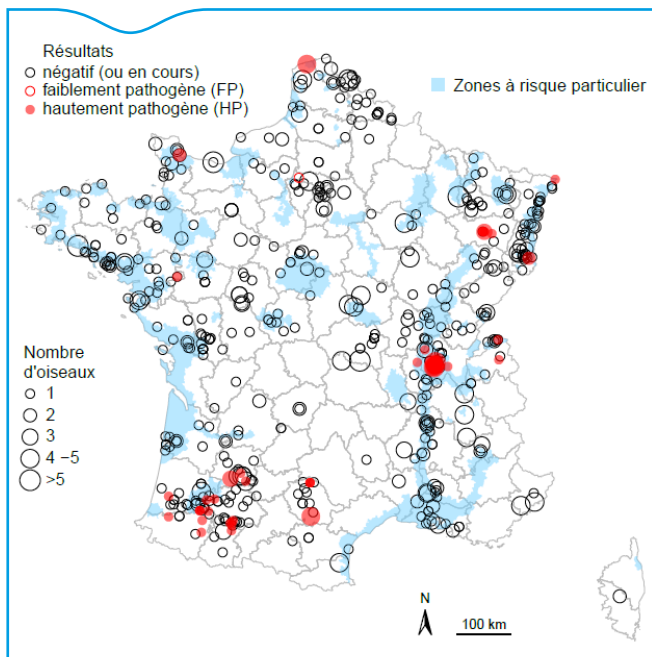


Figure 2. Répartition des oiseaux sauvages collectés par le réseau Sagir en France pour la surveillance de l'IA et localisation des oiseaux négatifs et déclarés positifs en IAHP et IAFP entre le 1^{er} novembre 2016 et le 23 mai 2017 (cartographie ONCFS)

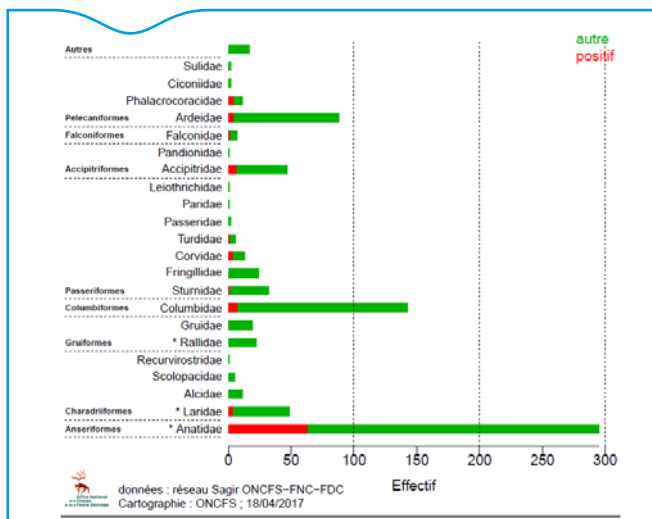


Figure 3. Répartition par famille des oiseaux collectés par le réseau Sagir pour recherche d'IA entre le 1^{er} novembre 2016 et le 16 avril 2017 et résultats des analyses (Autre: résultat négatif ou analyse en cours à la publication des résultats).

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