

Situation épidémiologique des virus IAHP issus du clade 2.3.4.4 en Europe au 9 janvier 2017 : circulation d'une nouvelle souche H5N6

Pour la VSI (par ordre alphabétique) : Anne Bronner (Dgal), Didier Calavas (Anses), Julien Cauchard (Anses), Sylvain Falala (Inra), Alizé Mercier (Cirad)

Pour l'ONCFS : Anne Van de Wiele

Auteur correspondant : alize.mercier@cirad.fr

Source : Données actualisées au 9/01/2017 inclus – ADNS, OIE, FAO Empres-i, DGAL, ProMED, médias (Avian Flu Diary)

Depuis le dernier point de situation (note du 5 décembre 2017), un nouveau virus d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) de sous-type H5N6 a été détecté en Europe, touchant les Pays-Bas, l'Allemagne, la Suisse et le Royaume-Uni (Figure 1, Tableau 1). Ce virus réassorti, différent de la souche zoonotique H5N6 circulant en Asie depuis plusieurs années, est issu d'une recombinaison entre le virus HP H5N8 ayant touché l'Europe en 2017 et une souche eurasiennne faiblement pathogène (voir note de la Plateforme ESA du 11 décembre 2017 - [lien](#)). Le virus H5N8 continue de circuler en Europe avec deux foyers déclarés au sein d'élevages en Italie pour le mois de décembre.

Du 1^{er} octobre 2017 au 9 janvier 2018 inclus, un total de 63 foyers et cas d'IAHP H5 ont été déclarés dans sept pays européens : Italie, Bulgarie, Chypre, Allemagne, Pays-Bas, Suisse et Royaume-Uni (Tableau 1, Figure 1). Deux sous-types ont été identifiés : H5N8 et H5N6.

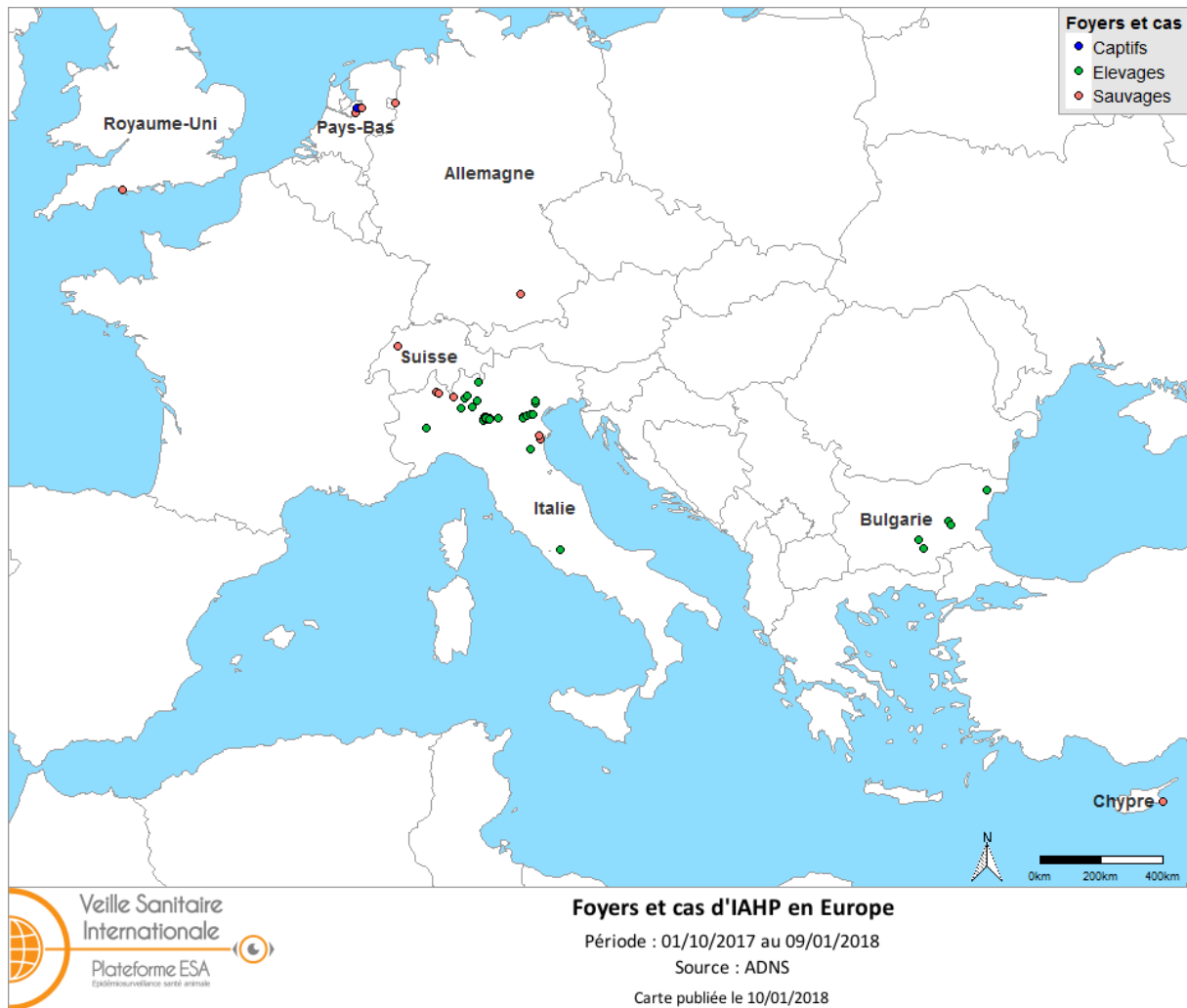


Figure 1 : Carte des foyers et de cas d'IAHP H5 déclarés en Europe du 1^{er} octobre 2017 au 9 janvier 2018 inclus (source : ADNS).

Tableau 1: Nombre de cas et de foyers chez des oiseaux domestiques, sauvages et captifs, déclarés en Europe du 1^{er} octobre 2017 au 9 janvier 2017 par sous-type et par pays (source : ADNS)

	H5N8			H5N6			H5Nx		
Pays	domestique	sauvage	captif	domestique	sauvage	captif	domestique	sauvage	captif
Allemagne	-	1	-	-	1	-	-	-	-
Bulgarie	3	-	-	-	-	-	2	-	-
Chypre	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Italie	42	5	-	-	-	-	-	-	-
Pays-Bas	-	-	-	1	4	1	-	-	-
Royaume- Uni	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Suisse	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Total	52			9			2		

PLUSIEURS FILIERES ET PLUSIEURS ESPECES D'OISEAUX SAUVAGES ATTEINTS DEPUIS LE 1^{ER} OCTOBRE 2017

En élevage, plusieurs filières ont été atteintes aussi bien des dindes en engraissement, des canards, des oies, des poules pondeuses que des poulets, au sein d'élevages commerciaux ainsi que dans des basses-cours.

Au niveau de l'avifaune sauvage, les oiseaux impliqués étaient :

- une buse (*Buteo buteo*) – Chypre,
- des canards sauvages – Allemagne,
- une oie sauvage (espèce non déterminée), un faucon crècerelle (*Falco tinnunculus*) et un pigeon biset (*Columba livia*) – Italie, et
- des cygnes (*Cygnus olor*) – Pays-Bas, Suisse, Italie et Royaume-Uni.

Le pigeon biset fait partie des colombidés, une famille *a priori* particulièrement peu sensible aux souches d'IA en général. Les seuls cas de colombidés au monde impliquant la souche H5N8 avaient été identifiés dans le Sud-Ouest de la France (2 palombes, et 5 tourterelles), en lien direct avec les élevages atteints, avec l'hypothèse d'une charge virale particulièrement importante développée dans les élevages avicoles atteints ; l'hypothèse est similaire pour l'Italie. La liste des espèces sauvages à risque en Europe a été mise à disposition dans le journal de l'Efsa ([Scientific opinion, adopté le 14 Septembre 2017, doi: 10.2903/j.efsa.2017.4991](https://doi.org/10.2903/j.efsa.2017.4991))

Les grandes migrations sont terminées en Europe. Des mouvements intra Europe de moindre ampleur peuvent toujours avoir lieu.

DETECTION D'UN VIRUS H5N2 EN RUSSIE

Le 29 décembre 2017, la Russie a déclaré un foyer d'IAHP H5N2 au sein d'un élevage de volailles de plus de 660 000 oiseaux, dans la région de Kostroma, au Nord-Ouest de Moscou (déclaration OIE 29/12/2017). Ce foyer avait initialement été notifié comme un foyer de H5N8 trois jours auparavant.

C'est la première déclaration d'IAHP H5N2 en Russie, la dernière présence déclarée de virus H5N2 en Europe remontant à janvier 2017 avec trois foyers au sein d'élevages en France.

Concernant l'origine de ce virus, deux hypothèses peuvent être formulées :

- la mutation d'un virus H5N2 FP présent au sein de l'élevage, en virus HP (comme ce fut le cas en 2015 avec le virus H7N7 au Royaume-Uni et en Allemagne, ou les virus H5N1 et H5N2 en France),
- un réassortiment entre le virus H5N8 HP qui a circulé en 2016-2017 avec une souche FP eurasiennne, comme pour le H5N6 en Europe. En effet, les virus du clade 2.3.4.4

ont un fort potentiel de mutation, comme cela a été constaté avec l'apparition des virus H5N5 et H5N6 suite à la circulation de H5N8 en Europe lors de la saison 2016-2017.

Quoi qu'il en soit, des analyses supplémentaires sont nécessaires pour mieux définir l'origine, le lien entre et la composition génétique de ces nouveaux virus, et l'évolution de la situation épidémiologique en Europe est à suivre avec vigilance.