

## Situation épidémiologique des virus IAHP issus du clade 2.3.4.4 en Europe au 21 février 2018

**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

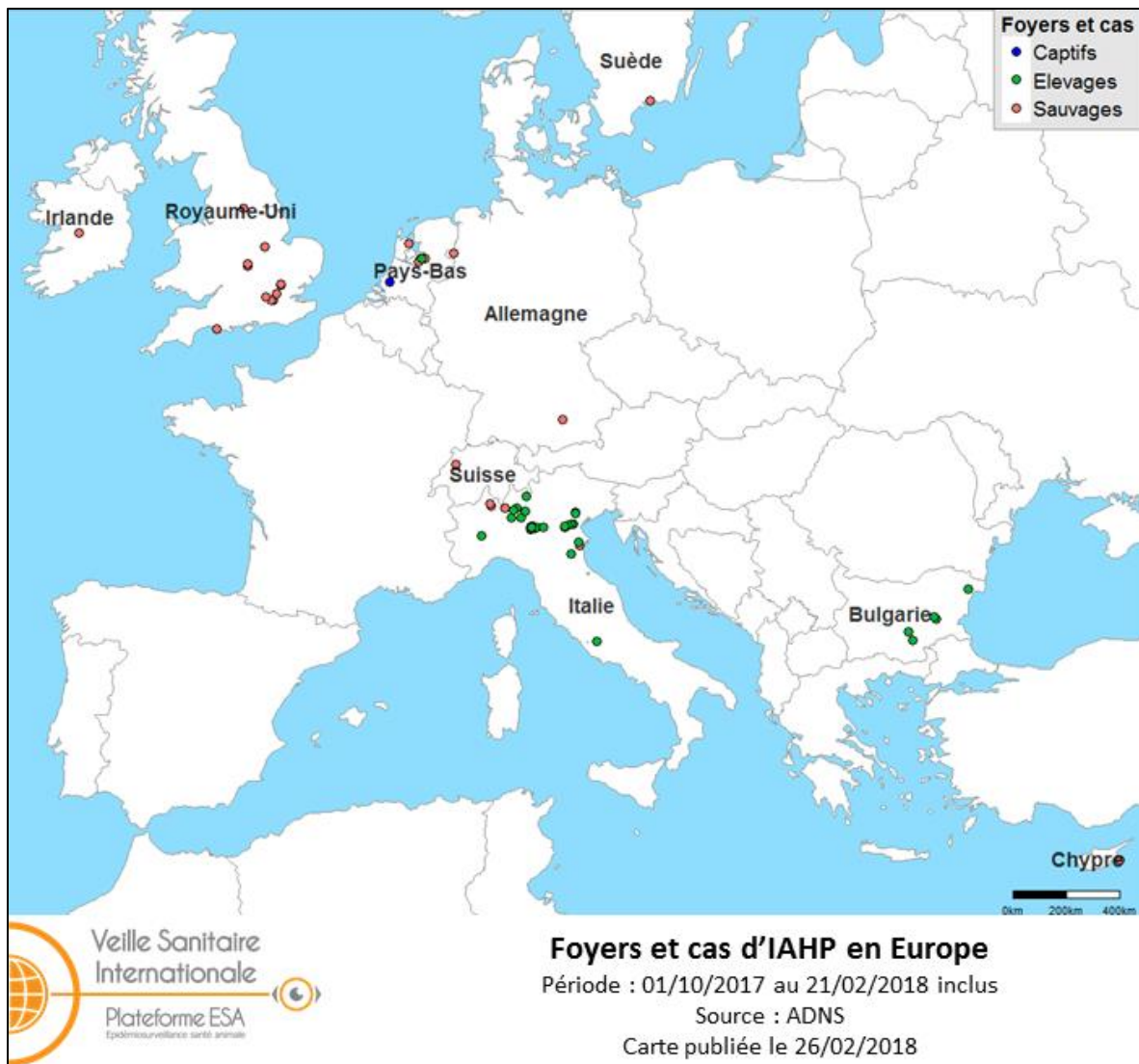
Auteur correspondant : [alize.mercier@cirad.fr](mailto:alize.mercier@cirad.fr)

**Source :** Données actualisées au 21/02/2018 inclus – ADNS, OIE, FAO Empres-i, DGAL, ProMED

Depuis le dernier point de situation au 11 janvier 2018 ([lien](#)), le virus influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) de sous-type H5N6 a été détecté pour la première fois en Irlande chez un pygargue à queue blanche (*Haliaeetus albicilla*) retrouvé mort le 31 janvier dans la région de Tipperary, dans une zone fréquentée par des oiseaux migrateurs (déclaration ADNS 09/02/2018). La Suède a également identifié pour la première fois le virus H5N6 chez un pygargue à queue blanche mort le 1<sup>er</sup> février (déclaration ADNS 20/02/2018). De plus, les Pays-Bas ont déclaré deux nouveaux cas d'IAHP H5N6 le 25 janvier au sein de l'avifaune captive (espèce non précisée) et de l'avifaune sauvage, chez un goéland marin (*Larus marinus*) et une mouette rieuse (*Chroicocephalus ridibundus*).

Du 1<sup>er</sup> octobre 2017 au 21 février 2018 inclus, un total de 78 foyers et cas d'IAHP H5 ont été déclarés dans huit pays européens : Italie, Bulgarie, Chypre, Allemagne, Pays-Bas, Suisse, Royaume-Uni, Irlande et Suède (Tableau 1, Figure 1). Deux sous-types ont été identifiés : H5N8 et H5N6.

La dernière déclaration du virus IAHP H5N8 remonte à décembre avec un foyer déclaré en Italie le 12 décembre 2017. Un total de 51 foyers et cas d'H5N8 ont été déclarés en Europe d'octobre à décembre 2017.



**Figure 1 : Carte des foyers et de cas d'IAHP H5 déclarés en Europe du 1<sup>er</sup> octobre 2017 au 21 février 2018 inclus (source : ADNS).**

**Tableau 1: Nombre de cas et de foyers chez des oiseaux domestiques, sauvages et captifs, déclarés en Europe du 1<sup>er</sup> octobre 2017 au 21 février 2018 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	2	-	-	-	-	-	3	-	-
Chypre	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Irlande	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Italie	42	5	-	-	-	-	-	-	-
Pays-Bas	-	-	-	1	5	2	-	-	-
Royaume-Uni	-	-	-	-	12	-	-	-	-
Suède	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Suisse	-	-	-	-	1	-	-	-	-
<b>Total</b>	51			24			3		

## PLUSIEURS FILIERES ET PLUSIEURS ESPECES D'OISEAUX SAUVAGES ATTEINTS EN EUROPE DEPUIS LE 1<sup>ER</sup> OCTOBRE 2017

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

Au niveau de l'avifaune sauvage, le tableau 2 reprend les oiseaux impliqués.

**Tableau 2: Liste des espèces d'avifaune sauvage impliquées dans les cas d'IAHP en Europe du 1<sup>er</sup> octobre 2017 au 21 février 2018 (source : ADNS)**

Famille	Nom latin	Nom français	Pays de détection du cas IAHP
Accipitridés	<i>Buteo buteo</i>	Buse variable	Chypre
Accipitridés	<i>Haliaeetus albicilla</i>	Pygargue à queue blanche	Irlande, Suède
Anatidés	<i>Anas platyrhynchos</i>	Canards colverts	Royaume-Uni
Anatidés	<i>Anser anser</i>	Oies cendrées	Royaume-Uni
Anatidés	<i>Aythya ferina</i>	Fuligule milouin	Royaume-Uni
Anatidés	<i>Aythya fuligula</i>	Fuligule morillon	Royaume-Uni
Anatidés	<i>Branta canadensis</i>	Bernache du Canada	Royaume-Uni
Anatidés	<i>Cygnus olor</i>	Cygne tuberculé	Pays-Bas, Suisse, Italie et Royaume-Uni
Anatidés	Espèce non précisée	Oies sauvages	Italie
Anatidés	Espèce non précisée	Canards sauvages	Allemagne
Colombidés	<i>Columba livia</i>	Pigeon biset	Italie
Falconidés	<i>Falco tinnunculus</i>	Faucon crécerelle	Italie
Laridés	<i>Chroicocephalus ridibundus</i>	Mouette rieuse	Pays-Bas
Laridés	<i>Larus argentus</i>	Goéland argenté	Royaume-Uni
Laridés	<i>Larus canus</i>	Goéland cendré	Royaume-Uni
Laridés	<i>Larus marinus</i>	Goéland marin	Pays-Bas
Podicipédidés	<i>Podiceps cristatus</i>	Grèbe huppé	Royaume-Uni
Rallidés	<i>Gallinula chloropus</i>	Gallinule poule d'eau	Royaume-Uni

Le pigeon biset fait partie des colombidés, une famille *a priori* particulièrement peu réceptive aux souches d'IA en général. Les seuls cas de colombidés au monde identifiés 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 sensibles au virus IA 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](#)).

Les migrations vers le Sud sont terminées depuis plusieurs mois, mais des déplacements exceptionnels (en lien avec les conditions météorologiques) sont encore possibles. Les migrations Sud-Nord ont activement démarré.

### **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. Toutefois, ces deux virus peuvent diverger. En effet, 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.