

ERRATUM DE LA NOTE PUBLIEE LE 27/02/2018 SUITE A UNE CORRECTION DE NOTIFICATION FAITE PAR L'OIE

Foyer de H9N2 FP en Afrique et premier cas humain de H7N4 FP en Asie

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

Pour le LNR : Eric Niqueux, Nicolas Eterradosi

Pour l'ONCFS : Anne Van De Wiele

Auteur correspondant : alize.mercier@cirad.fr

Source : OIE, ProMED, Agence Française de Presse (AFP) 15/02/2018, FAO Empres-i

ERRATUM : le 22 mars 2018, le laboratoire de référence OIE et le représentant du Ghana ont annoncé que des analyses moléculaires et de pathogénicité ont confirmé qu'il s'agissait d'un virus H9N2 faiblement pathogène contrairement au caractère hautement pathogène qui avait été précisé dans un premier temps dans la déclaration OIE du 14/02/2018 (voir note du 27/02/2018 - [lien](#)).

Le rapport OIE sur ce foyer a été supprimé de la base de données WAHIS le 19 mars 2018 (l'isolat n'étant pas soumis à déclaration à l'OIE).

PREMIER CAS HUMAIN DE H7N4 EN CHINE

La Chine a déclaré le 14 février 2018 un cas humain d'infection par un virus influenza aviaire A(H7N4) chez une femme de 68 ans dans la province côtière de Jiangsu (Est du pays). C'est le premier cas connu dans le monde de contamination humaine par un virus influenza aviaire de type H7N4, qui a été caractérisé en faiblement pathogène (FP) (source : FAO Empres-i). La patiente est tombée malade le 25 décembre 2017, a été hospitalisée début janvier et s'est ensuite rétablie (source : FAO Empres-i, AFP). Elle avait été en contact avec de la volaille, et aucun de ses proches « n'a montré de symptômes durant la période de surveillance médicale » selon le Centre de protection sanitaire à Hong Kong.



Figure 1: Foyer de H7N4 déclaré le 14 février en Chine (source: FAO Empres-i)

Les cas humains d'IA H7 sont principalement dus au virus H7N9 qui a causé plus de 1 560 cas en Chine depuis l'apparition du virus chez l'Homme en mars 2013 avec un taux de létalité de 40 % selon l'Organisation mondiale de la santé (OMS). Dans la plupart des cas, ces virus d'IA H7N9 responsables de cas humains sont FP mais quelques cas dus à un virus H7N9 HP ont été signalés en Chine en janvier et février 2017 (source : FAO Empres-i).

Le risque de propagation en Chine est particulièrement important car la population a tendance à préférer les volailles fraîchement tuées au lieu de congelées. Les autorités hongkongaises précisent que la prévalence des virus influenza aviaires est plus élevée pendant l'hiver en raison des variations saisonnières. Ces mêmes autorités recommandent que les voyageurs se rendant en Chine continentale ou dans d'autres zones affectés évitent les marchés de volailles vivantes ou les exploitations agricoles.

POSSIBLE MUTATION DU VIRUS H9N2 AU GHANA

Un foyer d'IA H9N2 a été identifié au Ghana à Dormaa le 3 janvier 2018 au sein d'une exploitation de pondeuses comprenant 16 822 oiseaux, avec un taux de mortalité observé de 25 % (source : OIE, FAO). La municipalité de Dormaa se situe au niveau de la frontière avec la Côte d'Ivoire. Les poussins âgés d'un jour proviennent de la Côte d'Ivoire, les pondeuses sont transportées de Dormaa en Côte d'Ivoire, et les imports tels que le maïs proviennent de la Côte d'Ivoire (source : OIE).

Selon l'OIE, il s'agit d'une souche **faiblement** pathogène, ~~ce qui serait la première détection du virus H9N2 hautement pathogène. Toutefois, selon la déclaration de la FAO (datant du 15 février), il s'agit d'un virus faiblement pathogène,~~ répandue en Afrique.

~~Davantage d'études en laboratoires seront sans doute nécessaires pour caractériser de manière plus précise le virus. Si le caractère hautement pathogène se confirme, cela~~

représenterait un risque non négligeable pour les populations animales. Jusqu'à présent, les infections des volailles par des virus IA-HP ayant des conséquences économiques importantes ont été associées uniquement aux sous-types H5 et H7.



Figure 2: Carte du foyer de H9N2 déclaré au Ghana le 14/02/2018 (source: OIE)

Il faudra rester vigilants et suivre l'évolution de ces deux virus de près afin de mieux évaluer leur pathogénicité et caractériser l'éventuel risque zoonotique associé.