

Virus IAHP H5N8 en Europe en 2016 : quelles particularités ? quelles conséquences ?

*Veille Sanitaire Internationale (VSI) Plateforme ESA – France
LNR Influenza Aviaire, Anses laboratoire de Ploufragan – France*

Les virus H5N8 responsables cette année en Europe des cas dans l'avifaune et des foyers en élevage, bien qu'appartenant au même clade 2.3.4.4 que ceux qui avaient sévi en Europe en 2014-2015, appartiennent à un groupe différent (Gochang-like pour 2016, Buan-like pour 2014-2015). Par ailleurs, un virus identifié cette année en Suède chez un Garrot à œil d'or (*Bucephala clangula*) se différencie des virus caractérisés chez des oiseaux du lac Oubsou-Nour en république de Touva, Russie orientale, il y a quelques mois (région potentiellement à l'origine de l'épisode observé en Europe actuellement (Note du 28 novembre 2016 : <http://www.plateforme-esa.fr/article/recrudescence-de-foyers-d%E2%80%99iahp-h5n8-en-europe-en-octobre-et-novembre-2016-actualisation-au-2>) par le gène de la protéine non structurale NS et un réassortiment des gènes de la polymérase acide et de la nucléoprotéine (Adlhoch *et al.* 2016).

On connaît la capacité des virus possédant une hémagglutinine H5 HP de clade 2.3.4.4 à échanger très fréquemment des segments avec d'autres virus influenza, d'où entre autres l'extrême diversité de sous-types NA (autres que N1) qui peuvent leur être associés : notamment N5, N2, N3, N6, N8 décrits depuis 2008 ; ainsi que la diversité des constellations de gènes internes au sein des différents virus H5 clade 2.3.4.4.

La comparaison des génomes complets des virus isolés en 2016 sur des oiseaux du lac Oubsou-Nour et des virus circulant en Europe depuis novembre 2016 montre que des événements de réassortiment ont probablement concerné différents segments codant pour les protéines internes des virus influenza, connus comme pouvant porter des déterminants de la virulence.

Le taux élevé de létalité constaté cette année dans les foyers concernant des palmipèdes, ainsi que l'apparente contagiosité élevée dans l'avifaune pourraient être liées à ces caractéristiques du virus, mais le déterminisme de cette évolution du pouvoir pathogène reste à démontrer expérimentalement.

Référence:

Adlhoch C, Brown IH, Angelova SG, Bálint Á, Bouwstra R, Buda S, Castrucci MR, Dabrera G, Dán Á, Grund C, Harder T, van der Hoek W, Krisztalovics K, Parry-Ford F, Popescu R, Wallensten A, Zdravkova A, Zohari S, Tsoлова S, Penttinen P. (2016). Highly pathogenic avian influenza A(H5N8) outbreaks: protection and management of exposed people in Europe, 2014/15 and 2016. Euro Surveill. 2016;21(49) (<http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22663>)