



Thématique veille sanitaire internationale	
Bilan	24/06/2024
	<b>Bilan de la saison 2022-2023 d'influenza aviaire hautement pathogène en Europe</b>

Pour le comité de rédaction de la Plateforme ESA (par ordre alphabétique) : Julien Cauchard (Anses), Céline Dupuy (Anses), Guillaume Gerbier (DGAL), Eric Niqueux (LNR – Anses), Carlène Trévenec (INRAE), Sylvain Villaudy (INRAE)

Autres experts sollicités (par ordre alphabétique) : Matthieu GUILLEMAIN<sup>1</sup>, Pierre-Yves HENRY<sup>2</sup>, Sophie Le Bouquin<sup>3</sup>, Loïc PALUMBO<sup>4</sup>

Auteur correspondant : [plateforme-esa@anses.fr](mailto:plateforme-esa@anses.fr)

- 1 Office Français de la Biodiversité, DRAS, Unité Avifaune Migratrice, Arles, France
- 2 Muséum National d'Histoire Naturelle, Unité Mécanismes adaptatifs et évolution, Plateforme Centre de Recherches sur la Biologie des Populations d'Oiseaux (France)
- 3 Anses Laboratoire de Ploufragan -Plouzané- Niort, Unité Epidémiologie, santé et bien-être (EPISABE), Ploufragan, France
- 4 Office Français de la Biodiversité, DRAS, SantéAgri, Orléans, France

Cette note présente l'évolution des foyers domestiques chez les volailles et des cas en avifaune captive et non captive d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) pour la saison 2022-2023 (du 01/08/2022 au 31/07/2023) en Europe.

<b>Essentiels</b>
<ul style="list-style-type: none"><li>• 35 pays en Europe<sup>1</sup> ont déclaré 1 083 foyers de volailles, 379 foyers d'oiseaux captifs et 4 589 cas sauvages détectés entre le 01/08/2022 et le 31/07/2023.</li><li>• Pays ayant déclaré le plus de foyers de volailles : France (396 foyers), Hongrie (168 foyers) et Royaume-Uni (165 foyers).</li><li>• Le sous-type H5N1 représente la quasi-totalité des détections. Le sous-type H5N5 a été détecté sporadiquement sur des cas sauvages en Finlande et en Norvège.</li><li>• Chronologie événementielle atypique, marquée par :<ul style="list-style-type: none"><li>- Persistance inhabituelle de cas sauvages en août et septembre 2022 dans toute l'Europe.</li><li>- Première vague de foyers de volailles dans les bassins de production avicole en France, Hongrie et, dans une moindre mesure, en Italie entre octobre et décembre 2022, concomitante à une augmentation des détections de cas sauvages pendant la période des migrations descendantes.</li><li>- Épizootie causant de fortes mortalités chez les oiseaux marins et laridés, en particulier les mouettes rieuses et plusieurs espèces de goélands à partir de janvier 2023, jusqu'à la fin de la saison.</li><li>- Seconde vague de foyers de volailles dans le Sud-Ouest de la France en avril 2023 suite à des résurgences et en Hongrie au mois de mai.</li><li>- Persistance de cas sauvages en fin de saison (juin, juillet) chez les laridés.</li></ul></li></ul>
<b>Sources</b>
Sources de données : <ul style="list-style-type: none"><li>• pour les foyers et cas animaux : Commission européenne ADIS et WAHIS-OMSA, extraites le 18/03/2024.</li></ul>

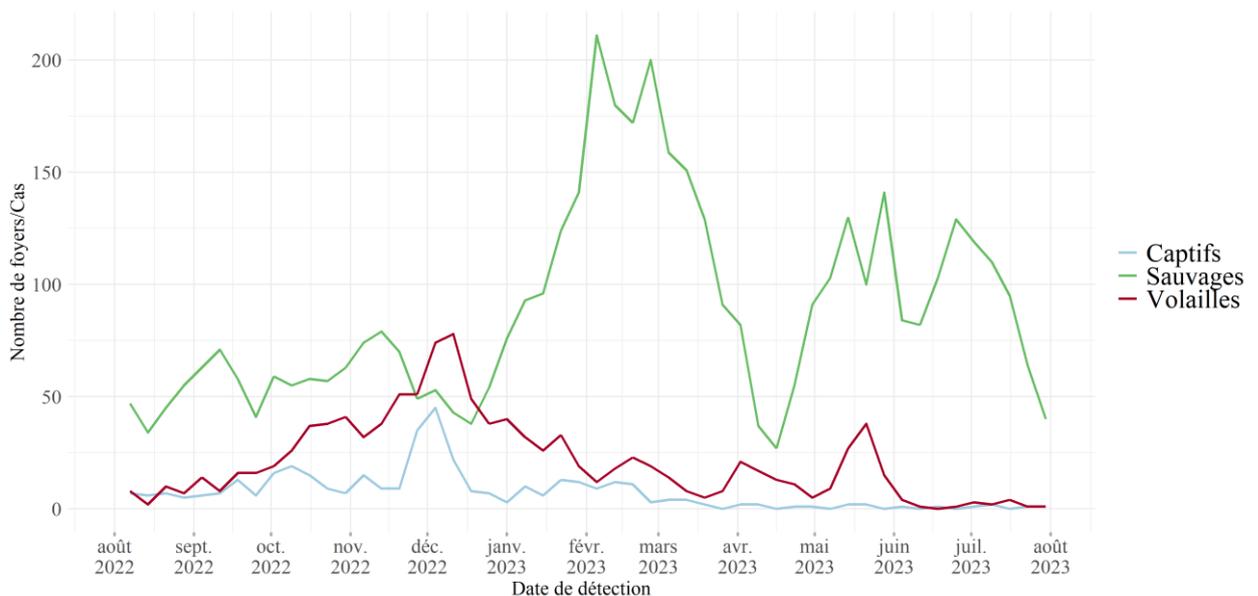
<sup>1</sup> Europe UE et pays voisins, incluant le Royaume-Uni, la Russie occidentale et la Turquie. France métropolitaine uniquement.

L'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) est une maladie contagieuse des oiseaux, à fort impact pour les filières de production avicoles et pouvant représenter un risque pour la santé humaine (potentiel zoonotique). La maladie touche également l'avifaune sauvage, qui peut jouer différents rôles dans l'épidémiologie du virus : révélateur ou sentinelle, réservoir et/ou propagateur, parfois sur de longues distances (oiseaux migrateurs). L'IAHP peut également avoir de forts impacts sur les populations sauvages touchées, notamment sur des formes épizootiques telles qu'observées sur les deux dernières saisons en Europe.

L'épizootie 2022-2023 a touché 35 pays en Europe<sup>2</sup> avec un total de 1 083 foyers de volailles, 379 foyers d'oiseaux captifs et 4 589 cas sauvages détectés entre le 01/08/2022 et le 31/07/2023. Plusieurs vagues épizootiques ont eu lieu dans les compartiments domestiques et sauvages (Figure 1).

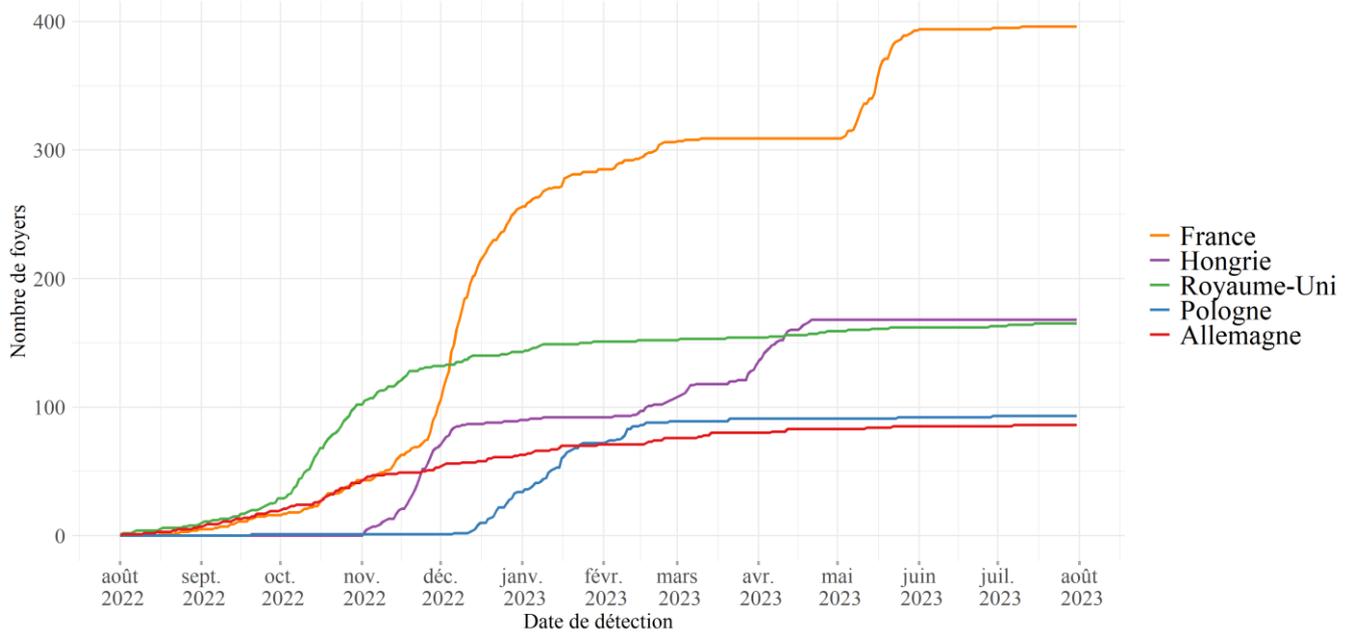
La France a été le pays déclarant le plus grand nombre de foyers de volailles, avec un total de 396 foyers sur la période, suivie de la Hongrie qui a totalisé 168 foyers, du Royaume-Uni avec 165 foyers, de la Pologne avec 93 foyers et de l'Allemagne avec 86 foyers (Figure 2). Tous les types de production avicole ont été touchés, mais plus particulièrement les filières palmipèdes qui ont représenté 42,1 % des foyers de volailles (456/1 083), suivies de la filière *Gallus* (13,6 %) et de la production de dindes (11,3 %). La proportion de foyers chez les palmipèdes est plus importante en France et en Hongrie, pays où cette filière est très présente, avec respectivement 247 et 147 foyers déclarés dans ces pays. C'est également en France que les filières *Gallus* et de production de dindes ont été les plus touchées, avec respectivement 74 et 44 foyers.

Le sous-type H5N1 représente la quasi-totalité des détections, tant dans le compartiment domestique que le compartiment sauvage. Le sous-type H5N5 a été détecté en Norvège et en Finlande, uniquement sur des cas sauvages, notamment sur un pygargue à queue blanche (*Haliaeetus albicilla*), un goéland bourgmestre (*Larus hyperboreus*), un autour des palombes (*Accipiter gentilis*), un goéland marin (*Larus marinus*) et un laridé d'espèce non précisée. Les détections sont réparties sur toute la saison (deux en septembre 2022, une en octobre, une en mars 2023 et une en juin 2023).

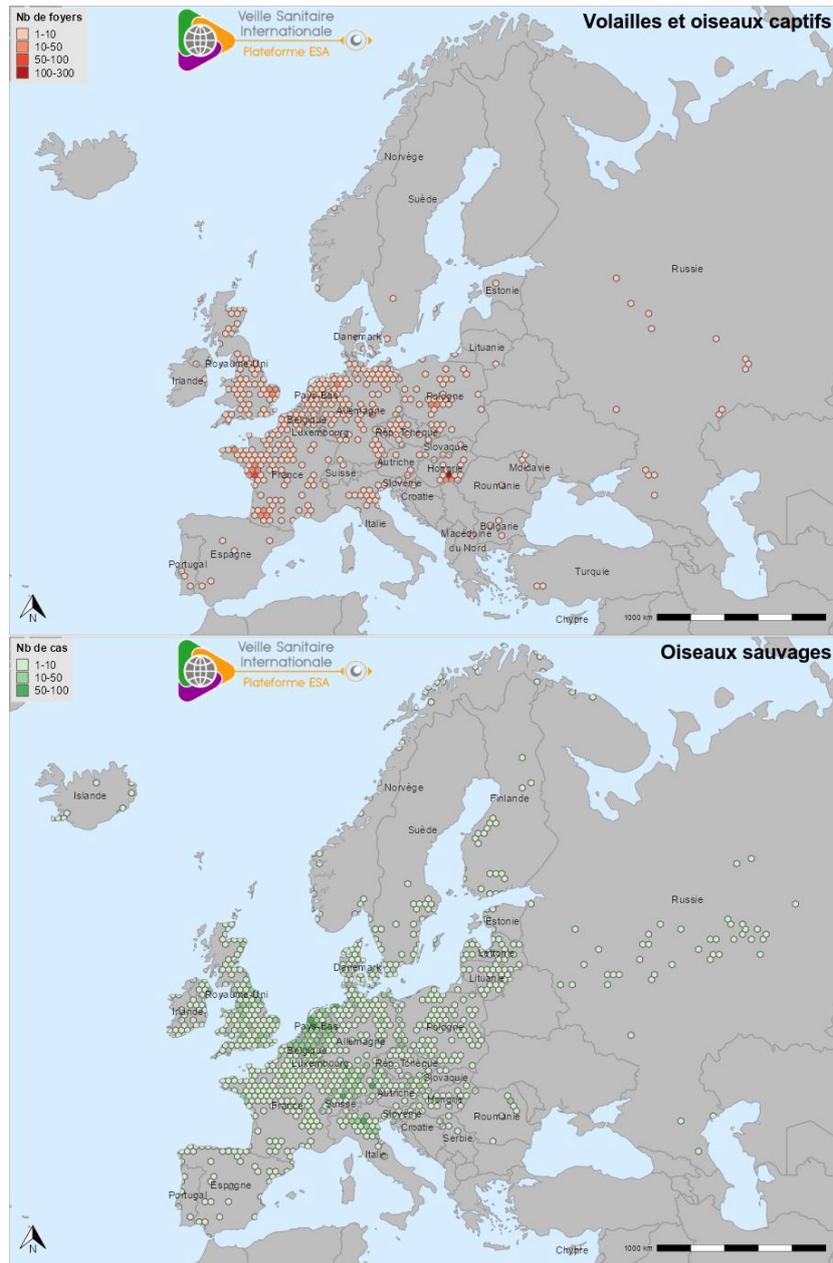


**Figure 1** Incidence hebdomadaire (nombre de nouveaux foyers et cas hebdomadaires) dans les compartiments volailles, oiseaux captifs et sauvages (catégorie « Autres que les volailles, dont les sauvages ») en Europe sur la saison 2022-2023 (du 01/08/2022 au 31/07/2023) (source : Commission européenne ADIS et WAHIS-OMSA le 18/03/2024).

<sup>2</sup> Europe UE et pays voisins, incluant le Royaume-Uni, la Russie occidentale et la Turquie. France métropolitaine uniquement.

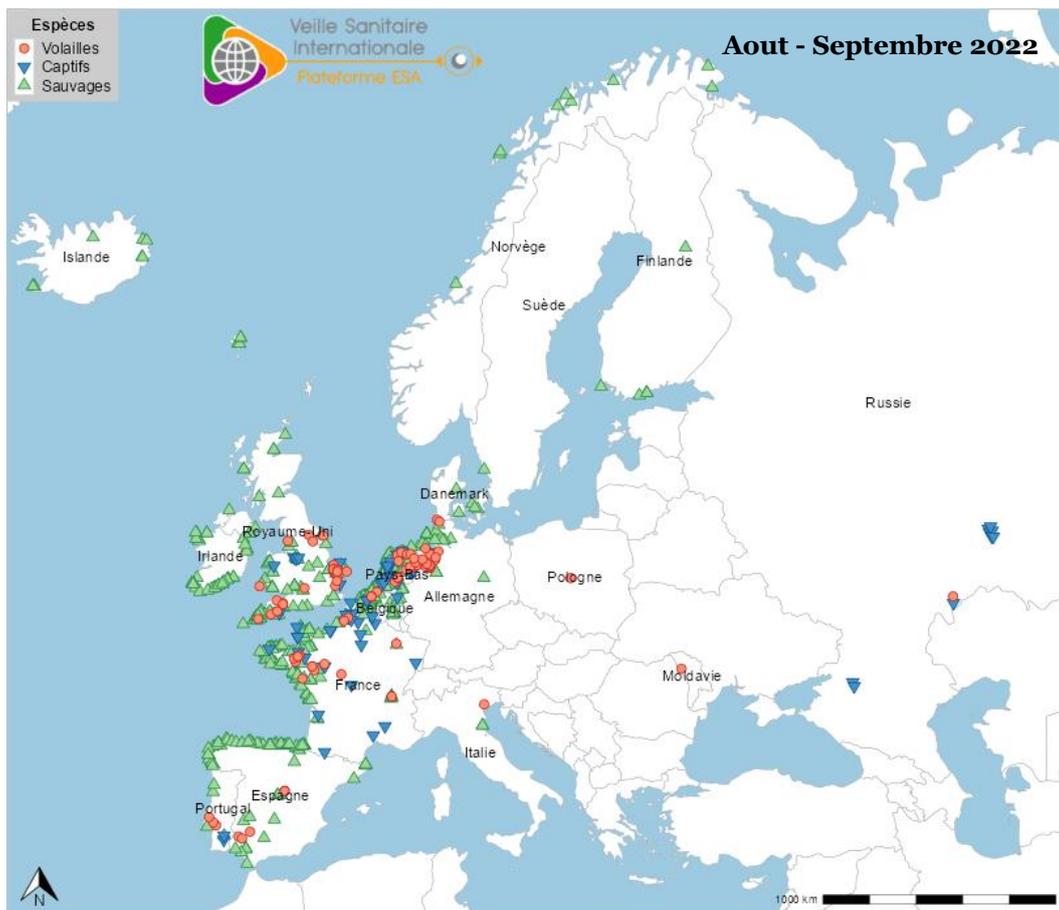


**Figure 2** Prévalence (incidence cumulée) des déclarations de foyers de volailles dans les cinq pays les plus touchés sur la saison 2022-2023 (du 01/08/2022 au 31/07/2023) (source : Commission européenne ADIS et WAHIS-OMSA le 18/03/2024).



**Figure 3** Densité de foyers chez les volailles et oiseaux captifs (haut) et de cas dans l'avifaune sauvage libre (bas) d'IAHP H5 en Europe sur la saison 2022-2023 (du 01/08/2022 au 31/07/2023) (source : Commission européenne ADIS et WAHIS-OMSA le 18/03/2024).

## Début de saison marqué par une circulation virale inhabituelle



**Figure 4** Répartition du nombre de nouveaux foyers et cas dans les compartiments volailles, oiseaux captifs et sauvages (catégorie « autres que les volailles, dont les sauvages ») en Europe aux mois d'août-septembre 2022 (incidence bimestrielle) (source : Commission européenne ADIS, WAHIS-OMSA consultés le 18/03/2024).

### Description

- Août 2022 :** de nombreux cas sauvages ont été détectés dans l'avifaune sur les littoraux d'Europe du Nord (246 cas, dont 68 en France et 57 aux Pays-Bas, mais aussi au Royaume-Uni (25 cas), en Espagne (24), en Irlande (13), en Allemagne (11) et en Belgique (10). En France, les cas sont situés sur les départements de la Somme à la Gironde). Les détectations concernaient plusieurs types d'espèces, avec une majorité de cas sur les fous de Bassan (*Morus bassanus*) et les laridés dont les goélands argentés (*Larus argentatus*). Des cas ont également été détectés sur des oies et des cygnes.

Conjointement, des foyers de volailles sporadiques ont été détectés dans plusieurs pays, notamment au Royaume-Uni (9 et 5 foyers d'oiseaux captifs), dans le nord de l'Allemagne (7), en France (5 et 4 foyers d'oiseaux captifs), aux Pays-Bas (5 et 11 foyers d'oiseaux captifs) et en Espagne (3). En France, les foyers étaient situés dans le Morbihan (2), en Ille-et-Vilaine (1) et dans l'Ain (2).
- Septembre 2022 :** l'incidence des cas sauvages est demeurée élevée dans tous les pays déjà infectés au mois d'août 2022 (297 cas, dont 82 au Royaume-Uni, 43 aux Pays-Bas, 39 en Espagne, 37 en France, 27 en Belgique et 24 en Irlande). De nouveaux pays ont aussi détectés des cas : Suède et Portugal. Les espèces concernées étaient toujours majoritairement les fous de Bassan sur tous les littoraux de la mer du Nord, de la Manche et Atlantique (Irlande, Royaume-Uni, Allemagne, Pays-Bas, Belgique, France, Espagne, Portugal), et les laridés dans la moitié nord de l'Europe (Islande, Norvège, îles Féroé, Royaume-Uni, nord de l'Allemagne, Pays-Bas, France). Les anatidés (oies, cygnes et canards) ont également représenté une part importante des détectations dans certains pays (Royaume-Uni, Allemagne, Pays-Bas, Belgique, France). L'incidence des foyers de volailles a augmenté dans les zones à forte incidence dans la faune sauvage, en particulier dans le nord de l'Allemagne (12 foyers de volailles), aux Pays-Bas (11), en France (11) et Belgique (3) ; et dans une moindre mesure l'Espagne et le Portugal. D'autres pays (sans aucun cas sauvage

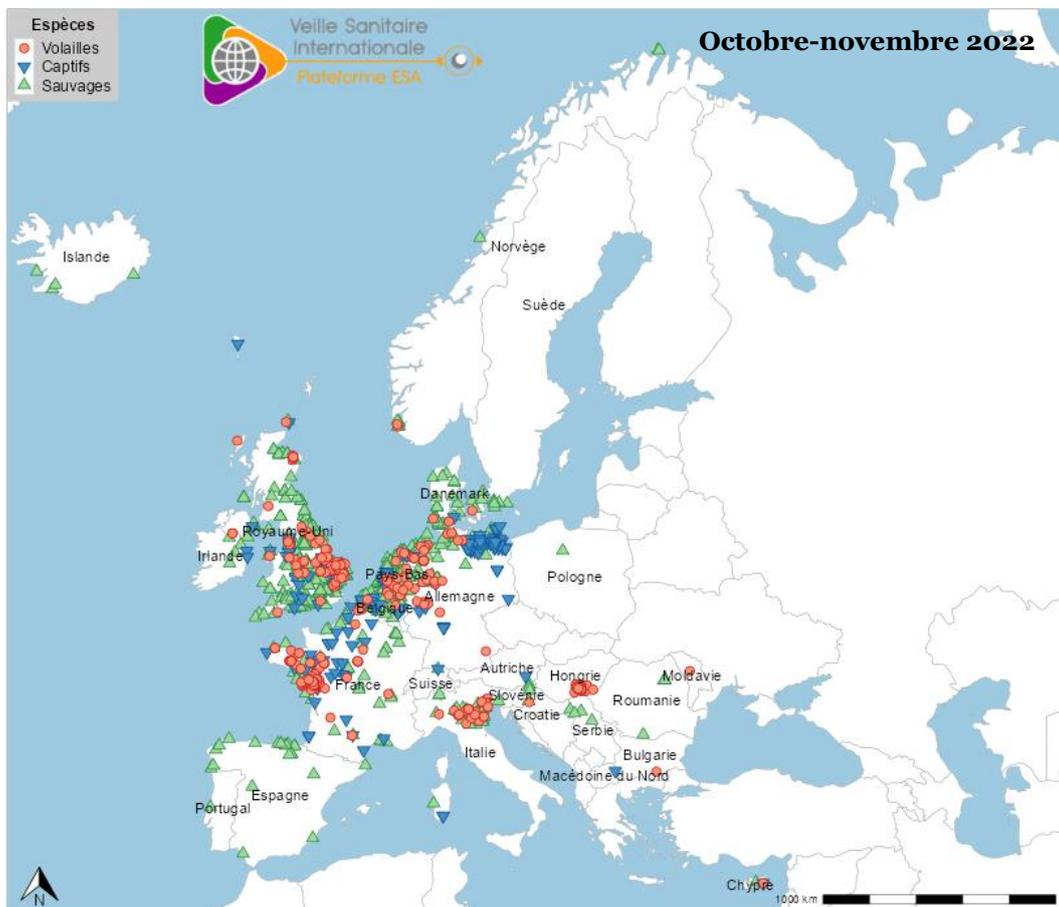
préalablement détecté) ont également détecté des foyers : la Pologne (1) et l'Italie (1). En France, les foyers de volailles ont concerné des élevages de palmipèdes, *Gallus* et dindes répartis sur la moitié nord du pays (Hauts-de France, Normandie, Bretagne, Pays de la Loire, Centre-Val de Loire, Grand-Est).

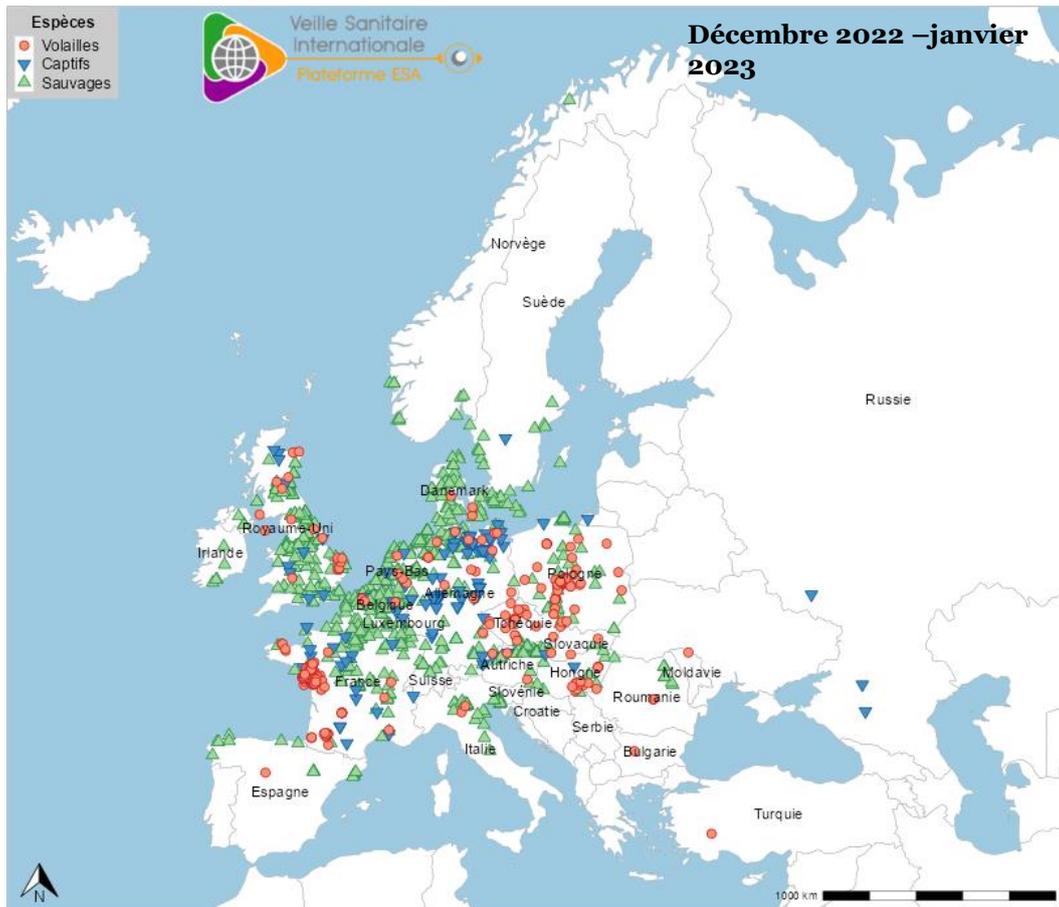
- **Oiseaux captifs** : le mois de septembre 2022 a été marqué de nombreuses détections de foyers d'oiseaux captifs en France (20), Pays-Bas (9, élevages de faisans), Belgique (3, dont deux chez des vendeurs), Allemagne (1). En France, il s'agissait majoritairement de basse-cours, mais certains foyers ont concerné la filière d'oiseaux d'ornement, et parcs zoologiques.

### Analyse et interprétation

Le début de saison 2022-2023 a été marqué par la persistance de la circulation du virus IAHP H5N1 dans les compartiments sauvages et domestiques au cours de ce qui constituait jusqu'à présent une intersaison estivale pour l'activité IAHP. Le nombre de détections de cas sauvages en août et septembre 2022 a été important dans plusieurs pays, notamment au Royaume-Uni. Les cas étaient situés sur le littoral ouest de l'Europe (sur la façade Atlantique de la mer du Nord jusqu'au Portugal), touchant à la fois les espèces d'oiseaux marins coloniaux (fous de Bassan et laridés) et les anatidés. Les analyses génétiques indiquent que le virus a persisté en Europe chez les oiseaux sauvages non migrateurs pendant et après les mois d'été (EFSA, ECDC, LRUE, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Marangon, et al. 2023). Cette persistance pendant la période estivale avait déjà été observée en 2021, mais avec une intensité moindre (moins de cas).

## Augmentation des détections de cas sauvages en octobre 2022 suivie d'une première vague épidémiologique dans le compartiment domestique (France, Hongrie, Italie)





**Figure 5** Répartition du nombre de nouveaux foyers et cas dans les compartiments volailles, oiseaux captifs et sauvages (catégorie « autres que les volailles, dont les sauvages ») en Europe aux mois d’octobre-novembre 2022 et décembre 2022-janvier 2023 (incidence bimestrielle) (source : Commission européenne ADIS, WAHIS-OMSA consultés le 18/03/2024).

### Description

- Octobre 2022 :** une augmentation des détections de cas sauvages a débuté en octobre 2022. Les incidences les plus fortes ont été observées sur le littoral d’Europe du Nord, notamment au Royaume-Uni (179 cas en octobre) aux Pays-Bas (50), Allemagne (29) et France (29). La majorité des détections concernait les anatidés, dont la proportion s’est accrue sur tout le mois. Des cas résiduels sur les fous de Bassan ont été détections en Espagne (9) et en France (3).  
L’incidence des foyers de volailles a augmenté graduellement dans plusieurs pays, notamment au Royaume-Uni (75 foyers en octobre), en France (27), nord de l’Allemagne (22) et Pays-Bas (15), et dans une moindre mesure en Italie (7), Belgique (4), Bulgarie (1) et Norvège (1). En France, la région la plus touchée était l’ouest, en particulier le bassin de production des Pays de la Loire / Deux-Sèvres, avec dix-neuf foyers détections dans des élevages de dindes, palmipèdes et *Gallus*, la plupart étant situés en ZRD. Un premier foyer a été détections dans le Sud-Ouest le 18/10/2023 en Dordogne près de Bergerac, dans un élevage de poulettes. Des foyers d’oiseaux captifs ont été détections en France (18) répartis dans la moitié ouest du pays (des Hauts-de-France à l’Occitanie).
- Novembre 2022 :** au début du mois de novembre, un pic de détections a été observé en Europe du Nord, concentré sur trois pays : le Royaume-Uni (152 cas en novembre), l’Allemagne (52) et les Pays-Bas (41), et dans une moindre mesure la Belgique (21), l’Italie (21) et la France (18). Des détections sporadiques ont également été faites dans plusieurs pays, dont Croatie, Chypre, Espagne, Irlande, Norvège, Pologne, Portugal, Roumanie, Serbie, Slovaquie, Suisse. Au total, 23 pays ont détections des cas sauvages d’IAHP depuis le début de la saison. La majorité des détections concernait les anatidés (225 cas détections sur canards, oies, cygnes). Le nombre de détections sur oiseaux marins était relativement plus faible que précédemment (42 cas détections sur goélands, mouettes et sternes), tandis qu’on observait une augmentation chez les rapaces (56 cas).  
La quasi-totalité des détections en élevages de volailles a été concentrée sur quatre pays : la France (58 foyers majoritairement sur la région Pays de la Loire et le département des Deux-Sèvres), la Hongrie (69), le Royaume-Uni (31) et l’Italie (20). Un ou deux foyers ont été détections dans divers autres pays d’Europe

du nord (Belgique, Danemark, Irlande et Pays-Bas) et d'Europe centrale ou Europe de l'Est (Croatie, Chypre, Moldavie). Des foyers d'oiseaux captifs ont été détectés en Allemagne (53) et en France (17).

- **Décembre 2022** : l'incidence des cas sauvages a diminué dans tous les pays d'Europe. La majorité des détections était encore faite au Royaume-Uni (126 cas en décembre), en Allemagne (35) et en France (27). La France a représenté plus de la moitié des détections de foyers de volailles, avec 154 foyers détectés sur le mois. Des foyers ont encore été détectés en Hongrie (21), mais quasi plus en Italie (2). D'autres pays ont déclaré une incidence en hausse des foyers de volailles : Pologne (33), Royaume-Uni (11), Allemagne (10) et République Tchèque (10). Des détections plus sporadiques ont été déclarées en Belgique (2) et Slovénie (1). Des foyers d'oiseaux captifs ont été détectés en Allemagne (45).
- **Janvier – Février 2023** : L'incidence des cas sauvages a repris (cf paragraphe suivant « Epizootie chez les laridés »). L'incidence des foyers de volailles a décliné dans la plupart des pays. En France, 30 foyers en janvier et 21 en février ont été détectés dans les Pays de la Loire et dans le Gers (en janvier), puis dans les Côtes d'Armor (en février). A l'inverse, l'incidence a augmenté en Pologne en janvier (38 foyers) et décliné sur le mois de février (17). D'autres pays d'Europe ont détecté des foyers en début d'année, notamment en République Tchèque (13) et Allemagne (8).
- **Aspects génétiques** : onze génotypes ont été identifiés parmi les virus caractérisés entre septembre et décembre 2022, dont huit ont été détectés pour la première fois sur cette période. La majorité des virus appartenait à un seul génotype, EA-2021-AB, qui circulait en Europe depuis l'automne 2021. Tous les nouveaux génotypes identifiés étaient issus de réassortiments entre souches circulant dans les populations européennes d'oiseaux sauvages (EFSA, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Marangon, et al. 2023; Fusaro et al. 2024).

#### Analyse et interprétation

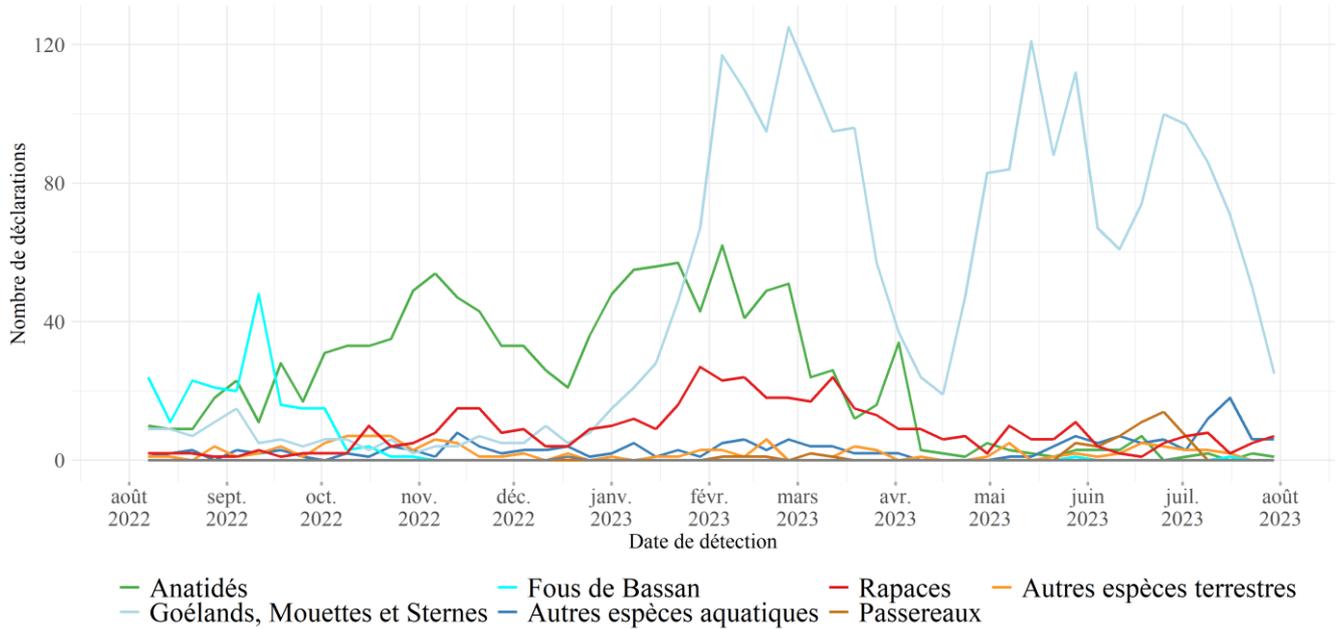
Le mois d'octobre 2022 a été marqué par un accroissement progressif des détections sur les anatidés, en particulier dans la moitié nord de l'Europe. L'incidence des cas sauvages a atteint un pic en octobre au Royaume-Uni, et début novembre en Allemagne et aux Pays-Bas. Cette période correspondait à une forte mobilité des oiseaux migrateurs des zones paléarctiques vers leurs sites d'hivernage (migrations descendantes). Le déclin de l'incidence à partir de fin novembre correspondait à la fin des migrations descendantes.

La circulation continue du virus dans le réservoir sauvage, notamment résident, a conduit à l'introduction fréquente du virus dans le compartiment domestique, causant des épizooties importantes dans le secteur avicole d'octobre 2022 à janvier 2023. L'EFSA émet l'hypothèse que les anatidés sauvages pourraient être plus impliqués que les oiseaux marins dans l'incursion du virus de l'IAHP dans les élevages, du fait de leur proximité plus grande que celle des oiseaux marins avec ce type d'infrastructures et d'un possible portage pauci- ou asymptomatique (EFSA, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Marangon, et al. 2023).

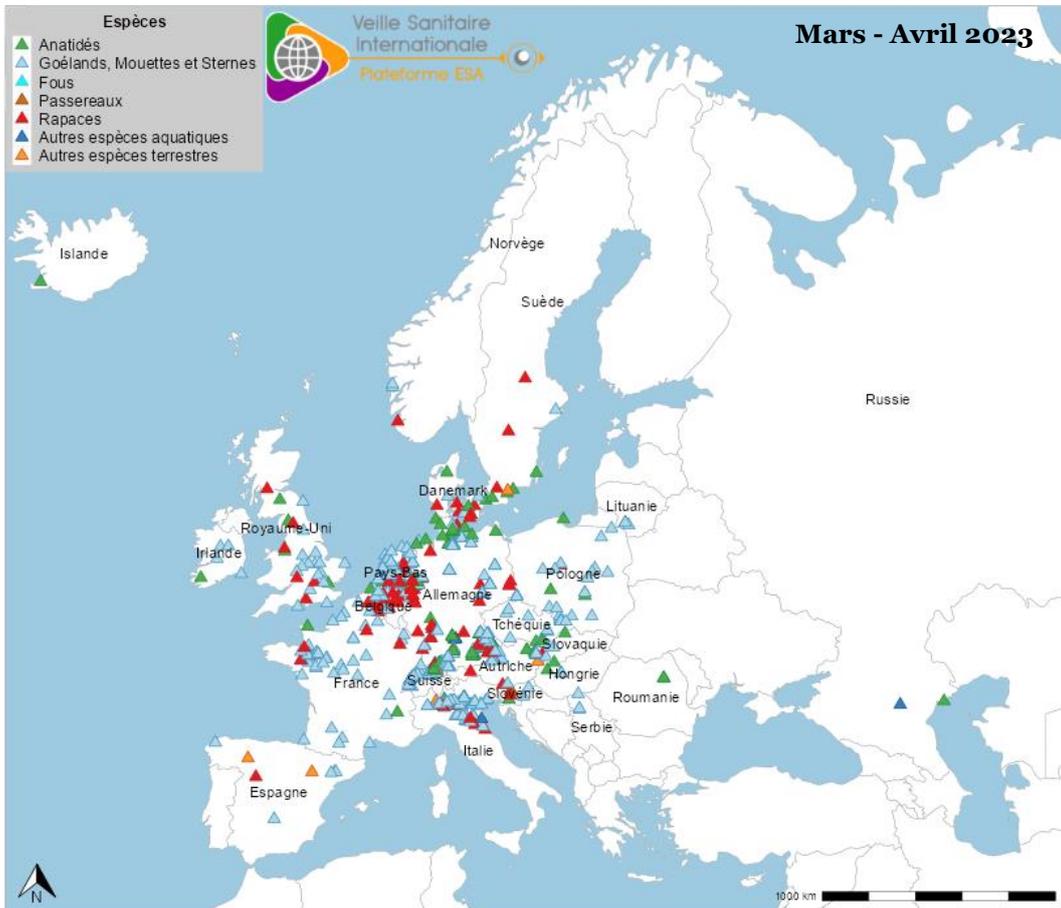
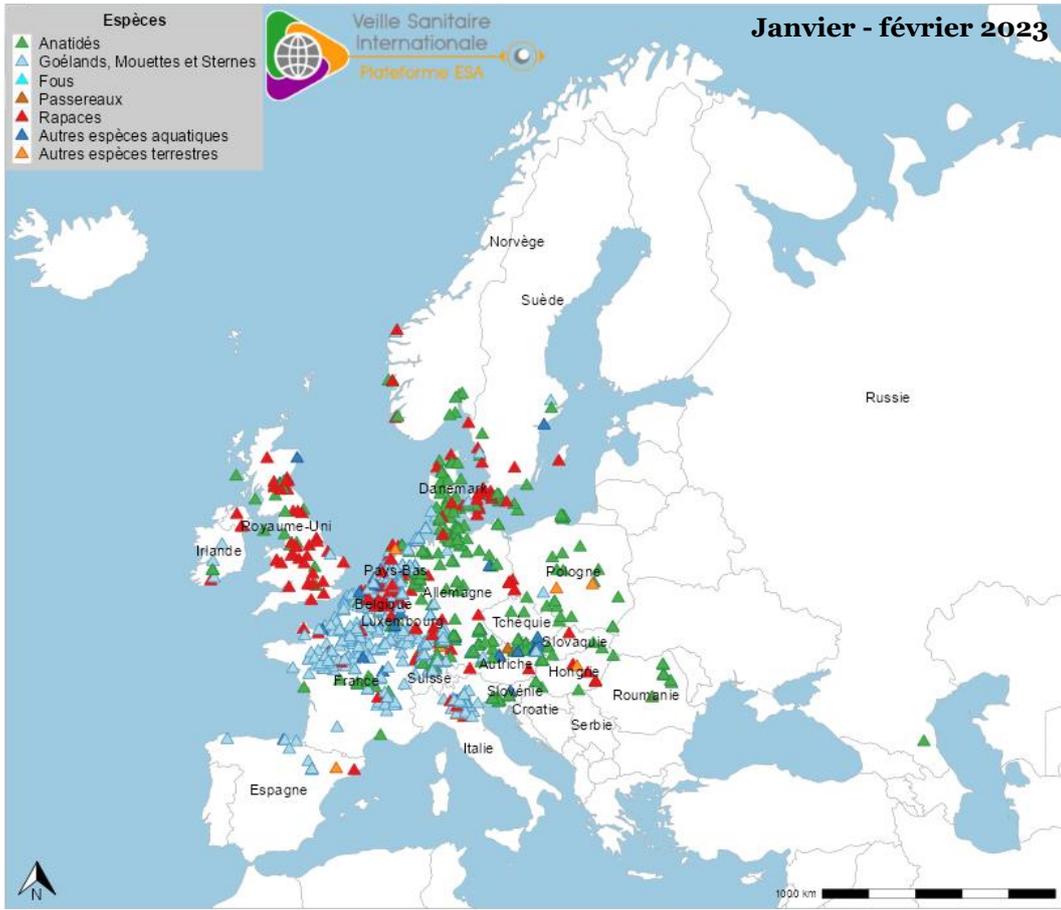
Les épizooties dans les élevages de volailles ont concerné les bassins de production avicole de trois pays, par ordre décroissant d'amplitude de l'incidence : la zone ouest en France, la Hongrie (régions de Bács-Kiskun et de Csongrád-Csanád) et l'Italie (plaine du Pô). Les pics épizootiques ont été atteints mi-novembre 2022 en Italie (< 20 foyers hebdomadaires), fin novembre en Hongrie (30 foyers hebdomadaires) et début décembre en France (> 50). L'épisode s'est poursuivi en France jusqu'en février 2023. Dans une moindre mesure, un épisode a été observé en Pologne début 2023, touchant tous types de production et localisé dans le sud du pays dans les zones à plus forte densité de volailles.

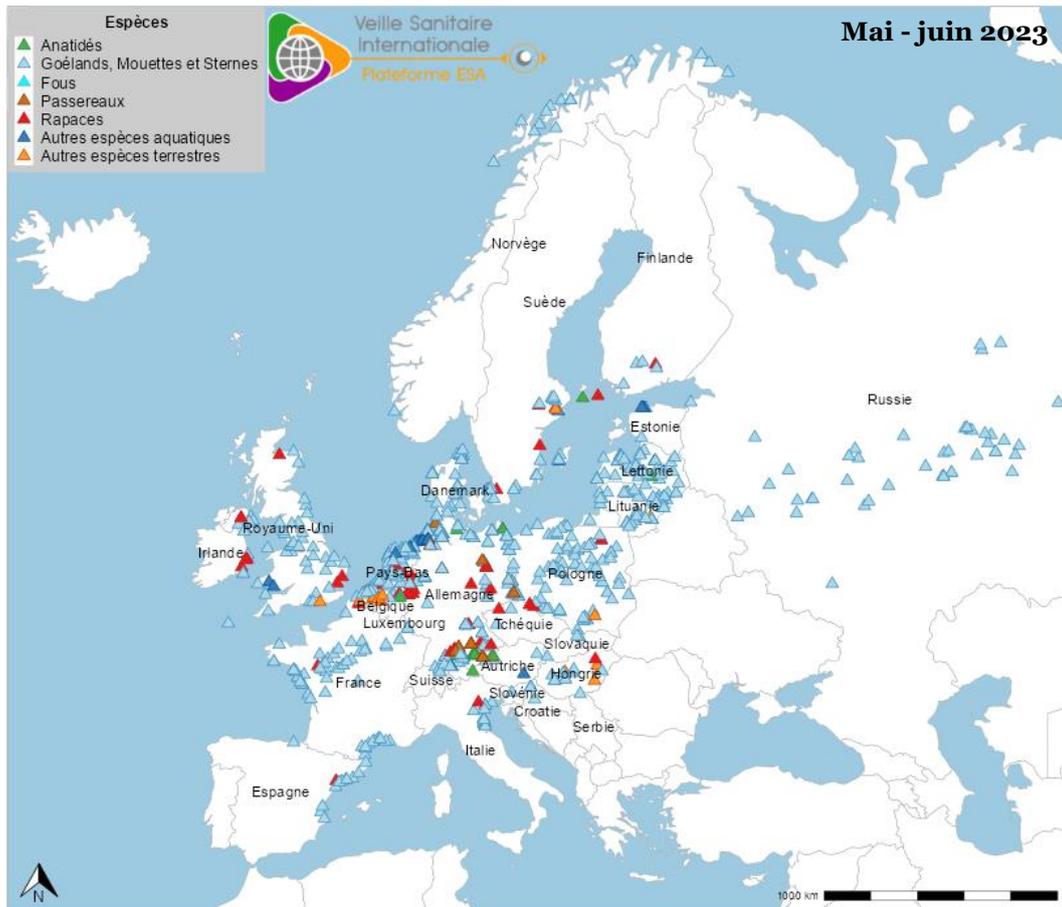
Le premier pic épizootique européen dans le compartiment domestique a été atteint début décembre 2022. Cet épisode de début d'hiver a été plus précoce que les années précédentes mais d'intensité moindre. Au cours des saisons 2020-2021 et 2021-2022, le pic épizootique avait été observé sur le mois de janvier, avec des incidences hebdomadaires supérieures à 100 foyers.

## Épizootie chez les laridés de janvier à juillet 2023



**Figure 6** Incidence hebdomadaire (nombre de déclarations par semaine) des cas dans l'avifaune sauvage par groupe d'espèces d'oiseaux sauvages en Europe sur la saison 2022-2023 (du 01/08/2022 au 31/07/2023) (source : Commission européenne ADIS et WAHIS-OMSA le 18/03/2024). La catégorie « Autres espèces aquatiques » intègre les groupes d'espèces suivants : grèbes, grues, pingouins, pélicans, foulques et râles, cormorans, hérons, limicoles, flamants et ibis ; la catégorie « Autres espèces terrestres » intègre les groupes d'espèces suivants : colombidés, corvidés, cigognes, pics, gallinacés sauvages.





**Figure 7** Répartition des cas dans l'avifaune sauvage par groupe d'espèces d'oiseaux sauvages en Europe sur les mois de janvier-février 2023, mars-avril 2023 et mai-juin 2023 (source : Commission européenne ADIS et WAHIS-OMSA le 18/03/2024).

## Description

En janvier 2023, l'augmentation de l'incidence des cas sauvages a repris dans plusieurs pays, en particulier en Allemagne (119 cas sauvages en janvier), France (109), Belgique (66) et Autriche (60). Des cas ont également été détectés au Danemark (24), Pays-Bas (29), Pologne (22), Suède (18), Suisse (8) ainsi que des cas sporadiques en Europe du Sud et Europe centrale (Croatie, Hongrie, République Tchèque Roumanie, Slovaquie, Slovénie). Environ un tiers des détections concernait des anatidés (canards, cygnes et oies). Chez ces espèces, une incidence élevée (> 40 cas par semaine) a été observée pendant huit semaines sur les mois de janvier et février. Les cas ont été principalement détectés en Allemagne, qui totalisait près de la moitié des détections sur ces espèces au premier trimestre 2023, avec 248 cas détectés de janvier à mars 2023 sur oies, canards et cygnes. Les détections de cas d'infection chez les anatidés se sont ralenties dans tous les pays à partir du mois de mars.

En parallèle, des détections inhabituelles sur les espèces de la famille des laridés, plus particulièrement les mouettes rieuses (*Chroicocephalus ridibundus*) et les goélands, ont débuté sur la partie occidentale de l'Europe (89 cas en janvier en France). Elles ont progressé d'ouest en est au mois de février, notamment en Allemagne (92 cas en février), Pays-Bas (76), Italie (76), Belgique (34), et au mois de mars, notamment en Suisse (56 cas en mars) et Autriche (15). Les cas se distribuaient sur les zones littorales et à l'intérieur des terres.

Le pic de détection chez les laridés a été atteint fin février en France (107 cas en février). Un fléchissement a été observé en avril dans plusieurs pays, dont la France, les Pays-Bas, l'Allemagne et l'Autriche. Il a été suivi d'une reprise en mai, où les pics de détections ont été observés en Allemagne (132 cas en mai) et Pologne (64). L'incidence a diminué sur toute l'Europe sur le mois de juin et des cas ont été détectés en juillet sur les littoraux et zones de nidification de nombreuses espèces de laridés coloniaux.

L'épizootie chez les laridés a été très largement répandue, causant des mortalités importantes dans de nombreux pays d'Europe du Nord (Norvège, Suède, Finlande, Danemark, Pays-Bas et Royaume-Uni), ainsi que sur l'est de l'Europe (Pologne, Russie, pays baltes) et l'Europe du Sud (Espagne, Italie), jusqu'aux Balkans (Serbie, Slovénie, Slovaquie).

Sur les mêmes territoires, une augmentation des détections sur les espèces de rapaces a été observée, en particulier au Royaume-Uni, avec une incidence mensuelle proche de 30 cas détectés d'octobre 2022 à janvier 2023, ainsi qu'en Belgique (pic de détection 17 cas en février) et au nord de l'Allemagne (27 cas en mars). En France de nombreux rapaces (notamment ornithophage) ont été trouvés morts sur cette période en comparaison des mortalités "normales" pour ces espèces, seize cas ont été confirmés au premier trimestre 2023.

- **Aspects génétiques** : jusqu'à janvier 2023, la majorité des souches caractérisées appartenaient au génotype EA-2021-AB (H5N1A/duck/Saratov/29-02/2021-like). A partir de décembre 2022, l'épizootie chez les laridés s'est accompagnée d'une augmentation rapide du nombre de détections du génotype EA-2022-BB (H5N1-A/Herring\_gull/France/22P015977/2022-like). Ce génotype BB est devenu le variant le plus fréquemment identifié, atteignant en avril-mai 2023 une fréquence d'environ 90 % des souches caractérisées, selon les données disponibles. Les analyses phylogénétiques suggèrent qu'il y a eu de multiples introductions de ce génotype dans les pays touchés.

Par ailleurs, les séquences des virus du génotype EA-2022-BB identifiés le long des côtes méditerranéennes (Italie et France) chez les sternes et les goélands, étaient proches de celles précédemment identifiées chez les oiseaux sauvages en Afrique, ce qui pourrait suggérer de nouvelles incursions virales lors de la migration printanière sur le sud de l'Europe, possiblement consécutives à une transmission du virus sur les sites communs d'hivernage (EFSA, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Melidou, et al. 2023).

### Analyse et interprétation

Un nombre important de détections a été observé pour la première fois chez les oiseaux marins, principalement chez les mouettes rieuses et plusieurs espèces de goélands et sternes. Le virus s'est très largement distribué dans les colonies d'oiseaux sur l'Europe occidentale, l'Europe du Nord et l'Europe du Sud au premier semestre 2023. Des cas ont été détectés sur les littoraux et dans les terres, causant de fortes mortalités chez les oiseaux adultes et juvéniles (EFSA, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Melidou, et al. 2023). Les analyses phylogénétiques suggèrent une propagation du virus du nord vers le sud sur la saison hivernale, ainsi que de multiples introductions dans les pays touchés. Une introduction d'origine africaine (Sud - Nord) est suspectée sur le pourtour méditerranéen au printemps (migrations ascendantes) (EFSA, ECDC, LRUE, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Marangon, et al. 2023).

Des mouvements de mouettes rieuses (et potentiellement autres laridés) ont été observés dès la mi-février 2023. Le pic des déplacements est habituellement observé mi-mars et peut durer jusque fin avril (source : CEFE, MNHN, OFB). Le pic de détections de virus IAHP de mai à juillet correspondait à la période de reproduction de ces espèces. Il a été suivi d'un déclin rapide des détections de virus IAHP correspondant à la dispersion de ces espèces depuis leurs sites de colonisation (EFSA, ECDC, LRUE, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Mirinavičiūtė, et al. 2023).

Conjointement, un nombre important de cas a été détecté chez les rapaces, probablement contaminés par prédation sur les oiseaux malades ou consommation des cadavres infectés. Le nombre de cas s'est accru particulièrement pendant la période de reproduction (mortalité des poussins), ce qui a posé la question des enjeux de conservation de ces espèces.

Une étude rétrospective des données de surveillance en Allemagne a montré que les rapaces représentaient de bons indicateurs de la circulation virale spatio-temporelle et de la diversité génétique des souches (Günther et al. 2023).

## Seconde vague épizootique dans le compartiment domestique en avril (Hongrie) et mai 2023 (France)

### Description

En Hongrie, un second épisode a touché le bassin de production de palmipèdes aux mois de mars et avril (26 foyers en mars et 35 en avril). La quasi-totalité des détections a concerné des productions de foie gras ou d'engraissement dans les régions à forte densité d'élevage de Bács-Kiskun et de Csongrád-Csanád.

En France, une seconde vague épizootique a touché les départements du Sud-Ouest (Gers, Landes, Pyrénées-Atlantiques et Hautes-Pyrénées). Après un premier épisode de fin décembre 2022 à fin février 2023 dans le Sud-Ouest, limité en nombre de foyers de volailles détectés, un second épisode tardif dans la saison épidémiologique a débuté par un foyer détecté à Mirande (le 03/05/2023) dans le Gers. Le pic a été



atteint au mois de mai et 57 foyers ont été détectés dans ce département, ainsi que 23 dans les Landes. Ce sont les deux départements les plus touchés. Le dernier foyer de la saison (sur tout le territoire) a été détecté le 10/07/2023 dans les Landes.

Ces événements en Hongrie et en France étaient indépendants l'un de l'autre.

- **Aspects génétiques :** en France, les virus séquencés appartenaient tous à un seul génotype et étaient directement liés à des virus précédemment identifiés lors de la première épizootie en décembre 2022. D'autre part, les virus séquencés chez des oiseaux sauvages en France au cours de cette période appartenaient à un génotype différent (EFSA, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Melidou, et al. 2023).

#### Analyse et interprétation

Une seconde vague épizootique s'est déroulée en Hongrie et en France, avec un pic respectif en avril et en mai, toutes deux dans les zones de production de palmipèdes. Ces vagues étaient indépendantes l'une de l'autre.

En France, les analyses phylogénétiques suggèrent que l'épizootie était secondaire aux précédents foyers observés en début d'hiver et constituait une résurgence « vraie » (nouvelle détection du même virus ou d'un virus très étroitement apparenté dans une même zone). Le virus pourrait avoir diffusé secondairement par les mouvements de volailles.

De même en Hongrie, la seconde épizootie serait expliquée par une forte diffusion du virus dans une zone de forte densité d'élevage (EFSA, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Melidou, et al. 2023).

## Détectations chez les mammifères (Europe)

### Description

La détection de l'IAHP chez une espèce mammifère (hôte inhabituel) constitue un événement épidémiologique exceptionnel, et doit donc être notifié à l'OMSA ([code terrestre - article 1.1.3 -1.f](#)) 24h suivant la confirmation du diagnostic. Les notifications sont communiquées directement dans l'interface WAHIS ou par courrier électronique (code terrestre [article 1.1.5](#)). L'intégralité des notifications officielles à l'OMSA sont disponibles sur la page dédiée ([lien](#)).

Au niveau européen, la surveillance en est recommandée par la réglementation européenne (règlement [2020/689](#)).

Sur la saison 2022-2023, 86 cas d'IAHP ont été détectés en Europe sur des espèces de mammifères terrestres et marins et déclarés dans la base WAHIS (tableau 1).

**Tableau 1 :** Nombre de déclarations de cas d'IAHP chez les mammifères en Europe détectés au cours de la saison 2022-2023 (du 01/08/2022 au 31/07/2023) par pays et espèce, déclarés dans la base WAHIS. ATTENTION : plusieurs individus d'espèces différentes peuvent figurer dans une même déclaration ; dans ce cas, la déclaration est comptabilisée plusieurs fois dans ce tableau (une fois pour chaque espèce touchée). En revanche, le nombre de déclarations ne reflète pas le nombre de spécimens pour chaque espèce (source : WAHIS-OMSA extrait le 24/06/2024).

Pays et espèce	Nombre de déclarations dans WAHIS
<b>Allemagne</b>	<b>11</b>
Phoque gris ( <i>Halichoerus grypus</i> )	1
Martre des pins ( <i>Martes martes</i> )	1
Coati roux ( <i>Nasua nasua</i> )	1
Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	8
<b>Belgique</b>	<b>21</b>
Putois d'Europe ( <i>Mustela putorius</i> )	2
Mustelidae (domestique)	1
Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	18

Pays et espèce	Nombre de déclarations dans WAHIS
<b>Finlande</b>	<b>44</b>
Vison d'Amérique ( <i>Neovison vison</i> )	4
Chien viverrin ( <i>Nyctereutes procyonoides</i> )	5
Renard polaire ( <i>Vulpes lagopus</i> )	26
Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	9
<b>France</b>	<b>2</b>
Chat domestique	1
Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	1
<b>Irlande</b>	<b>1</b>
Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	1
<b>Italie</b>	<b>4</b>
Chat domestique	1
Chien	1
Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	2
<b>Lettonie</b>	<b>2</b>
Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	2
<b>Norvège</b>	<b>1</b>
Renard roux ( <i>Vulpes vulpes</i> )	1
<b>Total général</b>	<b>86</b>

Les paragraphes ci-dessous comportent des éléments complémentaires et d'autres cas rapportés dans la littérature (non exhaustif).

- **Élevages d'animaux à fourrure en Espagne et Finlande**

En Espagne, un foyer a été détecté le 04/10/2022 dans une ferme de vison d'Amérique, à Carral, province de La Corogne, dans la communauté autonome de Galice. Une augmentation anormale du taux de mortalité avait été observée. Les analyses phylogénétiques et la dynamique d'infection dans l'élevage semblent suggérer qu'il y a eu une transmission entre visons au sein de l'élevage. La source reste inconnue. Les quatre génomes caractérisés étaient fortement apparentés entre eux (identité allant de 99,8 % à 100 %) et appartenaient au génotype EA-2022-BB. Dans les semaines qui ont précédé, plusieurs cas d'IAHP H5N1 avaient été signalés chez des oiseaux sauvages trouvés malades ou morts (25 fous de Bassan (*Morus bassanus*) et 2 goélands leucophées (*Larus michaelis*)) le long des côtes près de La Corogne (Agüero et al. 2023).

En Finlande, la surveillance événementielle dans les élevages de production de fourrures (visons, renards et chiens viverrins) a permis de détecter 44 foyers d'IAHP sur la saison 2022-2023, la première détection en élevage correspondant à des prélèvements collectés le 03/07/2023. Les analyses phylogénétiques ont suggéré plusieurs introductions de virus du génotype EA-2022-BB depuis le compartiment aviaire sauvage. Les animaux étaient élevés en cages, mais le bâtiment était ouvert, avec des murs en filets. Une transmission au sein des élevages entre animaux est probable et même entre diverses espèces présentes sur l'élevage. L'hypothèse de transmission intraspécifique est également étayée par la dynamique d'infection au sein des élevages, avec plusieurs centaines d'animaux malades et morts dans 20 exploitations étudiées (la mortalité dans les exploitations touchées a été de 2 à 4 fois supérieure à la normale et, au plus fort de l'épizootie, une grande exploitation a enregistré près de 400 décès en une journée, soit 10 fois le taux normal). Le mécanisme exact de la transmission à l'intérieur et entre les exploitations n'est cependant pas encore connu (Lindh et al. 2023).

En complément de la surveillance événementielle, une surveillance programmée est prévue en 2024 de juin à fin septembre, période considérée à haut risque du fait de la présence des oiseaux migrateurs. Dans chaque élevage, trois spécimens morts ou avec un faible état général seront testés toutes les trois semaines (source : [autorités finlandaise le 17/05/2024](#)).

- **Cas détectés France**

En novembre 2022, un cas a été détecté sur un ours noir tibétain (*Ursus thibetanus*) dans le parc zoologique de Sigean (département de l'Aude). Des cas ont été confirmés au même moment sur plusieurs espèces d'oiseaux en captivité et sauvages dans le parc. L'animal a présenté des signes respiratoires et d'infection systémique, jusqu'au décès. Les virus identifiés à partir des différents cas mentionnés étaient apparentés entre eux et appartenaient au génotype (Bessière et al. 2024; EFSA, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Melidou, et al. 2023; Briand et al. 2024). Un chat a été détecté le 20/12/2022 dans le département des Deux-Sèvres. Il souffrait de symptômes neurologiques graves dus à l'infection virale et a dû être euthanasié ; il vivait par ailleurs à proximité d'un élevage de canards précédemment atteint par un virus directement apparenté de génotype EA-2022-AB (Briand et al. 2023). Un renard roux sauvage a été détecté le 10/02/2023 en Seine et Marne (source : WAHIS, DGAL). Dans cette zone des mortalités de laridés dans la faune sauvage avaient été constatées : ces différents cas d'infection étaient associés à des virus apparentés de génotype EA-2022-BB.

- **Chats domestiques en Pologne**

Le 19/06/2023, un premier cas a été suspecté sur un chat domestique. Au total, plus de 30 chats domestiques présentant des signes cliniques ou une mortalité ont été confirmés infectés par le virus IAHP A(H5N1) dans neuf voïvodies différentes en Pologne aux mois de juin et juillet 2023 (Sources : [autorités polonaises 2023](#), EFSA, ECDC, LRUE, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Mirinavičiūtė, et al. 2023). Sur la base des données épidémiologiques existantes et des données de séquençage du génome complet des virus identifiés, un scénario possible est la contamination par l'alimentation de ces chats avec de la viande de volaille crue contaminée par le virus de l'IAHP. Aucun événement de transmission aux propriétaires d'animaux de compagnie exposés ou à d'autres personnes exposées n'a été observé. (EFSA, ECDC, LRUE, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Mirinavičiūtė, et al. 2023; Domańska-Blicharz et al. 2023).

- **Autres détections**

Des cas sur d'autres espèces ont été détectés début 2023 (EFSA, Adlhoch, Fusaro, Gonzales, Kuiken, Melidou, et al. 2023) :

- fouine aux Pays-Bas (premier signalement),
- dauphin commun (premier signalement), marsouin commun et chien de brousse sud-américain (premier signalement) au Royaume-Uni.

### Analyse

Les carnivores sauvages et domestiques sont les espèces de mammifères les plus touchées par les virus de l'IAHP.

Les espèces sauvages libres concernées sont principalement celles qui chassent les oiseaux sauvages, se nourrissent d'oiseaux sauvages morts, ou les deux. La détection fréquente du virus de l'IAHP A(H5N1) chez le renard roux est probablement une conséquence de sa vaste distribution, qui recoupe largement la répartition géographique des foyers d'IAHP A(H5N1), et de son régime alimentaire, qui comprend en partie des oiseaux sauvages chassés et charognés.

Les épizooties chez les oiseaux de mer représentent un risque pour les mammifères marins le long des côtes européennes, notamment pour les phoques communs.

Les foyers détectés dans les élevages d'animaux de fourrure ont suggéré la transmission intra-mammifères, avec l'identification fréquente de plusieurs marqueurs génétiques spécifiques acquis rapidement après transmission aux mammifères (Fusaro et al. 2024), et soulignent l'importance de prévenir les contaminations de ces élevages.

De même, les animaux de compagnie infectés par le virus IAHP peuvent devenir un risque potentiel d'exposition pour d'autres animaux et propriétaires d'animaux de compagnie.

Un article de synthèse reprend les épisodes d'IAHP de 2020 à l'été 2023 en France a été publié par le LNR ([lien](#), en anglais) :

- Scoizec, Axelle, Eric Niqueux, Audrey Schmitz, Béatrice Grasland, Loïc Palumbo, Adeline Huneau-Salaün, et Sophie Le Bouquin. 2024. « New Patterns for Highly Pathogenic Avian Influenza and Adjustment of Prevention, Control and Surveillance Strategies: The Example of France ». *Viruses* 16 (1): 101. <https://doi.org/10.3390/v16010101>.

## Conclusion

L'épizootie 2022-2023 a été de moins grande ampleur par rapport à la saison précédente (2 432 foyers de volailles et 3 510 cas sauvages ont été détectés entre le 01/08/2021 et le 31/07/2022). Le compartiment domestique a été marqué de la même manière que l'année précédente par deux principales vagues dans les filières avicoles, en particulier dans les productions de palmipèdes de France et de Hongrie. La première vague a été consécutive aux migrations descendantes d'oiseaux sauvages, tandis que les analyses génétiques suggèrent que la seconde vague de foyers de volailles serait due à des contaminations entre élevages.

Le compartiment sauvage a également été fortement touché. De la même manière qu'en 2021, une persistance des cas a été observée chez les fous de Bassan et les anatidés sur les mois d'été (août et septembre 2022). En automne, un premier pic épizootique a été observé lors de la migration post-nuptiale des anatidés. Au premier semestre 2023, une augmentation du nombre de cas a été observée chez les populations de laridés et de rapaces touchées d'abord sur les littoraux Atlantique et de la Manche. Cette émergence chez les oiseaux marins a été liée à la forte diffusion d'un nouveau génotype (EA-2022-BB), qui est devenu le génotype majoritaire au printemps 2023, en se propageant d'ouest en est jusqu'en Russie. En fin de saison, des cas ont persisté chez les laridés.

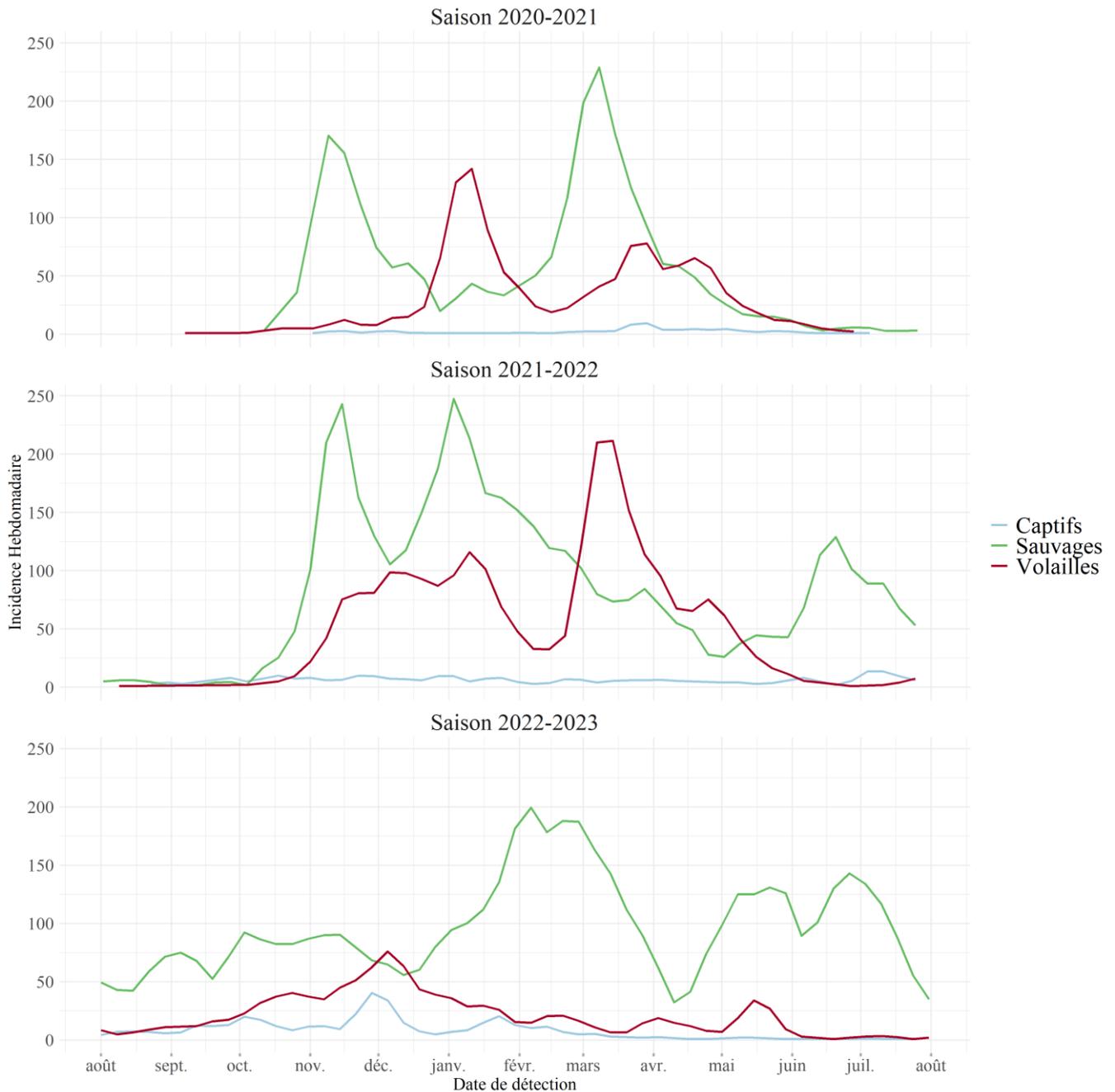
## Références

- Agüero, Montserrat, Isabella Monne, Azucena Sánchez, Bianca Zecchin, Alice Fusaro, María José Ruano, Manuel del Valle Arrojo, et al. 2023. « Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Infection in Farmed Minks, Spain, October 2022 ». *Eurosurveillance* 28 (3): 2300001. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.3.2300001>.
- Bessière, Pierre, Nicolas Gaide, Guillaume Croville, Manuela Crispo, Maxime Fusade-Boyer, Yanad Abou Monsef, Malorie Dirat, et al. 2024. « High pathogenicity avian influenza A (H5N1) clade 2.3.4.4b virus infection in a captive Tibetan black bear (*Ursus thibetanus*): investigations based on paraffin-embedded tissues, France, 2022 ». *Microbiology Spectrum* 12 (3): e03736-23. <https://doi.org/10.1128/spectrum.03736-23>.
- Briand, Francois-Xavier, Marielle Beltrame, Carole Guillemoto, Rachel Busson, Laetitia Pigeyere, Véronique Beven, Arnaud Felten, et al. 2024. « Highly Pathogenic Avian Influenza A (H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus Infection in Captive Bears (*Ursus Thibetanus*) and in Captive and Wild Birds, France, 2022 ». *German Journal of Veterinary Research* 4 (1): 77-81. <https://doi.org/10.51585/gjvr.2024.1.0077>.
- Domańska-Blicharz, Katarzyna, Edyta Świętoń, Agnieszka Świątalska, Isabella Monne, Alice Fusaro, Karolina Tarasiuk, Krzysztof Wrosteck, et al. 2023. « Outbreak of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus in Cats, Poland, June to July 2023 ». *Eurosurveillance* 28 (31): 2300366. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300366>.
- EFSA, Cornelia Adlhoch, Alice Fusaro, José L Gonzales, Thijs Kuiken, Stefano Marangon, Éric Niqueux, et al. 2023. « Avian Influenza Overview September – December 2022 ». *EFSA Journal* 21 (1). <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.7786>.
- EFSA, Cornelia Adlhoch, Alice Fusaro, José L Gonzales, Thijs Kuiken, Angeliki Melidou, Gražina Mirinavičiūtė, et al. 2023. « Avian Influenza Overview April – June 2023 ». *EFSA Journal* 21 (7): e08191. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8191>.
- EFSA, ECDC, LRUE, Cornelia Adlhoch, Alice Fusaro, José L Gonzales, Thijs Kuiken, Stefano Marangon, et al. 2023. « Avian Influenza Overview December 2022 – March 2023 ». *EFSA Journal* 21 (3): e07917. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.7917>.
- EFSA, ECDC, LRUE, Cornelia Adlhoch, Alice Fusaro, José L Gonzales, Thijs Kuiken, Gražina Mirinavičiūtė, et al. 2023. « Avian Influenza Overview June–September 2023 ». *EFSA Journal* 21 (10): e08328. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8328>.
- Fusaro, Alice, Bianca Zecchin, Edoardo Giussani, Elisa Palumbo, Montserrat Agüero-García, Claudia Bachofen, Ádám Bálint, et al. 2024. « High pathogenic avian influenza A(H5) viruses of clade 2.3.4.4b in Europe—Why trends of virus evolution are more difficult to predict ». *Virus Evolution* 10 (1): veae027. <https://doi.org/10.1093/ve/veae027>.
- Günther, Anne, Oliver Krone, Anja Globig, Anne Pohlmann, Jacqueline King, Christine Fast, Christian Grund, et al. 2023. « Pathogen-Prey-Predator Relations of Avian Raptors during Epizootics of Highly Pathogenic

Avian Influenza Virus HPAIV H5N1 (Clade 2.3.4.4b) in Germany ». bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/2023.11.19.567176>.

Lindh, Erika, Hanna Lounela, Niina Ikonen, Tuija Kantala, Carita Savolainen-Kopra, Ari Kauppinen, Pamela Österlund, et al. 2023. « Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Infection on Multiple Fur Farms in the South and Central Ostrobothnia Regions of Finland, July 2023 ». *Eurosurveillance* 28 (31): 2300400. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300400>.

## Annexes



**Figure 8 :** Incidence hebdomadaire (nombre de nouveaux foyers et cas hebdomadaires) dans les compartiments volailles, oiseaux captifs et sauvages (catégorie « Autres que les volailles, dont les sauvages ») en Europe sur les saisons 2020-2021, 2021-2022 et 2022-2023 (du 01/08 au 31/07) (source : Commission européenne ADIS et WAHIS-OMSA le 18/03/2024).

**Tableau 1** Nombre de foyers de volailles, cas dans l'avifaune libre et captive d'IAHP H5 détectés en Europe pendant la saison 2022-2023 (soit du 01/08/2022 au 31/07/2023). Les définitions des compartiments sont celles du Règlement 2016/429 (source: Commission européenne ADIS le 18/03/2024 et WAHIS-OMSA le 11/03/2024).

Pays	Compartiment	Date de première suspicion	Date de la dernière détection déclarée	Nombre de déclarations par compartiment pour la saison 2022-2023	H5N1	H5N5	H5Nx
Allemagne	Captifs	17/09/2022	06/04/2023	131	131	0	0
	Sauvages	04/08/2022	28/07/2023	1 158	1 154	0	4
	Volailles	02/08/2022	07/07/2023	86	86	0	0
Autriche	Captifs	07/11/2022	08/02/2023	5	5	0	0
	Sauvages	23/12/2022	12/07/2023	132	120	0	12
	Volailles	16/01/2023	30/01/2023	3	3	0	0
Belgique	Captifs	16/09/2022	31/03/2023	25	25	0	0
	Sauvages	05/08/2022	27/07/2023	273	264	0	9
	Volailles	19/09/2022	21/02/2023	14	14	0	0
Bulgarie	Volailles	20/10/2022	27/03/2023	3	2	0	1
Chypre	Captifs	24/11/2022	24/11/2022	1	1	0	0
	Sauvages	28/11/2022	28/11/2022	1	1	0	0
	Volailles	24/11/2022	24/11/2022	1	1	0	0
Croatie	Sauvages	18/10/2022	15/05/2023	5	5	0	0
	Volailles	10/11/2022	10/11/2022	1	1	0	0
Danemark	Captifs	25/10/2022	25/10/2022	1	1	0	0
	Sauvages	13/08/2022	30/07/2023	131	131	0	0
	Volailles	08/11/2022	11/07/2023	7	7	0	0
Danemark (Iles Féroé)	Captifs	02/10/2022	02/10/2022	1	1	0	0
	Sauvages	17/09/2022	22/09/2022	4	4	0	0
Espagne	Sauvages	02/08/2022	27/07/2023	133	131	0	2
	Volailles	01/08/2022	04/02/2023	7	7	0	0
Estonie	Sauvages	09/05/2023	31/07/2023	11	10	0	1
	Volailles	15/02/2023	15/02/2023	1	1	0	0
Finlande	Sauvages	06/08/2022	28/07/2023	33	29	1	3
France	Captifs	19/08/2022	04/07/2023	92	92	0	0

Pays	Compartiment	Date de première suspicion	Date de la dernière détection déclarée	Nombre de déclarations par compartiment pour la saison 2022-2023	H5N1	H5N5	H5Nx
	Sauvages	01/08/2022	31/07/2023	557	556	0	1
	Volailles	16/08/2022	10/07/2023	396	394	0	2
Hongrie	Captifs	10/01/2023	04/03/2023	2	2	0	0
	Sauvages	12/12/2022	11/07/2023	39	39	0	0
	Volailles	02/11/2022	21/04/2023	168	168	0	0
Irlande	Captifs	10/10/2022	03/07/2023	3	3	0	0
	Sauvages	01/08/2022	21/07/2023	65	64	0	1
	Volailles	12/11/2022	18/11/2022	2	2	0	0
Islande	Sauvages	07/08/2022	08/07/2023	14	14	0	0
Italie	Captifs	25/10/2022	25/10/2022	1	1	0	0
	Sauvages	22/09/2022	29/07/2023	247	246	0	1
	Volailles	22/09/2022	10/07/2023	41	41	0	0
Lettonie	Sauvages	04/05/2023	28/07/2023	66	66	0	0
Lituanie	Captifs	15/03/2023	15/03/2023	1	1	0	0
	Sauvages	03/04/2023	03/07/2023	52	52	0	0
Luxembourg	Captifs	25/01/2023	25/01/2023	1	1	0	0
	Sauvages	12/12/2022	24/05/2023	5	5	0	0
Macédoine du Nord	Captifs	03/11/2022	03/11/2022	1	1	0	0
Moldavie	Volailles	06/08/2022	18/01/2023	3	3	0	0
Norvège	Captifs	28/03/2023	17/04/2023	2	2	0	0
	Sauvages	04/08/2022	28/07/2023	65	54	4	6
	Volailles	20/10/2022	10/11/2022	2	2	0	0
Pays-Bas	Captifs	06/08/2022	21/02/2023	35	35	0	0
	Sauvages	01/08/2022	31/07/2023	557	557	0	0
	Volailles	01/08/2022	24/07/2023	39	39	0	0
Pologne	Captifs	05/12/2022	28/06/2023	2	2	0	0
	Sauvages	28/11/2022	09/07/2023	150	150	0	0
	Volailles	20/09/2022	29/06/2023	93	93	0	0
Portugal	Captifs	10/08/2022	18/08/2022	2	2	0	0

Pays	Compartiment	Date de première suspicion	Date de la dernière détection déclarée	Nombre de déclarations par compartiment pour la saison 2022-2023	H5N1	H5N5	H5Nx
	Sauvages	29/08/2022	15/11/2022	5	5	0	0
	Volailles	29/08/2022	28/09/2022	3	3	0	0
Roumanie	Sauvages	15/11/2022	27/03/2023	24	24	0	0
	Volailles	26/01/2023	28/01/2023	3	3	0	0
Royaume-Uni*	Captifs	08/08/2022	17/07/2023	52	52	0	0
	Sauvages	09/08/2022	31/07/2023	501	501	0	0
	Volailles	01/08/2022	15/07/2023	165	165	0	0
Russie*	Captifs	02/08/2022	29/07/2023	16	16	0	0
	Sauvages	02/02/2023	17/07/2023	52	52	0	0
	Volailles	15/08/2022	21/07/2023	4	4	0	0
République tchèque	Captifs	12/05/2023	12/05/2023	1	1	0	0
	Sauvages	30/12/2022	17/07/2023	25	25	0	0
	Volailles	01/12/2022	04/05/2023	32	32	0	0
Serbie	Sauvages	01/11/2022	12/05/2023	8	8	0	0
Slovaquie	Captifs	25/01/2023	25/01/2023	1	1	0	0
	Sauvages	17/01/2023	29/05/2023	16	16	0	0
	Volailles	13/01/2023	30/01/2023	3	3	0	0
Slovénie	Captifs	02/02/2023	02/02/2023	1	1	0	0
	Sauvages	19/10/2022	20/07/2023	29	29	0	0
	Volailles	24/02/2023	24/02/2023	1	1	0	0
Suisse	Captifs	16/11/2022	16/11/2022	1	1	0	0
	Sauvages	14/11/2022	05/07/2023	132	132	0	0
	Volailles	19/03/2023	19/03/2023	1	1	0	0
Suède	Captifs	25/01/2023	25/01/2023	1	1	0	0
	Sauvages	27/09/2022	29/07/2023	99	97	0	1
	Volailles	20/03/2023	25/06/2023	2	2	0	0
Turquie	Volailles	31/01/2023	23/02/2023	2	2	0	0
<b>Europe</b>	<b>Captifs</b>			<b>379</b>	<b>379</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
	<b>Sauvages</b>			<b>4 589</b>	<b>4 541</b>	<b>5</b>	<b>41</b>



## Bilan IAHP Europe 2022-2023

<b>Pays</b>	<b>Compartiment</b>	<b>Date de première suspicion</b>	<b>Date de la dernière détection déclarée</b>	<b>Nombre de déclarations par compartiment pour la saison 2022-2023</b>	<b>H5N1</b>	<b>H5N5</b>	<b>H5Nx</b>
	<b>Volailles</b>			<b>1 083</b>	<b>1 080</b>	<b>0</b>	<b>3</b>

\*source : WAHIS-OMSA. Seuls les foyers et cas situés en Europe géographique (à l'ouest du 60ème degré de longitude) sont indiqués.

Ce document créé dans le cadre de la Plateforme d'épidémiologie en santé animale (ESA) peut être utilisé et diffusé par tout média à condition de citer la source comme suit et de ne pas apporter de modification au contenu  
« © <https://www.plateforme-esa.fr/> »