

Epizootie d'influenza aviaire à H5N8 en France. Un point de situation.

Depuis la fin du mois de novembre 2016, près de 500 foyers d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N8 et H5Nx ont été mis en évidence dans des élevages français issus de 9 départements, essentiellement dans le sud-ouest de la France. Cette épizootie qui touche principalement les élevages de palmipèdes de la filière foie gras et les foyers initiaux ont vraisemblablement pour origine une introduction par l'avifaune sauvage, intervient quelques mois après l'épisode de 2015-2016 associé à des virus H5N1, H5N2 et H5N9 hautement pathogènes et qui avait frappé cette même zone de production. A ce jour, 27 pays européens sont touchés par ce virus H5N8 ou des virus réassortants apparentés, soit par des cas relevés dans l'avifaune sauvage (près de 1400 cas), soit par des foyers chez les volailles domestiques (plus de 1000 foyers). La première contamination de l'avifaune a été détectée en France sur des canards appelants dans le Pas de Calais fin novembre et le premier décembre, un premier cas était identifié dans le Tarn sur des canards prêts à gaver. S'il a été très vite possible de confirmer le caractère non zoonotique de ces virus, les scientifiques ont rapidement été interrogés sur le lien possible entre le virus isolé des appelants du Pas de Calais et celui isolé dans le Tarn. Le séquençage complet de ces deux virus a permis de déterminer que s'ils étaient apparentés, ils différaient au moins par deux de leurs segments génomiques (PB2 et NP) témoignant d'un réassortiment avec d'autres virus influenza. Cette analyse fine de la séquence et la comparaison aux autres séquences européennes ont ainsi permis d'identifier des virus circulant par la voie du nord de l'Europe (Mer Baltique, Mer du Nord et Manche), dont sont issues la souche du Pas de Calais et une autre isolée depuis dans une basse-cour des Deux Sèvres, et des virus circulant par une voie plus au Sud (Hongrie Croatie et sud-ouest de la France). Ces virus H5N8 et apparentés (des virus avec un gène H5 apparenté et des Neuraminidases différentes ont en effet été également identifiés dans d'autres pays européens) sont vraisemblablement issus de nombreux réassortiments des virus H5N8 qui ont diffusé une première fois en Europe en 2014-2015, puis en juin 2016 en république de Touva (Russie) dans les deux cas et chez des oiseaux migrateurs. Le virus H5N8 isolé en Russie en juin 2016 possédait des segments H5, N8 et NS proches de ceux de 2014 mais 5 autres segments génomiques très différents, apportant par cela la preuve des capacités de réassortiment et d'évolution rapides des virus H5N8. Ces virus ont par ailleurs démontré leur caractère pathogène chez le canard, ce qui reste plutôt exceptionnel dans cette espèce, mais également chez de nombreuses espèces sauvages et domestiques, y compris chez les colombiformes réputés d'ordinaire moins sensibles aux virus influenza H5. Du fait de sa capacité de réplication exceptionnelle chez le canard, le virus a diffusé rapidement dans les zones à fortes densités d'élevage de canards, par le biais des échanges d'animaux entre les différents maillons de la filière, des intervenants en élevage, des camions et caisses de transport d'animaux et vraisemblablement également sur de courtes distances par voie aéroportée. Dans le sud-ouest de la France, afin d'endiguer la propagation de cette épizootie aux conséquences économiques dramatiques, plus de 4 millions de volailles ont été abattues à ce jour soit dans les foyers soit à titre d'abattage préventif autour de ceux-ci. Il importe pour l'avenir de mettre en place les mesures appropriées pour éviter des épizooties d'une telle ampleur et le Ministre de l'Agriculture a signé à cette fin le 13 avril 2017 un « Pacte de lutte contre l'influenza aviaire et de relance de la filière foie gras » avec les représentants de la filière foie gras et des filières avicoles. Ces mesures sont d'autant plus importantes à mettre en œuvre que les prochaines menaces concernent des virus dont le potentiel zoonotique est avéré :

-H5N6 qui circule actuellement en Corée et en Chine (plus de 30 millions de volailles abattues en Corée du Sud)

-H7N9, un virus hautement zoonotique, qui circulait jusqu'alors à bas bruit chez les volailles car faiblement pathogène et pour lequel des mutants hautement pathogènes pour les oiseaux viennent d'être identifiés y compris chez l'homme, ces mutations augmentant sa probabilité de diffusion rapide chez les oiseaux.

Plus que jamais la vigilance s'impose pour éradiquer les virus H5N8 actuellement présent en France et en Europe, et mettre en œuvre les actions préventives pour limiter l'introduction et la diffusion de nouvelles souches, éventuellement pathogènes pour l'homme, lors de la prochaine saison de migration de l'avifaune.