



AGENCE FRANÇAISE
DE SÉCURITÉ SANITAIRE
DES ALIMENTS

Afssa – Saisine n° 2010-SA-0079
Saisine(s) liée(s) n° 2009-SA-0172

Maisons-Alfort, le 30 mars 2010

AVIS

de l'Agence française de sécurité sanitaire des aliments relatif à la réévaluation du niveau de risque épizootique en matière d'influenza aviaire à la suite de l'identification d'un foyer d'IA HP à virus H5N1 en Roumanie

LE DIRECTEUR GÉNÉRAL

RAPPEL DE LA SAISINE

L'Agence française de sécurité sanitaire des aliments (Afssa) a été saisie le lundi 22 mars 2010 par la Direction générale de l'alimentation (DGAI) d'une demande d'avis relatif à la réévaluation du niveau de risque en matière d'influenza aviaire à la suite de l'identification d'un foyer d'IA HP à virus H5N1 en Roumanie.

CONTEXTE

Les autorités sanitaires roumaines ont notifié à la Commission européenne, le 15 mars 2010, un nouveau foyer d'Influenza aviaire hautement pathogène (IA HP) à virus H5N1 à l'est du pays, à proximité de la frontière ukrainienne (Letea). Le foyer a été notifié à l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) le 16 mars 2010.

Le 13 mars, l'infection par le virus influenza aviaire H5N1 HP a été suspectée chez deux volailles retrouvées mortes dans deux basses-cours situées sur une île du delta du Danube, dans la localité de Letea. Le laboratoire national de référence roumain a confirmé le diagnostic par RT-PCR le 15 mars. Des mesures de protection ont été appliquées autour du foyer sur décision des autorités roumaines dès le 14 mars 2010. Le 16 mars, la Commission européenne a également adopté des mesures temporaires de protection. A la date du 22 mars 2010 aucun autre foyer n'avait été rapporté dans cette région, ni dans les élevages ni dans l'avifaune sauvage, qui est abondante dans le delta du Danube.

Il s'agit du premier foyer d'IA HP dans l'Union européenne depuis mars 2009 (canard sauvage en Bavière).

L'autorité vétérinaire roumaine aurait ensuite mentionné, en date du 27 mars, qu'un second foyer était suspecté dans un village isolé du delta du Danube, dont le nom n'a pas été communiqué (ProMed 28/03/2010).

L'arrêté du 24 janvier 2008 relatif aux niveaux du risque épizootique en raison de l'infection de l'avifaune par un virus de l'influenza aviaire hautement pathogène et au dispositif de surveillance et de prévention chez les oiseaux détenus en captivité, modifié par l'arrêté du 11 mai 2009, définit à l'article 3 les niveaux de risque épizootique et en donne les critères de définition dans l'annexe 1. Ce niveau est qualifié de « négligeable » sur l'ensemble du territoire français depuis le 21 août 2008. La DGAI indique qu'en première intention, ce risque est maintenu à « négligeable ».

METHODE D'EXPERTISE

L'expertise collective a été réalisée par les membres mobilisables du groupe d'expertise collective d'urgence « Influenza aviaire II » réuni à l'Afssa le 22 mars 2010 et par moyens télématiques.

27-31, avenue
du Général Leclerc
94701

Maisons-Alfort cedex
Tel 01 49 77 13 50
Fax 01 49 77 26 13
www.afssa.fr

REPUBLIQUE
FRANÇAISE

A la suite de cette réunion, la coordination scientifique du Comité d'experts spécialisé « Santé animale » a élaboré un projet d'avis qui a été étudié par les membres du Gecu « IA II » par moyens télématiques et validé le 29 mars 2010.

L'expertise a été conduite sur la base des documents suivants :

- la lettre de saisine de la DGAI en date du 22 mars 2010 ;
- les documents attachés : fax urgents de la Commission européenne du 15 mars 2010 (n°009/2010) et du 16 mars 2010 (n°010/2010) ;
- l'avis de l'Afssa 2006-SA-0241 en date du 12 septembre 2006 sur l'évaluation du niveau de risque de contamination par le virus *Influenza* hautement pathogène en provenance de la faune sauvage, auquel sont exposés les oiseaux détenus sur le territoire métropolitain, et des mesures à prendre en fonction d'une échelle de risque ;
- l'avis de l'Afssa 2005-SA-0318 en date du 19 octobre 2005 relatif à l'évaluation du risque d'introduction sur le territoire national par l'avifaune de virus *Influenza* hautement pathogènes au regard des récents foyers en Roumanie et en Turquie ;
- l'avis de l'Afssa 2005-SA-0323 en date du 25 octobre 2005 relatif à l'évaluation du risque d'introduction sur le territoire national et les DOM-TOM par l'avifaune de virus *Influenza* hautement pathogènes au regard du récent foyer russe de Toula ;
- l'arrêté du 11 mai 2009 modifiant l'arrêté du 24 janvier 2008 relatif aux niveaux du risque épizootique en raison de l'infection de l'avifaune par un virus de l'influenza aviaire hautement pathogène et au dispositif de surveillance et de prévention chez les oiseaux détenus en captivité ;
- la présentation (diaporama) des autorités sanitaires roumaines au CPCASA portant sur le foyer de Letea ;
- la bibliographie citée en fin d'avis.

ARGUMENTAIRE

L'argumentaire de l'Afssa est fondé sur l'avis du Groupe d'expertise collective d'urgence « Influenza aviaire II » dont les éléments sont présentés ci-dessous :

« 1/ ORIGINE DU FOYER »

*Le foyer roumain implique des volailles de basse-cour élevées dans une zone proche de la frontière ukrainienne. Il a été mis en évidence, après analyses phylogénétiques, que ce virus H5N1 HP appartenait au **sous-clade 2.3.2**. L'arbre phylogénétique du gène de l'hémagglutinine des virus de sous-type H5N1 est indiqué en annexe 2 (Sharshov et al., 2010). Aucun virus appartenant à ce sous-clade n'a été isolé auparavant en Europe ou en Afrique. A ce jour, les virus portant une hémagglutinine de sous-clade 2.3.2 (dénommés ci après « virus de sous-clade 2.3.2 ») n'ont été isolés qu'en Asie de l'Est et du Sud-est, c'est-à-dire dans des régions éloignées de la Roumanie (toutes situées à plus de 6 000 km, exception faite du foyer russe moscovite), en particulier :*

- **à Hong Kong en 2006 et 2007** : des faucons pèlerins ont été infectés par le virus de l'IA HP H5N1, de sous-clade 2.3.2 (Smith et al., 2009) ;
- **au Japon en 2008** : l'infection par le virus H5N1 de sous-clade 2.3.2 a été mise en évidence chez des cygnes chanteurs (*Cygnus cygnus*) retrouvés morts au mois d'avril dans la préfecture d'Akita (Lac Towada, île de Honshu) (Uchida et al., 2008) ;
- **en Corée du Sud en 2008** : plusieurs élevages de volailles ont été infectés par le virus influenza aviaire H5N1 HP de sous-clade 2.3.2 au cours du printemps 2008, à Gimje dans le sud-ouest du pays (Kim et al., 2010) ;
- **en Mongolie en 2009** : le virus H5N1 de sous-clade 2.3.2 a été identifié dans deux foyers notifiés à l'OIE. Le premier est apparu fin mai, le virus ayant été identifié chez deux cygnes chanteurs (*Cygnus cygnus*) retrouvés morts au centre du pays (Sharshov et al., 2010). Le second impliquait près de 200 oiseaux sauvages au mois d'août, un peu plus au nord vers la frontière russe (oies à tête barrée - *Anser indicus*, tadornes casarca - *Tadorna ferruginea* et garrots à œil d'or – *Bucephala clangula*) ;

- **en Russie en 2008 et 2009.** En avril 2008, des volailles domestiques ont été infectées par le virus de sous-clade 2.3.2, après exposition à des viscères d'oiseaux sauvages, dans la partie la plus orientale de la Russie (Primorsky, Primorje) (L'vov et al., 2008 cité par Sharshov et al., 2010). En 2009, deux autres foyers ont été notifiés à l'OIE. Dans le premier foyer, près de 60 oiseaux sauvages morts avaient été retrouvés en région lacustre au mois de juin (Lac Uvs), en République de Touva à la frontière mongole (Sharshov et al., 2010). Le second foyer était constitué par un pigeon biset trouvé malade sur le balcon d'un immeuble au mois de novembre (Moscou) (OIE et communication I Brown, coordinateur du réseau Flu Lab Net) ;
- des virus influenza aviaire H5N1 appartenant au sous-clade 2.3.2 ont également été isolés dans la **province chinoise de Qinghai en 2009** chez des pikas (mammifères lagomorphes sauvages) (FAO, 2010).

Sharshov et al. (2010), constatant que les virus influenza aviaire H5N1 récemment identifiés en Mongolie et en Russie, appartiennent au sous-clade 2.3.2 (et non plus au sous-clade 2.2.2 auquel appartenaient les virus isolés dans cette région en 2006-2007), suggèrent que ces virus pourraient avoir été introduits par des oiseaux sauvages ayant passé l'hiver dans le sud-est asiatique.

I. Brown, responsable du Laboratoire communautaire de référence (VLA Weybridge), a indiqué le 19 mars via le réseau FLU LAB NET que le gène de l'hémagglutinine des virus roumains présentait une homologie maximale (99,3%) avec celui des isolats H5N1 HP 2010 provenant de volailles trouvées infectées au Népal.

L'origine du foyer roumain n'est pas connue à l'heure actuelle. Deux hypothèses principales peuvent être envisagées :

- une contamination des oiseaux de basse-cour à partir de l'avifaune sauvage, migratrice ou autochtone ;
- une contamination des volailles de basse-cour à partir d'autres oiseaux importés (domestiques ou non) ou de leurs produits.

- **Introduction par l'avifaune sauvage**

- Avifaune sauvage migratrice suivant les voies migratoires habituelles

La région du delta du Danube est sur le trajet du courant migratoire « Mer Noire-Méditerranée ». A cette période de l'année (début mars), les oiseaux migrateurs qui empruntent cette voie sont en cours de remontée depuis l'Afrique de l'Est et du Nord vers le nord-est de l'Europe. Certains oiseaux sont probablement en début de période de reproduction, dans la région de la Mer Noire. D'autres poursuivent leur migration vers le nord-est.

L'hypothèse la plus probable au plan ornithologique, quant à l'infection des volailles roumaines via l'avifaune sauvage migratrice, serait une introduction à partir de l'Afrique de l'Est et/ou du Nord (via l'Egypte notamment) par les oiseaux migrateurs qui empruntent le courant « Mer Noire-Méditerranée ».

Une origine africaine de ce virus pourrait donc être suspectée. Cependant, le sous-clade 2.3.2 n'a jamais été identifié en Afrique à ce jour (en particulier en Egypte où de nombreux foyers d'IA HP ont pourtant été identifiés depuis 2006). Sauf à ce que ce sous-clade ait été très récemment introduit et soit resté non détecté, il semble donc peu probable que le virus impliqué dans le foyer roumain soit originaire d'Afrique. En revanche, des virus de ce sous-clade 2.3.2 ont été isolés récemment en Asie et en Russie occidentale (cf. supra pour références). Par conséquent, une autre hypothèse peut être envisagée : celle d'une origine asiatique de ce virus et de la séquence d'évènements suivante :

- des oiseaux sauvages appartenant aux populations migratrices d'Asie centrale ou de l'est se seraient infectés par le virus de sous-clade 2.3.2 ;
- étant donné que certains courants migratoires principaux de ces régions asiatiques chevauchent partiellement (au nord de l'Asie) la voie « Mer Noire-Méditerranée », ces oiseaux auraient provoqué l'infection d'individus empruntant des voies plus occidentales (courant « Asie de l'ouest-Afrique de l'est », voire courant « Mer Noire-Méditerranée ») en direction du sud, à l'automne ;

- *des volailles domestiques auraient alors été infectées par les oiseaux migrateurs empruntant le courant « Mer Noire-Méditerranée » au cours de leur trajet ascendant au printemps 2010 (foyer roumain).*

Ce scénario impliquerait que l'infection d'oiseaux sauvages suivant les voies de migration occidentales serait passée inaperçue lors de la migration descendante, puis au cours de leur séjour en Afrique avant la migration ascendante vers l'Europe.

Cette hypothèse ne peut être évaluée avec précision ; elle est certes peu probable mais ne peut être écartée.

- *Avifaune sauvage effectuant des déplacements non migratoires*

Comme mentionné dans l'avis de l'Afssa n°2005-SA-0318 du 19 octobre 2005, des mouvements d'oiseaux sauvages d'est en ouest peuvent se produire hors des voies habituelles de migration dans certaines conditions défavorables (sécheresse prolongée, vague de froid persistante). Cette hypothèse apparaît très peu probable en cette saison, malgré la vague de froid tardive survenue en Europe à la fin de l'hiver.

- *Avifaune autochtone*

Une contamination des volailles de Letea à partir de l'avifaune sauvage de la région de la Mer Noire (en particulier Ukraine voire Russie du sud-est) serait également possible, et ne serait pas incohérente avec la détection d'un pigeon biset infecté dans la région moscovite fin 2009, espèce pourtant très peu sensible à l'infection par les virus influenza. On peut en effet envisager une circulation à bas bruit du virus qui n'aurait pas encore été détectée dans l'avifaune sauvage mais aurait été révélée par l'exposition des volailles de basse-cour élevées en plein air à la sortie de l'hiver. L'absence de détection plus précoce de ce virus dans la région de la Mer Noire pourrait s'expliquer, en partie, par un meilleur niveau de surveillance en Roumanie que dans les autres pays riverains de la Mer Noire et/ou par un manque de remontée des informations à partir des zones situées à l'extérieur de l'Union Européenne.

- **Introduction par des importations**

L'hypothèse d'une contamination par le biais d'oiseaux infectés (domestiques en particulier) ou de leurs produits qui auraient été importés de régions infectées semble peu probable compte tenu des mesures de protection appliquées en Roumanie vis-à-vis des zones touchées par l'IAHP, et si l'on écarte la possibilité de mouvements incontrôlés d'oiseaux ou de leurs produits au niveau de la frontière ukrainienne. Il est à noter qu'aucun cas récent d'influenza aviaire à virus H5N1 HP n'a été notifié par ce pays. Néanmoins, il existe peu d'informations épidémiologiques disponibles relatives à cette région.

2/ RISQUE POUR LA FRANCE ET L'EUROPE DE L'OUEST :

Le nouveau foyer d'IA HP notifié en Roumanie est éloigné des frontières françaises de plus de 2 000 km. L'apparition de foyers d'IA HP en France ou en Europe de l'Ouest à partir du foyer de Letea, pourrait avoir deux causes essentielles :

- *des mouvements d'oiseaux migrateurs infectés ;*
- *des mouvements d'oiseaux infectés ou de leurs produits.*

- **Mouvements d'oiseaux migrateurs**

Les migrations qui ont lieu du nord-est vers le sud-ouest (selon le courant « Mer Noire-Méditerranée ») sont observées au cours de la phase descendante, c'est-à-dire à partir de la fin de l'été (migrations postnuptiales).

Des déplacements est-ouest peuvent avoir lieu soit en plein hiver (décembre-janvier, voire février) lors de décantonements d'oiseaux dus à une vague de froid. On peut assister également à des mouvements est-ouest en début d'été (à partir du mois de juin) concernant des canards sauvages ayant débuté leur migration postnuptiale très tôt (cela concerne le plus souvent des oiseaux ayant eu un échec de reproduction ou des mâles se rassemblant pour la mue). Ce phénomène a été

constaté en juin 2007 lors de l'épisode d'influenza à virus H5N1 HP qui a touché les étangs de la Moselle. Ni les conditions climatiques ni la saison en mars 2010 ne correspondent à ces deux situations.

Ainsi, exception faite d'éventuels mouvements erratiques, l'avifaune sauvage ne devrait pas se déplacer depuis la région de la Mer Noire vers l'ouest de l'Europe avant plusieurs mois : **le risque d'introduction en France du virus de l'IA HP par l'avifaune sauvage en lien avec le foyer de Letea peut être estimé nul à quasi-nul (0/9 à 1/9) durant cette période.**

- **Mouvements d'oiseaux domestiques infectés ou de leurs produits**

Compte tenu :

- de la réactivité des acteurs sanitaires roumains, dont témoignent la rapidité de réalisation du diagnostic et la précocité de la mise en place des mesures de protection ;
- du fait que le virus de sous-clade 2.3.2 n'a encore jamais été détecté dans cette région et qu'il n'y a donc pas d'éléments à l'heure actuelle en faveur d'une présence « ancienne » du virus ;
- de l'absence de foyers d'IA HP en Roumanie depuis 2007 ;
- de l'embargo actuellement en vigueur en Europe sur les volailles et les produits de volailles provenant de pays touchés par l'IA HP, et en supposant qu'il soit correctement appliqué ;
- de la distance relativement importante qui sépare la France du foyer de Letea (supérieure à 2 000 km) ;
- du type de production touchée (non commerciale) et de l'absence d'échanges de volailles en provenance de ce pays ;
- de l'absence d'élément indiquant d'éventuelles introductions en France de volailles et de produits de volailles en provenance de cette zone de Roumanie dans les trois semaines précédant la survenue du cas roumain ;

le risque d'introduction en France du virus de l'IAHP à partir de volailles domestiques ou de leurs produits, en lien avec le foyer de Letea, peut être estimé nul à quasi-nul (0/9 à 1/9).

3/ REEVALUATION DU NIVEAU DE RISQUE ETABLI AU PLAN REGLEMENTAIRE

Dans l'annexe 1 de l'arrêté du 24 janvier, relatif aux niveaux du risque épizootique en raison de l'infection de l'avifaune par un virus de l'influenza aviaire hautement pathogène et au dispositif de surveillance et de prévention chez les oiseaux détenus en captivité, modifié le 11 mai 2009, les critères de définition du niveau de risque « **négligeable** » sont les suivants :

« Absence de cas en France et absence de cas dans les couloirs migratoires des oiseaux sauvages arrivant et transitant en France, qu'il y ait ou non des cas dans les zones de départ »

Les critères de définition du niveau de risque épizootique « **faible** » sont les suivants :

« Absence de cas en France et présence de cas dans les couloirs migratoires des oiseaux sauvages transitant en France, ou présence de cas dans des pays non voisins de la France métropolitaine »

Dans la situation actuelle :

- il n'y a aucun foyer d'IA HP en France ;
- il n'y a pas de foyer d'IA HP dans les couloirs migratoires arrivant à l'heure actuelle (et dans les prochains mois) en France. Bien que le foyer du delta du Danube appartienne à une zone traversée par le couloir migratoire « Mer Noire – Méditerranée » et que la zone la plus à l'ouest de cette voie se superpose à une partie de l'Europe occidentale et de l'est de la France, le courant est actuellement ascendant. La traversée éventuelle de l'Europe de l'ouest par des oiseaux migrateurs actuellement présents autour de la Mer Noire n'est donc pas envisagée avant le milieu de l'été ;
- la Roumanie est un pays distant d'environ 2 000 km des frontières françaises et séparé de l'Hexagone par au moins trois pays européens. Or, le terme « pays non voisins » cités dans l'annexe de l'arrêté du 24 janvier 2008, modifié le 11 mai 2009, fait référence aux pays les plus

proches des pays voisins de la France. On peut donc considérer que la Roumanie est plus éloignée de nos frontières que les pays désignés « non voisins » et qu'elle n'est donc pas visée par la définition du niveau de risque « faible » de l'annexe (d'autant plus que le foyer actuel est situé à l'extrême est de la Roumanie).

En conclusion, à la lumière des informations disponibles sur le foyer d'influenza aviaire hautement pathogène à virus H5N1 dans la région du delta du Danube, à l'est de la Roumanie, le Gecu « IA II » recommande de maintenir le niveau de risque épizootique à « négligeable » sur l'ensemble du territoire français, tel que défini à l'article 3 de l'arrêté du 24 janvier 2008, modifié par l'arrêté du 11 mai 2009.

CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS :

Après analyse des éléments disponibles au 22 mars sur le foyer d'influenza aviaire hautement pathogène à virus H5N1 dans la région de Letea, à l'est de la Roumanie, les membres mobilisables du Gecu « IA II », réunis le 22 mars 2010 à l'Afssa et par moyens télématiques, sont favorables au maintien du niveau de risque épizootique « négligeable » sur l'ensemble du territoire national.

Ce niveau de risque devra être réévalué à la lumière de toute nouvelle information épidémiologique ou virologique concernant ce foyer, ou si l'évolution de la situation de l'IA HP à virus H5N1 dans les élevages de volailles ou dans l'avifaune sauvage le justifiait. »

CONCLUSION

Tels sont les éléments d'analyse que l'Afssa est en mesure de fournir en réponse à la saisine de la DGAI concernant une demande d'avis relatif à la réévaluation du niveau de risque en matière d'influenza aviaire à la suite de l'identification d'un foyer d'IA HP à virus H5N1 en Roumanie.

A la date du 29 mars 2010, le deuxième foyer roumain chez des volailles de basse-cour dans le delta du Danube (village de Plauru, dans le comté de Tulcea) a été confirmé. Par ailleurs, une buse trouvée morte en Bulgarie, sur les bords de la Mer Noire, fait l'objet d'une suspicion d'infection par le virus IA HP H5N1. Ces nouveaux éléments ne devraient pas changer le niveau de risque établi pour le territoire français.

Le directeur général

Marc MORTUREUX

MOTS-CLES

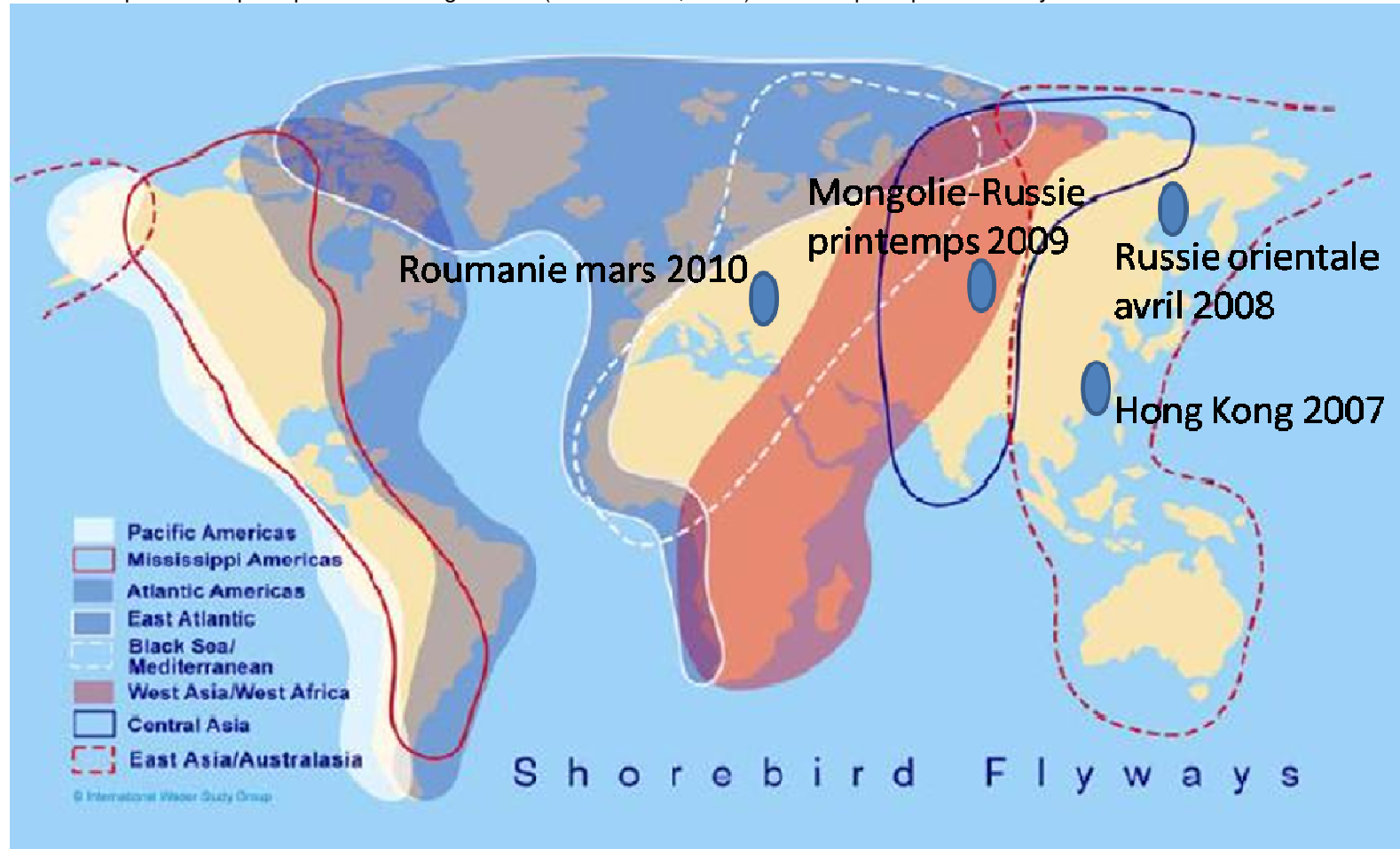
Mots clés : Influenza aviaire, Roumanie, volailles, avifaune sauvage, courants migratoires, H5N1 HP, sous-clade 2.3.2.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- FAO - EMPRES emergency prevention system (2010) Avian Influenza Disease Emergency 64, 18p.
- Kim HR, Park CK, Lee YJ, Woo GH, Lee KK, Oem JK, Kim SH, Jean YH, Bae YC, Yoon SS, Roh IS, Jeong OM, Kim HY, Choi JS, Byun JW, Song YK, Kwon JH, Joo YS (2010) An outbreak of highly pathogenic H5N1 avian influenza in Korea, 2008. *Vet Microbiol* 141, 362-366.
- Sharshov K, Silko N, Ivan Sousloparov I, Zaykovskaya A, Shestopalov A, Drozdov I (2010) Avian Influenza (H5N1) Outbreak among Wild Birds, Russia, 2009. *Emerg Infect Dis* 16, 349-351.
- Smith G, Vijaykrishna D, Ellis T, Dyrting K, Connie Leung YH, Bahl J, Wong C, Kai H, Chow M, Duan L, Chan A, Zhang LJ, Chen H, Luk G, Malik Peiris JS Guan Y (2009) Characterization of Avian Influenza Viruses A (H5N1) from Wild Birds, Hong Kong, 2004–2008. *Emerg Infect Dis* 15, 402-407.
- Uchida Y, Mase M, Yoneda K, Kimura A, Obara T, Kumagai S, Saito T, Yamamoto Y, Nakamura K, Tsukamoto K, Yamaguchi S (2008), Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) isolated from whooper swans, Japan. *Emerg Infect Dis* 14, 1427-1429.

ANNEXES

ANNEXE I. Carte simplifiée des principales voies migratoires (Stroud *et al.*, 2004) et zones principales des foyers d'IA HP à virus H5N1 de sous-clade 2.3.2



ANNEXE II. Arbre phylogénétique du gène de l'hémagglutinine des virus de sous-type H5N1 (Sharshov *et al.*, 2010)

