
Bilan IAHP 2022

Synthèse des travaux effectués par l'Anses

RAPPORT d'appui scientifique et technique

Direction de la Stratégie et des Programmes

Juin 2022

Citation suggérée

Anses. (2022). Bilan IAHP 2022. Synthèse des travaux effectués par l'Anses (saisine 2022-AST-0098). Maisons-Alfort : Anses, 38 p.

Mots clés

Influenza aviaire hautement pathogène, épizootie, enquêtes épidémiologiques, études phylogénétiques, évaluation des risques, laboratoire national de référence.

Highly pathogenic avian influenza virus, epizootic, epidemiological investigations, phylogenetic analyzes, risk assessments, national reference laboratory

Présentation des intervenants

PARTICIPATION ANSES

M. François-Xavier BRIAND, chargé de projet, unité VIPAC, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort - Anses

Mme Sophie BARRETEAU, Responsable du département Evaluation scientifique, Agence Nationale du Médicament Vétérinaire - Anses

M. Nicolas ETERRADOSSI, Directeur du Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort – Anses

Mme Béatrice GRASLAND, cheffe d'unité VIPAC, responsable LNR, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort – Anses

Mme Sophie LE BOUQUIN, cheffe d'unité adjointe EPISABE, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort - Anses

M. Eric NIQUEUX, responsable LNR, Unité VIPAC, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort – Anses

M. Jean-Claude ROUBY, Référent scientifique immunologie & nouvelles thérapies, Agence Nationale du Médicament Vétérinaire - Anses

Mme Axelle SCOIZEC, chargée de projet, unité EPISABE, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort - Anses

Mme Charlotte DUNOYER, directrice scientifique de la santé et du bien-être des animaux - Anses

Table des matières

Présentation des intervenants	3
1 Contexte, objet et modalités de réalisation des travaux	6
1.1 Contexte	6
1.2 Objet de la demande	7
1.3 Modalités de traitement : moyens mis en œuvre et organisation.....	8
2 Synthèse des travaux	9
2.1 Surveillance et détection précoce	9
2.1.1 Surveillance événementielle.....	9
2.1.2 Surveillance programmée	9
2.2 Modalités d'introduction	11
2.2.1 Huit génotypes différents.....	11
2.2.2 Hypothèses d'introduction selon les régions.....	12
2.3 Modalités de diffusion	15
2.3.1 Des foyers circonscrits	15
2.3.2 Deux épizooties majeures	16
2.4 Gestion des foyers et des dépeuplements préventifs.....	20
2.4.1 Abattage sans délai des foyers	21
2.4.2 Modalités d'euthanasie.....	21
2.4.3 Dépeuplements préventifs.....	21
2.4.4 Gestion des cadavres.....	22
2.5 Gestion du risque pour les filières	23
2.5.1 Densité d'élevages et d'oiseaux	23
2.5.2 Stratégie de sauvegarde de la génétique	24
2.5.3 Equipement du territoire en stations de nettoyage et désinfection	25
2.6 Risque de transmission inter espèces et risque zoonotique	25
2.6.1 Transmission aux mammifères des virus IAHP A(H5) de clade 2.3.4.4b en Europe 25	
2.6.2 Transmission à l'être humain des virus IAHP A(H5) de clade 2.3.4.4b	26
2.6.3 Analyse du potentiel zoonotique des virus IAHP A(H5N1) de clade 2.3.4.4b.....	26
2.7 Evaluer les perspectives d'utilisations de l'outil vaccinal chez les palmipèdes gras ...	27
3 Conclusions : les points saillants	30
3.1.1 L'enjeu d'une détection précoce	31
3.1.2 L'enjeu de la biosécurité.....	32
3.1.3 L'enjeu d'organisation des productions.....	32
3.1.4 L'enjeu d'organisation prévisionnelle des territoires pour la gestion des foyers	33

3.1.5	L'enjeu zoonotique	34
3.1.6	L'enjeu de la vaccination comme moyen de lutte complémentaire	35
4	Bibliographie.....	36
Annexe 1	: Lettre de la demande.....	38

1 Contexte, objet et modalités de réalisation des travaux

1.1 Contexte

Depuis août 2021, de nombreux foyers d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) ont été détectés dans la faune sauvage et dans des élevages en Europe. Les autorités sanitaires de nombreux États membres (Pays-Bas, Allemagne, Italie...) ont notifié des foyers dans les élevages de volailles (dindes et poulets de chair, poules pondeuses, palmipèdes). Trente-six pays sont aujourd'hui touchés par l'épizootie sur l'ensemble du continent européen. Au 23 mai 2022, on dénombrait 2315 foyers en élevages de volailles et 2875 cas en faune sauvage ou chez des oiseaux captifs.

La France n'a pas été épargnée. Un premier foyer d'influenza aviaire hautement pathogène a été détecté le 26 novembre 2021 dans un élevage commercial de poules pondeuses dans le département du Nord.

Le 16 décembre, un foyer d'IAHP H5N1 a été confirmé dans un élevage de canards prêts à gaver dans le Gers, premier foyer avicole mis en évidence dans le Sud-Ouest depuis le début de ce nouvel épisode. Plusieurs départements du Sud-Ouest ¹ ont ensuite été touchés avec de nombreux cas dans les Landes et les Pyrénées atlantiques, notamment.

Alors que la situation commençait à se stabiliser dans le Sud-Ouest, les foyers d'IAHP ont fortement augmenté dans le Grand-Ouest ² à partir de fin février.

Deux départements (Vendée et Loire-Atlantique) ont connu plus tardivement (fin février 2022) une diffusion rapide du virus d'IAHP et la zone du Grand Ouest enregistre à l'heure actuelle un nombre de foyers équivalent à plus du double de celui du Sud-Ouest. Le dernier foyer détecté en élevage dans cette zone date du 2 mai 2022. Une nouvelle zone d'infection s'est développée depuis mi-mars dans la région du Lot, de la Dordogne et de la Corrèze qui enregistre à ce jour plus de 100 foyers. Le dernier foyer détecté sur cette zone date du 15 mai 2022.

À la date du 10 juin 2022, la France avait officiellement déclaré 1378³ foyers d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) en élevage, 51 cas en faune sauvage et 35 cas en basse-cours.

La répartition des foyers en élevage de volailles est indiquée en tableau 1.

¹ La dénomination Sud-Ouest dans le présent rapport regroupe les départements des Landes, Pyrénées Atlantiques, Hautes Pyrénées et du Gers.

² La dénomination Grand Ouest dans le présent rapport regroupe les départements de Loire-Atlantique, Vendée, du Maine-et-Loire et des Deux-Sèvres.

³ <https://agriculture.gouv.fr/influenza-aviaire-la-situation-en-france> consulté le 18 juin 2022

Tableau 1 : nombre cumulé de foyers en élevage pour l'épizootie 2021-2022, au 10 juin 2022
(d'après le site du ministère de l'agriculture⁴)

Total Sud-Ouest*	362
Total Vendée et dépts lim.	860
Total Bretagne	6
Total Lot, Dordogne, Corrèze, Haute Vienne, Lot et Garonne	127
Nord (59)	8
Seine Maritime (76)	2
Mayenne (53)	1
Indre-et-Loire (37)	2
Loir-et-Cher (41)	1
Cantal	5
Aveyron (12)	2
Charente (16)	2
Total foyers en élevage	1378

*par souci de cohérence avec l'évolution géographique des phases de l'épizootie, le département 47 a été regroupé avec le Lot et départements limitrophes

Il s'agit de la 4^{ème} épizootie liée à des virus influenza aviaire hautement pathogènes depuis l'hiver 2015, dont les 3 dernières dues à des virus du même clade 2.3.4.4.b. Cette dernière épizootie est d'une ampleur inédite, puisque la plus importante des 3 épizooties précédentes n'avait concerné « que » 492 foyers, et qu'un seul bassin de production contre trois cette année.

1.2 Objet de la demande

Au cours de la gestion de cette épizootie, l'Anses a été sollicitée par le ministère de l'agriculture, à la fois par des saisines d'évaluation des risques, et par des demandes d'enquêtes épidémiologiques, de suivi de dispositifs de gestion de cadavres d'oiseaux, d'analyses phylogénétiques des virus à des fins de traçage de l'épizootie, ainsi que des questions quasi quotidiennes d'appui à la gestion (DGAL, services déconcentrés, vétérinaires ...). Il convient de noter que les évaluations de risque des épizooties d'IAHP précédentes et les avis de l'Anses correspondants ont pu dans bien des cas servir aux scientifiques de l'Anses pour répondre à plusieurs questions d'appui à la gestion. Cela a permis de limiter dans une certaine mesure, par rapport aux épizooties précédentes, les saisines en urgence qui ont porté principalement sur des situations non encore explorées : la sauvegarde de la génétique d'une part et certains aspects de la gestion des cadavres de volailles en alternative à l'équarrissage, d'autre part.

La stabilisation de la situation conduit aujourd'hui le ministère de l'agriculture à définir des actions concrètes à mettre en place afin de limiter l'impact de l'introduction probable du virus à la fin de cette année 2022. C'est dans ce cadre que la DGAL a demandé à l'Anses de réaliser une synthèse de l'ensemble des travaux (enquêtes, analyses, expérimentations) effectués par

⁴ <https://agriculture.gouv.fr/influenza-aviaire-la-situation-en-france>, consulté le 18 juin 2022

l'Agence, afin de disposer de l'ensemble des données existantes pour produire ces actions concrètes.

1.3 Modalités de traitement : moyens mis en œuvre et organisation

Les différents scientifiques de l'Anses ont rassemblé les éléments demandés, sous forme synthétique, dans le présent rapport.

Ces éléments proviennent de la quinzaine de rapports et avis élaborés au cours des 6 derniers mois⁵, suite aux enquêtes de terrain (11 missions d'investigation épidémiologiques au 25 mai 2022), aux analyses virologiques et phylogénétiques (plus de 2750 analyses virologiques et 415 séquençages de génomes complets au 8 juin 2022, réalisés au LNR), aux différentes réunions entre DGAL, professionnels de l'aviculture ou de la pharmacie vétérinaires et scientifiques Anses et aux expertises collectives donnant lieu à des Avis de l'Agence.

-
- ⁵ - Analyse de risques vis-à-vis de l'influenza aviaire hautement pathogène dans l'élevage de Warhem (59) – Décembre 2021
- Analyse de la séquence génomique du virus d'influenza aviaire hautement pathogène A(H5N1) détecté dans un élevage de poulet (département 59) et chez des oies de basse-cour le 25/11/2021.- 14 décembre 2021
 - Bilan des épizooties d'influenza aviaire hautement pathogène depuis fin 2020 et analyse du risque pour la santé humaine (Anses-SPF-CNR) – 13 janvier 2022
 - Analyse phylogénétique des séquences génomiques de virus d'influenza aviaire hautement pathogène A(H5N1) détectés en France depuis novembre 2021 – 13 janvier 2022
 - Premiers éléments épidémiologiques sur l'épizootie d'IAHP H5N1 en cours dans le sud-ouest de la France – 25 janvier 2022
 - Analyse phylogénétique des séquences génomiques de virus d'influenza aviaire hautement pathogène A(H5N1) détectés en France depuis novembre 2021 – 25 février 2022
 - Avis 2022-SA-0039 relatif à l'évaluation des mesures de gestion relatives à l'influenza aviaire en Vendée et dans les départements limitrophes 1^{ère} partie – 8 mars 2022
 - 1^{er} retour de la visite terrain en Vendée : point sur les pistes concernant les voies de diffusion de l'IAHP en Vendée lors de l'explosion de l'épizootie – Mail 11 mars 2022
 - Avis 2022-SA-0039 relatif à l'évaluation des mesures de gestion relatives à l'influenza aviaire en Vendée et dans les départements limitrophes 1^{ère} partie – 18 mars 2022
 - Analyse des liens épidémiologiques amont et aval du foyer du département 35 (Esse) – 22 mars 2022
 - Analyse phylogénétique des séquences génomiques de virus d'influenza aviaire hautement pathogène A(H5N1) détectés en France depuis novembre 2021 – 22 mars 2022
 - Note relative aux dernières investigations phylogénétiques et épidémiologiques sur les virus influenza aviaire sévissant dans le Grand Ouest. – 11 avril 2022
 - Note de l'ANMV – Département évaluation scientifique relative aux vaccins contre l'influenza aviaire. 5 mai 2022
 - Foyers IAHP H5 en Bretagne mars-avril 2022 - Premiers Résultats des enquêtes épidémiologiques au 6 mai 2022
 - Analyse phylogénétique des séquences génomiques de virus influenza aviaire hautement pathogène A(H5N1) détectés en France et en lien avec la zone du Grand Ouest – 16 mai 2022
 - Exploration du rôle des livraisons de canetons d'un jour issus de couvoirs en ZR (zone réglementée) ou recevant des OAC de ZR dans la diffusion de l'IAHP H5N1 au cours de l'épizootie 2021-2022. – 7 juin 2022

2 Synthèse des travaux

2.1 Surveillance et détection précoce

2.1.1 Surveillance événementielle

La question de la capacité du système de surveillance à détecter précocement dans les élevages, une infection par un virus IAHP de clade 2.3.4.4b, se pose tout particulièrement suite à cette nouvelle crise. La surveillance événementielle n'a parfois permis de détecter des foyers qu'après un délai de plusieurs jours d'infection et d'excrétion :

- soit du fait d'un développement à bas bruit des signes cliniques au sein de lots de galliformes, sous les seuils d'alerte de suspicion clinique et/ou avec des signaux peu évocateurs au départ (exemple du foyer index détecté dans le nord en novembre 2021),
- soit du fait d'une absence de signes cliniques pendant de nombreux jours sur des lots de palmipèdes, en particulier en ce qui concerne les lots de canards mulards (délai entre contamination et expression clinique pouvant atteindre 10 jours), avec parfois des lots de palmipèdes infectés pouvant être asymptomatiques (ce qui pourrait avoir concerné plusieurs lots de futurs reproducteurs palmipèdes).

Ces constatations laissent à penser que lorsqu'une détection index a lieu, il y a possiblement plusieurs jours de retard (jusqu'à 10 jours) sur l'excrétion, lorsque cela concerne des palmipèdes. Quand l'introduction index concerne plusieurs élevages dans une zone de forte densité de volailles (comme cela a été le cas par exemple dans la zone Mant/Castelner/Malauzan fin décembre 2021), cela entraîne un débordement immédiat des capacités de gestion et de contrôle de la maladie du fait de la diffusion déjà effective depuis plusieurs jours au moment de la détection.

L'amélioration de la sensibilité de la surveillance événementielle fait actuellement l'objet de travaux du groupe de suivi Influenza aviaire de la plateforme ESA. Les propositions du groupe viseront à améliorer le seuil de détection en levant certains freins au signalement, (tels que l'impossibilité actuelle de pratiquer un « diagnostic d'exclusion »), en permettant d'adapter le système aux évolutions des signes cliniques, signaux zootecniques ou lésionnels des nouveaux virus IAHP, et en proposant quelques adaptations des protocoles de prélèvements.

2.1.2 Surveillance programmée

Dans le cadre de la surveillance programmée, hormis la surveillance sérologique annuelle des élevages de volailles et des reproducteurs de palmipèdes, une surveillance des palmipèdes à foie gras était prévue jusqu'au 31/12/2021, dans le cadre de l'arrêté ministériel (AM) de biosécurité du 29 septembre 2021. Un dépistage virologique était réalisé dans tous les élevages de palmipèdes à foie gras, avant mouvement vers un établissement de gavage, sur 20 écouvillons cloacaux prélevés 13 jours avant le mouvement des animaux, diminué à 10 jours lorsque le niveau de risque d'introduction d'IAHP en France devenait modéré (déclaré par arrêté le 9 septembre 2021).

De plus, l'AM du 29 septembre 2021 définissant les zones à risque de diffusion (ZRD) du virus de l'influenza aviaire prévoit, lorsque le niveau de risque d'introduction d'IAHP en France devient élevé, un dépistage virologique dans les ZRD pour tous les lots de palmipèdes à foie gras dans les 72 heures avant le mouvement sur 20 écouvillons cloacaux. Cette disposition de surveillance a été mise en place à partir du 4 novembre 2021, et a minima jusqu'au 09 mai 2022, selon les départements.

Malgré cette surveillance programmée réalisée avant mouvement, plusieurs cas de diffusion de l'IAHP en lien avec des mouvements de palmipèdes prêts à engraisser ont été identifiés (par exemple en mars-avril dans le Lot et en Lot-et-Garonne).

De plus, les mouvements en filières canards de chair dans les Pays de la Loire qui concernent les enlèvements multiples en deux phases vers l'abattoir (premièrement les femelles puis 2 semaines plus tard les mâles) pourraient avoir contribué à la diffusion de l'épizootie au démarrage de la flambée dans le Grand-Ouest, aucune surveillance ne s'appliquant sur les mouvements de cette production.

Ainsi, la surveillance programmée, telle que prévue, s'est avérée insuffisante au cours de cette épizootie. D'une part, certaines modalités de cette surveillance visaient les virus IAFP (contrôles PAG avant mouvements jusqu'au 31/12/2021). Ils n'étaient pas forcément dimensionnés pour la surveillance des IAHP. D'autre part, cette surveillance ne concernait que les palmipèdes gras. Enfin les délais acceptés pour la réalisation des analyses avant mouvement en période de risques « négligeable » ou « modéré » laissaient la possibilité à un lot testé négatif d'être contaminé et de devenir excréteur avant mouvement, *a fortiori* si plusieurs interventions avaient lieu en élevage après l'obtention du résultat négatif (enlèvements multiples par exemple).

Un renforcement de la surveillance programmée pour permettre un dépistage plus précoce et diminuer le délai entre infection et détection dans les lots de volailles serait donc à envisager en période à risque élevé d'introduction d'IAHP.

- La surveillance avant transfert devrait concerner tous les palmipèdes transférés vers d'autres sites d'élevage (palmipèdes prêts à engraisser, palmipèdes démarrés, palmipèdes reproducteurs ou futurs reproducteurs transférés sur un nouveau site de ponte) ainsi que les palmipèdes envoyés vers les abattoirs.
- En complément de la surveillance des lots avant transfert (vers un autre élevage ou vers l'abattoir) par écouvillonnage, une surveillance régulière programmée (surveillance à un rythme hebdomadaire) des lots de palmipèdes par prélèvements environnementaux pourrait être envisagée afin de s'assurer de l'absence de forte excrétion de virus IAHP dans les lots, en l'absence de signes cliniques.

La méthode de surveillance par des prélèvements environnementaux n'est pas encore une méthode validée pour la surveillance des VIA HP. Il sera nécessaire de préciser les modalités de cette surveillance régulière, en fonction des résultats relatifs à des études de sensibilité qu'il reste à mener. Cela requiert un travail visant à colliger les résultats acquis lors des prélèvements environnementaux réalisés en élevage (professionnels, chercheurs) en vue de déterminer la sensibilité du dispositif, en fonction des modalités de prélèvements et d'analyses utilisées.

Par ailleurs, il faudra faire évoluer les troupes actuellement disponibles pour le diagnostic moléculaire, de façon à les adapter aux matrices environnementales nouvellement étudiées, en modifiant leurs témoins internes de validation (*i.e.* le témoin qui permet de faire la différence entre les échantillons « vrais négatifs » et les échantillons « faux négatifs » pour lesquels un phénomène d'inhibition est observé, ce qui peut être fréquent avec les prélèvements environnementaux).

Une fois ces études réalisées, il sera possible d'émettre des recommandations sur les modalités de ces prélèvements (quels types, combien et où). Il convient d'ores et déjà de souligner que cette surveillance complémentaire, réalisée en période à risque élevé d'IAHP, devrait être menée par les éleveurs eux-mêmes afin de limiter le nombre d'intervenants entrant dans les élevages au cours de ces périodes.

Le recours à cette surveillance complémentaire, via des autocontrôles, permettrait d'avoir un suivi longitudinal des lots simple à mettre en œuvre et à des coûts moindres par rapport à des prélèvements d'écouvillons sur animaux (qui restent cependant plus sensibles). Tout résultat positif en virus H5 serait suivi de prélèvements officiels (cadre d'une suspicion d'IA analytique).

- Cette surveillance avant transfert devrait intégrer également des prélèvements sur les cinq derniers animaux trouvés morts du lot au cours de la dernière semaine avant le transfert (animaux venant de mourir ou moribonds), afin d'augmenter la sensibilité de la surveillance.

La mise en œuvre d'une surveillance programmée ainsi étoffée, conduisant à davantage d'analyses, non seulement sur écouvillons mais aussi sur chiffonnettes et sur animaux morts, mènera également à davantage de suspicions à confirmer. L'ampleur inédite de cette épizootie, combinée à ces perspectives de renforcement de la surveillance programmée en période à risque élevé d'IAHP amène l'Anses, avec le LNR influenza, à recommander le transfert de la méthode de détection des virus IA H5 HP aux laboratoires agréés, sous réserve de maintenir un transfert d'échantillons biologiques (incluant du matériel infectieux) positifs au LNR.

2.2 Modalités d'introduction

2.2.1 Huit génotypes différents

Le sous-type A(H5N1) est le seul observé depuis novembre 2021 en France. Toutefois, les analyses phylogénétiques basées sur les génomes complets indiquent une très grande diversité génétique des virus IAHP A(H5N1) en France. Au niveau des génotypes (résultant de multiples réassortiments), au moins 8 génotypes ont été détectés depuis novembre 2021 (nommés arbitrairement FR1 à FR8), impliquant des introductions distinctes. De plus au sein d'un même génotype, les variations génétiques détectées entre certains virus impliquent également différentes introductions. **En conclusion, la variabilité génétique constatée indique de multiples introductions au niveau national voire même local.** En particulier, les 2 épizooties qui ont sévi cet hiver dans le Sud-Ouest de la France puis dans le Grand-Ouest ont été provoquées toutes les deux par des virus IAHP A(H5N1) mais appartenant à deux génotypes différents (FR1 pour le Sud-Ouest et FR2 dans le Grand-Ouest, figure 1).

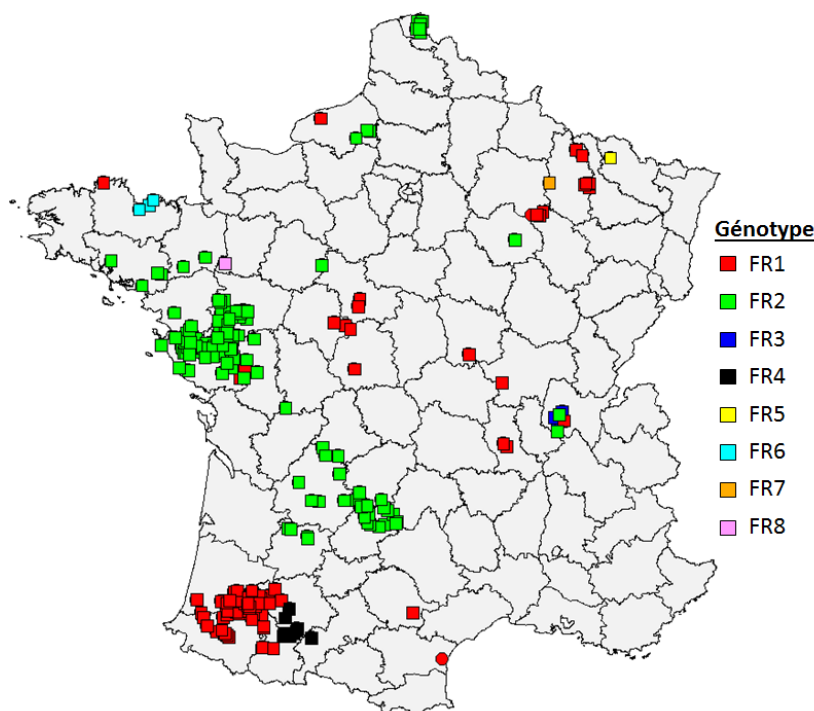


Figure 1 : Répartition géographique des génotypes de virus IAHP H5N1 dans les élevages et en avifaune sauvage séquencés au 07 juin 2022.

Quelques éléments à noter relativement à ces génotypes :

- Le génotype FR1 d'IAHP A(H5N1) circulait déjà en Europe pendant la période épizootique 2020-2021. Il a donc continué à circuler chez les oiseaux sauvages en 2021 et a fini par supplanter le sous-type IAHP A(H5N8) en septembre 2021, lequel était très majoritaire dans toute l'Europe de septembre 2020 à septembre 2021.
- Le génotype FR2 a depuis novembre 2021 été détecté dans des élevages de plusieurs départements du nord et de l'ouest de la France, dans une basse-cour du Morbihan ainsi que chez des oiseaux sauvages de l'Ain. Il a été le génotype le plus détecté en France depuis le début de l'année 2022. Il a notamment été responsable de l'explosion des cas d'IAHP H5N1 dans le Grand-Ouest. Cette importante diffusion inter-élevages dans le Grand-Ouest et la contamination de l'environnement qui en résulte, sont très probablement à l'origine de l'introduction de manière sporadique du virus IAHP H5N1 en Bretagne mais également de l'introduction du virus dans la zone Centre-ouest.
- Le génotype FR3 a été uniquement détecté chez des oiseaux sauvages de l'Ain. A ce jour, ce génotype n'a été rapporté qu'en Italie.
- Le génotype FR4 a été détecté à 13 reprises en France. La première fois chez une oie cendrée sauvage dans les Hautes-Pyrénées fin décembre 2021 puis dans un élevage de Haute-Garonne environ 10 jours plus tard. Il vient également d'être détecté récemment 11 fois (entre le 11/02/2022 et le 08/03/2022) dans des élevages des Hautes-Pyrénées et du Gers. Ceci suggère une circulation à bas bruit de ce génotype dans cette région pendant plus de 2 mois, probablement dans l'avifaune sauvage. A l'heure actuelle, aucune autre séquence européenne apparentée n'est actuellement décrite.

Les génotypes FR5, FR6, FR7 et FR8 n'ont pour l'instant été détectés que sporadiquement en France. Ces génotypes sont le résultat de réassortiments entre un virus possédant une base génétique correspondant au génotype FR1 mais avec un ou 2 segments génomiques provenant d'un ou plusieurs autres virus influenza aviaries.

2.2.2 Hypothèses d'introduction selon les régions

L'analyse plus approfondie des groupes phylogénétiques à l'intérieur de chaque génotype, couplée aux éléments d'investigation épidémiologique, a permis aussi de reconstituer certains scénarios d'introduction de l'infection dans les élevages. Ainsi, en ce qui concerne les modalités d'introduction, on retiendra les hypothèses suivantes :

2.2.2.1 Dans le Nord de la France

- Concernant les **foyers du Nord** de la France, le foyer index est situé dans une zone où **l'avifaune sauvage migratrice et la pratique de la chasse au gibier d'eau sont très présentes** à proximité immédiate de l'exploitation.
- L'avifaune sauvage migratrice présente sur la zone a été considérée comme fortement infectée par l'IAHP H5N1 de clade 2.3.4.4b du fait des résultats de la surveillance de l'avifaune sauvage dans les pays en amont des voies de migration, mais également du fait des détections sur le territoire français. La détection de deux lots d'appelants infectés sur neuf lots prélevés dans la ZS définie autour de ce foyer renforce ce point.
- Le survol du site par des oiseaux d'eau en phase de décollage est plus que probable (risque important de dépôt de fientes des oiseaux sauvages à proximité des bâtiments). Les activités cynégétiques ont amplifié ce phénomène (mouvements d'appelants, de chasseurs, de véhicules et de chiens ; dérangement des oiseaux sauvages ayant entraîné des mouvements probablement localisés mais répétés).
- Malgré le haut niveau de protection observé sur l'élevage, la moindre **faille dans l'application des mesures de biosécurité** quotidiennes et systématiques a pu suffire à permettre l'introduction du virus à **partir d'un environnement très infecté par la faune sauvage**.

2.2.2.2 Dans la zone Sud-Ouest

- **Au moins cinq introductions différentes du génotype FR1** ont eu lieu dans les élevages du **Sud-Ouest** de la France.
- A partir des éléments épidémiologiques collectés dans les premiers foyers détectés sur les communes de Mant et Castelner, l'hypothèse majeure à ce stade des connaissances est une exposition massive et quasi simultanée des élevages de cette zone Malaussanne/Mant/Castelner, à cheval sur plusieurs départements⁶ (40, 64), à une source virale environnementale, probablement via l'**avifaune sauvage infectée**.
- La dispersion du virus sur le territoire de toutes ces communes pourrait ensuite résulter d'un rôle de l'avifaune sauvage présente en grand nombre sur celles-ci (palombes, étourneaux, hérons garde-bœufs, etc.), même s'il s'avère particulièrement difficile de mettre en évidence la présence de virus IAHP chez ces oiseaux.
- Malgré la mise à l'abri des volailles, tous les lots de canards concernés par les premières détections sur cette zone étaient en contact direct ou indirect avec le milieu extérieur autour des bâtiments au travers de **failles dans l'application des mesures de biosécurité**. Les observations suivantes ont pu être constatées : (i) passage quotidien du personnel d'un bâtiment à l'autre sans changement de tenue et bottes, (ii) entrée quotidienne de la pailleuse sans mesure de biosécurité dans les bâtiments ou (iii) sortie des animaux sur un parcours réduit lors du repaillage quotidien, etc.

2.2.2.3 Dans la zone Grand-Ouest

- Les génomes des virus de **génotype FR1** caractérisés en Vendée et dans les Deux-Sèvres présentent assez de différences par rapport aux quelques génomes viraux FR1 caractérisés dans le Sud-Ouest pour considérer qu'il s'agit **d'introductions différentes dans le Grand Ouest et dans le Sud-Ouest**.
- Le génotype **FR1** détecté début Janvier à Beaufou et Saint-Hilaire-des-Loges en Vendée a également été détecté dans les Deux-Sèvres mi-février dans la commune de Le Busseau. Les séquences virales du génotype FR1 identifiées à Saint-Hilaire-des-Loges et à Le Busseau sont proches de séquences virales identifiées chez des oiseaux sauvages de Loire-Atlantique début février, suggérant une probable circulation locale de ce virus chez les **oiseaux sauvages** dans cette région pendant les mois de janvier et février.
- Les séquences du génotype **FR2** mises en évidence en **Vendée** sont apparentées à des séquences détectées en Seine-Maritime début février 2022. Les différences nucléotidiques entre les séquences des 2 premiers élevages de Vendée (0 à 11 différences sur 13320 nucléotides) indiquent un lien proche entre ces deux élevages. Ces différences sont, par contre, entre 19 et 49 nucléotides avec les séquences de ce génotype observées en Seine-Maritime. Ceci indique qu'il n'y a pas de lien direct entre les élevages des 2 départements mais très probablement **une introduction simultanée du génotype FR2 dans ces 2 régions via les oiseaux sauvages. Le virus FR2 a ensuite diffusé dans de très nombreux élevages de la zone Grand-Ouest**.
- D'un point de vue épidémiologique il a été observé plusieurs introductions successives en début d'hiver, qui sont restées cantonnées très localement. Ce n'est qu'à partir de la fin février qu'une explosion massive de foyers a été constatée à partir de la zone de Maché et St Christophe du Ligneron (ouest du département). Le scénario le plus probable serait une introduction de virus via l'avifaune sauvage sédentaire ou migratrice remontante, puis une diffusion par la faune sauvage depuis la zone côtière vers l'intérieur des terres, de par les déplacements en lien avec la tempête et possiblement avec le démarrage des épandages et des labours, puis une diffusion au travers des activités humaines en lien ou non avec l'épizootie.

⁶ Cela complexifie la gestion administrative des foyers (plusieurs Arrêtés Préfectoraux, etc ...)

2.2.2.4 En Bretagne

Tous les virus IAHP H5N1 détectés en élevage en Bretagne et séquencés sont **apparentés aux virus détectés dans le Grand Ouest**. Les analyses phylogénétiques suggèrent qu'il y a eu **au moins 2 introductions distinctes** d'IAHP H5N1 en élevage en Bretagne : (i) Ambon, Esse, Messac-Guipry et (ii) Peillac, Saint-Gravé.

L'analyse des distances génétiques observées entre les séquences bretonnes disponibles et d'autres séquences FR2 françaises suggèrent que pour 3 d'entre elles (Ambon, Esse, Messac-Guipry) il existe un lien (avec pas ou peu d'intermédiaires, anthropique ou non), avec les élevages touchés par le virus IAHP H5N1 de la zone Grand-Ouest. L'absence de lien épidémiologique constatée lors des investigations, entre ces foyers, d'une part et avec des foyers du Grand-Ouest d'autre part, ainsi que la présence d'avifaune sauvage identifiée à proximité immédiate des élevages, conduisent à suspecter une **introduction par l'avifaune sauvage (relais avec les zones contaminées du Grand Ouest)**.

Six foyers ont été recensés en Bretagne.

- Le premier signalé dans le Morbihan à proximité d'une zone de marais est probablement à rattacher à une origine faune sauvage (faible distance à vol d'oiseau de la zone impactée en Vendée).
- Concernant le foyer de Peillac survenu sur des canetons âgés de quelques jours, l'hypothèse principale de contamination à l'origine de ce foyer est à ce jour l'introduction du virus via le transfert de canetons issus d'une zone contaminée. La contamination des canetons d'un jour résulte le plus probablement d'une contamination indirecte au couvoir et/ou via le transport (personnes, matériel, camions et caisses). Un foyer secondaire a été détecté à quelques centaines de mètres.
- Les foyers survenus en Ille et Vilaine sont restés distincts et isolés.
- Pour les dernières séquences de virus identifiées dans le Morbihan (Peillac et Saint-Gravé), il existe une proximité génétique plus importante avec des séquences virales identifiées dans des élevages du Maine et Loire et de Vendée, signant une introduction différente distincte de celle observée dans les élevages de Ambon, Esse et Messac-Guipry. La distance génétique entre les séquences des foyers de Peillac et Saint-Gravé et celles de ces foyers du Maine et Loire et de Vendée suggère néanmoins que ce ne sont pas directement ces foyers qui sont la source de contamination mais qu'il y a un ou plusieurs intermédiaires. Les foyers du Maine et Loire génétiquement apparentés se trouvent à moins de 8 km du couvoir d'origine des canetons reçus dans l'élevage de Peillac. Au regard de ces éléments, l'hypothèse la plus probable est une **introduction via la livraison de canetons issus d'une zone contaminée** (contamination au couvoir ou lors du transport)
- Sans avoir pu être séquencé, un virus IAHP H5 a pu être détecté dans le Finistère (Plounevezel) simultanément avec un virus IAHP H5N3, dans un élevage où un virus IAHP H5 FP a été détecté sur des oiseaux de la bande précédente. Ces détections multiples suggèrent une **exposition récurrente** à une source dans laquelle plusieurs virus influenza aviaires circulent.

2.2.2.5 Centre-Ouest

L'analyse phylogénétique de 28 séquences dans cette zone indique qu'elles sont toutes regroupées en un seul cluster phylogénétique et sont directement apparentées aux séquences identifiées dans la zone du Grand-Ouest. A ce jour, ceci suggère donc **une seule source d'introduction** dans la zone Centre-Ouest à partir de la zone Grand-Ouest, avec une introduction primaire dans la zone index (frontière Cantal/Lot), suivie d'une diffusion inter-élevages.

En conclusion, il ressort des différentes analyses phylogénétiques et enquêtes épidémiologiques, que la période 2021-2022 a été marquée par **une multiplicité d'introductions différentes** de virus IAHP A(H5N1) du clade 2.3.4.4.b en France, tant au niveau national que local. La **majeure partie** des introductions initiales en élevage est **liée à la faune sauvage infectée**, dans un **contexte de très forte pression virale environnementale**, comme en témoigne la multitude de cas d'IAHP dans l'avifaune signalée en Europe par la veille internationale, ainsi que la diversité des génotypes. Lors d'épizooties de grande ampleur comme celles qui sont survenues dans le Sud-Ouest et dans le Grand-Ouest, le relais par l'avifaune locale ne peut être exclu, au moins en tant que vecteur mécanique. **En dépit des efforts accomplis par les éleveurs (mise à l'abri des oiseaux notamment), des failles dans l'application des mesures de biosécurité quotidiennes et systématiques ont pu être constatées** : passage quotidien du personnel d'un bâtiment à l'autre sans changement de tenue et bottes, entrée quotidienne de la pailleuse sans mesure de biosécurité dans les bâtiments ou sortie des animaux sur un parcours réduit lors du repaillage quotidien. Des questions se posent (et continuent d'être investiguées) sur certaines tournées d'équarrissage et de livraisons d'aliment. Enfin, la très forte densité d'élevages et la présence concomitante de plusieurs espèces de volailles dont les palmipèdes (canards gras, canards maigres et palmipèdes reproducteurs), particulièrement réceptifs à l'infection, ainsi que de tous les opérateurs des différents maillons des filières, ont également généré au quotidien de multiples mouvements d'animaux, de personnes et de véhicules, augmentant les risques d'introduction.

Ces phénomènes d'introduction accidentelle en élevages doivent alerter l'ensemble des acteurs sur la contamination extrême de l'environnement en période à risque, ne laissant aucune marge de manœuvre dans l'observance stricte des mesures de biosécurité, qui doit être quotidienne et systématique dans tous les élevages avicoles.

2.3 Modalités de diffusion

2.3.1 Des foyers circonscrits

Parmi les différentes introductions de virus IAHP (H5N1) constatées dans le compartiment domestique en France, au cours de cette année 2021-2022, il faut noter que certains foyers ont pu être circonscrits, après l'identification d'éventuels foyers secondaires et l'élimination rapide des oiseaux des différents élevages concernés. Ainsi, les différents foyers du Nord, du Gers (Manciet), des Landes (pour Hastings), de Bretagne, de même que les premiers foyers vendéens, ont pu être maîtrisés sans provoquer d'épizootie. Ce constat est important : il montre que dans certaines situations, les risques de diffusion ont pu être maîtrisés, à la fois au niveau des élevages, des différents intervenants dans ces élevages, des opérations d'euthanasie et d'élimination des oiseaux et des opérations de nettoyage et de désinfection.

Les premiers retours sur ces foyers, restés circonscrits, mettent en évidence des risques de diffusion limités, pour différentes raisons selon les foyers :

- Faible densité d'élevages avicoles à proximité du foyer ;
- Absence, dans l'environnement du foyer, d'élevages avicoles avec des espèces très réceptives à ces virus telles que les palmipèdes et les dindes ;
- Diffusion des poussières et aérosols via le système d'aération limité, du fait de la structure des bâtiments et de l'élevage⁷ ;
- Détection précoce, proche de l'introduction du virus dans l'élevage et mesures d'isolement rapides/immédiates ;

⁷ Par exemple, présence d'un toit surplombant les extracteurs et d'un haut mur face à la zone des extracteurs

- Mise en œuvre quasi immédiate des opérations d'euthanasie et d'élimination des cadavres, (du fait du peu de foyers concernés) ;
- Chantiers de dépeuplement appliquant de fortes mesures de précaution⁸.

Il est important de tirer parti également de ces situations dans le retour d'expérience, afin d'identifier les facteurs limitant la diffusion.

2.3.2 Deux épizooties majeures

2.3.2.1 Dans la zone Sud-Ouest

L'épizootie qui a sévi dans le Sud-Ouest a son origine sur la commune de Malaussanne (Pyrénées-Atlantiques), où un lot asymptomatique de canards prêts à gaver (PAG) a été détecté positif, lors d'un autocontrôle avant mouvement, vis-à-vis d'un virus IAHP H5N1 (Landes).

Les hypothèses concernant la diffusion non maîtrisée à partir des premiers foyers, malgré les mesures de gestion et de contrôle mises en œuvre (abattages préventifs, etc.), sont tout d'abord un débordement immédiat des capacités de maîtrise de la diffusion, essentiellement lié à :

- L'introduction du virus dans une zone à très haute densité d'élevages ;
- Une excrétion pré-symptomatique mise en évidence, pour ce virus, d'au moins 5 jours avant les signes cliniques ;
- Un délai entre l'infection et sa détection en élevage d'environ 10 jours. Ce délai et l'existence d'une phase d'excrétion pré-symptomatique, ont conduit à ce qu'au moment de la détection des premiers foyers sur la zone Malaussanne/Mant, le retard pris sur la diffusion du virus était tel qu'il y avait potentiellement près de 30 élevages déjà contaminés ;
- La contamination ainsi simultanée de nombreux élevages, impliquant la forte mobilisation des services de l'Etat et des vétérinaires avicoles pour l'application multifocale des mesures de lutte (euthanasie des élevages foyers, dépeuplement préventifs, e⁹tc), alors même que de nombreux liens épidémiologiques auraient dû être recherchés dans le même temps par les mêmes services.

2.3.2.1.1 Activités liées aux élevages

Les hypothèses sur les voies de diffusion entre élevages sont multiples. La plupart relèvent des liens associés aux activités d'élevage :

- Mouvements de PAG vers des salles de gavage, avec des lots s'étant contaminés juste avant ou au moment de l'enlèvement, malgré la surveillance avant mouvement ;
- Partage de matériel (par exemple remorque en CUMA) ;
- Eleveurs ayant plusieurs sites d'élevage voire plusieurs exploitations distinctes, situés sur plusieurs communes. Dans un certain nombre de cas, l'ensemble des sites se sont révélés infectés. Face à l'ampleur de l'épizootie et à la dispersion de ces sites, le dépeuplement des foyers n'a souvent concerné en première intention que le site de la primo-détection et non l'ensemble des sites composant l'entité épidémiologique ;
- Différents liens entre foyers ont été identifiés mais nécessitent d'être évalués, dès que les données pourront être disponibles (plannings de collecte, de passage de différents intervenants, etc.).

⁸ Par exemple, bonne gestion des zonages, limitation des ouvertures des bâtiments lors des opérations ; équipements conçus pour limiter la génération de poussières lors de la manipulation des cadavres ; utilisation des surfaces bétonnées avec un nettoyage chaque fin de journée

⁹ Coopérative d'utilisateurs de matériels agricoles

- C'est le cas notamment pour certaines tournées d'équarrissage ainsi que des tournées de livraison d'aliment.
- L'intervention d'un prestataire pour le curage et pour le nettoyage des bâtiments pourrait également avoir contribué à la diffusion mais pour l'heure ce lien n'a pas été identifié entre foyers.
- Enfin, l'existence de liens directs entre foyers via les équipes d'attrapage n'a pas été évaluée car l'information sur les plannings des équipes n'était pas encore disponible.

2.3.2.1.2 Voie aéroportée à faible distance

La flambée des contaminations ne semble toutefois pas pouvoir être expliquée uniquement par les liens observés, associés aux activités d'élevage.

La rapidité de cette flambée, dans un contexte

- de biosécurité renforcée entre les élevages et de mise à l'abri de volailles,
- de contamination d'élevages avec des niveaux de biosécurité très importants, tels que des élevages de reproducteurs, en particulier de *Gallus*,
- ainsi que les observations des éleveurs et de vétérinaires de terrain,

pose dans certains cas la question de la voie de transmission aéroportée à faible distance (hypothèse de transmission entre certains élevages voisins très proches (500m à 1500m), sans aucun lien épidémiologique identifié).

En effet, compte tenu de l'ampleur de l'épizootie, plusieurs situations pourraient avoir contribué à la diffusion locale des foyers par voie aéroportée, notamment sur ces faibles distances :

- Les opérations de dépeuplement des foyers, du fait des poussières et aérosols générés vers l'extérieur ;
- En cas de débordement des capacités d'euthanasie, avec le maintien en place d'animaux fortement excréteurs.

Enfin, cette diffusion est d'autant plus intense que le nombre et la densité des foyers sont importants.

Cette voie de diffusion n'est pas à négliger, pour autant, il faut souligner qu'elle n'est pas prépondérante : si les poussières et aérosols peuvent être porteurs de virus, les activités d'élevage, les activités liées au dépeuplement, les fientes de volailles contaminées contribuent davantage encore à augmenter la pression virale dans l'environnement.

2.3.2.1.3 Niveau de biosécurité constaté

Par rapport aux années antérieures, les niveaux de biosécurité rapportés sont en progression pour tous les secteurs (camions, chauffeurs, intervenants, éleveurs, etc.), ce qui diminue la force de certaines hypothèses de contamination entre foyers en lien avec des intervenants ou des tournées de livraison. Néanmoins on constate toujours des failles importantes dans certains élevages : mauvaise observance du sas, mise en contact des lots avec le milieu extérieur, mise à l'abri des lots insuffisante (bâtiment semi-ouvert, ouvertures pour aération non grillagées), etc.

Cela semble être à la fois le résultat d'une **grande difficulté à appliquer les règles de biosécurité dans les exploitations avec de multiples petits bâtiments** mais également d'une **compréhension imparfaite des concepts de la biosécurité** et de leur application.

La mise à l'abri des volailles aurait dû s'accompagner de mesures de biosécurité adaptées à cette nouvelle situation. Cela n'a pas toujours été le cas, ce qui a fait que, malgré la mise à l'abri, les lots d'animaux continuaient à être en lien direct ou indirect avec le milieu extérieur. Par exemple, des pratiques de curage de bâtiment et certaines pratiques de paillage en cours de lots ont été rapportées. Ces pratiques peuvent avoir contribué à mettre les lots en contact avec le milieu extérieur (sortie des animaux pendant le curage) ou à accroître le risque d'introduction du virus dans les bâtiments via les multiples introductions de paille ou de matériel de paillage ayant été en contact avec le milieu extérieur.

Il faut cependant important noter que la mise à l'abri des oiseaux n'a pas été vaine durant cette période 2021-2022. La surveillance des virus IA par l'enquête gène M indique

une diminution sensible des virus IAHP présents dans les élevages pendant la période de mise à l'abri, indiquant que l'introduction de virus influenza depuis l'environnement a nettement diminué. Par ailleurs, sur les 8 génotypes HP qui ont été détectés, seulement 2 ont donné lieu à une diffusion épizootique, indiquant que la diffusion a pu être limitée pour les 6 autres. Cependant, cette mesure doit impérativement être accompagnée de mesures de biosécurité à la fois adaptées à cette mise à l'abri et appliquées quotidiennement et de façon systématique.

Dans le Sud-Ouest, la survenue d'une infection avec un virus IAHP hautement contagieux, dans une zone extrêmement dense d'élevages comportant de nombreuses unités d'élevage de canards, espèce très réceptive aux virus IAHP et très excrétrice, conduit à ce que **la biosécurité ordinaire en élevage ne suffise pas à maîtriser la diffusion de l'infection. Il semble toujours nécessaire de réduire drastiquement les densités d'élevages et le nombre de canards par élevage en période à risque, ainsi que les mouvements d'animaux et les distances de transport, en veillant à préserver les zones indemnes.**

2.3.2.2 Dans la zone Grand-Ouest

Après l'introduction d'un virus IAHP (H5N1) de génotype FR2 dans la zone de Mâché, des foyers secondaires ont été mis en évidence sur la même commune et les communes environnantes entre le 14 et le 24 février 2022. Entre le 25 et le 27 février, une expansion soudaine des foyers s'est manifestée, au cœur d'une zone géographique présentant une très forte activité avicole et regroupant l'ensemble des maillons de ses filières (élevages de nombreuses filières incluant des élevages reproducteurs, couvoirs, abattoirs, usines d'aliment et de méthanisation, ...). La situation est alors devenue hors de contrôle, avec une extension de l'épizootie de proche en proche ainsi que certaines dispersions à distance.

Actuellement 110 génomes du génotype FR2 de cette zone ont été séquencés entièrement. L'analyse phylogénétique indique que toutes ces séquences sont monophylétiques et sont très proches entre elles. Ceci suggère une seule introduction (oiseaux sauvages → élevages) suivie d'une explosion des cas, probablement due à une diffusion inter-élevages.

Les pistes identifiées comme causes possibles de la diffusion massive et simultanée constatée lors des 25, 26 et 27 février n'en sont encore, pour beaucoup, qu'au stade des hypothèses qui doivent être vérifiées par des analyses épidémiologiques plus détaillées, lorsque les données d'enquêtes plus approfondies seront disponibles.

2.3.2.2.1 *Activités liées aux élevages*

Les pistes retenues à ce stade sont :

- Le transport de lots contaminés asymptomatiques, lots de Barbaries¹⁰ ou lots gavés, conduisant à la contamination de l'environnement des abattoirs ou à des contaminations indirectes *via* les outils de transport ;
- La présence concomitante, sur une zone géographique relativement limitée, de l'ensemble des maillons des différentes filières avicoles (intrication territoriale des différents étages de production des différentes filières avicoles), menant à de très nombreux mouvements et croisements et à la contamination importante des voies de circulation et de l'environnement sur des zones réduites où cohabitent : usines d'aliment, couvoir, abattoirs et élevages¹¹ ;
- Une diffusion *via* les équipes d'attrapage en particulier pour les lots en enlèvements multiples et les lots avec mouvements entre élevages (canards maigres, canards gras, dindes...);

¹⁰ Le contrôle avant mouvement ne concerne que les palmipèdes à foie gras

¹¹ Par exemple, Essart/Oie est caractérisé par une forte concentration de mouvements de volailles et de camions circulant entre élevages. 5 foyers sont dénombrés au cours de l'explosion de l'épizootie le long de la D137 qui dessert Essarts/Oie.

- Une diffusion *via* les mouvements de PAG (quelques cas avérés avec contamination au moment, ou juste avant le mouvement, par rupture de biosécurité au moment de l'enlèvement et/ou contamination par l'équipe d'attrapage) ;
- Une diffusion *via* les tournées équarrissage : il existe des liens entre foyers mais ceux-ci sont encore à évaluer.

2.3.2.2.2 Voie aéroportée à faible distance

Pour des élevages très proches les uns les autres (500m à 1500m), tous les contacts indirects entre élevages peuvent intervenir dans la diffusion de proche en proche, tout comme la voie aéroportée, laquelle peut être envisagée sur de faibles distances, lors d'opérations multipliant les risques de mise en suspension de poussières contaminées (cf 2.3.2.1.2).

2.3.2.2.3 Biosécurité

Le niveau de biosécurité dans le Grand Ouest était globalement bon, avec des pratiques ancrées de mise sous abri des animaux pendant les périodes à risque, une biosécurité le plus souvent adaptée à la mise à l'abri (à part quelques constats de diffusion possible via le curage en cours de bande, ou certaines techniques de paillage), des parcs de bâtiments conçus pour limiter les allers-venues d'un bâtiment à l'autre, des équipements facilitant le respect des mesures de biosécurité, ...

Malgré ce niveau de biosécurité, l'épizootie n'a pu être évitée, ce qui amène à considérer que face à une telle pression virale environnementale, les mesures de biosécurité ordinaire, voire élevée¹² ne suffisent pas. Dans cette zone, la multiplicité des productions, associée à la multitude d'opérateurs des filières correspondantes, intervenant dans toutes les activités d'élevages, est très probablement le facteur de risque principal de la diffusion dans le Grand Ouest.

A ce titre, la présence d'un nombre important d'élevages de canards reproducteurs dans la zone réglementée, qui ont eux-mêmes été contaminés, a pu contribuer aussi à la diffusion de l'infection. En effet, le maintien des élevages de reproducteurs infectés, dans le but initial de sauvegarder la génétique, mais mise en œuvre de façon élargie pour permettre de produire des canetons en vue du repeuplement des anciennes zones infectées, a représenté un risque non nul de diffusion du virus à partir de ces élevages excréteurs (cf 2.5.2).

2.3.2.2.4 Des hypothèses écartées

D'ores et déjà, certaines hypothèses, avancées dans un premier temps, ont pu être écartées :

- Le rôle des épandages : peu d'épandages avaient été réalisés à cette période du fait des conditions climatiques, conduisant à considérer cette hypothèse comme très peu probable ou marginal ;
- Le rôle du site de méthanisation situé aux Essarts/Oie qui, après évaluation, ne paraît pas avoir pu contribuer à la contamination de la zone ;

Il convient toutefois de souligner que le rôle de ces installations de méthanisation est à considérer au cas par cas. En effet, d'autres situations existent, qui peuvent représenter un risque de diffusion. C'est le cas notamment des points de collecte multiple d'effluents d'élevages, dont l'objet est d'alimenter des méthaniseurs et pour lesquels il est indispensable de respecter des mesures de biosécurité adaptées (Anses, 2022c).

¹² Atteinte importante des élevages de reproducteurs de palmipèdes mais également des Gallus

En conclusion, certains facteurs relatifs à ces deux phases de l'épizootie 2021-2022 peuvent être mis en exergue, comme ayant fortement contribué à la diffusion soudaine et massive de l'infection :

- Le délai d'au moins 10 jours entre l'infection et la détection de signes cliniques dans le lot, ainsi que la phase d'excrétion pré symptomatique d'au moins 5 jours, conduisant à prendre d'emblée du retard sur l'infection, à gérer des unités de production contaminées sans le savoir et à augmenter les risques de mouvements d'animaux contaminés ;
- La nécessité d'adapter les mesures de biosécurité à la mise à l'abri des volailles ;
- La persistance d'un certain nombre de failles dans l'application des mesures de biosécurité comme le partage de matériel, le manque de gestion rigoureuse des intervenants en élevage ;
- Le rôle possible de la voie aéroportée dans la diffusion entre élevages très proches, lors d'opérations générant beaucoup de poussières contaminées, ou lors du maintien sur pied d'élevages infectés du fait du débordement des capacités d'intervention.
- Le rôle particulièrement important de la densité des élevages d'oiseaux sensibles et excréteurs vis-à-vis d'un virus hautement contagieux, de même que la forte concentration, en une même zone, de nombreuses activités de production de volailles diverses, de différentes espèces, de différentes filières, auxquelles s'ajoutent toutes les activités annexes (fourniture d'aliments, couvoirs, abattoirs, etc.).

Dans pareille situation, il apparaît que la biosécurité ordinaire, voire élevée en élevage ne suffit pas et qu'il est nécessaire de réfléchir à des mesures supplémentaires comme la baisse de densité des élevages en période à risque, la limitation des intervenants autorisés en élevage (l'éleveur peut lui-même effectuer un certain nombre de prélèvements pour éviter l'entrée de personnes extérieurs), ainsi que le cloisonnement géographique des activités aviaires afin de limiter la multitude de croisements constatés dans les régions touchées par les épizooties.

- *A minima*, comme indiqué par la mission EuVet, est-il nécessaire de séparer les activités entre ZR et ZI, compte tenu de la densité des élevages (soins vétérinaires, personnel d'élevage, transport, lisier, collecte des œufs, abattage, couvoir), avec des véhicules dédiés entre ZR et ZI. Cette recommandation de la mission EuVet est similaire à celle de l'avis de l'Anses 2022-SA-0039-1^{ère} partie (Anses, 2022b), relatif à la sortie des oeufs à couver (OAC) et canetons d'un jour, qui préconisait de changer de camion au passage entre ZR et ZI.

2.4 Gestion des foyers et des dépeuplements préventifs

La survenue d'un nombre important et simultané de foyers d'IAHP dans une zone géographique donnée, présente un risque fort de débordement des capacités d'euthanasie et d'élimination des cadavres. Si un tel début d'épizootie intervient dans une zone à forte densité d'élevages de volailles, ce débordement peut jouer un rôle non négligeable dans le maintien et la diffusion de l'infection (maintien d'oiseaux excréteurs en vie, dans l'attente des équipes d'euthanasie, déplacement d'oiseaux éventuellement infectés et excréteurs vers des abattoirs, lors de dépeuplements préventifs, effet « pervers » du zonage (i.e. risque de diffusion centrifuge), etc.). C'est ce qui s'est produit dans le Grand Ouest qui recense à ce jour près de 900 foyers et plus de 11 millions de volailles abattues.

2.4.1 Abattage sans délai des foyers

Le débordement des capacités d'euthanasie des animaux est un facteur de risque majeur de diffusion de l'infection, car il conduit à maintenir en vie des animaux fortement excréteurs. Face à l'insuffisance des moyens humains et matériel d'abattage des éleveurs ont parfois dû attendre plusieurs semaines le passage d'une équipe d'élimination.

Lors du retour d'expérience de l'épizootie 2020-2021, l'Anses avait indiqué dans son Avis 2021-SA-0022 1^{ère} partie (Anses, 2021) : *« Les experts rappellent la nécessité d'abattre au plus vite les animaux infectés et de disposer leurs cadavres de manière à limiter au maximum les risques de diffusion et de contamination du milieu. L'élimination des foyers est la première des priorités, car un élevage infecté d'influenza excrète dans son environnement des quantités de virus considérables. Aucun délai ne devrait être toléré. L'amélioration de cette situation passe notamment par l'adéquation des modalités d'abattage à la taille des élevages concernés. Néanmoins, compte tenu du nombre de suspicions par jour au plus fort de la crise, les équipes en place se trouvent inmanquablement débordées. L'apport rapide de renforts constitués de personnes formées à la gestion en urgence de ce type de crise sanitaire, s'avère crucial. Au regard de la spécificité de ces opérations, le Gecu préconise la constitution d'un groupe d'intervention d'urgence spécialement formé, pouvant venir en renfort en cas d'épizootie ».*

Cette recommandation reste valable pour l'année 2022.

2.4.2 Modalités d'euthanasie

Plusieurs observations conduisent à considérer qu'au cours d'une épizootie survenant dans une zone à forte densité d'élevages, toute sortie et tout mouvement d'oiseaux excréteurs représente un risque important de diffusion de l'infection, en augmentant la pression virale dans l'environnement.

Dans de nombreux cas, les modalités d'euthanasie ont conduit à devoir sortir les animaux excréteurs des bâtiments avant leur mise à mort. Il serait utile de réfléchir à la possibilité de privilégier des techniques (ou d'en développer), permettant de maintenir les oiseaux en bâtiments au moment de l'euthanasie.

Par ailleurs, il a été constaté que lors de la mise en œuvre de modalités d'euthanasie impliquant des vétérinaires avec l'appui d'équipes d'attrapeurs, certaines mesures de biosécurité ont pu présenter des failles d'application, notamment dans le respect d'un délai incompressible de retrait après de telles interventions, dans les emplois du temps des attrapeurs. Des points d'amélioration sont à envisager à ce niveau.

Enfin, il est tout aussi important de souligner que le débordement des capacités d'euthanasie tel qu'il a été constaté lors de cette épizootie, a pu parfois conduire au maintien d'animaux contaminés, malades et en souffrance, pendant de longs jours dans les élevages. Ce sont des situations incompatibles avec le respect du bien-être animal, mais également sources de mal-être et de traumatisme pour les éleveurs.

2.4.3 Dépeuplements préventifs

Au début de la manifestation de l'infection dans le Grand Ouest, l'option a été prise de ne pas appliquer le dépeuplement préventif tel qu'envisagé dans les scénarios de gestion prévus par la DGAL, eu égard à l'expérience de gestion favorable de l'évènement d'IAHP en Vendée et Deux-Sèvres de décembre 2020. Cependant le nombre d'oiseaux présents dans les élevages en mars 2022 n'était pas comparable à celui de décembre 2020 (où bon nombre d'élevages

étaient vides compte tenu des fêtes de fin d'année). Tous les élevages étaient au maximum de leur capacité (en particulier du fait de l'incapacité à produire dans le Sud-Ouest en tant que zone infectée). La solution alternative adoptée a été de déplacer de manière anticipée vers les abattoirs tous les lots de volailles non infectées. Lorsque la flambée épizootique est survenue, le débordement des capacités a ensuite empêché de mettre en œuvre ce dépeuplement préventif.

Pour mémoire, l'Avis 2021-SA-0022 relatif à un retour d'expérience sur la crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021 (1^{ère} partie) recommandait « qu'un abattage préventif immédiat soit réalisé, dans un rayon d'a minima 1 km autour des foyers, dans les zones où les canards sont en plein air et/ou à forte densité d'élevage ».

2.4.4 Gestion des cadavres

Le Sud-Ouest et le Grand Ouest se différencient pas la structure des élevages de canards : si dans le Sud-Ouest, on compte de nombreux élevages, leur taille est relativement petite par comparaison avec les élevages du Grand Ouest qui sont à la fois nombreux et de grande taille. L'épizootie du Grand Ouest a donc conduit à devoir éliminer beaucoup de volailles pour chaque foyer, ce qui était à nouveau inédit et a entraîné le dépassement des capacités d'équarrissage. En raison de cette incapacité à traiter les cadavres de volailles par les voies conventionnelles, des procédés alternatifs ont été proposés dans l'urgence dans le Grand Ouest : stockage définitif en ISDND, enfouissements définitifs ou temporaires et stockages temporaires en attente d'élimination à la ferme.

Sans pouvoir évaluer de façon précise la contribution des activités de gestion des cadavres au maintien et à la diffusion de cette épizootie, différentes publications convergent pour les considérer comme des facteurs de risque¹³. Il paraît nécessaire de réfléchir à des alternatives à certaines modalités de gestion des cadavres dans le but d'éviter à la fois le stockage non protégé des cadavres et leur transport à travers les différentes ZR, voire vers la ZI.

Un suivi des différentes ISDND vendéennes ayant recueilli des cadavres ainsi que de quelques fermes pilotes a été mis en œuvre par les autorités au cours de cette épizootie. Un retour sur ces expériences inédites donnera lieu à une première analyse par l'Anses (2022-AST-0095 en cours) et à un avis de l'Agence quant aux dangers biologiques pertinents à rechercher dans les lixiviats et aux modalités de suivi à mettre en œuvre dans les ISDND (avis 2022-SA-0083 à venir) et les fosses temporaires (avis 2022-SA-0085 à venir).

Le retour sur ces expériences sera à intégrer dans des réflexions plus larges, nécessaires à faire « en temps de paix » sur les alternatives à l'équarrissage en cas d'épizootie, telles que l'enfouissement sur place, le stockage temporaire ou définitif dans les ISDND, l'utilisation d'incinérateur mobile, voire le compostage.

Un avis de l'Anses sur l'évaluation du risque relatif à l'enfouissement de cadavres issus d'animaux d'élevage (Anses, 2022d), a donné un certain nombre d'**éléments en vue de maîtriser les risques sanitaires par ces techniques alternatives**.

Cette recherche d'alternatives à l'équarrissage en cas d'épizootie et de dépassement des capacités suppose des actions de nature différente, qui s'inscrivent dans des pas de temps différents :

- A court terme, il paraît utile que soit inscrite dans le plan d'action en cas de crise sanitaire, la nécessité pour chaque département d'identifier les moyens alternatifs à l'équarrissage pouvant être localement mobilisés, en prévoyant une solution appropriée à l'échelle du département, de la commune et de l'élevage, tenant compte des densités ou de la taille des élevages présents sur la zone considérée.

¹³ Publications reprises dans l'Avis Anses 2021-SA-0022-1^{ère} partie, relatif à un retour d'expérience de l'épizootie 2020-2021 (Anses 2021).

D'une manière générale, comme l'avait indiqué la mission EuVet, il s'avère bon de prévoir dans les plan d'urgence un chapitre spécifique pour anticiper et faire face à ces situations de débordement ;

- A plus long terme, des questions de recherche opérationnelle se posent à propos de l'alternative constituée par le compostage des cadavres. Existant dans d'autres pays (Amérique du Nord notamment), cette technique nécessite d'être évaluée et adaptée à l'échelle du territoire français, tout en nécessitant d'être rediscutée au plan réglementaire au niveau européen.

2.5 Gestion du risque pour les filières

L'épizootie de cette année pose deux questions majeures pour l'organisation structurelle des filières : la question de la densité d'élevage d'une part et de densité en élevage (déjà interrogée par les épizooties antérieures) et d'autre part, celle de la localisation des élevages des hauts de pyramide (sélection génétique).

2.5.1 Densité d'élevages et d'oiseaux

La densité des élevages, la diversité des espèces élevées, engendrant une multitude de mouvements, de croisements de circuits et d'intervenants, est un facteur majeur de diffusion de l'influenza aviaire, dans le contexte actuel des virus du clade 2.3.4.4.b, particulièrement contagieux. Ce caractère hautement contagieux implique que la biosécurité ordinaire (compte tenu des risques de failles dans leur application quotidienne et systématique) peut ne pas suffire pour empêcher la diffusion. **Au-delà des mesures supplémentaires de limitation des multiples mouvements et croisements, comme le cloisonnement géographique des activités** évoqué au point 2.3.2.2.4, **des mesures complémentaires devront sans doute être adoptées, dont la diminution de la densité des élevages, en période à risque.** Si en France, il apparaît urgent que cette diminution des densités soit réfléchi pour les palmipèdes, il faut noter que d'autres pays européens porteront plus leur attention sur une réduction pour d'autres espèces : dinde en Italie, pondeuses aux Pays-Bas, etc. Par ailleurs un autre virus IAHP, tout aussi contagieux, pourrait se comporter différemment vis-à-vis des espèces de volailles. Ainsi, **c'est une réflexion de toutes les filières vis-à-vis de la réduction des densités d'élevage et d'oiseaux en élevage, qu'il convient de recommander.**

Des premières modélisations¹⁴ sur la diffusion en production de palmipèdes, de l'infection due aux virus IAHP (H5) de clade 2.3.4.4.b, montrent que la baisse de 20% de la densité d'élevages de canards dans les communes à plus forte densité, ne suffit pas à enrayer l'épizootie, mais parvient au moins à la ralentir, facilitant ainsi la mise en œuvre des actions de dépeuplement des foyers et d'élimination des cadavres.

Des travaux supplémentaires de modélisation sont nécessaires pour affiner cette approche et pour prendre notamment en considération la densité d'oiseaux (nombre d'oiseaux présents par élevage à l'instant T) en plus de la densité des élevages. Ces travaux doivent être poursuivis pour apporter des outils utiles à la gestion du risque d'épizootie. Toutefois, cela ne peut se faire sans une base de données centralisée qui rassemble en temps réel l'ensemble des données relatives aux élevages de volailles, au nombre d'oiseaux dans les élevages à l'instant T, aux mouvements des volailles et aux foyers.

Cette absence de base de données centralisée a déjà été soulignée à plusieurs reprises et notamment dans l'avis 2021-SA-0022-3^{ème} partie (Anses 2022a) où les experts écrivaient : *« Les experts soulignent la vulnérabilité d'un système de données aussi épars et non harmonisé, qui conduit à deux conséquences :*

¹⁴ Modélisation présentées dans l'Avis de l'Anses 2021-SA-0022 - 3^{ème} partie (Anses 2022a)

- *Ne pas pouvoir explorer en temps réel la dynamique d'une épizootie dans une filière, limitant ainsi considérablement les moyens d'analyse des experts en période de crise, pour éclairer le gestionnaire dans ses décisions ;*
- *Ne pas pouvoir opérer un retour d'expérience complet six mois après la crise, alors que l'infection IAHP est réputée saisonnière et que pour la nouvelle saison, des premiers foyers sont déjà survenus en France en cette fin 2021 ».*

Les experts recommandaient : « la mise en place, par la DGAL, d'un centre de données unique coordonné par une personne formée à l'épidémiologie, ce qui permettrait : 1) la construction de nouveaux modèles de bases de données permettant une exploitation épidémiologique, 2) un fonctionnement permettant de coupler le suivi des populations de volailles et celui des foyers, pour que le gestionnaire dispose d'un outil de suivi en temps réel ».

La mission EuVet a également recommandé le recours à la modélisation pour améliorer la connaissance des schémas de propagation du virus et venir en appui de l'identification de mesures de prévention et de contrôle appropriées.

Enfin, la diminution durable de la densité d'élevages dans certaines zones est un objectif structurel à moyen-long terme qui doit s'inscrire dans la révision des stratégies de développement et d'organisation des filières. Dans ce cadre, **il est nécessaire d'attirer d'emblée l'attention du gestionnaire sur le risque de déconcentrer par endroits pour concentrer dans d'autres qui appelle, pour l'éviter, une forme de supervision globale.**

2.5.2 Stratégie de sauvegarde de la génétique

L'épizootie survenue dans le Grand-Ouest a mis en exergue la fragilité de certaines filières de sélection qui, rassemblées en grande partie dans une zone très dense en élevages de volailles de tous types, se sont trouvées « prises dans la nasse » de cette épizootie, non seulement en termes de limitation aux mouvements en zone réglementée, mais aussi en termes d'infection, plusieurs élevages de grands parentaux se retrouvant eux-mêmes touchés par l'IAHP (H5N1). Cette expérience suscite deux types de questions :

- Une question immédiate sur l'amélioration encore possible de l'application des mesures de biosécurité dans ces élevages, lorsque la pression virale est forte dans la zone concernée. Un retour d'expérience serait utile pour ce type particulier d'élevages.

Il s'agit en l'occurrence de deux types de mesures de biosécurité : (i) la biosécurité classique de haut niveau, visant à empêcher l'infection d'entrer dans un élevage de reproducteurs ; (ii) la biosécurité dite « inversée » visant à empêcher l'infection de sortir de l'élevage, lorsqu'il s'agit de maintenir des élevages grands parentaux infectés pour des raisons de sauvegarde de la génétique, jusqu'à ce qu'ils redeviennent négatifs. Ces deux types de biosécurité n'appellent pas les mêmes réflexes de protection et nécessitent à la fois une réflexion de la part des opérateurs et sans doute davantage de formation appropriée.

- Une question à plus long terme sur l'installation des élevages grands parentaux dans des zones les plus isolées possibles des élevages de production et de toutes les activités afférentes, ainsi que des zones humides. L'idéal serait un éloignement de ces élevages des zones à risque particulier (ZRP) et des zones à risque de diffusion (ZRD).

Inversement, il apparaît aujourd'hui nécessaire d'envisager une réglementation qui permette d'interdire l'installation de certains élevages à proximité des sites sensibles déjà implantés.

Au-delà du déplacement de certaines unités de reproducteurs à moyen-long terme, l'expérience de sauvegarde de la génétique vécue durant cette épizootie nécessite, pour les gestionnaires, d'identifier les facteurs de risque sanitaire liés à cette mesure de sauvegarde et de fixer des critères pour engager une telle sauvegarde.

2.5.3 Equipement du territoire en stations de nettoyage et désinfection

Au vu de la multiplicité des mouvements au sein des différentes zones réglementées en cas d'épizootie, le risque de contamination des matériels, des camions et autres véhicules est particulièrement important. Cette constatation conduit à souligner la nécessité de disposer de plusieurs stations appropriées de lavage, nettoyage et désinfection, disposées de façon adaptée en fonction de l'importance des activités d'élevage en France et en nombre suffisant pour permettre, en cours d'épizootie, le nettoyage-désinfection sur des plateformes différentes des véhicules consacrés aux volailles contaminées et ceux consacrés aux volailles saines, au risque sinon de créer des points de possible contamination croisée. La station dite « de biosécurité » positionnée en Vendée, à la Mongie (les Essarts-en-Bocage) et présentée lors de la visite de la mission EuVet, est unique en France, ce qui interpelle les experts sur les capacités de lavage et nettoyage - désinfection sur le territoire et appelle à un recensement national des stations véritablement adaptées et opérationnelles pour de tels besoins.

Cette recommandation n'est d'ailleurs pas propre aux filières avicoles. Le même point d'attention est à prendre en considération dans le cadre de la préparation à la lutte contre la peste porcine africaine en filière porcine, voire contre la fièvre aphteuse en filières porcs et ruminants.

2.6 Risque de transmission inter espèces et risque zoonotique

2.6.1 Transmission aux mammifères des virus IAHP A(H5) de clade 2.3.4.4b en Europe

Depuis août 2021, plusieurs pays européens ont signalé des cas d'infections par des virus IAHP A(H5) de clade 2.3.4.4b chez des mammifères (EFSA, Avian influenza overview December 2021–March2022, EFSA Journal 2022;21(4):7289). À l'exception de quatre cas d'infection par des virus A(H5N8) détectés chez des phoques communs en Allemagne et au Danemark, en août-septembre 2021, les autres cas décrits (en Suède, Finlande, Estonie, Pays-Bas, Slovénie et Irlande) concernaient des infections par virus A(H5N1) chez des carnivores : renards roux (*Vulpes vulpes*, dont plusieurs juvéniles), loutre d'Europe (*Lutra lutra*), putois d'Europe (*Mustela putorius*), lynx boréal (*Lynx lynx*) et furet (*Mustela putorius furo*).

En France, hors de tout cadre systématique de surveillance des virus influenza aviaire chez les mammifères sauvages et de centralisation des résultats obtenus, seul un nombre très limité d'échantillons prélevés chez des phoques (*Phoca vitulina*) trouvés morts ou moribonds ont été analysés : la recherche de génome de virus IAHP H5 a été négative dans tous les cas investigués, signalés au LNR Influenza.

Bien que l'infection par des virus IA ait déjà été signalée par le passé chez certaines des espèces mammifères précédemment citées, la fréquence des détections signalées en Europe est particulièrement inhabituelle : celle-ci a augmenté depuis décembre 2020 et les publications associées à ces détections font état de signes cliniques respiratoires et neurologiques prononcés, associés à une dégradation importante de l'état général des animaux infectés (Floyd et al. 2021, Rijks et al. 2021).

Un nombre élevé d'évènements de franchissement de la barrière d'espèce des oiseaux aux mammifères pourrait favoriser la sélection de souches de virus IA possédant une virulence et une capacité de transmission accrues chez les mammifères, et donc une capacité à infecter d'autres espèces d'élevage (comme le porc par exemple).

2.6.2 Transmission à l'être humain des virus IAHP A(H5) de clade 2.3.4.4b

21 cas d'infections chez l'être humain par des virus IAHP A(H5) de clade 2.3.4.4b étaient rapportés au 13 janvier 2022 :

- 10 cas A(H5N6) en Chine détectés en 2017 (n = 1) et en 2021 (n = 9),
- 7 cas A(H5N8) en Russie en décembre 2020 (Pyankova et al. 2021),
- 3 cas A(H5) au Niger entre mars et septembre 2021,
- 1 cas A(H5N1) au Royaume-Uni en décembre 2021 (Oliver et al. 2022).

Les cas humains directement associés à des virus IAHP A(H5) de clade 2.3.4.4b ayant circulé massivement en Europe (détectés en Russie puis au Royaume-Uni) ont concerné des personnes ayant été en contact direct et rapproché avec des volailles infectés (du fait de leurs activités : mise à mort des volailles ou élevage) et qui n'ont présenté aucun symptôme apparent. Aucune transmission secondaire inter-humaine n'a par ailleurs été constatée.

Les États-Unis (Colorado) ont également déclaré en avril 2022 un cas de détection de virus A(H5) chez une personne directement exposée à des volailles infectées dans un foyer d'IAHP A(H5N1) de clade 2.3.4.4b en élevage. Le seul symptôme rapporté dans ce cas était de la fatigue.

Ces signalements relatifs au franchissement de la barrière d'espèces oiseaux-mammifères sont appelés à se développer, dans la mesure où la multiplication de foyers d'IAHP engendre une multiplication des occasions de mutations et réassortiments, ainsi qu'une multiplication des occasions d'exposition des humains (ou d'élevages d'autres espèces comme le porc).

2.6.3 Analyse du potentiel zoonotique des virus IAHP A(H5N1) de clade 2.3.4.4b

Le laboratoire national de référence de l'influenza aviaire de l'Anses en collaboration avec le CNR Virus des infections respiratoires (Institut Pasteur de Paris et Hospices Civils des Hôpitaux de Lyon) et Santé Publique France¹⁵, a effectué la comparaison des séquences des virus IAHP A(H5N1) caractérisés en France depuis novembre 2021 avec les séquences disponibles des virus IAHP A(H5N1) circulant en Europe et des virus IAHP A(H5N1) de 1997. L'analyse moléculaire montre l'acquisition de plusieurs marqueurs connus pour être associés à une augmentation de pathogénicité ou une adaptation aux hôtes mammifères (N66S dans PB1-F2, N205S et introduction d'un *PDZ ligand domain* en positions 227-230 dans NS1), en comparaison avec des virus IAHP A(H5N8) de 2020 et des virus IAHP A(H5N1) de 1997 détectés chez des volailles et l'être humain.

Comme indiqué ci-dessus, des virus IAHP A(H5N1) ont été détectés en Estonie, en Finlande et en Suède entre Septembre et Novembre 2021 chez des mammifères (renards et loutres). L'analyse moléculaire à partir des génomes de ces virus révèle des marqueurs majeurs supplémentaires associés à l'adaptation de ces virus aux mammifères et à l'augmentation de la virulence, tels que la substitution PB2-E627K (EFSA, Avian influenza overview December 2021–March2022, EFSA Journal 2022;21(4):7289).

La détection de la substitution PB2-E627K, marqueur moléculaire majeur de la transmission à l'être humain, a été également rapportée chez plusieurs cas humains dans le contexte de la recrudescence des cas humains d'infection par le virus IAHP A(H5N6), lui aussi appartenant au clade 2.3.4.4b, en Chine en 2021. Mais cette mutation n'a pas été retrouvée dans les prélèvements aviaires ou environnementaux réalisés à proximité des cas humains.

¹⁵ Bilan des épizooties d'influenza aviaire hautement pathogène depuis fin 2020 et analyse du risque pour la santé humaine. Document rédigé par le LNR Influenza aviaire (Anses, laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort), la direction des maladies infectieuses de Santé publique France et le CNR Virus des infections respiratoires. Date : 13/01/2022

Cette mutation n'était pas présente dans le génome des virus des cas humains détectés en Russie et au Royaume-Uni en 2020 et en 2021.

Ainsi la situation actuelle en lien avec ces virus IAHP doit inciter à la plus grande vigilance quant au risque zoonotique potentiel que ces virus représentent et justifie la nécessité d'une surveillance renforcée à l'interface être humain-animal dans le cadre de la gestion de ces épizooties.

L'Anses, Santé publique France et le CNR Virus des infections respiratoires ont par ailleurs rappelé que **la transmission à l'être humain de virus influenza aviaire hautement pathogènes de sous-types H5 et H7, même en l'absence de marqueurs moléculaires d'adaptation à l'Homme, est toujours possible en cas d'exposition massive sans protection respiratoire (masques) à des aérosols très fortement contaminés, générés par la manipulation de volailles fortement excrétrices ou porteuses.** Les mesures de protection recommandées pour les personnes exposées à des oiseaux infectés par un virus IAHP ou suspectés de l'être, ainsi qu'à leurs produits pouvant être contaminés (déjections, plumes), ou encore à des cas possibles ou confirmés de grippe aviaire sont détaillées dans l'avis HCSP du 10 décembre 2021 sur l'influenza zoonotique¹⁶.

2.7 Evaluer les perspectives d'utilisations de l'outil vaccinal chez les palmipèdes gras

La France a connu depuis 2015 une récurrence des épizooties dues à des virus IAHP de sous-types H5. Ces épisodes successifs ont induit un nombre de foyers toujours en augmentation. Des opérations d'euthanasie et de dépeuplement préventif d'une ampleur croissante ont dû être conduites pour tenter de les contrôler (avec une acceptabilité et une soutenabilité de plus en plus questionnées).

Le caractère épizootique de l'influenza aviaire, notamment liée aux virus du clade 2.3.4.4.b, s'est manifesté dans plusieurs pays d'Europe, conduisant le Conseil de l'Union Européenne, au cours de la Présidence française, à envisager d'autres modalités de lutte contre l'infection, en y introduisant le principe de la vaccination. Ainsi, les discussions ont permis d'aboutir à l'adoption, le 24 mai 2022¹⁷, à l'occasion du Conseil "Agriculture et pêche", de **Conclusions du Conseil sur une approche stratégique pour le développement de la vaccination comme outil complémentaire de prévention et de contrôle de cette épizootie.** Ces conclusions rappellent l'importance capitale de l'application de mesures strictes de biosécurité, de surveillance et d'autres mesures existantes de prévention et de contrôle de l'IAHP et soulignent que la vaccination pourrait utilement compléter ces mesures et contribuer à réduire le risque de propagation parmi les volailles domestiques.

Le Conseil prie la Commission et les États membres d'intensifier leurs efforts, afin d'élaborer des stratégies de vaccination axées sur les zones, les espèces et les pratiques agricoles à risque. Les conclusions listent les actions à entreprendre en ce sens et mettent également l'accent sur l'importance du volet international, en identifiant des actions visant à renforcer l'acceptabilité du principe de la vaccination contre l'IAHP dans le commerce international. Pour atteindre ces objectifs, le Conseil a demandé à la Commission et aux États membres d'élaborer une feuille de route opérationnelle.

De façon remarquable, les épisodes d'IAHP (H5) de grande ampleur survenus jusqu'à présent en France ont à chaque fois trouvé leur origine dans une transmission inter-élevages s'étant développée après une introduction virale dans un élevage de **palmipèdes gras, production faisant par ailleurs moins l'objet de développement vaccinaux**, au niveau international, que les filières de production de galliformes par exemple.

¹⁶ <https://www.hcsp.fr/explore.cgi/avisrapportsdomaine?clefr=1142> consulté le 18 juin 2022

¹⁷ <https://agriculture.gouv.fr/conclusions-du-conseil-agriculture-et-peche-du-24-mai-2022> consulté le 18 juin 2022

L'ensemble de ces constats a conduit l'Anses, dès 2017 et dans le cadre de la convention de recherche sur l'influenza aviaire financée par le Ministère de l'Agriculture, à mettre en place une série d'essais expérimentaux en conditions confinées dont les résultats sont venus démontrer, au moins en conditions expérimentales, que certains vaccins, parfois encore en cours de développement, pouvaient protéger cliniquement, et dans une certaine mesure virologiquement, les canards mulards vaccinés (Cf rapport final de la convention¹⁸).

Compte-tenu des niveaux de contamination par les virus H5HP observés dans l'avifaune sauvage lors de la migration descendante en début d'automne 2021, ces résultats expérimentaux pré-existants ont encouragé l'Anses à proposer à la DGAL en octobre 2021 une **note « préfigurant un essai terrain de vaccination contre l'influenza aviaire »** destiné à poursuivre l'étude des solutions vaccinales envisageables chez les palmipèdes gras.

La base de discussion constituée par cette note a amplement été amendée au cours des échanges qui ont suivi aux différents niveaux : ministère de l'Agriculture, Union Européenne, groupes de travail avec les professionnels dont GT5 de la réflexion « feuille de route », mission d'évaluation du CGAER.

La première étape de l'étude finalement retenue a été du ressort de l'ANMV et a consisté à conduire un recensement et des auditions pour dresser l'**inventaire des candidats vaccins** contre des virus influenza aviaries, susceptibles d'être proposés par les industries de la pharmacie vétérinaire (sur la base de l'existence de données expérimentales documentant une protection du canard contre les virus H5HP de clade 2.3.4.4b.). **Ce travail a permis de sélectionner deux vaccins**, l'un encore expérimental, l'autre autorisé à l'étranger (et inclus en 2017 dans les travaux expérimentaux conduits par l'Anses évoqués plus haut), susceptibles de faire l'objet de travaux complémentaires sur le terrain.

Ces **travaux de terrain**, ayant naturellement reçu les autorisations administratives nécessaires de l'ANMV et du ministère, sont inclus dans une convention de recherche coordonnée par la DGAL ayant pour partenaires l'ENVT, l'Anses, le CIFOG, les collectivités territoriales et les laboratoires fabriquant les vaccins étudiés. **Le programme consiste à suivre un petit nombre de lots de canards mulards recevant chacun des deux vaccins retenus.** Les lots mis en place sous la coordination de l'ENVT (2 lots en place à ce jour, les premières mises en place ayant pu être effectuées le 10 mai 2022) font l'objet d'une surveillance clinique, sérologique et virologique : cette phase de terrain étant nécessaire pour évaluer la faisabilité pratique de la vaccination et pour mieux caractériser les réponses immunitaires induites par les vaccins étudiés (capacité à mettre en œuvre une stratégie DIVA¹⁹). Parallèlement, à des dates clef du cycle de production, **des canards vaccinés avec chacun des vaccins étudiés seront transférés vers les animaleries protégées** de niveau A3 du LNR (Anses-site de Ploufragan) où ils seront soumis (à 7 et 11 semaines d'âge) à un **challenge infectieux** par inoculation d'un virus de clade 2.3.4.4b isolé au cours de la présente épizootie. Une première série d'essais sera conduite durant l'été 2022 (premières inoculations prévues le 27 juin prochain) et devra préciser dans quelle mesure la vaccination permet de réduire et/ou écourter l'excrétion virale chez les sujets vaccinés. Une seconde série d'essais, prévue à l'automne 2022, devra préciser dans quelle mesure la vaccination pourrait ralentir la diffusion du virus de clade 2.3.4.4b au sein d'une population de canards préalablement vaccinés. Compte-tenu du statut réglementaire des solutions vaccinales étudiées, aucun des canards vaccinés ou témoins des sites expérimentaux suivis ne rentrera dans la chaîne alimentaire.

Les **données obtenues (réduction de l'excrétion / ralentissement de la diffusion)** seront utilisées dans le cadre des travaux de modélisation épidémiologique de la diffusion de l'IAHP au sein des élevages de canard, pour étudier les effets de différentes modalités de mise en œuvre (vaccination préventive, vaccination curative en anneau) des solutions vaccinales et

¹⁸ Rapport final de la convention relative au renforcement des actions de recherche et de référence en matière d'influenza aviaire hautement pathogène. Convention 170230 entre le Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt et l'Agence Nationale de Sécurité sanitaire alimentation, environnement et travail

¹⁹ DIVA = Differentiating Infected from Vaccinated Animals

aider au choix informé des stratégies vaccinales possibles par les autorités sanitaires et les filières de production.

En tout état de cause, **les résultats complets de cette expérimentation ne seront pas connus lors de la prochaine période de migration descendante des palmipèdes sauvages**. Quels que soient les résultats obtenus et les stratégies vaccinales éventuellement choisies *in fine*, il importe de rappeler ici :

- Que les résultats obtenus ne porteront que sur les palmipèdes, sachant qu'il existe par ailleurs des données publiées à l'étranger et des essais équivalents en cours dans d'autres Etats Membres, pour obtenir des données équivalentes chez les autres espèces de volailles
- Qu'un vaccin de l'influenza aviaire ne protège de façon optimale que contre la seule souche virale dont l'antigène est inclus dans le vaccin, ou les virus qui lui sont antigéniquement apparentés, et qu'on ne peut exclure l'émergence d'un virus pathogène échappant au vaccin retenu. C'est ce qui se serait par exemple produit en 2015-2016, puisque le virus qui circulait alors dans l'avifaune sauvage présente en amont des couloirs migratoires était un virus H5N6 de clade 2.3.4.4, et que c'est donc lui qui aurait à l'époque été retenu pour une production vaccinale, alors que le virus H5HP ayant émergé pour provoquer l'épizootie 2015-2016 était génétiquement indépendant de celui-ci,

Il convient également de rappeler qu'**une stratégie vaccinale ne peut venir en substitution des autres mesures de contrôle (biosécurité, mise à l'abri), mais doit au contraire s'inscrire en complément de celles-ci**, qui présentent une efficacité quel que soit le virus émergent.

3 Conclusions : les points saillants

Cette année 2021-2022 a été marquée par une **nouvelle épizootie d'IAHP due au même clade 2.3.4.4.b.** que les deux épizooties précédentes. En outre **son ampleur est inédite**, conduisant à un nombre de foyers et un nombre de volailles abattues jamais atteint jusqu'à présent dans notre pays.

La persistance de ce clade au niveau mondial au cours des dernières années et sa circulation désormais ininterrompue au sein de l'avifaune sauvage migratrice, suggèrent un **changement dans le profil épidémiologique** de cette infection qui pourrait désormais se manifester par des réintroductions à l'origine d'épizooties récurrentes, voire à une endémisation du risque au travers d'une possible implantation virale au sein de l'avifaune locale non migratrice.

Des différentes enquêtes épidémiologiques, analyses phylogénétiques et évaluations des risques menées au cours de cette épizootie, l'Anses retient les points saillants suivants :

De nombreuses introductions différentes ont été constatées cette année (8 génotypes identifiés à ce jour), l'avifaune sauvage étant très majoritairement à l'origine de ces introductions primaires en élevage, à la faveur de failles dans la biosécurité quotidienne. Cela traduit une **pression virale environnementale extrêmement forte** (d'autres pays d'Europe étant également touchés) **et sans précédent**.

Cette ampleur peut masquer certaines situations plus favorables : **plusieurs départs de foyers ont très peu diffusé**. Cela montre que dans certaines situations, **les risques de diffusion ont pu être maîtrisés**, à la fois au niveau des élevages, des différents intervenants dans ces élevages, des opérations d'euthanasie et d'élimination des oiseaux et des opérations de nettoyage et de désinfection.

Les **deux flambées survenues dans le Sud-Ouest et dans le Grand Ouest**, d'origine différente, ont quant à elles, un schéma épidémiologique similaire : introduction en élevage depuis l'avifaune sauvage et diffusion au sein des élevages de palmipèdes gras, puis **diffusion multiple inter-élevages et inter-filières**. Les facteurs qui ont contribué à cette diffusion hors de contrôle pour ces deux épisodes sont essentiellement :

- **L'excrétion pré-clinique des virus par les palmipèdes infectés pendant plusieurs jours, ainsi qu'une manifestation très fruste de l'infection chez des galliformes**, mettant en défaut la surveillance événementielle, la surveillance programmée n'ayant qu'incomplètement renforcé le dispositif. Cela a conduit à gérer des élevages infectés sans le savoir (sortie du virus par les activités quotidiennes, avec diffusion de proche en proche) et à déplacer des animaux asymptomatiques mais infectés, avec diffusion à plus grande distance ;
- **La densité des élevages de palmipèdes dans le Sud-ouest et la grande diversité des espèces de volailles produites sur une même zone dans le Grand Ouest**, avec le croisement de l'ensemble des activités d'élevages, des intervenants et des mouvements de tous les maillons de ces filières ;
- Même si des progrès importants ont été constatés en matière de **biosécurité** dans tous les maillons, et en dépit des efforts accomplis par les éleveurs (mise à l'abri des oiseaux notamment), des failles dans l'application des mesures de biosécurité quotidiennes et systématiques ont pu être constatées avec, notamment, une grande difficulté à appliquer les règles de biosécurité dans les exploitations avec de multiples petits bâtiments (Sud-Ouest) et une compréhension imparfaite des concepts de la biosécurité et de leur application ;
- **L'insuffisance d'adaptation des mesures de biosécurité à l'organisation en élevage induite par la mise à l'abri des oiseaux** (qui en elle-même n'a pas été une vaine mesure) ;

- **La voie aéroportée à faible distance** (notamment lors d'opérations générant beaucoup de poussières contaminées, d'autant plus si la densité de foyers est importante), qui ne peut être négligée, même si elle n'est pas prépondérante ;
- **Le maintien en activité d'élevages de palmipèdes reproducteurs infectés** pour sauvegarder la génétique (grands parentaux) a pu contribuer à la diffusion du virus, le principe de « biosécurité inversée » (empêcher la sortie des virus de l'élevage) n'ayant pas été correctement intégré par les opérateurs ;
- **Le débordement des capacités d'euthanasie et d'élimination des cadavres**, a contribué à la diffusion de l'infection, en maintenant des animaux infectés sur pied, avec des niveaux d'excrétion de virus très élevés.

La plupart de ces facteurs ont contribué à l'amplification exponentielle de la pression virale dans l'environnement des élevages, tous les vecteurs mécaniques biotiques et abiotiques, contribuant alors à la propagation de l'infection.

Face à ces constats, plusieurs pistes d'amélioration sont à considérer. Certaines peuvent être envisagées à **court terme**, afin de progresser dès maintenant dans la préparation à une future épizootie ; d'autres sont à envisager à **plus long terme**, soit parce qu'elles nécessitent des phases de recherche, soit parce qu'elles touchent la structure des filières. Pour autant, elles s'avèrent tout autant indispensables et **nécessitent d'ores et déjà de prendre date.**

3.1.1 L'enjeu d'une détection précoce

- **A court terme**, il y a nécessité d'améliorer la **surveillance événementielle** (en cours dans le groupe de suivi Influenza de la Plateforme ESA) et la **surveillance programmée** en élevage.
 - A ce titre, la **surveillance avant transfert**, en période à risque élevé, devrait concerner **tous les types de palmipèdes transférés** vers d'autres sites d'élevage ou vers un abattoir.
 - Cette surveillance avant transfert pourrait être complétée par l'**analyse des oiseaux morts**, a minima durant la semaine précédant l'enlèvement.
 - Des **prélèvements environnementaux** (chiffonnettes) pourraient être également envisagés, à un **rythme régulier, hebdomadaire, en complément des écouvillonnages réalisés 72h avant transfert**. Toutefois, l'**utilisation de cette technique nécessite encore un travail de validation** vis-à-vis de la surveillance des VIA HP. Pour cela, un double travail doit être mené en vue de calibrer la sensibilité du dispositif et d'adapter les trousse de diagnostic moléculaire aux matrices environnementales. Cette surveillance complémentaire, réalisée en période à risque élevé d'IAHP, devrait être menée par les éleveurs eux-mêmes, afin de limiter le nombre d'intervenants entrant dans les élevages au cours de ces périodes.
 - L'ampleur inédite de cette épizootie, combinée à ces perspectives de renforcement de la surveillance programmée en période à risque élevé d'IAHP amène l'Anses, avec le LNR influenza, à **recommander le transfert de la méthode de détection H5 HP aux laboratoires agréés, sous réserve de maintenir un transfert d'échantillons biologiques (incluant du matériel infectieux) positifs au LNR.**
- **A plus long terme, des recherches sont** nécessaires pour aboutir à la mise au point d'un test de détection simple, rapide, fiable et validé, utilisable directement en élevage et permettant d'**émettre précocement une suspicion d'IAHP (test « point of care »)**, même en l'absence de signes cliniques.

Pour cela, des recherches relatives aux analyses sur des matrices environnementales, sur follicules plumeux (dispensant de la manipulation des animaux), ainsi que sur des méthodes d'analyses au moyen de techniques miniaturisées et portables, sont à engager.

3.1.2 L'enjeu de la biosécurité

Comme indiqué précédemment, des progrès importants ont été constatés dans l'application des mesures de biosécurité pour tous les maillons des filières.

Il demeure cependant des failles, soit pour des raisons de structure d'élevages et d'organisation des filières, rendant plus difficile l'application systématique et répétée des mesures quotidiennes de biosécurité, soit par défaut de compréhension des principes de biosécurité et de leur application, notamment dans des circonstances inhabituelles (mise à l'abri des oiseaux, maintien sur pied d'élevages de reproducteurs infectés, ...).

- **A court terme, le recensement des élevages** dans lesquels des failles dans l'application des mesures de biosécurité ont été constatées, pourrait conduire à proposer aux éleveurs une **formation adaptée à leur situation d'élevage**.

Le retour d'expérience sur le maintien sur pied des **élevages de reproducteurs** (avantages, inconvénients) devrait conduire à définir des modalités strictes d'application de ces dérogations et à **fixer des critères pour engager une telle sauvegarde, en maîtrisant les risques sanitaires**.

- **A plus long terme**, il paraît nécessaire de concevoir puis d'organiser le déploiement d'une **formation régulière** qui permette de comprendre et de **s'approprier en profondeur les principes de la biosécurité, les déclinant dans des études de cas très divers** (et parfois inverses) **et amenant les participants à la pratique par eux-mêmes** des gestes à faire/ne pas faire. Un retour d'expérience des formations déjà réalisées permettrait d'éviter certains écueils. L'utilisation de techniques de mise en situation et d'échanges de pratiques est recommandée pour ces types de formation. Ce chantier de formation serait à décliner **en formation initiale et continue, quel que soit le type de production** (éleveurs indépendants/éleveurs en organisation de production) et devrait recourir à une **conception pédagogique adaptée à l'appropriation (pédagogies actives, serious game, ...)**.

Ce dispositif pourrait être complété par le développement d'un cahier des charges (ou d'une charte) adapté à chaque système de production, en matière de biosécurité, afin de poursuivre les actions de sensibilisation, formation et d'appropriation spécifique à chaque intervenant dans la filière, au-delà de la formation.

3.1.3 L'enjeu d'organisation des productions

La survenue d'une infection avec un virus IAHP hautement contagieux, dans une zone extrêmement dense d'élevages, comportant de nombreuses unités d'élevage de canards (et de dindes en Italie), espèces très réceptives aux virus IAHP et très excrétrices, conduit à ce que **la biosécurité ordinaire en élevage ne suffise pas à maîtriser, seule, la diffusion de l'infection. Des mesures complémentaires paraissent indispensables**.

- **A court terme**, il est nécessaire que les filières s'organisent et s'accordent « en temps de paix », pour définir quels intervenants en élevage et quelles interventions restent absolument incontournables en période de crise sanitaire, et quelles opérations pourraient être déléguées auprès des éleveurs ou d'**intervenants incontournables, pour limiter la circulation entre élevages**.

Il est fortement recommandé que les filières dessinent « en temps de paix » un schéma de réorganisation permettant de mettre en place **un cloisonnement géographique des activités aviaires** afin de limiter la multitude de croisements constatés dans les régions touchées par les épizooties. Ce cloisonnement géographique suppose que les filières aient identifié les différents circuits de tous leurs maillons et qu'elles travaillent, entre structures de production, pour dessiner une organisation de crise permettant de limiter les mouvements, non seulement pour ne pas sortir en zone indemne, mais également pour réduire drastiquement les mouvements et croisements. **A minima et dans l'immédiat**, il

serait nécessaire de séparer les activités entre zone réglementée (ZR) et zone indemne (ZI), compte tenu de la densité des élevages (soins vétérinaires, personnel d'élevage, transport, lisier, collecte des œufs, abattage, couvoir), avec des **véhicules dédiés entre ZR et ZI**.

En outre, au regard des flambées épizootiques constatées encore cette année, il semble toujours nécessaire de **réduire drastiquement le nombre de lots de canards présents sur les zones de fortes densités d'élevages aviaires en période à risque**.

Enfin, en matière d'équipements du territoire en **stations de lavage et nettoyage-désinfection**, il est nécessaire de réaliser un **recensement national** des stations véritablement adaptées et opérationnelles pour les besoins des filières de production, et d'**accélérer leur déploiement dans les zones critiques identifiées** par le recensement de façon à pouvoir en élargir l'usage en temps de crise sanitaire, tout en permettant de mettre en place des circuits de nettoyage désinfection séparés pour les véhicules réputés sains et ceux notoirement contaminés.

Cette recommandation n'est d'ailleurs **pas propre aux filières avicoles**. Le même point d'attention est à prendre en considération dans le cadre de la préparation à la lutte contre la peste porcine africaine en filière porcine.

- **A plus long terme**, ces épizooties répétées posent la question de la **structure des productions** : densité d'élevages de palmipèdes d'une part et d'autre part, présence simultanée de toutes les activités d'une filière dans une zone restreinte, **y compris la génétique**.

La **diminution durable de la densité des élevages de canards dans certaines zones** est un objectif structurel à moyen-long terme qui doit s'inscrire dans la révision des stratégies de développement et d'organisation des filières. Il est nécessaire d'attirer d'emblée l'attention du gestionnaire sur le **risque de déconcentrer par endroits pour concentrer dans d'autres** qui appelle, pour l'éviter, une forme de supervision globale. A ce titre, l'**autorisation d'exploiter**, aujourd'hui uniquement dépendante de critères environnementaux (réglementation ICPE), devrait être également dépendante de **critères sanitaires**.

Enfin, la **conception des bâtiments d'élevage de palmipèdes** devrait intégrer la nécessité du **stockage et de la manipulation à l'abri de la paille**, afin d'éviter l'introduction d'une contamination par cet intrant en élevage.

Le **positionnement des unités de reproducteurs des filières avicoles** doit aussi être repensé dans la révision des stratégies de développement et d'organisation des filières. A ce titre, il s'avère nécessaire d'envisager une réglementation qui permette d'**interdire l'installation de certains élevages à proximité des très sites sensibles** déjà implantés : autres élevages de volailles de productions, y compris en plein-air, élevages porcins par exemple.

3.1.4 L'enjeu d'organisation prévisionnelle des territoires pour la gestion des foyers

En matière de gestion des foyers en période de flambée épizootique, il s'avère indispensable de repenser les outils de dépeuplement des foyers et d'élimination des cadavres, afin d'**éviter au maximum les situations de blocage et d'attente** vécues au cours de cette épizootie. Ces circonstances ont en effet généré beaucoup d'épuisement pour tous les opérateurs, mais également des situations incompatibles avec le respect du bien-être animal, et sources de mal-être et de traumatisme pour les éleveurs. Elles ont aussi contribué à amplifier la pression virale dans l'environnement.

- **A court terme**, il paraît utile que soit inscrit dans le plan d'action en cas de crise sanitaire, la **nécessité pour chaque département d'identifier les moyens alternatifs à l'équarrissage** pouvant être localement mobilisés, en identifiant et en ciblant une solution appropriée à l'échelle du département, de la commune et de

l'élevage et adaptée à la taille et la densité des élevages qui se trouvent sur le territoire considéré. La mise en place de plans prévisionnels régionaux d'implantation de centres d'enfouissement temporaire pourrait s'intégrer dans une telle réflexion.

Par ailleurs, dans de nombreux cas, les modalités d'euthanasie ont conduit à devoir sortir les animaux excréteurs des bâtiments avant leur mise à mort. Il serait utile de **d'encourager l'utilisation et la mise au point de techniques permettant de maintenir les oiseaux en bâtiments au moment de l'euthanasie.**

Il est également recommandé de **réfléchir à l'implantation de plateformes de dépeuplement réparties sur l'ensemble des territoires de fortes densités d'élevages de volailles.** Ces implantations devront présenter des caractéristiques compatibles avec un niveau de biosécurité sécurisé (possibilité d'une marche en avant des véhicules et des caisses de transport, station de lavage équipée de matériel adéquat, ...). L'activation d'une plateforme pourrait alors se faire en moins de 24 ou 48h et le choix de l'implantation choisie se ferait en fonction de la localisation des foyers, de manière à ne pas contribuer à des mouvements d'animaux vivants d'une zone contaminée vers une zone encore indemne et, si possible, de réduire au maximum le risque lié aux mouvements des cadavres en sortie de plateforme.

Enfin, il est tout aussi important de souligner que le **débordement des capacités d'euthanasie** tel qu'il a été constaté lors de cette épizootie, a pu conduire dans plusieurs cas au maintien d'animaux contaminés, malades et en souffrance, pendant de longs jours dans les élevages. Ce sont des **situations incompatibles avec le respect du bien-être animal, mais également sources de mal-être et de traumatisme pour les éleveurs.**

- **A plus long terme**, des questions de **recherche opérationnelle** se posent à propos de l'alternative constituée par le **compostage des cadavres**. Existant dans d'autres pays (Amérique du Nord notamment), cette technique nécessite d'être évaluée et adaptée à l'échelle du territoire français, tout en nécessitant d'être rediscutée au plan réglementaire au niveau européen.

De manière générale, concernant la gestion des foyers, l'objectif serait **disposer d'un ensemble de techniques pour le dépeuplement** des foyers et les dépeuplements préventifs, **ainsi que d'un ensemble de techniques pour gérer les cadavres**, afin d'activer, selon le contexte de l'élevage et de la zone réglementée, les techniques les plus appropriées pour réduire au maximum les risques de diffusion, tout en garantissant une vitesse de réalisation la plus rapide possible.

3.1.5 L'enjeu zoonotique

Le **nombre élevé d'évènements de franchissement de la barrière d'espèce des oiseaux aux mammifères** constaté au niveau international durant cette année est un facteur indiquant la sélection de souches de virus IA possédant une virulence et une capacité de transmission accrues chez les mammifères. **Ces évènements sont d'autant plus fréquents que les foyers IAHP se multiplient**, occasionnant une multiplication des occasions de mutations et réassortiments, ainsi qu'une multiplication des occasions d'exposition des humains, ou d'autres espèces réceptives comme le porc (d'autant plus si elles se manifestent dans des zones à forte production animale).

Ainsi la situation actuelle en lien avec la circulation accrue de ces virus IAHP doit **inciter à la plus grande vigilance quant au risque zoonotique potentiel que ces virus représentent et justifie la nécessité d'une surveillance renforcée à l'interface homme-animal** dans le cadre de la gestion de ces épizooties.

Il est nécessaire de rappeler que la lutte contre l'influenza aviaire hautement pathogène n'est pas seulement un enjeu de santé animale et de production avicole, mais également un enjeu de santé publique. A ce titre, il est recommandé que les

autorités sanitaires médicales et vétérinaires abordent ensemble la question de la **surveillance des personnes exposées**.

3.1.6 L'enjeu de la vaccination comme moyen de lutte complémentaire

Le caractère épizootique de l'influenza aviaire, notamment liée aux virus du clade 2.3.4.4.b, s'est manifesté dans plusieurs pays d'Europe, conduisant le Conseil de l'Union Européenne, au cours de la Présidence française, à envisager d'autres modalités de lutte contre l'infection, en y introduisant le principe de la vaccination (adoption, le 24 mai 2022, à l'occasion du Conseil "Agriculture et pêche", de **Conclusions du Conseil sur une approche stratégique pour le développement de la vaccination comme outil complémentaire de prévention et de contrôle de l'influenza aviaire hautement pathogène**.

Les épisodes d'IAHP (H5) de grande ampleur survenus jusqu'à présent en France ont à chaque fois trouvé leur origine dans une transmission inter-élevages s'étant développée après une introduction virale dans un élevage de **palmipèdes gras, production faisant par ailleurs moins l'objet de développement vaccinaux**, au niveau international, que les filières de production de galliformes par exemple.

Afin de pallier cette insuffisance, **des essais sont actuellement en cours** (DGAL, Anses (LNR Influenza et ANMV), ENVT, CIFOG, collectivités territoriales et laboratoires pharmaceutiques) sur des canards pour obtenir des données sur la réduction de l'excrétion et sur le ralentissement de la diffusion permises par des candidats vaccins.

Il convient de souligner que **les résultats complets de cette expérimentation ne seront pas connus lors de la prochaine période de migration descendante des palmipèdes sauvages**. Quels que soient les résultats obtenus et les stratégies vaccinales éventuellement choisies *in fine*, il importe de rappeler ici :

- Que les résultats obtenus ne porteront que sur les palmipèdes, sachant qu'il existe par ailleurs des données publiées à l'étranger et des essais équivalents en cours dans d'autres Etats Membres, pour obtenir des données équivalentes chez les autres espèces de volailles ;
- Qu'un vaccin de l'influenza aviaire ne protège de façon optimale que contre la seule souche virale dont l'antigène est inclus dans le vaccin, ou les virus qui lui sont antigéniquement apparentés, et qu'on ne peut exclure l'émergence d'un virus pathogène échappant au vaccin retenu.

Enfin, **il faut rappeler qu'une stratégie vaccinale ne peut venir en substitution des autres mesures de contrôle (biosécurité, mise à l'abri), mais doit au contraire s'inscrire en complément de celles-ci, qui présentent une efficacité quel que soit le virus émergent**.

4 Bibliographie

Anses, 2021 : Avis de l'Anses 2021-SA-0022 – 1^{ère} partie du 26 mai 2021 relatif à un retour d'expérience sur la crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021.

<https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2021SA0022.pdf>

Anses, 2022a : Avis de l'Anses 2021-SA-0022 – 3^{ème} partie du 13 janvier 2022 relatif à un retour d'expérience sur la crise influenza aviaire hautement pathogène 2020-2021.

<https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2021SA0022-2.pdf>

Anses, 2022b : Avis de l'Anses 2022-SA-0039 – 1^{ère} partie du 8 mars 2022 relatif à l'évaluation des mesures de gestion relatives à l'influenza aviaire en Vendée et dans les départements limitrophes.

<https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2022SA0039.pdf>

Anses, 2022c : Avis de l'Anses 2022-SA-0039 – 2^{ème} partie du 18 mars 2022 relatif à l'évaluation des mesures de gestion relatives à l'influenza aviaire en Vendée et dans les départements limitrophes.

<https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2022SA0039-1.pdf>

Anses, 2022d : Avis de l'Anses complété, du 31 mars 2022 relatif à l'évaluation du risque relatif à l'enfouissement de cadavres issus d'animaux d'élevage et/ou de la faune sauvage.

https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2020SA0011Ra_0.pdf

Floyd T, Banyard AC, Lean FZX, Byrne AMP, Fullick E, Whittard E, Mollett BC, Bexton S, Swinson V, Macrelli M, Lewis NS, Reid SM, Núñez A, Duff JP, Hansen R, Brown IH. Encephalitis and Death in Wild Mammals at a Rehabilitation Center after Infection with Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N8) Virus, United Kingdom. *Emerg Infect Dis.* 2021 Nov;27(11):2856-2863. doi: 10.3201/eid2711.211225. PMID: 34670647; PMCID: PMC8544989.

Oliver Isabel, Roberts Jonathan, Brown Colin S, Byrne Alexander MP, Mellon Dominic, Hansen Rowena DE, Banyard Ashley C, James Joe, Donati Matthew, Porter Robert, Ellis Joanna, Cogdale Jade, Lackenby Angie, Chand Meera, Dabrera Gavin, Brown Ian H, Zambon Maria. A case of avian influenza A(H5N1) in England, January 2022. *Euro Surveill.* 2022;27(5):pii=2200061. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.5.2200061>

Pyankova Olga G, Susloparov Ivan M, Moiseeva Anastasia A, Kolosova Natalia P, Onkhonova Galina S, Danilenko Aleksey V, Vakalova Elena V, Shendo Gennady L, Nekeshina Natalia N, Noskova Lyudmila N, Demina Julia V, Frolova Natalia V, Gavrilova Elena V, Maksyutov Rinat A, Ryzhikov Aleksandr B. Isolation of clade 2.3.4.4b A(H5N8), a highly pathogenic avian influenza virus, from a worker during an outbreak on a poultry farm, Russia, December 2020. *Euro Surveill.* 2021;26(24):pii=2100439. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.24.2100439>

Rijks JM, Hesselink H, Lollinga P, Wesselman R, Prins P, Weesendorp E, Engelsma M, Heutink R, Harders F, Kik M, Rozendaal H, van den Kerkhof H, Beerens N. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus in Wild Red Foxes, the Netherlands, 2021. *Emerg Infect Dis.* 2021 Nov;27(11):2960-2962. doi: 10.3201/eid2711.211281. PMID: 34670656; PMCID: PMC8544991.

ANNEXES

Annexe 1 : Lettre de la demande

2022-AST-0098

**Direction générale
de l'alimentation**

Le Directeur général

Paris, le 17 mai 2022

Monsieur Roger GENET
Directeur Général de l'ANSES
14 rue Pierre et Marie Curie
94700 MAISONS-ALFORT

Objet : Crise influenza aviaire

Monsieur le Directeur,

La crise influenza aviaire que nous avons connue cette année a été d'une ampleur inédite touchant la région Pays de la Loire, deuxième région française de production de volailles et région hébergeant de nombreux sites de génétique aviaire.

Nous devons très rapidement définir des actions concrètes à mettre en place (Etat et professionnels) afin d'essayer de limiter l'impact de l'introduction du virus fin 2022.

A cette fin, je souhaiterais disposer d'une synthèse de l'ensemble des travaux (enquêtes, analyses, expérimentations) que vous avez été amenés à effectuer pendant cette crise. Il s'agit pour la DGAL de disposer de l'ensemble des données existantes pour nous permettre de produire des propositions d'actions concrètes. Les Retex effectués par les services ainsi que le rapport de la mission d'appui EUvet vont également alimenter ce travail.

Sur la base de ces retours ainsi que de ceux des professionnels je serai amené à saisir l'ANSES sur certaines propositions d'actions.

Un retour de votre part pour le 15 juin me serait nécessaire.

Je vous prie de croire, Monsieur le Directeur, à l'assurance de ma considération distinguée.

Bruno FERREIRA

Directeur général de l'alimentation