

Le directeur général

Maisons-Alfort, le 4 février 2020

AVIS **de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation,** **de l'environnement et du travail**

relatif à « l'évaluation de la pertinence de relever le niveau de risque IA HP de 'négligeable' à 'modéré' en France métropolitaine »

L'Anses met en œuvre une expertise scientifique indépendante et pluraliste.

L'Anses contribue principalement à assurer la sécurité sanitaire dans les domaines de l'environnement, du travail et de l'alimentation et à évaluer les risques sanitaires qu'ils peuvent comporter.

Elle contribue également à assurer d'une part la protection de la santé et du bien-être des animaux et de la santé des végétaux et d'autre part à l'évaluation des propriétés nutritionnelles des aliments.

Elle fournit aux autorités compétentes toutes les informations sur ces risques ainsi que l'expertise et l'appui scientifique technique nécessaires à l'élaboration des dispositions législatives et réglementaires et à la mise en œuvre des mesures de gestion du risque (article L.1313-1 du code de la santé publique).

Ses avis sont publiés sur son site internet.

L'Anses a été saisie le 22 janvier 2020 par la Direction Générale de l'Alimentation pour la réalisation de l'expertise suivante : « évaluation de la pertinence de relever le niveau de risque IA HP de 'négligeable' à 'modéré' en France métropolitaine ».

1. CONTEXTE ET OBJET DE LA SAISINE

Depuis le 31 décembre 2019, des foyers d'infection à virus IA HP (Influenza aviaire hautement pathogène) de sous-type H5N8 ont été rapportés chez des volailles domestiques, ainsi que des cas dans l'avifaune sauvage en Europe de l'Est et en Allemagne.

Selon les termes de la saisine, « *la situation épidémiologique est suffisamment préoccupante en Europe de l'Est et dans la faune sauvage en Allemagne pour que le passage d'un niveau de risque de négligeable à modéré soit envisagé par la DGAL.* »

L'application des critères, présentés dans l'avis Anses 2016-SA-0245 (cf. Tableau 1) et l'arrêté du 16 mars 2016, permettant d'envisager un changement de niveau de risque est, selon les termes de la saisine, « *rendue difficile dans la situation actuelle car :*

- *La période actuelle n'est pas une période de risque maximal, car la période de migration descendante est terminée selon l'OFB. Les critères mentionnés dans l'avis Anses 2016-SA-0245 pour définir les couloirs de migration en fonction des périodes de l'année semblent donc différents ;*
- *A ce jour il y a très peu de cas dans la faune sauvage, mais le cas en Allemagne est à moins de 700 km de la frontière française.* »

Tableau 1 : Critères indicatifs d'augmentation du niveau de risque dans la période de risque maximale (avis Anses 2016-SA-0245)

Passage niveau de risque « négligeable » → « modéré »		
Période de l'année	Zone	Critères
Fin août année n → fin avril année n+1	Zones à risque particulier (zones humides)	Présence d'une <u>dynamique d'infection</u> aux virus IA HP dans la faune sauvage migratrice ou liée à la faune sauvage migratrice, située dans un couloir actif de migration et dans un pays dont une partie se trouve à moins de 1 000 km de la frontière française.
	Zones à forte densité d'élevages plein air	
	Reste du territoire	Présence d'une <u>dynamique d'infection</u> aux virus IA HP dans la faune sauvage migratrice ou liée à la faune sauvage migratrice, située dans un couloir actif de migration et dans un pays limitrophe de la France

Dans ce contexte, l'avis de l'Anses est sollicité pour évaluer si une élévation du niveau de risque actuel, de négligeable à modéré, est pertinente, en considérant les zones humides, les zones de forte densité d'élevage et le reste du territoire, et en prenant en compte les élevages commerciaux ainsi que le risque particulier lié aux basses-cours.

2. ORGANISATION DE L'EXPERTISE

L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise – Prescriptions générales de compétence pour une expertise (Mai 2003) ».

L'expertise collective a été réalisée par le groupe d'expertise collective d'urgence (Gecu) « Influenza 2020 ». Le Gecu s'est réuni en urgence le 29 janvier 2020 et a adopté ses conclusions en séance du 29/01/2020. Sur la base de ces conclusions, un projet d'analyse et conclusions du Gecu a été rédigé par la coordination scientifique, qui a été relu et validé par le Gecu par voie télématique.

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise.

Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet de l'Anses (www.anses.fr).

Les éléments suivants ont été pris en compte pour la réalisation de cette expertise :

- la saisine,
- les données relatives aux foyers d'IA HP en Europe depuis fin décembre 2019,
- l'avis Anses 2016-SA-0245 relatif à l'ajustement des niveaux de risque d'infection par l'influenza aviaire hautement pathogène, quelle que soit la souche, des oiseaux détenus en captivité sur le territoire métropolitain à partir des oiseaux sauvages,
- les avis des Pays-Bas et de l'Allemagne relatifs au risque IA HP de janvier 2020¹.

¹ Risicoanalyse voor introductie van hoog pathogene aviare influenza in de Nederlands commerciële pluimveehouderij. Janvier 2020. Wageningen University & Research.

https://www.wur.nl/upload_mm/9/c/9/769dd498-96df-4dbf-8539-659935ad0cc8_2020-01%20Risicorapport%20HPAI.pdf

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland. Friedrich Loeffler Institut. 21 01 2020

https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00026301/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5_20200121.pdf

3. ANALYSE ET CONCLUSIONS DU GECU

3.1. Situation épidémiologique

Du 31 décembre 2019 au 29 janvier 2020, 29 foyers d'IA HP ont été déclarés chez des volailles domestiques, un foyer dans l'avifaune captive, ainsi que deux cas dans l'avifaune sauvage. A quelques exceptions près (pour lesquelles aucune information concernant le sous-type viral n'est disponible), les virus associés à ces foyers sont des virus de sous-type H5 et systématiquement H5N8 quand le sous-type complet est connu. Ces cas se répartissent dans sept pays européens : Hongrie, Pologne, République tchèque, Roumanie, Slovaquie, Ukraine et Allemagne (Figure 1).

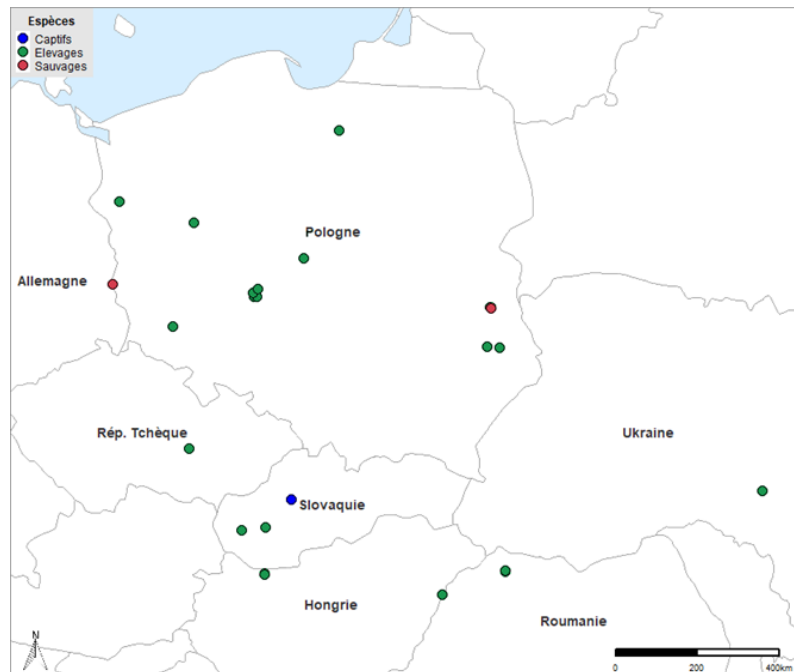


Figure 1 : Foyers domestiques, foyer dans l'avifaune captive, et cas dans la faune sauvage d'IA HP confirmés du 31/12/2019 au 26/01/2020. Certains foyers peuvent être superposés (source : Plateforme ESA 27/01/2020, d'après Commission européenne ADNS au 26/01/2020)

- **Dans les foyers d'IA HP chez des volailles**, des espèces et des types de production très variées ont été touchées (Tableau 2). Les signes cliniques rapportés (sous réserve de l'exactitude de ces informations) étaient très variables, parfois uniquement limités à des symptômes peu évocateurs voire absents (l'information correspondante n'étant pas reportée pour cinq foyers déclarés *via* l'Animal Disease Notification System - ADNS). De même, les taux de mortalité variaient de quasi-nul à près de 100 % en 2 à 3 jours.

Plusieurs de ces foyers (au moins six) ont été déclarés comme foyers secondaires identifiés dans le cadre d'enquêtes épidémiologiques. Ce contexte de découverte pourrait, dans certains cas, expliquer une détection précoce et l'absence de signes cliniques et de mortalité. A ce titre, les six premiers foyers rapportés en Pologne étaient liés entre eux et tous situés dans une zone incluant de nombreux étangs et lacs. D'après les données fournies par les pays concernés, pour la plupart des foyers primaires, l'hypothèse d'introduction est un contact, direct ou indirect, avec de l'avifaune infectée. Dans de nombreux cas, les élevages considérés sont situés à proximité de zones humides (étangs, lacs, etc.), en particulier le premier foyer détecté en Pologne, qui a été suivi de contaminations secondaires d'élevage à élevage.

Tableau 2 : Répartition géographique des espèces domestiques touchées dans les foyers d'IA HP entre le 31/12/2019 et le 28/01/2020 (sources : Plateforme ESA, ADNS)

Pays Espèces	Pologne	Slovaquie	Hongrie	République Tchèque	Roumanie	Ukraine
Dindes*	8 foyers		3 foyers			
Pintade	1 foyer					
Poules pondeuses	1 foyer				2 foyers	
Canards**	2 foyers		1 foyer			
Oies ***	1 foyer					
Basse- cour****	5 foyers	3 foyers		1 foyer		
Non précisées						1 foyer

* Dindes à l'engrais majoritairement

** Canards reproducteurs = 1 des foyers polonais. Autres foyers = canards à l'engrais.

*** Oies reproductrices, avec présence d'un petit troupeau de poules pondeuses pour autoconsommation sur la même exploitation

**** Une basse-cour détient un effectif important de 549 oiseaux (91 poules pondeuses, 41 poulets de chair, 17 oies, 70 canards, 326 pigeons, 4 perroquets). Les autres basses-cours sont plus classiques en effectif et espèces présentes (lorsque l'information est connue), i.e. *Gallus* et canard.

- **Dans l'avifaune captive**, un foyer situé au centre de la Slovaquie confirmé le 26/01/2020, les espèces des neuf oiseaux retrouvés morts et des 41 oiseaux abattus ne sont pas précisées, de même que le sous-type du virus IA HP.
- **Concernant la faune sauvage**, deux cas ont été recensés :
 - en Pologne, un autour des palombes (*Accipiter gentilis*) a été retrouvé mort dans la zone de protection d'un foyer domestique de la région de Lublin, à l'est du pays. Ce cas d'IA HP a été confirmé le 07/01/2020 et notifié à l'OIE (Organisation mondiale de la santé animale) le 22/01/2020.
 - en Allemagne, une oie rieuse (*Anser albifrons*) retrouvée dans la région de Spree-Neisse, à proximité de la frontière polonaise et sur laquelle le virus IA HP a été identifié le 19/01/2020.

En ce qui concerne ces deux espèces d'oiseaux sauvages, les experts notent, sous réserve de l'exactitude de l'espèce d'oiseau rapportée dans les notifications ADNS que :

- l'autour des palombes est un migrateur partiel : si certains individus de populations très orientales se déplacent, beaucoup d'entre eux sont résidents et, pour toute l'Europe, il est considéré sédentaire. L'oiseau trouvé mort à proximité d'un foyer de volailles a pu se contaminer, par ingestion de proie dans ce foyer ;
- l'oie rieuse est typiquement un oiseau migrateur.

3.2. Eléments de virologie relatifs au virus Influenza

D'après les éléments fournis par la plateforme ESA (Épidémiosurveillance santé animale), les premiers virus caractérisés sont des virus IA HP de sous-type H5N8 appartenant au clade 2.3.4.4b de la lignée A/goose/Guandong/1/96.

Le Laboratoire National de Référence (LNR) Influenza aviaire a également apporté les informations suivantes :

- ont été publiées sur GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) les séquences du génome complet des virus A/turkey/Poland/23/2019 (ID : EPI1669666 à 73, virus issu d'un des premiers foyers, probablement ADNS 2019/01), A/hawk/Poland/003/2020

- (ID : EPI1669673 à 81), A/chicken/Czech Republic/1175-1/2020 (ID : EPI1667595 à 602) et A/white-fronted goose/Germany-BB/AI00018/2020 (ID : EPI1665421 à 28) ;
- ont été obtenues, mais ne sont pas encore publiées les séquences des segments H5 et N8 des virus identifiés dans les premiers foyers en Slovaquie, en Hongrie;
 - les séquences H5 et N8 disponibles, issues des virus responsables des récents foyers européens, domestiques et sauvages, sont respectivement étroitement apparentées les unes aux autres (99,5 à 99,8 % d'identité pour H5 et 99,6 à 99,8 % d'identité pour N8). Au-delà de ce groupe, les séquences H5 et N8 apparentées les plus proches sont des séquences d'un virus A(H5N8) HP caractérisé en 2019 au Nigéria sur des pintades (environ 99 à 99,2 % d'identité pour H5 et 98,7 à 98,8 % d'identité pour N8), puis les séquences du virus A/quail/South Africa/AI5930/2018 (environ 98,4 % d'identité pour H5 et 98,7 % d'identité pour N8) et d'un autre virus contemporain également identifié en Afrique du Sud chez *Gallus* (sources : K. Smietanka, E. Swieton et B. Zecchin *via* la plateforme d'échanges de l'IZSve - Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie) ;
 - ces mêmes séquences H5 et N8 sont distinctes des séquences des virus A(H5N8) HP ayant circulé en Europe en 2016-2018, bien qu'appartenant au même clade 2.3.4.4b.

D'après diverses sources (B. Zecchin *via* la plateforme d'échanges de l'IZSve ; présentation DG SANTE au CPVADAAA - Comité permanent des végétaux, des animaux, des denrées alimentaires et de l'alimentation animale), les séquences des quatre virus dont le génome complet est connu sont apparentées entre elles pour chacun des segments. Ces virus seraient des réassortants avec un fond génétique (six segments / huit) proche des virus A(H5N8) identifiés notamment au Nigéria (en 2019) et en Afrique du Sud (en 2018) mentionnés plus haut, associé à des segments PB1 et NP apparentés à ceux de virus IA FP (faiblement pathogènes) identifiés chez divers oiseaux sauvages en Eurasie, notamment chez des oiseaux aquatiques en Russie (séquences identifiées en 2017-2018).

Les experts soulignent que les virus identifiés au Nigéria et en Afrique du Sud, mentionnés ci-dessus, sont probablement des virus qui ont été introduits depuis l'Eurasie vers l'Afrique par un mouvement migratoire descendant d'oiseaux sauvages infectés. Les virus parentaux ont pu persister au niveau des populations d'oiseaux sauvages présentes dans les sites de nidification au nord, du supercontinent eurasiatique, et ont pu réassortir avec des virus IA FP pour produire les virus circulant actuellement.

Par conséquent, le fait que les virus circulant actuellement en Europe incluent des séquences identifiées au Nigéria et en Afrique du Sud ne signifie probablement pas qu'ils proviennent d'actuelles migrations ascendantes. A ce titre, les experts soulignent que peu d'espèces d'oiseaux d'eau, à part les limicoles et certains oiseaux de mer (laridés), migrent d'Afrique du Sud jusqu'en Europe. Le cœur d'hivernage des anatidés européens en Afrique se situe donc soit majoritairement dans les zones subsahariennes (Sénégal, Tchad, Mali, Soudan, éventuellement Nigéria), soit éventuellement en Afrique du Nord.

Compte tenu des données épidémiologiques et virologiques actuellement disponibles, l'introduction des virus IA HP H5N8 *via* l'avifaune sauvage semble la plus vraisemblable, du fait notamment de l'émergence de nombreux foyers dans un délai court sur une zone très étendue (sept pays). La circulation virale dans la faune sauvage serait relativement silencieuse (peu d'expression clinique) et serait révélée par l'atteinte d'élevages de volailles qui constitueraient des sentinelles épidémiologiques. Il convient cependant de noter que la détection d'oiseaux sauvages morts et infectés dépend du niveau de surveillance de l'avifaune dans ces pays et de la mise en œuvre du dépistage de l'infection chez ces animaux morts. Le manque de données sur la surveillance de l'avifaune dans ces différents pays conduit les experts à envisager ce point avec un niveau d'incertitude assez élevé.

Par ailleurs, les experts ont une relative bonne confiance dans les systèmes de surveillance de l'avifaune existant dans certains pays proches tels l'Allemagne, les Pays-Bas ou la Suisse. Ainsi, lors de l'épizootie d'IA HP de sous-type H5N8 de 2016-2018, de nombreux foyers avaient été signalés par ces pays, situés pour certains entre la zone des foyers actuels et la France. En conséquence, si la zone infectée s'étendait vers la France, l'alerte pourrait être donnée.

Depuis fin décembre 2019, des virus IA HP de sous-type H5N8, différents de ceux ayant circulé en Europe en 2016-2018, ont été identifiés en Europe de l'Est chez des oiseaux domestiques et sauvages.

Les souches virales analysées sont fortement apparentées entre elles et possèdent une constellation originale de segments génomiques, partiellement apparentés à des séquences virales identifiées en Afrique (ces dernières étant probablement d'origine eurasiennne). Cette parenté ne signifie pas pour autant que les virus responsables des récents foyers européens proviennent d'actuelles migrations ascendantes.

Actuellement, une dynamique d'infection à virus IA HP de sous-type H5N8, est observée en Europe de l'Est, du fait :

- des foyers domestiques apparus dans un court laps de temps, dont certains sont vraisemblablement liés à une contamination par l'avifaune sauvage, plusieurs étant des foyers secondaires ;
- et d'une dispersion géographique importante de ces cas et foyers dans sept pays européens, le plus proche de la France se situant à la frontière germano-polonaise.

3.3. Données relatives aux migrations d'oiseaux

Rappel : dans l'avis 2016-SA-0245, les experts avaient décrit les différentes périodes de migration des oiseaux (cf. Figure 3) en indiquant le risque IA HP associé.

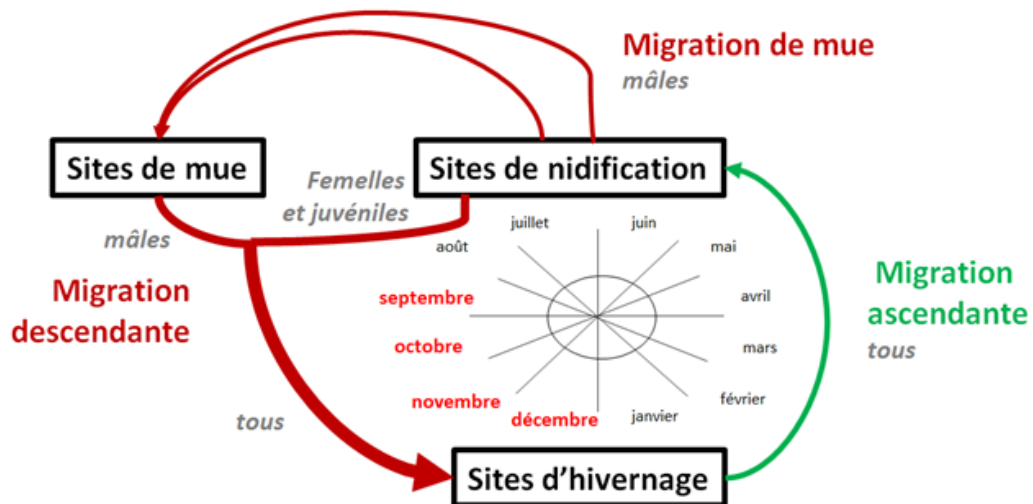


Figure 3 : Schéma du cycle migratoire des oiseaux migrateurs en Europe.

Les flèches rouges indiquent les déplacements d'oiseaux les plus à risque d'introduction de virus IA HP en France.

La flèche verte indique le déplacement d'oiseaux le moins à risque d'introduction de virus IA HP en France.

Les mois en rouge correspondent à la période temporelle que les experts estiment la plus à risque d'introduction et de diffusion des virus IA HP en France.

Plus une flèche est épaisse, plus le nombre d'individus compris dans ces mouvements est important.

Plusieurs flèches ont été utilisées pour les migrations de mue car les mâles quittent les sites de nidification à partir d'endroits différents pour se rejoindre sur des zones communes.

En fonction des espèces et du climat, la France peut se situer à chacune de ces étapes, bien qu'elle soit majoritairement un site d'hivernage, occasionnellement un site de mue et rarement un site de nidification.

Puis le Gecu avait découpé l'année en deux parties :

- « La période de fin août - année n à fin avril - année $n+1$, incluant la migration descendante (fin août à mi-décembre) et la migration remontante (mi-janvier à fin avril), l'ensemble de cette période étant considérée comme la « période de risque maximal ». Même si les probabilités d'infection sont différentes entre ces 2 mouvements migratoires (risque descendant >> risque remontant), la probabilité n'étant pas nulle d'avoir un cas d'IA HP en phase migratoire remontante, le Gecu avait opté pour simplifier le dispositif en englobant ces deux périodes.
- La période de début mai à fin août, période de nidification, considérée comme une période à risque très limité du fait des rares sites de nidification en France. »

Par ailleurs, les experts avaient souligné dans cet avis antérieur que des décanonnements d'oiseaux étaient possibles, souvent associés à des aléas climatiques. Dans de telles situations, les oiseaux peuvent parcourir plusieurs centaines de kilomètres sans nécessairement tenir compte des couloirs de migration.

Dans la situation actuelle, les experts notent que le cœur des migrations descendantes a eu lieu en novembre. Néanmoins, avec un hiver très doux, comme l'hiver 2019-2020, ces migrations ont pu se prolonger jusque fin décembre, certains oiseaux ne migrant pas du tout.

Le 29 janvier 2020, date de rédaction de la présente analyse du Gecu, correspond soit à la fin de la période d'hivernage, soit au tout début de la migration pré-nuptiale, donc des migrations ascendantes. A titre d'exemple, en France actuellement, les migrations des oies cendrées vers le nord-est de l'Europe ont tout juste débuté. Les flux migratoires ascendants vont s'intensifier dans les semaines à venir.

En outre, les prévisions météorologiques des semaines à venir² n'envisagent pas d'importantes vagues de froid. Par conséquent, le risque de décanonnement vers le sud-ouest de l'Europe qui pourrait en résulter est considéré comme très faible.

Par conséquent, au 29 janvier 2020, la France se situe dans un couloir actif de migration ascendante, mais en amont des zones infectées dans ce couloir. Les oiseaux migrateurs actuellement présents dans les pays infectés vont migrer vers le nord-est et s'éloigner de la France.

De plus, compte tenu des prévisions météorologiques actuelles, la probabilité d'apparition de phénomène de décanonnement est estimée très faible par les experts.

3.4. Réponses aux questions

Compte tenu des éléments d'expertise ci-dessus, et selon les critères de l'avis Anses 2016-SA-0245, i.e. :

- de la présence d'une dynamique d'infection en Europe de l'Est,
- dans une période de tout début de migration ascendante dans laquelle la France se situe en amont des foyers d'IA HP H5N8,
- en l'absence de prévision de vague de froid dans les semaines à venir,

les experts concluent, dans la situation actuelle, qu'il n'y a pas lieu d'élever le niveau de risque de négligeable à modéré, quelles que soient les zones considérées (humides, forte densité d'élevages plein air, reste du territoire). Ils soulignent néanmoins que l'apparition d'une vague de froid intense et prolongée dans les semaines à venir pourrait conduire à reconsidérer cette conclusion.

² <http://www.meteofrance.com/accueil/previsions-saisonnières> Météofrance envisage *a priori* une période plus chaude que la normale pour février mars et avril 2020. Consultation le 29/01/2020

Cependant, et notamment en raison de la faible expression clinique apparente de ce virus sur les **oiseaux sauvages**, les experts recommandent de :

- poursuivre la surveillance météorologique afin de détecter l'apparition d'une éventuelle vague de froid en Europe de l'Est,
- renforcer la surveillance de l'avifaune sauvage afin d'augmenter la sensibilité de détection du virus IA HP. Les espèces à cibler prioritairement seraient les anatidés (canards, oies...), les échassiers (limicoles, hérons, aigrettes...) et les rapaces. Ainsi, pour ces espèces, tout oiseau d'eau trouvé mort pourrait faire l'objet d'une recherche de virus IA.

En ce qui concerne **les élevages et basses-cours**, les experts recommandent:

- de poursuivre la sensibilisation des détenteurs de volailles (élevages et basses-cours) (i) à la surveillance clinique des animaux permettant une détection précoce, (ii) au respect des mesures de biosécurité, au sein des élevages et entre élevages,
- en raison des foyers secondaires observés dans les pays où le virus IA HP de sous-type H5N8 sévit actuellement, et du risque d'introduction du virus par le commerce, de maintenir une vigilance lors des échanges commerciaux internationaux de volailles (importation), et de respecter strictement les mesures de biosécurité en lien avec le transport des volailles, notamment la désinfection des camions et des caisses de transport.

4. CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS DE L'AGENCE

L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail endosse les réponses et recommandations apportées par le Gecu Influenza 2020 réuni en expertise d'urgence sur la question de la DGAL relative à l'évaluation de la pertinence de relever le niveau de risque IA HP de 'négligeable' à 'modéré' en France métropolitaine.

Dr Roger Genet

5. MOTS-CLES

Influenza aviaire, IA HP, avifaune sauvage, volailles, niveau de risque
Avian influenza, HPAI, wild birds, poultry, risk level

ANNEXE 1

Présentation des intervenants

PREAMBULE : Les experts membres de comités d'experts spécialisés, de groupes de travail ou désignés rapporteurs sont tous nommés à titre personnel, *intuitu personae*, et ne représentent pas leur organisme d'appartenance.

GRUPE D'EXPERTISE COLLECTIVE EN URGENCE

Présidente

Mme Barbara DUFOUR – Professeur, ENV Alfort (maladies contagieuses, épidémiologie générale, évaluation de risques qualitative)

Membres

M. Olivier DEHORTER – Ingénieur de recherches, Muséum National d'Histoire Naturelle (ornithologie, avifaune)

Mme Mariette DUCATEZ – Chargée de recherche, ENV Toulouse (virologie, épidémiologie moléculaire)

M. Matthieu GUILLEMAIN – Ingénieur, Office Français de la Biodiversité (unité avifaune migratrice)

Mme Sophie LE BOUQUIN – Responsable de l'unité Epidémiologie et Bien-être en Aviculture et Cuniculture, Anses Laboratoire de Ploufragan-Plouzané (épidémiologie, filière avicole, santé publique vétérinaire)

Mme Sophie LE PODER – Professeur, ENV Alfort (virologie)

M. Eric NIQUEUX – Responsable du Laboratoire National de Référence Influenza aviaire et maladie de Newcastle, Anses Laboratoire de Ploufragan-Plouzané (virus IA H5 HP et FP, virologie aviaire)

Mme Mathilde PAUL – Maître de conférences, ENV Toulouse (épidémiologie, gestion de la santé des élevages avicoles)

PARTICIPATION ANSES


Coordination scientifique

Mme Catherine COLLIGNON – Chef de projet scientifique – Unité Evaluation des risques liés à la Santé, à l'Alimentation et au Bien-être des animaux – Anses

Mme Charlotte DUNOYER – Chef de l'unité Evaluation des risques liés à la Santé, à l'Alimentation et au Bien-être des animaux – Anses

Mme Florence ETORE – Adjointe au chef de l'unité Evaluation des risques liés à la Santé, à l'Alimentation et au Bien-être des animaux – Anses

ANNEXE 2 : LETTRE DE SAISINE

ANSES Reçu le 22 JAN. 2020	2020-SA-0013 SDSPA - 2020-32-D
 RÉPUBLIQUE FRANÇAISE	
MINISTÈRE DE L'AGRICULTURE, DE L'AGROALIMENTAIRE ET DE LA FORÊT	
Direction Générale de l'Alimentation Service des actions sanitaires en production primaire Sous-direction de la santé et de la protection animales Bureau de la santé animale Adresse : 251, rue de Vaugirard 75 732 PARIS CEDEX 15 Dossier suivi par : Corettie MEDJO BYABOT Téléphone : 01 49 55 52 64 Réf. Interne :	Le Directeur Général de l'Alimentation au Directeur Général de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail Paris, le 22 JAN. 2020
Objet : Saisine en urgence sur l'ajustement du niveau de risque d'IAHP lié à la souche H5N8 en Europe de l'Est et en Allemagne.	
<p>Conformément aux articles L1313-1 et L1313-3 du Code de la Santé publique, j'ai l'honneur de solliciter l'avis de l'Anses en urgence sur la circulation d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N8 actuellement en Europe de l'Est (foyers domestiques et sauvages) et en Allemagne (faune sauvage).</p> <p>Un virus IAHP sévit de façon épizootique en Europe depuis fin décembre 2019. A la date du 21 janvier 2020, la Pologne, la Slovaquie, la Hongrie et la Roumanie connaissent des foyers dans les élevages. Toutes les filières sont touchées. Deux cas ont été rapportés dans la faune sauvage : un faucon en Pologne (7 janvier 2020) et une Foulque Macroule (<i>Fulica atra</i>) en Allemagne à proximité de la frontière avec la Pologne (19 janvier 2020).</p> <p>Il s'agit d'un virus distinct de celui qui circulait les années précédentes (et notamment en Bulgarie pour les séquences disponibles des virus de clade 2.3.4.4b caractérisés en fin d'année 2018). L'hypothèse d'une nouvelle introduction d'une souche de virus IA HP H5N8 en Europe est probable.</p> <p>Les données épidémiologiques sont régulièrement mises à jour sur le site de la VSI consultable à l'adresse : https://www.plateforme-esa.fr/bhvs</p> <p>La situation épidémiologique est suffisamment préoccupante en Europe de l'Est et dans la faune sauvage en Allemagne pour que le passage d'un niveau de risque négligeable à modéré soit envisagé par la DGAL.</p> <p>L'avis de l'Anses 2016-SA-0245, dans son tableau 1 p 11 présente les critères indicatifs du niveau de risque dans la période de risque maximale :</p>	
1	

Passage niveau de risque « négligeable » à « modéré »		
Période de l'année	Zone	Critères
Fin août année n à fin avril année n+1	Zones à risque particulier (zones humides)	Présence d'une dynamique d'infection aux virus IAHP dans la faune sauvage migratrice ou liée à la faune sauvage migratrice, située dans un couloir actif de migration et dans un pays dont une partie se trouve à moins de 1 000 km de la frontière française.
	Zones à forte densité d'élevages plein air	
	Reste du territoire	Présence d'une dynamique d'infection aux virus IAHP dans la faune sauvage migratrice ou liée à la faune sauvage migratrice, située dans un couloir actif de migration et dans un pays limitrophe de la France

Par ailleurs, sur la base de l'article 3 de l'arrêté du 16 mars 2016¹, le risque épizootique auquel sont exposés les volailles et autres oiseaux captifs en cas d'infection des oiseaux sauvages par un virus de l'IAHP est classé en trois catégories, négligeable, modéré et élevé, en fonction des critères suivants :

- le nombre de cas d'IAHP dans l'avifaune sauvage et leur répartition dans le temps et dans l'espace ;
- le regroupement des cas notamment à l'intérieur du territoire national et dans les couloirs migratoires des oiseaux sauvages arrivant ou transitant en France ;
- la distance du territoire national par rapport aux cas dans les pays voisins.

L'application des critères est rendue difficile dans la situation actuelle, en effet :

- **la période actuelle n'est pas une période de risque maximal**, car la période de migration descendante est terminée selon l'Office Français de la Biodiversité. Les critères mentionnés dans l'avis de l'Anses 2016-SA-0245 pour définir les couloirs de migration en fonction des périodes de l'année semblent donc différents ;
- à ce jour, il y a très peu de cas en faune sauvage, mais le cas en Allemagne est à moins de 700 km de la frontière française.

Dans ce contexte, et au regard de la situation épidémiologique, nous sollicitons en urgence l'avis de l'Anses pour évaluer si une élévation du niveau de risque actuel, de négligeable à modérée, est pertinente. La situation devra être examinée pour chacune des 3 situations : zones humides, zones à forte densité d'élevage plein air et reste du territoire.

Les recommandations devront également préciser si le niveau de risque doit être élevé pour l'ensemble du territoire ou pour les départements de certaines zones, en fonction des résultats de l'analyse.

L'évaluation de la situation dans les différentes zones devra prendre en compte les élevages commerciaux et le risque particulier lié aux basses-cours.

Compte tenu de l'urgence de faire évoluer rapidement, le cas échéant le niveau de risque, l'avis l'Agence est attendu le plus rapidement possible et au plus tard pour vendredi 24 janvier 2020.

Le Directeur général de l'alimentation

¹ Arrêté du 16 mars 2016 relatif aux niveaux du risque épizootique en raison de l'infection de l'avifaune par un virus de l'influenza aviaire hautement pathogène et aux dispositifs associés de surveillance et de prévention chez les volailles et autres oiseaux captifs