

IAHP H5N8 en Europe : deux virus, deux voies d'introduction en France en 2016

Veille sanitaire internationale (VSI) Plateforme ESA – France

Source : Efsa, LNR Anses

Le génome complet des virus influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N8 des deux premiers cas/foyers détectés en France a été obtenu par le LNR Anses pour l'influenza aviaire et la maladie de Newcastle.

Le premier virus correspond au premier cas détecté chez des canards appelants dans le Pas-de-Calais et déclaré le 28 novembre 2016. La composition génomique de ce virus est similaire aux virus détectés dans le Nord de l'Europe.

Le second virus correspond au premier foyer détecté dans le Sud-Ouest dans un élevage de canards et déclaré le 2 décembre 2016. La composition génomique de ce virus est similaire à un virus détecté en Croatie.

Ces premiers résultats suggèrent que l'IAHP H5N8 a été introduit en France par deux voies migratoires différentes. Ceci est en cohérence avec l'avis émis par l'Efsa concernant l'implication probable de deux routes migratoires pour la diffusion du virus IAHP H5N8 en Europe (<https://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/4687.pdf>). L'analyse du gène de l'hémagglutinine des virus H5N8 IAHP isolés actuellement en Europe révèle deux clusters très proches mais distincts, de l'Europe du Nord et centrale, suggérant que ces virus sont issus d'un ancêtre commun mais ayant atteint l'Europe par des voies migratoires différentes.