

Maisons-Alfort, le 10 juillet 2006

AVIS

de l'Agence française de sécurité sanitaire des aliments sur le rôle des espèces réceptives dans la circulation du virus *Influenza* H5N1 hautement pathogène et sur le risque qu'elles représentent pour l'homme ou les animaux

Rappel de la saisine

L'Agence française de sécurité sanitaire des aliments (Afssa) a été saisie le 18 avril 2006, conjointement par le Ministère de l'agriculture et de la pêche et le Ministère de la santé et des solidarités, d'une demande de revue des connaissances scientifiques sur la réceptivité de l'ensemble des espèces animales au virus *Influenza* H5N1 hautement pathogène (HP) et d'une demande d'évaluation du rôle des espèces réceptives dans la circulation de ce virus ainsi que du risque qu'elles représentent pour l'homme ou pour les animaux.

Le rapport du groupe de travail « *Influenza* aviaire » de 2002 sur le risque de transmission à l'homme des virus *Influenza* aviaries et l'avis du 03 mars 2006 sur l'évaluation du risque sanitaire représenté par les chats, en tant que vecteurs du virus *Influenza* aviaire H5N1 hautement pathogène d'origine asiatique, pour les autres espèces animales et pour les personnes en contact avec ces animaux, apportaient déjà des éléments sur la réceptivité de certaines espèces au virus *Influenza*.

Il a été demandé à l'Agence d'établir une revue des connaissances disponibles sur :

- la réceptivité de l'ensemble des espèces animales, spécifiquement vis-à-vis du virus *Influenza* H5N1 ;
- le rôle des espèces réceptives dans la circulation du virus et sur le risque qu'elles représentent pour l'homme ou les animaux.

Devraient notamment être examinés le cas des gibiers à poils chassés dans les zones placées sous arrêté préfectoral portant déclaration d'infection à la suite d'un cas chez des oiseaux domestiques ou sauvages et celui des animaux aquatiques issus d'eaux contaminées par les cadavres ou les fientes d'oiseaux infectés.

Cette revue devrait permettre :

- d'identifier les points sur lesquels nos connaissances doivent être approfondies ;
- de proposer les modalités de surveillance adaptées ;
- de proposer, au besoin, les thèmes de recherche sur lesquels des programmes devraient être lancés.

Avis du groupe d'expertise collective d'urgence « *Influenza* aviaire »

Le groupe d'expertise collective d'urgence « *Influenza* aviaire », réuni les 04 et 23 mai et les 15, 21 et 30 juin 2006, formule l'avis suivant :

« Contexte »

- *Il convient de rappeler que la plupart des virus *Influenza* aviaries circulent parmi les oiseaux sauvages sans provoquer ni maladie ni lésion. Ils sont qualifiés de faiblement pathogènes¹ (FP) puisque leur pouvoir pathogène intrinsèque est nul*

¹ virus *Influenza* de type A qui ne sont pas des virus responsables de l'*Influenza* aviaire hautement pathogène.

ou faible, y compris chez les oiseaux domestiques (sauf en cas d'association avec d'autres pathogènes). Ils peuvent être identifiés parmi la plupart des combinaisons d'hémagglutinines (H1 à H16) et de neuraminidases (N1 à N9) recensées chez les virus Influenza aviaires

- Les émergences régulières d'Influenza aviaire HP² à la surface du globe, jusqu'à présent limitées à la mutation de virus FP de sous-types H5 et/ou H7, font l'objet d'une surveillance sanitaire et d'un suivi virologique depuis plusieurs dizaines d'années. Pendant ces périodes, si des émergences ou des réémergences épizootiques ont été constatées, elles étaient toujours restées confinées à d'étroites limites géographiques (régions ou Etats). La panzootie actuelle chez les oiseaux est donc un évènement singulier qui ne peut se comparer ni aux épidémies récurrentes de grippe hivernale chez l'Homme (à H3N2 ou H1N1), ni aux autres épisodes épizootiques reconnus chez le cheval (H3N8) ou les oiseaux (IA HP H5N2 en Pennsylvanie en 1983-84 et au Mexique en 1994-95, H7N7 aux Pays Bas en 2003, H7N1 en Italie en 2000, H5N1 à HongKong en 1997).
- Depuis la fin 2003, une panzootie d'Influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) à virus Influenza A (VIA) H5N1 s'est propagée tout d'abord dans l'ensemble de l'Asie centrale et du Sud Est, puis au travers de la Sibérie, d'une part, vers l'Europe et le Moyen-Orient, d'autre part, vers l'Afrique. Les foyers animaux identifiés intéressent pour l'essentiel des oiseaux domestiques ou sauvages (migrateurs ou non). Parmi les mammifères non hominiens, l'infection par le virus H5N1 HP n'a pu être objectivée dans les conditions naturelles que chez un nombre très limité d'individus au sein de trois familles : félidés, viverridés et mustélidés (un furet).
- Les virus Influenza aviaires H5N1 **HP**, provoquant en général un taux de mortalité considérable, sont rapidement identifiés et tous les oiseaux des élevages correspondants et contacts sont aussitôt éliminés dans les pays où les services vétérinaires sont en mesure d'intervenir efficacement. Dans les autres pays, où les mesures mises en œuvre pour juguler un foyer ne sont pas appliquées avec la même rigueur, on peut se demander si une faible proportion d'oiseaux domestiques naturellement résistants (comme dans tout processus épizootique) ne peuvent continuer à échapper aux mesures d'abattage et jouer un rôle (comme porteurs sains) dans la dissémination de la maladie au travers des échanges commerciaux. Cette question, essentielle pour comprendre l'évolution de la situation dans certains pays d'Afrique ou d'Asie, n'a pas reçu de réponse scientifique à notre connaissance.

Questions posées

- La première concerne la réceptivité des différentes espèces animales au virus Influenza aviaire H5N1 HP responsable de la présente panzootie et leur rôle éventuel dans sa circulation. Seront successivement passés en revue les Oiseaux et les autres animaux.
- La deuxième concerne le risque que ces différentes espèces peuvent représenter pour l'homme ou les animaux. Elle fera l'objet d'un développement spécifique pour l'homme. Les autres aspects concernant les animaux seront traités dans la première question.
- La troisième concerne les études et recherches qu'il serait intéressant de promouvoir.

² Virus Influenza de type A avec un indice de pathogénicité intraveineux supérieur à 1,2 chez le poulet âgé de six semaines, ou bien entraînent une mortalité d'au moins 75 % chez les poulets âgés de 4 à 8 semaines infectés par voie intraveineuse, ou encore, lorsqu'ils appartiennent aux sous-types H5 et H7, ils présentent des séquences génomiques, codant pour de multiples acides aminés basiques sur le site de clivage de l'hémagglutinine similaires à celles observées pour d'autres virus IAHP.

Méthode d'expertise

L'expertise collective a été réalisée sur la base d'un projet d'avis qui a été présenté, discuté par le GECU « Influenza aviaire » réuni les 04 et 23 mai et les 15, 21, 28 et 30 juin 2006 et validé le 30 juin 2006.

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

- les avis antérieurs de l'Afssa sur l'Influenza aviaire (notamment les avis du 20 février 2006³, du 23 février 2006⁴, 3 mars 2006⁵, du 15 mars 2006⁶, du 15 mars 2006⁷, du 23 mars 2006⁸, du 12 mai 2006⁹, du 28 juin 2006 (2006-SA-163-167) ;
- la liste établie par le National Wildlife Health Center de l'US Geological Survey (http://www.nwhc.usgs.gov/disease_information/avian_influenza/affected_species_chart.jsp);
- les rapports de notification de l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) concernant les foyers d'influenza aviaire hautement pathogène confirmés au 28 juin 2006 ;
- les bulletins d'information de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) ;
- les dépêches Promed faisant état de foyers d'Influenza aviaire hautement pathogène non encore notifiés sur le site Internet de l'OIE (au 28 juin 2006).

Argumentaire

Dans le cadre général des VIA des oiseaux et des mammifères, seront exposées les notions de virologie permettant de comprendre l'émergence et l'évolution du virus H5N1 HP, puis la diversité zoologique représentée par l'ensemble des espèces chez lesquelles le virus a été identifié.

Ensuite, dans un cadre restreint au seul H5N1 HP d'origine asiatique, seront passés en revue :

- les oiseaux, classe qui joue un rôle majeur dans la circulation du virus,
- les autres animaux, dont les animaux aquatiques.

De ce bilan seront déduites des priorités en matière d'études et de recherche, en cohérence avec les recommandations faites par l'Afssa dans ses avis précédents. D'autres

³ Avis 2006-SA-0053 « pigeons » sur l'évaluation du risque sanitaire relatif au virus Influenza aviaire Hautement Pathogène lié aux rassemblements d'oiseaux domestiques ou d'ornement et aux lâchers de pigeons voyageurs ainsi qu'à l'identification des mesures sanitaires appropriées.

⁴ Avis 2005-SA-0258 « denrées » relatif à l'évaluation du risque de transmission des virus Influenza aviaries de sous-types H5 ou H7 hautement pathogènes, à l'homme, lors de l'ingestion de denrées animales ou de denrées alimentaires d'origine animale issues de volailles ou de gibier à plume.

⁵ Avis 2006-SA-0074 sur l'évaluation du risque sanitaire représenté par les chats, en tant que vecteurs du virus Influenza aviaire H5N1 hautement pathogène d'origine asiatique, pour les autres espèces animales et pour les personnes en contact avec les chats.

⁶ Avis 2006-SA-0095 sur le risque éventuel présenté par le projet de transfert de cinq ours en provenance de Slovénie au regard de l'Influenza aviaire.

⁷ Avis 2005-SA-0332 sur l'évaluation qualitative du risque sanitaire pour l'homme lié à la présence dans l'eau destinée à la consommation humaine et dans divers effluents aqueux de virus Influenza hautement pathogène, dans le cas d'une épizootie ou dans le cas d'une épidémie humaine.

⁸ Avis 2006-SA-0087 sur la réévaluation du risque lié à l'Influenza aviaire H5N1 hautement pathogène d'origine asiatique pour les élevages de gibier, sur des mesures complémentaires de protection pour ces élevages et sur l'évaluation des risques sanitaires éventuels liés aux lâchers d'oiseaux issus de ces élevages

⁹ Avis 2006-SA-0138 « pigeons » sur la réévaluation des risques relatifs au virus Influenza aviaire hautement pathogène H5N1 liés aux lâchers de pigeons voyageurs.

sujets intéressants mais non prioritaires seront indiqués dans la mesure où ils correspondent à des questionnements d'actualité.

1 - Cadre général : Influenzavirus des oiseaux et des mammifères

1.1. Virologie

- Comme tous les virus influenza de type A, les virus H5N1 HP possèdent un génome constitué de huit segments d'ARN, chacun porteur d'au moins 1 gène codant les protéines virales.

Tous les virus H5N1 HP mis en évidence jusqu'ici dans le cadre de l'actuelle panzootie aviaire, qu'ils proviennent d'oiseaux ou de différentes espèces de mammifères (l'homme inclus), possèdent des gènes appartenant tous à la lignée aviaire. Néanmoins, depuis le premier virus H5N1 aviaire détecté en 1996 en Chine du Sud [souche virale précurseur A/goose/Guangdong/1/96 (Gs/Gd)] jusqu'aux virus actuels, des évolutions continues et discontinues de leurs gènes se sont produites. Celles-ci font intervenir deux mécanismes bien connus chez les virus Influenza : les mutations (ponctuelles ou non : en moyenne une tous les 10⁴ nucléotides) et le réassortiment (lié à la nature segmentée de l'ARN) susceptible de se produire dès lors que deux virus différents co-infectent la même cellule.

Ainsi, les segments (gènes) HA et NA dérivés de Gs/Gd ont continué à évoluer du fait des mutations tandis que les autres segments (gènes codant le complexe de la polymérase virale, la protéine de matrice, la nucléoprotéine etc.) ont été maintes fois remaniés du fait des réassortiments avec d'autres souches virales (pas nécessairement H5N1 et pas toujours identifiées). Ce mécanisme a conduit à l'apparition d'une grande diversité de génotypes (dénommés par des lettres de l'alphabet) au cours du temps. Cette diversité semble avoir été maximale entre 2000 et 2002, pour se restreindre, à partir de 2003, à des génotypes dominants Z, Z+ et V, ce qui n'exclu(ai)t pas la persistance en parallèle de certains des génotypes antérieurs.

A titre d'exemple, le génotype V a été dominant au Japon depuis fin 2003 tandis que le génotype Z est devenu dominant au Sud de la Chine, en Indonésie, Thaïlande et au Vietnam ; le génotype C, présent chez les oiseaux sauvages au lac Qinghai, semble s'être répandu plus à l'Ouest au cours du 2^{ème} semestre 2005 en Mongolie et en Russie. A ce jour, les données de génotypage des virus détectés en Turquie, Europe et Afrique ne sont pas disponibles.

- Les évolutions précédemment évoquées vont se poursuivre en raison de la situation enzootique dans un certain nombre de pays ; cependant, aucune prédiction n'est possible compte tenu du caractère imprévisible des futures mutations et réassortiments. Cette donnée qui peut paraître inquiétante doit être nuancée par le fait que les réassortiments et mutations divers aboutissent rarement à des virus émergents viables (ou se multipliant de manière efficace) chez leur hôte. En effet, à chacune des étapes du cycle viral (depuis la phase d'attachement à la cellule jusqu'à la libération éventuelle de virus néoformés), des restrictions peuvent apparaître contribuant à limiter la multiplication et la transmission au sein d'une même espèce ou entre espèces.
- Par contre, une évolution progressive des virus est possible avec une « humanisation » de virus aviaires. Ce phénomène, plus lent, s'est probablement produit pour le virus de la pandémie de 1918. Il fait également l'objet, dans le cadre de l'actuelle panzootie, d'une surveillance. Ainsi, des marqueurs d'adaptation (constitués par des codons différents à des positions déterminées de la séquence, entre virus « humanisés » et virus aviaires) ont été déjà identifiés, mais leur impact en terme de virulence, tropisme, transmission etc. reste encore très peu connu et très difficile à apprécier en ce qui concerne l'émergence d'une épidémie.

1.2. Biodiversité

- *A ce jour, les seules espèces animales chez lesquelles des souches de virus appartenant au genre Influenzavirus ont été isolées appartiennent à la classe des oiseaux et à celle des mammifères. Il s'agit également des deux seuls groupes zoologiques chez lesquels des inoculations expérimentales se sont traduites par des infections. Il semble que la liste des espèces animales concernées par l'ensemble des types, sous-types et souches d'Influenzavirus appartiennent à ces seules deux classes. Les autres vertébrés et les invertébrés n'ont jamais été reconnus comme réceptifs à un virus Influenza aviaire. Pour ces dernières espèces, le portage passif (cf. avis du 03 mars 2006¹⁰) ne peut être exclu, dans les mêmes conditions que pour tout support physique pouvant être contaminé par les excréments ou sécrétions issues d'oiseaux contaminés excréteurs (porteurs sains, en incubation ou malades).*
- *Oiseaux et mammifères constituent un ensemble de respectivement près de 10 000 espèces et d'un peu plus de 5 000 espèces de vertébrés présentant une température corporelle constante, à de rares exceptions près. La température interne des oiseaux est supérieure en moyenne de 3 à 5°C à celle des mammifères. Dans les deux classes, les espèces se répartissent par ordres, puis familles, genres et enfin espèces. Des espèces du même genre partagent plus de points communs entre elles qu'avec des espèces d'un genre différent. Le même raisonnement peut être appliqué pour des espèces d'une même famille ou d'un même ordre. La réceptivité et la sensibilité aux agents pathogènes, dont les virus font partie, représentent un des points communs éventuels rapprochant, ou non, des espèces animales. En effet, certains récepteurs cellulaires peuvent présenter des caractères assez spécifiques, tant au niveau de l'hôte qu'au niveau du virus. C'est pour cela que l'identification précise des espèces chez lesquelles des souches sont isolées est essentielle pour une bonne compréhension de l'histoire naturelle des Influenzavirus. Dans ce contexte, la liste des espèces animales, oiseaux et mammifères, chez lesquelles des souches H5N1 HP de type asiatique ont été isolées doit se lire avec prudence et discernement. Il faut tout d'abord signaler la réelle diversité zoologique de ces espèces sans qu'il soit possible de la lier directement à une facilité d'adaptation élargie de ces souches ou à une meilleure surveillance globale, ou aux deux. Il faut, de même, souligner que le seul isolement sur un animal mort d'une espèce donnée ne peut, à lui seul, permettre de conclure sur la sensibilité de l'espèce (qui ne peut être appréciée qu'expérimentalement) ou sur son rôle épidémiologique (hôte réservoir, ou hôte incident : cul-de-sac épidémiologique, hôte messenger).*

2 - Les oiseaux

2.1 Les espèces d'oiseaux chez lesquelles le virus Influenza aviaire H5N1 HP de type asiatique a été identifié

- *Les oiseaux représentent le groupe zoologique chez lequel la plus grande diversité de souches de virus Influenza A a été décrite. Certaines espèces, qui peuvent être regroupées au sein de quelques ordres, jouent un rôle vraiment particulier dans le cycle des virus Influenza aviaires en représentant leur véritable réservoir universel. Les oies, canards et cygnes (ordre des ansériformes) sont des espèces importantes dans la circulation des virus Influenza aviaires. Le fait qu'il s'agisse d'oiseaux d'eau n'est sans doute pas sans importance car leur biotope partagé favorise la transmission virale entre oiseaux réceptifs. C'est pour cela aussi que des espèces d'autres ordres zoologiques mais partageant les mêmes habitats que les anatidés peuvent se trouver exposées et infectées par le même virus. Cela n'en fait pas automatiquement des réservoirs.*

¹⁰ Avis 2006-SA-0074 sur l'évaluation du risque sanitaire représenté par les chats, en tant que vecteurs du virus Influenza aviaire H5N1 hautement pathogène d'origine asiatique, pour les autres espèces animales et pour les personnes en contact avec les chats.

- On peut encore rappeler que quatre espèces d'anatidés ont été domestiquées : le canard colvert, le canard de Barbarie, l'oie cendrée et l'oie cygnoïde. On trouve donc ces quatre espèces sous leurs nombreuses formes domestiques, y compris des hybrides, dans les élevages et les fermes du monde entier. De nombreux autres anatidés sont utilisés comme oiseaux d'ornement dans des parcs publics ou dans des collections privées. Les plans d'eau de nombreuses villes ou régions urbaines hébergent des anatidés sauvages libres associés à des oiseaux d'ornement. L'origine des oiseaux échantillonnés est donc à analyser selon ce type de source.
- De très nombreuses espèces d'oiseaux appartenant à treize ordres sont listées dans la base de données de l'USGS (annexe I) recensant celles chez lesquelles le virus Influenza aviaire H5N1 HP a été identifié.

2.2. Rôle des oiseaux dans la circulation des virus Influenza aviaries

- Pour tenter de comprendre le rôle de ces oiseaux, il faut tout d'abord rappeler la petite taille des effectifs échantillonnés et analysés. Pour chaque cas positif, il faudrait connaître le nombre d'animaux de la même espèce présents localement, le nombre d'oiseaux apparemment malades et le nombre d'animaux prélevés. La classe d'âge des animaux examinés (juvéniles ou adultes par exemple) serait aussi un paramètre essentiel pour interpréter ces résultats. En l'absence de ces données, il est juste possible de dire que tant d'oiseaux de telles espèces ont été trouvés avec du virus (souche isolée), des traces de virus (test PCR) ou des anticorps (sérologie).
- Si l'oiseau a été trouvé mort, le lien entre le virus et la mort de l'individu n'est pas toujours facile à établir. De la même façon, il faut comprendre que des oiseaux fréquentant le même milieu que les anatidés peuvent se trouver plus souvent identifiés comme infectés par le virus H5N1 HP que d'autres, mais seulement en tant que révélateurs et pas nécessairement en tant qu'acteurs épidémiologiques. Les laridés (ordre des charadriiformes) ou les podicipédidés (ordre des podicipédiformes), c'est-à-dire mouettes et goélands d'un côté, grèbes de l'autre, peuvent fréquenter les mêmes plans d'eau que les anatidés et s'en trouver contaminés sans jouer de rôle particulier dans le cycle épidémiologique des virus.
- Il faut interpréter avec beaucoup de prudence l'ensemble de ces résultats, d'autant plus que la pression d'infection pour une même espèce peut être très différente d'une période de l'année à l'autre en fonction de sa situation géographique et donc de la situation épidémiologique de l'Influenza aviaire HP à H5N1 dans la région.
- La plupart des identifications de virus influenza aviaire H5N1 HP ont été faites sur des animaux morts. Un petit nombre d'espèces, dont près de la moitié ont été identifiées par la mission de l'OIE en Russie¹¹, ont été repérées porteuses vivantes du virus de sous-type H5¹² (après tirs), le plus souvent dans des zones infectées. Ces identifications virales mériteraient d'être associées à la mention plus systématique du statut (porteur sain, sensibilité à la maladie) des oiseaux afin de préciser leur éventuel rôle épidémiologique comme espèce réservoir (hôte-réservoir) ou disséminatrice (hôte-messager).
- Si la sensibilité des espèces d'oiseaux domestiques (poules, poulets, dindes et canards) est reconnue, ainsi que leur rôle en cas de foyer domestique non contrôlé (voir l'évolution récente de la situation en Roumanie), le rôle des espèces sauvages dans l'extension intra et intercontinentale de la panzootie reste encore difficile à apprécier, comme vient de le montrer la conférence OIE/FAO tenue à Rome les 30 et 31 mai 2006. Il est probablement différent selon les continents. En Europe, les quelques foyers recensés chez les oiseaux domestiques ont toujours été associés à la présence du virus dans la faune sauvage sans que l'on puisse déterminer le rôle précis de telle ou telle espèce.

¹¹ Mission to Russia to assess the avian influenza situation in Wildlife and the national measures being taken to minimize the risk of international spread, OIE, octobre 2005.

¹² Pour une partie des prélèvements, il n'y a pas eu d'analyse déterminant le sous type N et la pathogénicité.

3 - Les espèces animales autres que les oiseaux

3.1. Mammifères

Ces espèces ont été listées par le national Wildlife health center de l'USA geological survey (USGS) à partir des informations collectées dans les rapports de l'OIE, les informations diffusées par Internet (Promed, FAO) et les publications scientifiques disponibles. Le tableau de l'annexe II reprend les informations disponibles sur le site de l'USGS au 26 mai 2006.

Il faut bien mettre à part les contaminations expérimentales en les séparant clairement des contaminations naturelles ou dites naturelles. On peut remarquer que des mammifères sensibles à d'autres virus Influenza aviaires (cf. contexte supra) comme le cheval, le chien ou des mammifères marins (ordre des pinnipèdes et des cétacés) n'ont pas été reconnus réceptifs au virus Influenza aviaire H5N1 HP de type asiatique.

- Parmi les mammifères infectés par le virus Influenza aviaire H5N1 HP dans des conditions non expérimentales, on note la réceptivité de certains félinés (chat, léopard, tigre), d'un viverridé (civette palmiste d'Owston) et d'un mustélide (fouine). Le cas, unique, de l'infection d'une fouine en Allemagne est à rapprocher du rôle du furet (mustélidés tous les deux) comme modèle animal au laboratoire. Les autres cas sont expérimentaux. Dans l'état actuel des connaissances et au vu des contextes de ces contaminations tels qu'ils ont été publiés, l'importance de ces espèces dans le cycle des souches virales H5N1 HP semble négligeable. Les effectifs concernés sont trop faibles pour être significatifs et les contextes sont trop particuliers pour être généralisables.
- Des données expérimentales obtenues sur le porc permettent d'expliquer un taux d'infection très limité dans les conditions naturelles dans un environnement où l'épizootie aviaire était en plein développement. En effet, l'espèce peut être infectée expérimentalement par des virus Influenza aviaires H5N1 HP d'origine asiatique issus d'êtres humains et bien que le virus ait été excrété par voie nasale par des porcs inoculés, les porcs contacts n'ont pas été infectés. Par ailleurs, des enquêtes sérologiques conduites sur des porcs au Vietnam (au pic de l'enzootie aviaire) ont montré un taux de prévalence sérologique extrêmement faible (0.25%, soit 8 positifs sur 3175 porcs testés). Ces observations induisent néanmoins un questionnement quant aux possibilités d'infection naturelle de cette espèce (aussi bien chez le porc que chez le sanglier), en particulier dans les zones réglementées autour des foyers apparus chez les oiseaux domestiques ou sauvages.
- Les petits gibiers à poils (lapin de garenne, lièvre) n'ont pas fait l'objet d'investigation spécifique. Le lapin (domestique) blanc de Nouvelle Zélande a été expérimentalement éprouvé et n'est pas réceptif à l'infection. En l'absence d'observation spécifique (négative ou positive), dans les conditions naturelles, le rôle épidémiologique du petit gibier à poils est difficilement appréciable mais, au regard des données disponibles, paraît extrêmement limité, sinon nul.
- Enfin, bien qu'il ait été annoncé¹³ qu'une enquête de séroprévalence avait mis en évidence l'infection de chiens par le virus Influenza aviaire H5N1, aucune publication scientifique n'est venue, depuis lors, conforter cette information.

3.2. Animaux aquatiques

Le rôle des animaux aquatiques (vertébrés poïkilothermes – poissons, reptiles – invertébrés) issus d'eaux contaminées par les cadavres ou fientes d'oiseaux ne peut être scientifiquement apprécié, compte-tenu de l'absence de données expérimentales disponibles. Les connaissances générales d'ordre physiologique, virologique et

¹³ Butler D. (2006). Thai dogs carry bird-flu virus, but will they spread it? *Nature* 439, 773.

épidémiologique ne permettent pas d'envisager, en l'état actuel des informations disponibles, une interaction significative entre un virus Influenza aviaire et ces animaux.

4 - Appréciation du risque pour la santé humaine et de son évolution

En l'état actuel de la situation de la panzootie et du virus H5N1, le risque pour la santé humaine est lié au contact étroit, dans des conditions d'hygiène très médiocres, de l'homme avec des oiseaux malades. Il convient par ailleurs de souligner que jusqu'à présent aucun cas humain n'a été rétrospectivement lié à l'exposition à des animaux appartenant à d'autres classes que celle des Oiseaux.

Depuis le premier cas d'infection humaine par le virus H5N1, le nombre de cas constatés chez l'homme reste extrêmement limité (228 cas recensés par l'OMS au 20 juin 2006) depuis près de trois ans, pour une population exposée probablement supérieure à plusieurs centaines de millions. Le taux de létalité (nombre de morts sur nombre de malades) est très élevé (plus de cinquante pour cent : 130 décès sur 228) sans pouvoir être expliqué par des caractéristiques originales du virus H5N1 associé. L'évolution de ce risque ne peut être prévue en l'état actuel des connaissances. Elle sera très probablement liée à l'évolution du virus et de ses caractéristiques moléculaires.

5 - Etudes et recherches nécessaires (en matière de surveillance épidémiologique et de physiopathologie)

5.1. Priorités en matière de connaissance de l'épidémiologie du virus H5N1 HP

Afin de compléter les données disponibles, notamment celles diffusées au cours de la dernière conférence organisée sur ce sujet par la FAO et l'OIE, et d'améliorer la compréhension de l'épidémiologie de l'Influenza aviaire HP à H5N1 d'origine asiatique en Europe et en France (en particulier le rôle des anatidés) il faudrait mettre en œuvre un programme de recherche permettant, pour un certain nombre d'espèces d'anatidés sauvages présentes en France et dans les pays limitrophes, de préciser (i) leur sensibilité et/ou leur réceptivité, (ii) leur capacité à pérenniser l'infection dans des biotopes particuliers (possibilité de portage sain ou de longue incubation) (iii) les possibilités et les limites des systèmes de surveillance actuels et futurs (cf. cas hongrois du 09/06/2006).

En outre, les programmes de recherche concernant l'épidémiologie moléculaire du virus H5N1 HP d'origine asiatique, notamment l'étude des géotypes et les conséquences au point de vue de la transmission entre espèces devraient être encouragés.

Par ailleurs, la connaissance des mouvements et des flux d'individus des espèces « cibles » (anatidés notamment) mériterait d'être mieux appréhendée, à des échelles spatiales et temporelles plus fines qu'elles ne le sont actuellement.

5.2. Priorités concernant les programmes d'épidémiosurveillance

- Comme recommandé dans l'avis de l'Afssa du 28 juin 2006 (2006-SA-163-167), il est important de maintenir à moyen terme une surveillance passive de l'avifaune sauvage, en particulier la détection intensive des mortalités d'oiseaux sauvages sur l'ensemble du territoire national.
- Compte-tenu des limites actuelles de la surveillance active, la coordination des différentes actions devrait être renforcée.
- Le recours à des oiseaux sentinelles, composante essentielle de cette surveillance active, ne devrait pas être freiné par des contraintes réglementaires pénalisantes (déclaration d'un foyer domestique en cas d'infection d'oiseaux d'élevage utilisés comme sentinelles).
- Les résultats des programmes de surveillance déjà mis en place devraient permettre d'affiner progressivement le choix des paramètres des protocoles de surveillance active.

5.3. Autres thématiques pouvant être développées :

- *Compte-tenu d'un certain nombre d'interrogations, et bien que le risque de contamination humaine par cette voie puisse actuellement être qualifié de nul à négligeable, la mise au point et la validation de protocoles permettant la détection du virus H5N1 dans l'eau pourrait constituer un axe de recherche à développer.*
- *En raison du questionnement induit par sa proximité zoologique avec le porc domestique, il pourrait être proposé de mettre en œuvre, en zone réglementée suite à l'apparition de plusieurs cas d'infection dans l'avifaune sauvage associés ou non à un foyer domestique, une surveillance sérologique au regard du virus H5N1 HP du sanglier, espèce qui fait en outre déjà l'objet d'une surveillance sérologique concernant d'autres agents pathogènes.*
- *Par ailleurs, compte-tenu de l'évolution particulière de l'Influenza aviaire HP à H5N1 à l'intérieur du territoire de l'Union européenne, qui peut être caractérisé par :*
 - *La concentration des foyers en avifaune sauvage dans un nombre limité de biotopes, avec atteinte de quelques espèces d'anatidés non migratrices mais soumises en hiver à des déplacements nord-est/sud ouest essentiellement conditionnés par l'intensité du froid ;*
 - *L'évolution d'un nombre très limité de foyers dans des élevages d'oiseaux domestiques à proximité immédiate ou à l'intérieur de ces biotopes,*

Il paraît utile, en s'appuyant sur ces constatations et les résultats des recherches précédentes, d'entreprendre des recherches qui permettraient (i) de mieux définir les zones à risque, de comprendre l'originalité de la situation de l'Union européenne, (ii) de mieux définir les périodes à risque élevé d'apparition de foyers dans l'avifaune sauvage et domestique, afin d'améliorer les méthodes et systèmes de protection des élevages d'oiseaux domestiques grâce à une meilleure compréhension de la circulation du virus.

Conclusions et recommandations

La revue des connaissances disponibles sur la réceptivité de l'ensemble des espèces animales au virus H5N1 HP d'origine asiatique conforte l'importance du rôle des oiseaux domestiques et sauvages.

Chez les oiseaux sauvages, le virus H5N1 HP a été identifié :

- *de façon très sporadique chez des espèces non aquatiques, parmi lesquelles figurent des espèces prédatrices nécrophages (buse, faucon), ainsi que des passereaux et des colombidés. Bien que réceptives, ces espèces ne semblent pas pouvoir jouer un rôle de réservoir ;*
- *de façon récurrente chez des espèces aquatiques appartenant pour la plupart à la famille des anatidés.*

*Bien que le rôle des anatidés dans la circulation du virus soit établi, en l'état actuel des connaissances il n'est pas possible d'identifier précisément les espèces réservoir ni de connaître le statut exact (réservoir ou sentinelle) de certaines espèces, telles que le cygne tuberculé (*C. olor*) qui représente la majorité des cas d'infection par le virus H5N1 HP identifiés chez les oiseaux sauvages en France et en Europe à ce jour.*

Ce sont essentiellement des oiseaux domestiques malades excréteurs qui ont été à l'origine de la plupart des contaminations humaines.

Bien que certaines espèces aient pu être infectées dans des conditions naturelles ou expérimentales, les mammifères ne semblent pas participer à la circulation du virus (leur rôle est donc celui d'un cul-de-sac épidémiologique) et ils représentent un risque de

contamination humaine négligeable. Toutefois le caractère imprévisible des évolutions possibles du virus H5N1 incite à une grande prudence.

Les incertitudes concernant l'épidémiologie du virus H5N1 HP ainsi que les difficultés rencontrées dans la mise en place de programmes d'épidémiologie des oiseaux sauvages permettent de proposer un certain nombre de thèmes d'études et de recherche qui ont été évoqués ci-dessus.

Principales références bibliographiques

Brown C. (2006) Virchow's reminder, *Am J Pathol* **168**(1) : 6-8.

Butler D. (2006) Thai dogs carry bird-flu virus, but will they spread it?, *Nature* **439**: 773.

Chen H., Smith G.J., Li K.S., Wang J., Fan X.H., Rayner J.M., Vijaykrishna D., Zhang J.X., Zhang L.J., Guo C.T., Cheung C.L., Xu K.M., Duan L., Huang K., Qin K., Leung Y.H., Wu W.L., Lu H.R., Chen Y., Xia N.S., Naipospos T.S., Yuen K.Y., Hassan S.S., Bahri S., Nguyen T.D., Webster R.G., Peiris J.S., Guan Y (2006a) Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: Implications for pandemic control. *Proc Natl Acad Sci U S A* **103**(8):2845-2850.

Chen H., Li Y., Li Z., Shi J., Shinya K., Deng G., Qi Q., Tian G., Fan S., Zhao H., Sun Y., Kawaoka Y. (2006b) Properties and dissemination of H5N1 viruses isolated during an influenza outbreak in migratory waterfowl in western China. *J Virol* **80**: 5976-5983.

Chen H., Deng G., Li Z., Tian G., Li Y., Jiao P., Zhang L., Liu Z., Webster R.G., and Yu K., (2004) The evolution of H5N1 influenza viruses in ducks in southern China. *Proc Natl Acad Sci* **101**(28): 10452–10457.

Choi Y.K., Dzung Nguyen T., Ozaki H., Webby R.J., Puthavathana P. and others (2004) Studies of H5N1 Influenza virus infection of pigs by using viruses isolated in Vietnam and Thailand in 2004, *J Virol* **79** (16): 10821-10824.

Ellis T.M., Bousfield R.B., Bisset L.A., Dyrting K.C., Luk G., Tsim S.T., Sturm-Ramirez K., Webster R.G., Guan Y., and Peiris J.S. (2004) *Avian Pathology* **33**(5): 492-505.

Gambaryan A., Tuzikov A., Pazynina G., Bovin N., Balish A., Klimov A. (2006) Evolution of the receptor binding phenotype of influenza A (H5) viruses. *Virology* **344** :432-8.

Govorkova E.A., Rehg J.E., Kraus S., Yen H., Guan Y., Peiris M., Nguyen T.D., Hanh T.H., Puthavathana P., Long H.T., Buranathai C., Lim W., Webster R.G. and Hoffman E. (2004) Lethality to ferrets of H5N1 influenza viruses isolated from humans and poultry in 2004: *J Virol* **79**(4): 2191-2198.

Guan Y., Peiris M., Kong K.F., Dyrting K.C., Ellis T.M., Sit T., Zhang L.J., and Shortridge K.F. (2001) H5N1 influenza viruses isolated from geese in Southeastern China: Evidence for genetic reassortment and interspecies transmission to ducks: *Virology* **292**: 16-23.

Guan Y., Poon L.L., Cheung C.Y., Ellis T.M., Lim W., Lipatov A.S., Chan K.H., Sturm-Ramirez K.M., Cheung C.L., Leung Y.H., Yuen K.Y., Webster R.G., Peiris J.S. (2004) H5N1 influenza: a protean pandemic threat. *Proc Natl Acad Sci* **101**:8156-61.

Ha Y., Stevens D.J., Skehel J.J., Wiley D.C. (2001) X-ray structures of H5 avian and H9 swine influenza virus hemagglutinins bound to avian and human receptor analogs. *Proc Natl Acad Sci* **98**(20):11181-6.

Hatta M., Y. Maeda, K. Shinya, S. Watanabe, J.H. Kim and Y. Kawaoka. (2006) The role of amino acid at position 627 of PB2 of H5N1 influenza viruses in efficient growth in cells and in animals. Abstracts 6th International symposium on avian influenza, St John's College Cambridge, UK 3-6 April 2006, p21.

Hatta M., Gao P., Halfmann P., Kawaoka Y. (2001) Molecular basis for high virulence of Hong Kong H5N1 influenza A viruses. *Science* **293**:1840-2.

Keawcharoen J., Oraveerakul K., Kuiken T., Fouchier R., Amonsin A., Payungporn S., Noppornpanth S., Wattanodorn S., Theamboonlers A., Tantilertcharoen R., Pattanarangsarn R., Arya N., Ratanakorn P., Osterhaus A., and Poovorawan Y. (2004) Avian influenza H5N1 in tigers and leopards *Emerg Infect Dis* **10**:2189–91.

Kuiken T., Rimmelzwaan G.F., Van Amerongen G., and Osterhaus A. (2003) Pathology of human influenza A (H5N1) virus infection in cynomolgus macaques (*Macaca fascicularis*): *Vet Pathol* **40**: 304-310.

Kuiken T., Rimmelzwaan G., van Riel D., van Amerongen G., Baars M., Fouchier R., and Osterhaus A. (2004) Avian H5N1 influenza in cats. *Science* **306** (5694): 241.

Kuiken T., Holmes E.C., Mc Cauley J., Rimmelzwaan G.F., Williams C.S and Grenfell B.T. (2006) Host Species Barriers to Influenza Virus Infections. *Science* **312**(5772): 394-397.

Li KS., Guan Y., Wang J., Smith GJ., Xu KM, Duan L., Rahardjo AP, Puthavathana P., Buranathai C., Nguyen TD., Estoepangestie AT., Chaisingh A., Auewarakul P., Long HT., Hanh NT., Webby RJ., Poon LL, Chen H., Shortridge KF., Yuen KY., Webster RG., Peiris J S. (2004) Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature* **430**:209-13.

Liu J., Xiao H., Lei F., Zhu Q., Qin K., Zhang X., Zhang X., Zhao D., Wang G., Feng Y., Ma J., Liu W., Wang J., and Gao F. (2005) Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds. *Science* **309** (5738): 1206.

Maines T.R., Hua Lu H., Erb S.M., Edwards L., Guarner J. and al. (2005) Avian Influenza viruses isolated from humans in Asia in 2004 exhibit increased virulence in mammals. *J Virol* **79** (18): 11788-11800.

Mase M., Tsukamoto K., Imada T., Imai K., Tanimur N., Nakamura K., Yamamoto Y., Hitomi T., Kira T., Nakai T., Kiso M., Horimoto T., Kawaoka Y., and Yamaguchi S. (2005) Characterization of H5N1 influenza A viruses isolated during the 2003-2004 influenza outbreaks in Japan: *Virology* **332**: 167-176.

Peiris J.S.M., Guan Y., Ghose P., Markwell D., Krauss S., Webster R.G., Shortridge K.F. (2001) Cocirculation of avian H9N2 and contemporary “human” H3N2 influenza A viruses in pigs in southeastern China: potential for genetic reassortment. *J Virol*, **75**: 9679-9686.

Perkins L.E. and Swayne D.E. (2001) Pathobiology of A/Chicken/Hong Kong/220/97 (H5N1) avian Influenza virus in seven gallinaceous species. *Vet Pathol* **38**:149-164.

Perkins L.E. and Swayne D.E. (2002) Pathogenicity of a Hong Kong origin H5N1 highly pathogenic avian influenza virus for emus, geese, ducks and pigeons. *Avian Diseases* **46**:53-63.

Perkins L.E. and Swayne D.E. (2003) Comparative susceptibility of selected avian and mammalian species to Hong Kong-origin H5N1 high-pathogenicity avian influenza virus. *Avian Diseases* **47**:956-967.

Puthavathana P., Auewarakul P., Charoenying PC., Sangsiriwut K., Pooruk P., Boonnak K., Khanyok R., Thawachsupa P., Kijphati R., Sawanpanyalert P. (2005) Molecular characterization of the complete genome of human influenza H5N1 virus isolates from Thailand. *J Gen Virol* **86**:423-33.

Report of the Highly Pathogenic Avian Influenza Infection Route Elucidation Team, Food Safety and Consumer Bureau, Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries. Tokyo, Japan. June 30, 2004.

Rimmelzwaan G.F., van Riel D., Baars M., Bestebroer T.M., van Amerongen G., Fouchier R.A.M., Osterhaus A., Kuiken T. (2006) Influenza A virus (H5N1) infection in cats causes systemic disease with potential novel routes of virus spread within and between hosts. *Am. J Pathol* **168** : 176-183.

Saergeman C., Meulemans G., Van Reeth K., Marlier D., Yane F., Vindevogel H., Brochier B., van den Berg T., Thiry E. (2004) Evaluation, contrôle et prévention du risque de transmission du virus aviaire à l'homme, *Ann Méd Vét* **148** : 65-77.

Shinya K., Ebina M., Yamada S., Ono M., Kasai N., Kawaoka Y. (2006) Avian flu: influenza virus receptors in the human airway. *Nature* **440** :435-6.

Smith GJ, Naipospos TS, Nguyen TD, de Jong MD, Vijaykrishna D, Usman TB, Hassan SS, Nguyen TV, Dao TV, Bui NA, Leung YH, Cheung CL, Rayner JM, Zhang JX, Zhang LJ, Poon LL, Li KS, Nguyen VC, Hien TT, Farrar J, Webster RG, Chen H, Peiris JS, Guan Y. (2006) Evolution and adaptation of H5N1 influenza virus in avian and human hosts in Indonesia and Vietnam. *Virology*, May 17, Epub ahead of print.

Sturm-Ramirez K.M. et al. (2005) Are ducks contributing to the endemicity of highly pathogenic H5N1 influenza virus in Asia? *J Virol* **79** (17): 11269-11279.

Webster R.G et al. (2006) H5N1 outbreaks and enzootic influenza. *Emerg Infect Dis.* **12** (1): 1-11.

Thanawongnuwech, R., Amonsin, A., Tantilertcharoen, R., Damrongwatanapokin, S., Theamboonlers, A., Payungporn, S., et al. 2005, Probable tiger-to-tiger transmission of avian influenza H5N1: *Emerg Infect Dis* **11**(5): 699-701.

Kwon YK, Joh SJ, Kim MC, Lee YJ, Choi JG, Lee EK, Wee SH, Sung HW, Kwon JH, Kang MI, and Kim JH. (2005) Highly Pathogenic Avian Influenza in Magpies (*Pica pica sericea*) in South Korea: *J Wildl Dis.* **41**: 618-23.

Mots clés

Influenza aviaire, faune sauvage, animaux domestiques, gibier à poil, animaux aquatiques »

Avis de l'Agence française de sécurité sanitaire des aliments

Tels sont les éléments d'analyse que l'Afssa est en mesure de fournir en réponse à la saisine du 18 avril 2006 concernant le rôle des espèces réceptives dans la circulation du virus *Influenza* H5N1 hautement pathogène et sur le risque qu'elles représentent pour l'homme ou les animaux.

Pascale BRIAND

Annexe IListe des oiseaux sauvages et domestiques chez lesquels le virus H5N1 HP a été identifié au 26 mai 2006

Nom scientifique	Nom Commun	Nom anglais	Sauvage	Captif	Domestique	Expérimental	Mortalité
Ordre: Anseriformes							
<i>Aix sponsa</i>	Canard branchu	Wood duck		+			+
<i>Amazonetta brasiliensis</i>	Canard amazonette	Brazilian teal		+			+
<i>Anas bahamensis</i>	Canard des Bahamas	Bahama pintail		+			+
<i>Anas castanea</i>	Sarcelle rousse	Chestnut-breasted teal		+			+
<i>Anas platalea</i>	Canard spatule	Argentine shoveller		+			+
<i>Anas platyrhynchos</i>	Canard domestique	Domestic duck		+	+		+
<i>Anas sibilatrix</i>	Canard de Chiloe	Chiloe wigeon		+			+
<i>Anas strepera</i>	Canard chapeau	Gadwall	+				-
<i>Anas versicolor</i>	Sarcelle versicolore	Puna teal		+			+
<i>Anser albifrons</i>	Oie rieuse	Greater white-fronted goose	+				+
<i>Anser anser domesticus</i>	Oie domestique	Domestic goose		+	+	+	+
<i>Anser erythropus</i>	Oie naine	Lesser white fronted goose	+				+
<i>Anser indicus</i>	Oie à tête barrée	Bar-headed goose	+				+
<i>Aythya ferina</i>	Fuligule milouin	Common pochard	+				-
<i>Aythya fuligula</i>	Fuligule morillon	Tufted duck	+				+

Liste des oiseaux sauvages et domestiques chez lesquels le virus H5N1 HP a été identifié (suite)

Nom scientifique	Nom Commun	Nom anglais	Sauvage	Captif	Domestique	Expérimental	Mortalité
Ordre: Anseriformes							
<i>Aythya marila</i>	Fuligule milouinan	Greater Scaup	+				+
<i>Branta canadensis</i>	Bernache du Canada	Canada goose		+			+
<i>Branta ruficollis</i>	Bernache à cou roux	Red-breasted goose	+				+
<i>Callonetta leucophrys</i>	Canard à collier noir	Ringed teal		+			+
<i>Chenonetta jubata</i>	Canard à crinière	Manned wood-duck		+			+
<i>Coscoroba coscoroba</i>	Corcoscoba blanc	Coscoroba swan		+			+
<i>Cygnus atratus</i>	Cygne noir	Black swan		+			+
<i>Cygnus cygnus</i>	Cygne chanteur	Whooper Swan	+				+
<i>Cygnus melanocoryphus</i>	Cygne à cou noir	Black-necked swan		+			+
<i>Cygnus olor</i>	Cygne tuberculé	Mute swan	+				+
<i>Dendrocygna viduata</i>	Dendrocygne veuf	White-faced whistling-duck		+			+
<i>Mergellus albellus</i>	Harle piette	Smew	+				+
<i>Mergus merganser</i>	Grand harle	Common merganser	+				+
<i>Nesochen sandvicensis</i>	Bernache néné	Hawaiian goose		+			+
<i>Netta peposaca</i>	Nette demi-deuil	Rosybill pochard duck		+			+

Liste des oiseaux sauvages et domestiques chez lesquels le virus H5N1 HP a été identifié (suite)

Nom scientifique	Nom Commun	Nom anglais	Sauvage	Captif	Domestique	Expérimental	Mortalité
<i>Netta rufina</i>	Nette rousse	Red-crested pochard		+			+
<i>Tadorna ferruginea</i>	Tadorne casarca	Ruddy shelduck	+				+
<i>Larus atricilla</i>	Mouette atricille	Laughing gull				+	-
Ordre: Charadriiformes							
<i>Larus brunnicephalus</i>	Mouette du Tibet	Brown-headed gull	+	+			+
<i>Larus ichthyaetus</i>	Goeland ichthyaète	Great black-headed gull	+	+			+
<i>Larus ridibundus</i>	Mouette rieuse	Black-headed gull	+				+
<i>Tringa ochropus</i>	Chevalier cul-blanc	Green sandpiper	+				-
Ordre: Ciconiiformes							
<i>Anastomus oscitans</i>	Bec-ouvert indien	Asian open-billed stork	+				+
<i>Ardea cinerea</i>	Héron cendré	Grey heron	+				+
<i>Ardea herodias</i>	Grand heron bleu	Great blue heron	+				+
<i>Ardeola bacchus</i>	(Héron) crabier chinois	Chinese pond heron	+				+
<i>Egretta garzetta</i>	Aigrette garzette	Little egret	+				+
Ordre: Columbiformes							
<i>Columba livia</i>	Pigeon biset	Feral pigeon	+			+	+
<i>Macropygia ruficeps</i>	Phasianelle à tête rousse	Little cuckoo dove	?				?
<i>Streptopelia tranquebarica</i>	Tourterelle à tête grise	Red-collared dove	+				?

Liste des oiseaux sauvages et domestiques chez lesquels le virus H5N1 HP a été identifié(suite)

Nom scientifique	Nom Commun	Nom anglais	Sauvage	Captif	Domestique	Expérimental	Mortalité
Ordre: Falconiformes							
<i>Accipiter gentilis</i>	Vautour des palombes	Northern goshawk	+				+
<i>Accipiter nisus</i>	Épervier d'Europe	Eurasian Sparrowhawk	+				+
<i>Buteo buteo</i>	Buse variable	Buzzard	+				+
<i>Falco cherrug</i>	Faucon sacre	Saker falcon		+			+
<i>Falco peregrinus</i>	Faucon pèlerin	Peregrine falcon	+	+			+
<i>Ichthyophaga ichthyaetus</i>	Pygargue à tête grise	Grey-headed fish-eagle		+			+
<i>Spilornis cheela?</i>	Serpentaire bacha	Serpent eagle		+			+
<i>Spizaetus nipalensis</i>	Aigle montagnard	Crested hawk-eagle	+				-
Ordre: Galliformes							
<i>Alectoris chukar</i>	Perdrix choukar	Chukar partridge				+	+
<i>Colinus virginianus</i>	Colin de Virginie	Bobwhite quail				+	+
<i>Corurnix coturnix japonicus</i>	Caille du Japon	Japanese quail			+	+	+
<i>Gallus domesticus</i>	Poulet domestique	Domestic chicken			+	+	+
<i>Lophura leucomelanos</i>	Faisan leucomèle	Kalij pheasant	+				+
<i>Meleagris gallopavo</i>	Dinde	Turkey			+	+	+

Liste des oiseaux sauvages et domestiques chez lesquels le virus H5N1 HP a été identifié (suite)

Nom scientifique	Nom Commun	Nom scientifique	Sauvage	Captif	Domestique	Expérimental	Mortalité
<i>Numida meleagris</i>	Pintade de Numidie	Pearl guineafowl		+		+	+
<i>Pavo cristatus albus</i>	Paon	White Indian peafowl	+				+
<i>Phasianus colchicus</i>	Faisan de Colchide	Ring-necked pheasant				+	+
Ordre: Gruiformes							
<i>Amaurionis akool</i>	Amaurionis akool	Brown (red-legged) crane	+				+
<i>Fulica atra</i>	Foulque macroule	Coot	+				-
<i>Gallinula chloropus</i>	Poule d'eau	Common moorhen	+				+
<i>Porphyrio porphyrio</i>	Poule sultane	Sultan (Purple swamphen)	+				+
Ordre: Passeriformes							
<i>Acridotheres cristatellus</i>	Martin huppé	Crested mynah	+				+
<i>Carpodacus mexicanus</i>	Roselin familier	House finch				+	+
<i>Copsychus saularis</i>	Shama dayal	Oriental magpie robin	+				+
<i>Corvus macrorhynchos</i>	Corbeau à gros bec	Jungle or Large billed crow	+				+
<i>Corvus splendens</i>	Corbeau familier	House crow	+				+
<i>Dicrurus macrocercus</i>	Drongo royal	Black drongo	+				?
<i>Gracula religiosa</i>	Mainate religieux	Hill mynah		+			+
<i>Lonchura punctulata</i>	Capucin damier	Scaly-breasted munia	+				?

Liste des oiseaux sauvages et domestiques chez lesquels le virus H5N1 HP a été identifié (suite)

Nom scientifique	Nom Commun	Nom anglais	Sauvage	Captif	Domestique	Expérimental	Mortalité
Ordre: Passeriformes							
<i>Lonchura sp.</i>	Capucin	Munia	+				+
<i>Lonchura striata</i>	Capucin domino	White-rumped munia	+				+
<i>Oriolus chinensis chinensis</i>	Loriot de Chine	Black-naped oriole		+			+
<i>Passer domesticus</i>	Moineau domestique	House sparrow		+		+	-
<i>Passer montanus</i>	Moineau friquet	Eurasian tree-sparrow	+				+
<i>Pica pica sericea</i>	Pie bavarde	Korean magpie	+				+
<i>Sturnus vulgaris</i>	Etourneau sansonnet	European starling				+	-
<i>Taeniopygia guttata</i>	Diamant mandarin	Zebra finch				+	+
<i>Zosterops japonicus</i>	Zostérops du Japon	Japanese white-eye	+				+
Ordre: Pelecaniformes							
<i>Phalacrocorax carbo</i>	Grand cormoran	Great cormorant	+				+
<i>Phalacrocorax niger</i>	Cormoran de Vieillot	Little cormorant	+				?
Ordre: Phoenicopteriformes							
<i>Phoenicopterus ruber</i>	Flamant rose	Greater flamingo		+			+

Liste des oiseaux sauvages et domestiques chez lesquels le virus H5N1 HP a été identifié (fin)

Nom scientifique	Nom Commun	Nom anglais	Sauvage	Captif	Domestique	Expérimental	Mortalité
Ordre: Podicipediformes							
<i>Podiceps cristatus</i>	Grèbe huppé	Great crested grebe	+				+
<i>Trachybaptus ruficollis</i>	Grèbe castagneux	Little grebe	+				+
Ordre: Psittaciformes							
<i>Melopsittacus undulatus</i>	Perruche ondulée	Budgerigar				+	+
Ordre: Strigiformes							
<i>Bubo nipalensis</i>	Grand-duc du Népal	Spot-bellied eagle-owl		+			+
<i>Ketupa ketupu</i>	Kétoupa malais	Buffy fish-owl		+			+
<i>Ketupa zeylonensis</i>	Kétoupa brun	Brown fish-owl		+			+
<i>Strix uralensis</i>	Chouette de l'Oural	Spotted wood-owl		+			+
Ordre: Struthioniformes							
<i>Dromaius novaehollandiae</i>	Emeu d'Australie	Emu				+	-

Annexe IIListe des mammifères sauvages et domestiques chez lesquels le virus H5N1 HP a été identifié

scientifique	Nom commun	Nom anglais	Sauvage	Captif	Domestique	Expérimental	Mortalité
Ordre : Carnivores			Famille: Félidés				
<i>Felis domestica</i>	Chat domestique	Domestic cat/feral cat	+			+	+
<i>Panthera pardus</i>	Panthère	Leopard	+	+			+
<i>Panthera tigris</i>	Tigre	Tiger	+	+			+
			Famille :Mustélidés				
<i>Martes foina</i>	Fouine	Stone (beech) marten	+				+
<i>Mustela putorius furo</i>	Furet domestique	Ferret				+	+
			Famille :Viverridés				
<i>Chrotogale owstoni</i>	Civette palmiste d'Owston	Owston Palm Civet		+			+
Ordre : Artiodactyles			Famille : Suidés				
<i>Sus domesticus</i>	Porc domestique	Pig (Swine)			+	+	-
Ordre : Primates			Famille : Cercopithecidés				
<i>Macaca fascicularis</i>	Macaque crabier	Cynomolgus macques		+		+	-