



Note d'Information sur l'évolution du Virus de la grippe aviaire H5N1

Le 25 mars 2024, le Viêt Nam a notifié à l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) un cas d'infection humaine par le virus de l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) A (H5N1 : clade non signalé). Puis, le 1^{er} avril, un deuxième cas d'infection humaine par le virus IAHP A (H5N1 : clade 2.3.4.4b) a été signalé au Texas, aux États-Unis.

Les deux cas se sont produits dans des circonstances différentes et ont eu des conséquences différentes. Le cas du Viêt Nam est survenu à la suite d'une exposition à des oiseaux infectés et s'est soldé par un décès. En revanche, le cas du Texas concernait un travailleur d'une exploitation laitière commerciale qui ne présentait qu'une maladie bénigne et qui a été traité en dehors de l'hôpital.

L'analyse génomique effectuée par les Centres américains de contrôle et de prévention des maladies (CDC) a révélé que le virus du patient texan était étroitement lié aux virus détectés chez le bétail et les oiseaux morts de la même exploitation. Ce cas est survenu au milieu d'un foyer d'IAHP A (H5N1) dans des exploitations laitières de plusieurs États américains. Aucun signe de transmission interhumaine n'a pu être détecté dans les deux cas et les CDC et l'OMS ont estimé que le risque pour la santé humaine était faible.

Bien que la transmission de ce virus d'un oiseau infecté à une personne ne soit pas inédite, la propagation du virus aux vaches et le cas humain qui s'en est suivi, représentent l'un des nombreux développements inquiétants de ces dernières années pour ce virus.

Le virus IAHP A (H5N1) a été découvert à l'origine chez des oiseaux aquatiques domestiques dans le sud de la Chine en 1996 et a ensuite provoqué des infections humaines avec un taux de mortalité élevé (>50%).

Au fil du temps, le virus a évolué en de multiples clades et sous-clades génétiques par accumulation de mutations et réassortiment génétique avec d'autres virus de la grippe aviaire. Les virus qui en résultent n'ont infecté l'homme que de manière sporadique, sans qu'il y ait de preuve d'une transmission interhumaine durable qui suggérerait une adaptation à l'homme. Comme on l'a observé dans le cas du Viêt Nam, la maladie causée par l'IAHP A (H5N1) est souvent grave, bien que le cas humain au Texas n'ait été associé qu'à une conjonctivite et les nombreux rapports d'exposition humaine à l'IAHP A (H5N1) de clade 2.3.4.4b dans l'Union européenne et l'Espace économique européen depuis 2020 n'ont décrit que peu d'infections symptomatiques.

En revanche, depuis 2020, le virus a été associé à des flambées importantes et mortelles dans les populations d'oiseaux sauvages et d'élevage sur plusieurs continents. Plusieurs millions d'oiseaux sont morts, soit par infection directe, soit à la suite de l'abattage pour contrôler les foyers. En Europe, où le virus a suivi un schéma épidémique saisonnier pendant de nombreuses années, affectant principalement le gibier d'eau, un schéma enzootique est apparu, coïncidant avec un changement de la gamme d'hôtes du virus, qui infecte désormais les oiseaux de mer nichant en colonie.



Ce changement a également été lié à la propagation du virus de l'Europe vers les Amériques et, plus récemment, vers l'Antarctique, où vit une énorme population d'oiseaux vulnérables.

À ce jour, l'Océanie est le seul continent à avoir été épargné par le virus, mais on ne sait pas combien de temps cela durera.

Parallèlement à cette propagation géographique, des infections ont été signalées chez plus de 40 espèces de mammifères. Il s'agit notamment d'importantes épidémies dans des élevages d'animaux à fourrure, où la transmission entre mammifères ne peut être exclue et de l'épidémie récente dans des élevages de vaches laitières aux États-Unis. L'augmentation de la gamme d'hôtes du virus, sa propagation potentielle entre mammifères et entre un mammifère et un être humain, sa large diffusion géographique et l'ampleur sans précédent des foyers chez les oiseaux, suscitent des inquiétudes quant au potentiel pandémique de l'IAHP A (H5N1).

Pour que les virus de la grippe aviaire franchissent la barrière des espèces et deviennent pandémiques, ils doivent devenir transmissibles entre les humains et être capables de se répliquer efficacement chez eux. En général, cela nécessite un réassortiment avec les virus de la grippe humaine, ou le virus peut subir une adaptation (un processus qui peut prendre beaucoup de temps, mais qui peut être accéléré par l'infection fréquente des mammifères et des humains).

Que peut-on faire pour prévenir une pandémie de grippe aviaire ? Le Centre européen de prévention et de contrôle des maladies et l'Autorité européenne de sécurité des aliments ont décrit les mesures d'atténuation de One Health dans un rapport publié le 3 avril 2024. Ces mesures comprennent le renforcement de la surveillance et du partage des données, une planification minutieuse de l'élevage de volailles et d'animaux à fourrure (en particulier dans les zones à forte densité d'oiseaux aquatiques) et des mesures préventives telles que la vaccination des volailles et des personnes à risque.

Bien que le séquençage des virus du patient et du bétail au Texas n'ait pas tiré la sonnette d'alarme quant au potentiel du clade 2.3.4.4b de l'IAHP A (H5N1) pour une transmission durable à l'homme, la menace d'une pandémie reste réelle et la capacité d'anticipation sera le levier majeur d'une réponse adaptée.

* L'Australie a signalé hier son premier cas humain de grippe aviaire A (H5N1), mais ne relève aucun signe de transmission. Les investigations sont en cours.