

CLUSTER DE FOYERS IAHP EN POULES PONDEUSES, BRETAGNE 2023 : RESULTATS DES INVESTIGATIONS EPIDEMIOLOGIQUES

Scoizec Axelle¹, Briand Francois-Xavier², Niqueux Eric², Schmitz Audrey², Guillaume Gerbier³, Severine Rautureau³, Grasland Beatrice², Le Bouquin Sophie¹

¹ANSES – Unité EPISABE - 22440 PLOUFRAGAN,

²ANSES – Unité VIPAC - 22440 PLOUFRAGAN,

³DGAL – BSA/MUS – 75732 PARIS.

axelle.scoizec@anses.fr

RÉSUMÉ

Pour la première fois en Bretagne, une atteinte majeure de la filière avicole en lien avec l'IAHP a eu lieu avec, en février 2023, un cluster géographique de 20 foyers et près de 1,3 millions de volailles mises à mort, au cœur d'une zone de très forte production avicole (principalement dans la filière œuf de consommation) et de faible densité en élevages de palmipèdes.

Les résultats des investigations épidémiologiques couplées aux analyses phylogénétiques ont montré que ce cluster est lié à au moins une introduction primaire dans un élevage de poules pondeuses (*Gallus gallus*) depuis l'avifaune sauvage, suivie d'une diffusion vers d'autres élevages à proximité (<1,3km) et de détections à moyenne distance (3 à 11km). Les diffusions à courtes distances d'un foyer étaient probablement en lien avec la très forte densité d'élevages impliquant à la fois la voie aéroportée et la grande circulation de véhicules et de personnes liés aux filières avicoles (filiale œuf) avec des ruptures dans la biosécurité. Les hypothèses retenues pour les voies de contamination des foyers détectés à moyenne distance des autres foyers témoignent de la diversité des processus potentiellement à l'œuvre. Le rôle des activités de dépeuplement dans les diffusions a été étudié et il a été montré que leur rôle était très probablement limité. De la même façon, la taille des élevages de pondeuses a probablement joué un rôle significatif dans l'introduction de la maladie. Ces investigations ont de plus mis en lumière le point critique pour l'approche sanitaire dans la filière œuf que sont les tournées de collecte d'œufs (difficulté pour disposer rapidement de données exploitables, non prise en compte des impératifs sanitaires dans les tournées, sous-traitance du transport à de multiples entreprises non spécialisées en aviculture et faiblement sensibilisées aux questions sanitaires et de biosécurité).

Jusqu'en février 2023, la Bretagne n'avait été concernée que par des foyers d'IAHP sporadiques. Cet épisode démontre que le risque d'emballement épidémiologique existe en Bretagne lorsqu'un foyer se déclare dans une zone à forte densité y compris dans des zones à faible densité de palmipèdes. Cela illustre la nécessité d'une vigilance, d'une adaptation des mesures de lutte à ce contexte et d'une préparation de tous même pour les filières jusqu'ici moins affectées.

ABSTRACT

Cluster of HPAI outbreaks in laying hens, Brittany 2023: results of epidemiological investigations

For the first time in Brittany, a major outbreak linked to HPAI occurred in the poultry industry in February 2023, with a geographical cluster of 20 outbreaks and almost 1.3 million birds culled, in the heart of an area of very high poultry production, mainly in the table-egg sector, and of low density of palmiped farms.

The results of epidemiological investigations coupled with phylogenetic analyses showed that this cluster was linked to at least one primary introduction into a laying hen (*Gallus gallus*) farm from wild birds, followed by spread to other farms in the vicinity (<1.3km) and by medium-distance detections (3 to 11km). The short-distance spread from an outbreak was probably linked to the very high density of farms, involving both airborne transmission and the large number of vehicles and people involved in the poultry industry (egg industry), with breaks in biosecurity. The hypotheses retained for the contamination routes of the outbreaks detected at medium distance from the other outbreaks reflect the diversity of the processes potentially at work. The role of depopulation activities in the spread of the disease was investigated and shown to be very probably limited. The size of layer farms probably played a significant role in the introduction of the disease. These investigations have also highlighted the critical point for the health approach in the egg industry, which is the egg collection rounds: monitoring data were not available on daily or even monthly base, no re-organization according to health imperatives was performed, subcontracting of transport to multiple companies not specialized in poultry farming and with little awareness of health and biosecurity issues was frequent.

INTRODUCTION

Au cours de la saison 2022-2023, la Bretagne a été concernée par de nombreuses détections d'influenza aviaire hautement pathogène H5N1 de clade 2.3.4.4b de la lignée A/Goose/Guangdong/1/1996. Les détections au cours de l'été 2022 jusqu'à septembre ont concerné des cas en avifaune sauvage principalement des fous de Bassan et des Laridés, et dans une moindre mesure des cygnes. A partir de mi-août 2022 et jusqu'à février 2023, 25 foyers sporadiques ont été détectés en basse-cour, élevages de volailles et faune captive. Ces foyers ont été principalement détectés sur un axe nord-sud entre la vallée de la Rance et la Brière d'août à novembre (voir figure 1). Outre ces détections sporadiques, deux clusters spatiotemporels de foyers en élevages ont été détectés au cours de la période automne-hiver. Le premier est un cluster de 5 foyers dans le Morbihan (premier foyer en élevage de canard chair suivi de 4 foyers en élevages de dindes chair) détectés en novembre 2022. Le second en février 2023, dans le département des Côtes d'Armor, est un cluster géographique de 20 foyers et près de 1,3 millions de volailles mises à mort. Ce cluster se situait au cœur d'une zone de très forte production avicole (principalement dans la filière œuf de consommation) et de faible densité en élevages de palmipèdes.

Si des clusters de foyers étaient craints en élevages de canards et de dindes en Bretagne, l'atteinte majeure inédite liée à la filière œuf qui a surpris la filière avicole en Bretagne, nous a conduits à mener des investigations épidémiologiques et virologiques afin d'évaluer les hypothèses de contamination des foyers de ce second cluster. Nous présentons dans cet article les résultats de ces travaux.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Enquêtes épidémiologiques

Des enquêtes épidémiologiques complètes ont été menées dans quatre des premiers foyers du cluster par une équipe d'enquête conjointe Anses et Services de l'Etat lors de l'épizootie. Des données épidémiologiques ont par ailleurs été collectées par les agents de DDETSP des Côtes d'Armor (tournées de livraisons, d'enlèvements et de visites, observations de terrain).

Une réunion d'échange organisée par le DDETSP des Côtes d'Armor avec les vétérinaires sanitaires concernés par les foyers de ce cluster a été conduite après la crise. Cette réunion, en confrontant les premiers résultats des investigations épidémiologiques et virologiques avec les connaissances de terrain des vétérinaires sanitaires, avait pour objectif d'identifier des liens épidémiologiques entre les foyers et/ou des facteurs de risques présents dans ces élevages.

1.2. Analyses phylogénétiques

Les séquences complètes de génome viral ont été séquencées et analysées pour les 18 premiers foyers de ce cluster, par le laboratoire national de référence pour l'influenza aviaire de l'Anses. Des analyses phylogénétiques et phylodynamiques ont été réalisées en utilisant le logiciel MEGA 7 et le package R Phybreak (Klinkenberg et al. 2016 ; Klinkenberg et al. 2017).

1.3. Etude de la population exposée

Afin de comparer la population infectée de ce cluster avec la population exposée, nous avons utilisé les extractions des bases de données BD avicole et ATM disponibles via le site Cartogip (extractions sur les mises en place et sur les sorties). Nous avons défini comme zone d'étude l'ensemble des communes dont tout ou partie était inclus dans la zone de protection définie autour de ces foyers par l'arrêté préfectoral du 28 février 2023 (soit 27 communes). La période d'étude a été définie depuis la première détection (soit le 30 janvier 2023) jusqu'au 2 mars 2023 (lendemain de la dernière détection). Ont été retenus dans la population d'étude tous les élevages pour lesquels au moins un atelier était non vide pendant tout ou partie de la période d'étude. Pour chaque élevage, le type (défini par l'espèce de volaille élevée et le type de production) et l'effectif ont été recueillis.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Description du cluster de foyers

Le cluster regroupe 20 foyers en élevages avicoles détectés sur une période de 30 jours et dans un rayon maximum de 11 km autour de la première détection (voir figure 2). Cette première détection date du 30 janvier 2023 dans un élevage de poules pondeuses à l'ouest de la commune de Saint Connan dans une zone de très forte densité d'élevages avicoles (196 élevages dans la zone d'étude) en particulier de la filière œufs de consommation. Dans les 5 à 8 jours suivants, 5 autres détections ont lieu en élevages avicoles dans la zone, dont 1 à proximité immédiate (1km de distance) et 4 à distances importantes de cette première détection : entre 2,8 et 11 km.

2.2. Résultats des analyses phylogénétiques et phylodynamiques

Les analyses phylogénétiques conduites sur les 18 premiers foyers détectés de ce cluster ont montré que ces séquences virales présentent 99,92% d'identité sur le génome complet. Elles appartiennent au génotype FR2 (nomenclature LNR, génotype dénommé AB par le LRUE) qui est le génotype qui a été majoritairement détecté dans les élevages en France, et dans les Côtes d'Armor lors de l'épizootie 2022-2023. Après comparaison avec l'ensemble des séquences disponibles à date en foyers de volailles et cas faune sauvage en France, ces séquences forment un sous-groupe génétique distinct (CA2) des autres

détections de FR2 dans les Côtes d'Armor (figure 3). Le foyer détecté précédemment en élevage le 29 décembre sur la commune de Canihuel (22) à une distance de 10 km appartenait à un autre sous-groupe génétique du génotype FR2 que le cluster observé autour de Saint-Connan.

Les analyses phylodynamiques réalisées suggèrent que l'introduction initiale en élevage a eu lieu dans un élevage de Saint-Connan puis qu'il y a eu une diffusion du virus entre les élevages de cette commune ainsi que vers les communes de Saint-Fiacre/Saint-Pever, Senven-Léhart, Saint-Bihy et Saint-Gilles-Pligeaux, avec une diffusion ensuite entre les élevages sur la zone de Senven-Léhart et sur la zone de Saint Fiacre (figure 4).

2.3. Population indemne vs. population infectée

La comparaison des élevages indemnes (n=176) et des élevages infectés (n=20) a montré que les types d'élevage des foyers sont représentatifs de la composition de la population exposée (pas de différence significative p-value=0.3). L'analyse a montré par ailleurs que les élevages de poules infectés étaient significativement plus grands (nombre d'animaux en place au cours de la période d'étude) que le reste des élevages de poules de la zone d'étude (voir tableau 1). Les hypothèses pour expliquer cette surreprésentation des élevages de poules de grande taille sont sans ordre d'importance : i) une plus grande capacité « à capter » le virus du fait du nombre élevé d'animaux dans ces élevages, ii) une probable plus grande exposition à la voie aéroportée du fait d'un plus grand renouvellement d'air dans les bâtiments, iii) un plus grand nombre de mouvements de camions et de personnes dans ces élevages du fait de leur taille, les exposant à plus de risque d'introduction du virus, iv) des risques augmentés de rupture de biosécurité avec le milieu extérieur liés au fonctionnement des tapis de fientes (personnel entrant et sortant du bâtiment pour gérer les problèmes de fonctionnement des tapis sans passer par le sas).

Afin de s'assurer qu'il n'y a pas eu de biais dans l'analyse liés à des changements dans la population exposée au cours de l'épisode épidémiologique, nous avons étudié l'évolution du nombre d'élevages non vides au cours de l'épidémie. Au cœur des zones impactées, très peu d'élevages se sont vidés au cours de la période d'étude et seule la dépopulation des foyers semble avoir contribué à baisser la densité des élevages dans les communes les plus impactées.

2.4. Principaux résultats des investigations épidémiologiques

Durant l'épisode d'une durée d'un mois, 7 communes ont eu au moins un foyer. La proportion d'élevages infectés par commune varie de 9/14 à Saint-Connan (64%), 4/8 à Saint-Pever et 2/4 à Saint-Gilles-Pligeaux (50%), 1/4 à Saint-Fiacre (25%), 2/9 à Senven-Lehart (22%), à 1/10 à Saint Gildas (10%). Il

y a donc une diffusion importante au sein de certaines communes mais celle-ci est tout de même restée limitée dans le temps et dans l'espace par rapport au nombre total d'élevages exposés, surtout si l'on compare cet épisode avec d'autres flambées épidémiologiques en France avec des atteintes plus rapides et plus importantes en proportion d'élevages exposés. Cela est très probablement dû aux espèces présentes sur ces communes : la majorité des élevages comportaient des *Gallus gallus*. Cette espèce pourrait être moins réceptive à ce virus que les dindes ou les canards, avec un développement de l'infection au sein des lots très probablement moins rapide qu'en canards et même en dindes. Par ailleurs cette espèce semble présenter une expression clinique individuelle suivie d'une mortalité très rapide après l'infection Il est à noter la très grande réactivité des acteurs de terrain (éleveurs, techniciens et vétérinaires) qui a permis la détection de foyers très précocement grâce à des suspicions déclarées à la moindre augmentation de la mortalité (exemple : un foyer déclaré avec une mortalité de quatre animaux morts sur une journée). Pour les 19 détections avec de la clinique sur les animaux, 18 ont été signalées le jour-même ou le lendemain matin avec un délai de moins de 24h.

L'introduction dans le foyer index de Saint Connan est probablement liée à une exposition très forte du bâtiment à l'avifaune sauvage malgré un bon niveau de biosécurité (bâtiment en lisière d'un bois fréquenté par l'avifaune sauvage nicheuse: distance 50m) dans une zone géographique avec de nombreux cours d'eau et des étangs (élevage situé à 1km de distance de l'étang neuf sur la rivière du Trieux). L'importante diffusion sur la commune de Saint Connan peut résulter du fait qu'il s'agit d'une commune avec une très forte densité d'élevages avicoles (1 élevage/km²) notamment de poules pondeuses ce qui favorise les risques de diffusion par voie aéroportée et par voisinage mais également les risques de diffusion dans l'environnement du fait de l'importance de la circulation de véhicules et de personnes en lien avec cette filière. Cela peut également être lié à l'importante présence de cours d'eau et d'étangs pouvant favoriser l'exposition à une même source dans l'avifaune sauvage.

Les investigations épidémiologiques ont identifié comme hypothèses possibles de contamination dans les premiers foyers détectés à distance du foyer index, sans ordre d'importance : une proximité forte du bâtiment contaminé avec une route passante sur laquelle a circulé un camion transportant les cadavres de la dépopulation du foyer index, une exposition forte à de l'avifaune sauvage alliée à des failles de biosécurité moyennes à importantes, une exposition à un risque aéroporté (élevage en plein vent et situé sous les vents du foyer index, à moins de 3 km) associé avec de nombreux risques de ruptures de biosécurité (enlèvement de volailles, travaux sur l'exploitation, etc.). Les contacts potentiels via les équipes d'intervenants, les collectes d'œufs et les

visites techniques ont également été identifiés comme des hypothèses possibles. Cependant des liens directs entre foyers par ces voies n'ont pas pu être identifiées : pas de liens trouvés concernant les visites techniques en élevage et non disponibilité de l'ensemble des données sur les tournées de collecte d'œufs et sur les équipes d'intervenants.

Les investigations épidémiologiques concernant les foyers postérieurs ont également mis en lumière des liens privilégiés entre élevages, liens qui ont été corroborés par les analyses de phylodynamie. Ainsi certains éleveurs de foyers en grande proximité géographique partagent également des liens interpersonnels importants et des foyers de futures pondeuses situés à distance les uns des autres sont en lien via des relations familiales, professionnelles et par le partage d'un même opérateur.

D'un point de vue global, nous avons évalué les risques de diffusion liés au fonctionnement des élevages avicoles, à la gestion des foyers, à la voie aéroportée et à l'avifaune sauvage. Il ressort de cette évaluation que la diffusion du virus est très certainement la résultante de l'ensemble de ces voies de contamination. Pour de nombreux élevages détectés foyers le niveau de biosécurité était estimé faible par le vétérinaire sanitaire et/ou des failles de biosécurité ont été identifiées. Les élevages ont été exposés à un environnement contaminé soit via leur réseau de contacts par camions, matériel ou personnes circulant entre les élevages, soit par la voie aéroportée en particulier sur la commune de Saint Connan (le sens des vents aux alentours de la détection du foyer index allait dans le sens des détections à faible distance sur la commune dans les 8 à 9 jours suivants), soit via l'avifaune sauvage. Il faut souligner que plusieurs éleveurs concernés par les foyers ont également une autre activité dans la filière avicole ce qui augmente les risques de diffusion inter-élevages : transporteur, intervenant en élevage, propriétaire d'un centre de collecte d'œufs. De plus, de nombreux liens interpersonnels existent dans cette zone entre les élevages.

Il n'a pas été possible d'estimer le rôle potentiel des tournées de collecte d'œufs dans la diffusion du virus. La donnée n'a en effet pas été mise à disposition des agents de l'état pour la plupart des foyers. L'organisation des tournées se réalise à l'échelle nationale comme d'autres tournées de collecte ou de livraison sans rapport avec le monde de l'élevage. Les transports sont sous-traités à de multiples entreprises (une dizaine pour la zone d'étude) généralement non spécialisées dans l'élevage, dont le personnel est pas ou très peu sensibilisé à la biosécurité et aux enjeux sanitaires. De plus les tournées n'ont pas été dédiées entre zone réglementée et zone indemne. Pour gérer le risque lié à ces collectes, deux semaines après le démarrage de l'épizootie, la fréquence de collecte par site a été réduite afin de réaliser des collectes en « camions pleins » (ne collectant qu'un seul élevage) et les services de l'Etat ont rapidement mis en place un

fonctionnement par plateforme de stockage de trois jours des œufs avant toute sortie de la zone réglementée afin d'éviter que des œufs contaminés puissent être envoyés en zone indemne.

Si le dépeuplement complet des foyers a pu nécessiter plusieurs jours du fait de la très grande taille de nombreux foyers, le dépeuplement des lots infectés a globalement été réalisé très rapidement après une détection très précoce. De ce fait peu d'animaux étaient infectés à l'échelle des sites d'élevages de *Gallus gallus* et souvent même du bâtiment, au moment du dépeuplement. Le rôle des activités de dépeuplement dans les diffusions a donc été estimé comme probablement très limité. Néanmoins, c'est une hypothèse de contamination envisagée pour deux foyers situés à distance des autres foyers pour lesquels un passage ou de nombreux passage à proximité d'un transport de ce type est avéré dans la fenêtre de contamination.

L'avifaune sauvage pourrait avoir joué un rôle important dans la diffusion du virus sur le territoire autour de la commune de Saint Connan. Outre la présence de cours et de plans d'eau attractifs pour l'avifaune sauvage à risque sur cette commune, pour de nombreux foyers a été rapportée la présence importante d'oiseaux sauvages sur et autour du site : hérons garde bœufs, étourneaux, pigeons. Ces oiseaux sauvages pourraient avoir été un relai entre la source de virus soit dans l'avifaune sauvage soit dans des foyers en élevage et l'environnement des élevages de la zone.

CONCLUSION

La diffusion virale n'a pas montré d'accélération importante au cours de cette épizootie et les détections ont plutôt été réparties sur l'ensemble du mois considéré. Cela est probablement la résultante d'une capacité de diffusion de la maladie aux élevages plus limitée que dans d'autres zones du territoire, en lien avec la prédominance des élevages de *Gallus gallus* dans cette zone, une espèce vraisemblablement moins réceptive et très sensible. Le très faible nombre d'élevages de canards dans cette zone et même d'élevages de dindes a très certainement joué un rôle important, ceux-ci ne pouvant pas jouer le rôle d'amplificateur de ces virus. Cependant la densité très forte des élevages, les réseaux de contacts inter-élevages très importants et un rôle sans doute non négligeable de la faune sauvage, couplés avec des failles de biosécurité, ont permis la diffusion du virus au sein de cette zone malgré une détection et un dépeuplement précoces des lots infectés. Cet épisode démontre que le risque d'emballlement épizootique existe en Bretagne dans une zone à forte densité d'élevages de volailles, y compris dans des zones à faible densité de palmipèdes ainsi que la nécessité d'une vigilance, d'une adaptation des mesures de lutte à ce contexte et d'une préparation de tous y compris les filières jusqu'ici moins affectées.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Klinkenberg D., Backer J. A., Didelot X., Colijn C., Wallinga J., 2016. bioRxiv. Consultable : <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:14917820>
Klinkenberg D., Backer J. A., Didelot X., Colijn C., Wallinga J., 2017. PLOS Computational Biology 13(5): e1005495.

REMERCIEMENTS : Nous remercions les agents de la DDETSPP des Côtes d’Armor pour leur soutien dans la collecte des données épidémiologiques, les éleveurs et les vétérinaires sanitaires pour leurs précieuses contributions, nos collègues du LNR Influenza aviaire et de la plateforme GVB qui ont réalisés l’ensemble des analyses de laboratoire et nos collègues Rodolphe Thomas et Gilles Poulain pour leur travail de terrain.

Tableau 1. Nombre d’animaux mis en place dans l’ensemble des ateliers non vides de l’élevage pendant tout ou partie de la période d’étude : comparaison du nombre moyen d’animaux entre foyers et élevages indemnes

Type Elevage	Nombre d'élevages		Moyenne Nb ax mep		Test non paramétrique (R wilcox.test)
	Foyer	Indemne	Foyer	Indemne	
Pondeuses	11	89	82097	20973	différence significative (p-value = 0.0012)
Dindes Chair	1	6	50844	15345	différence non significative (p-value = 0.2857)
Futures pondeuses	4	17	53306	41146	différence non significative (p-value = 0.5744)
Reproducteurs Gallus	1	11	23924	15330	différence non significative (p-value = 0.5)
Pintades	1	2	11000	24736	différence non significative (p-value = 0.6667)
Reproducteurs Dindes	1	1	6007	7056	so
Ensemble des élevages	20	176	60905	26065	différence significative (p-value = 0.0043)

Figure 1. Distribution temporelle et géographique des détections d’IAHP H5N1 en Bretagne de juillet 2022 à mars 2023

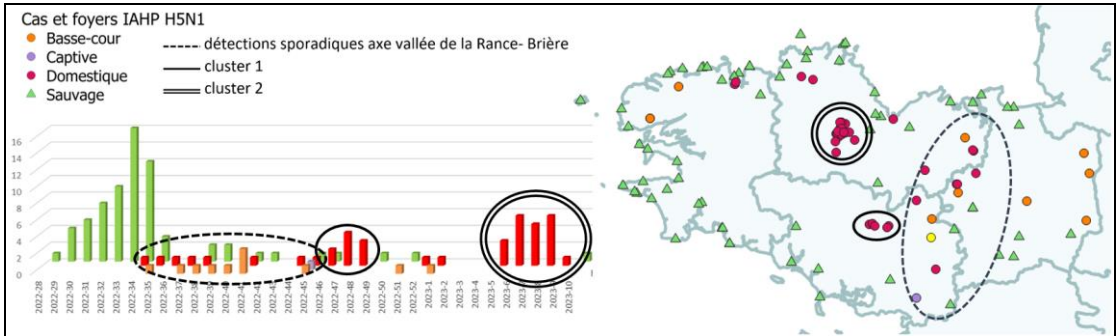


Figure 2. Description du cluster

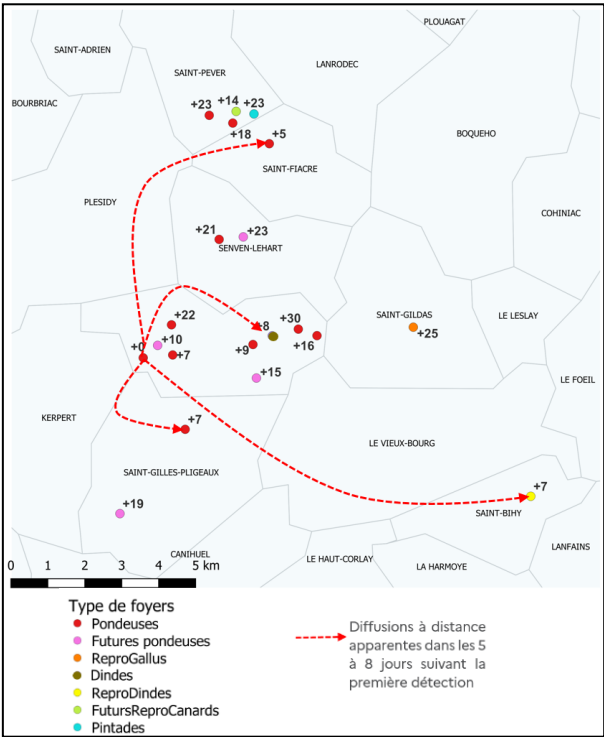


Figure 3. Sous-groupes génétiques du génotype FR2 des foyers et cas détectés IAHP H5N1 dans les Côtes d’Armor (septembre 2022 à mars 2023)

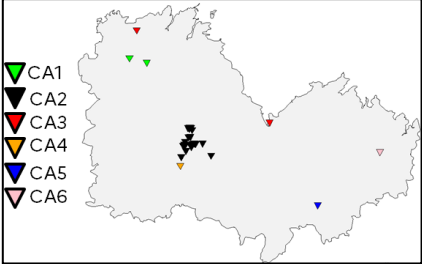


Figure 4. Résultats des analyses de phylodynamie : sens de contamination entre les différentes zones géographiques du cluster

