

**MAITRISER LE RISQUE DE DIFFUSION DE L'INFLUENZA HAUTEMENT PATHOGENE
ENTRE LES ELEVAGES DE VOLAILLES :**

**EXEMPLE DE LA ZONE VENDEE-DEUX-SEVRES
LORS DE L'EPIZOOTIE D'IAHP H5N8 DE 2020-2021 EN FRANCE**

**Scoizec Axelle¹, Huneau-Salaün Adeline¹, Souillard Rozenn¹, Thomas Rodolphe¹,
Schmitz Audrey¹, Briand François-Xavier¹, Massin Pascale¹, Martenot Claire¹,
Cherbonnel-Pansart Martine¹, Allée Chantal¹, R. Busson¹, Guillemoto Carole¹,
Louboutin Katell¹, Pierre Isabelle¹, Souchaud Florent¹, Niqueux Eric¹,
Grasland Béatrice¹, Mourrieras Christophe² et Le Bouquin-Leneveu Sophie¹**

¹ Anses – Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, BP 53, 22440 Ploufragan,

²DDPP85– 85000 La Roche Sur Yon, France

axelle.scoizec@anses.fr

RÉSUMÉ

Au cours de l'épizootie d'IAHP H5N8 en France pendant l'hiver 2020-2021, quatre foyers en élevage de volailles ont été détectés dans le bassin de production situé en Vendée et Deux-Sèvres. Malgré des densités d'élevage et de volaille importantes, avec notamment la présence d'élevages de canards à rôtir et de canards à foie gras, ces détectations n'ont pas abouti à une diffusion large parmi les autres élevages de volailles de cette zone. A partir de l'analyse des données épidémiologiques et phylogéniques des virus, des mesures de prévention et de gestion, des caractéristiques de la filière avicole et de l'environnement dans cette zone, nous avons étudié les hypothèses les plus probables d'introduction du virus dans ces élevages, de diffusion entre élevages et les facteurs ayant contribué à prévenir la diffusion de l'infection. Les résultats montrent trois introductions distinctes dans des élevages en claustration de canards, à rôtir et reproducteurs, et une diffusion secondaire vers un élevage de pintades et de poulets de chair en claustration. La zone apparaît notablement exposée à l'avifaune sauvage à risque, du fait de la forte présence de zones humides. L'hypothèse majeure retenue pour la contamination de ces trois foyers primaires est le contact indirect avec l'environnement contaminé par l'avifaune sauvage à la faveur d'une rupture dans la biosécurité appliquée quotidiennement. Celle privilégiée pour la diffusion vers le foyer secondaire est la transmission par voie aéroportée via des aérosols/poussières lors des opérations de dépeuplement du foyer voisin. La forte mobilisation des acteurs locaux a permis la claustration de l'ensemble des volailles en élevage sur la zone, la rapidité de détection et de dépeuplement des foyers, le dépeuplement préventif ou départ anticipé vers les abattoirs des lots pour les élevages à proximité des foyers, ce qui a contribué largement à la maîtrise de la diffusion.

ABSTRACT

Controlling the risk of highly pathogenic avian influenza farm-to-farm spreading: example of the Vendée-Deux-Sèvres area during the 2020-2021 epizootic in France.

During the French HPAI H5N8 epizootic in the winter of 2020-2021, four outbreaks in poultry farms were detected in the production area located in Vendée and Deux-Sèvres. Despite the high density of poultry farms and the presence of duck farms, these detections did not lead to a widespread dissemination among poultry farms in this area. Based on the analysis of epidemiological data, virus phylogeny, prevention and management measures, characteristics of the poultry industry and the environment in this area, we investigated the most likely hypotheses for the introduction of the virus into these farms, the spread between farms and the factors that contributed to preventing the spread of the infection. The results show three separate introductions to indoor duck farms, roaster and breeder, and a secondary spread to an indoor guinea fowl farm. The area appears to be exposed importantly to wild birds, due to the high presence of wetlands. The main hypothesis retained for the contamination of these three primary outbreaks is indirect contact with the environment contaminated by infected wild birds due to a break in the biosecurity measures applied on a daily basis. For the secondary outbreak, airborne transmission via aerosols/dust during depopulation of the neighbouring outbreak was the most likely route. The strong mobilization of local stakeholders enabled the confinement of all poultry in the area, the rapid detection and depopulation of the outbreaks, and the preventive depopulation or early departure to slaughterhouses of batches of poultry in the vicinity of the outbreaks, which have largely contributed to the control of the spread.

INTRODUCTION

Durant l'hiver 2020-2021, une épizootie d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) de sous type H5 et de clade 2.3.4.4b a affecté de très nombreux pays européens. Lors de cette épizootie en France, 24 cas en avifaune sauvage libre, 2 cas en avifaune captive et 490 foyers de volailles domestiques ont été détectés. Comme lors de l'épizootie précédente, l'épizootie en France a principalement concerné le bassin de production de volailles du sud-ouest. A partir de début décembre 2020 et après une augmentation massive des détectations fin décembre et début janvier 2021, 472 foyers ont en effet été détectés dans des élevages des départements Landes, Gers, Pyrénées-Atlantiques et Hautes-Pyrénées dont 416 dans des élevages avec des palmipèdes, principalement de la filière canards à foie gras. Dans le Grand-Ouest de la France, quatre cas en avifaune sauvage (oies et canards) ont été détectés entre fin novembre et début décembre 2020 dans le Calvados, le Morbihan et la Loire-Atlantique. Dans la semaine suivante, au sein de l'important bassin de production de volailles, dont de nombreux élevages de canards, situé dans les départements de Vendée, Deux-Sèvres, Maine-et-Loire et Loire-Atlantique, deux autres foyers ont été détectés : l'un dans un élevage de canards à rôti de Vendée sur la commune de Saint Maurice des Noues et l'autre dans un élevage de canards reproducteurs des Deux-Sèvres sur la commune de Bressuire. Ces deux élevages étaient distants de plus de 30 km. Onze jours plus tard, un élevage de poulets et de pintades situé à 1,5 km du foyer de canards à rôti a à son tour été détecté infecté sur la commune de Saint Maurice des Noues. Un dernier foyer en élevage sera détecté ensuite deux semaines plus tard en Vendée dans un autre élevage de canards à rôti sur la commune de Saint Christophe du Ligneron, à près de 80 km des trois foyers antérieurs de ce bassin (Figure 1). Ces quatre détectations n'ont ensuite pas été suivies par une diffusion massive de la maladie dans les élevages de ce bassin de production avicole très dense en élevages de galliformes et de palmipèdes.

Face à cette situation particulièrement favorable de diffusion de l'IAHP en regard des densités d'élevages et de volailles, une analyse des hypothèses les plus probables d'introduction du virus dans ces élevages, de diffusion entre élevages et des facteurs ayant contribué à prévenir la diffusion de l'infection, a été conduite.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Investigations épidémiologiques dans les foyers

Pour chacun des quatre foyers détectés, des investigations épidémiologiques ont été conduites par les services de l'Etat. Ces investigations ont porté à la fois sur la recherche et le dépistage des élevages en lien amont ou aval de chacun des foyers, ainsi que sur leurs sources et voies possibles de contamination, les

mesures de biosécurité appliquées en routine et les réservoirs potentiels de virus au sein de l'élevage. L'ensemble des données collectées ont été partagées avec l'équipe du Laboratoire National de Référence pour l'IA de l'Anses (LNR).

1.2. Analyses phylogénétiques

Le séquençage complet du génome de virus IA a été réalisé par le LNR sur un échantillon pour chaque foyer. Les séquences ont ensuite été comparées entre elles et avec les autres séquences disponibles issues de détectations en France et en Europe (Briand et al., 2022).

1.3. Contexte et historique de la zone en lien avec l'influenza aviaire

Les caractéristiques de la zone vis-à-vis du risque IA ont été collectées et analysées : communes classées en zone à risque particulier (ZRP) d'IA en lien avec l'avifaune sauvage à risque (AM du 16 mars 2016, NOR : AGRG1604341A), présence d'avifaune sauvage à risque, densités d'élevages de volailles, d'élevages de palmipèdes, densités de volailles, etc. L'historique des détectations de virus d'influenza aviaire (VIA) de tout sous type dans le cadre de la surveillance IA ainsi que des autocontrôles réalisés sur les lots de PAG avant mouvement (NOR : AGRG1603907A, DGAL/SASPP/2018-405 28/05/ 2018 Instruction technique) a été consulté pour évaluer l'exposition de cette zone aux VIA en général.

1.4. Suivi des mesures de gestion et de prévention

L'ensemble des mesures de prévention et de gestion des foyers mises en œuvre ont été documentées par les services de l'Etat pour le département de Vendée.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Une zone au départ à risque élevé d'introduction et de diffusion de l'influenza aviaire

Cette zone se caractérise par des densités élevées d'ateliers et de volailles. Ainsi, dans les trois zones de contrôle mises en place autour des quatre foyers détectés, près de 900 ateliers de volailles ont été recensés dans un rayon de 10 km autour des foyers par les services de l'Etat au moment de la mise en place de ces zones. Cela représentait près de 3,2 millions de volailles pour les deux zones de Vendée. Dans ce bassin de production, outre l'élevage de galliformes, la production de palmipèdes est également importante : elle comprend à la fois des élevages de la filière canards à foie gras mais également des élevages de canards à rôti. Près de 100 000 tonnes équivalent carcasse de canards y sont produites chaque année. Ces densités importantes d'élevages de palmipèdes et les mouvements inter-élevages de canards liés à la filière foie gras contribuent à un risque de diffusion accru de l'IA dans ce bassin. Des travaux sur les déterminants géographiques du risque d'IAHP menés sur l'épizootie 2016-2017 (Guinat et al., 2019) ont montré que ce bassin est à risque important d'épizootie d'IAHP ainsi

que certaines zones dans le sud-ouest de la France. Une grande partie de ce bassin de production est d'ailleurs maintenant classé en Zone de Risque de Diffusion de l'IA (ZRD) depuis l'Arrêté Ministériel biosécurité du 29 septembre 2021 (NOR : AGRG2129004A).

Ce bassin de production est par ailleurs exposé fortement à l'avifaune sauvage à risque d'IA (oiseaux d'eau) : outre environ 250 communes classées en ZRP, le bocage comporte de nombreux plans d'eau ce qui contribue à une exposition de l'ensemble du bassin au risque IA, même si les ZRP ont une exposition supérieure. De plus la position de ce bassin sur les voies de migration d'oiseaux sauvages Manche/Atlantique, fait que l'incidence de l'infection au sein de l'avifaune sauvage est très probablement supérieure à celle dans les zones en aval sur ces voies. Les résultats de la surveillance influenza aviaire et notamment ceux des autocontrôles réalisés dans la filière des palmipèdes prêts à engraisser de 2018 à 2020, montrent une circulation importante des VIA en période hiver-printemps chaque année avec une introduction dans les élevages de nouveaux VIA de tout sous-type en début de saison suivie pour certaines souches d'une circulation ensuite dans des élevages de palmipèdes prêts à engraisser. Cela confirme que ce bassin de production de volailles, est à risque élevé d'introduction et de diffusion de VIA.

2.2. Une mobilisation des acteurs pour prévenir le risque

Face à la montée du risque d'IAHP lié à l'avifaune sauvage (sur l'ensemble du territoire, passage en risque modéré le 23 octobre et en risque élevé le 17 novembre 2020), l'ensemble des acteurs du secteur de la volaille, en concertation avec les services de l'Etat, se sont mobilisés pour appliquer les mesures de claustration ou mise sous filet des volailles, et ce dans une zone où l'élevage plein air est un secteur très important. La possibilité de dérogation à ces mesures a été cantonnée à des situations très particulières, ainsi moins de dix dérogations ont été accordées dans le département de la Vendée, à des élevages de pintades pour lesquels les parcours ont néanmoins été réduits. Les organisations professionnelles ont relayé auprès de leurs éleveurs les messages de vigilance dès les premiers messages d'alerte du Ministère.

2.3. Scénario le plus probable de contamination des foyers

Les analyses phylogénétiques (Briand et al., 2022) appuient l'hypothèse qu'il s'agit de trois introductions distinctes en élevage de canards claustrés (deux en Vendée, une en Deux-Sèvres) et d'un foyer secondaire (en Vendée, sur des pintades claustrées depuis 11 jours, foyer détecté à une distance de 1,5 km et 7 jours après le dépeuplement du foyer primaire). Aucun de ces trois élevages, foyers primaires, n'étaient situés en ZRP, néanmoins ils étaient tous situés en zone de bocage avec de très nombreux plans d'eau et à une distance comprise entre 15 et 20 km d'une commune classée en

ZRP. Les données épidémiologiques disponibles concernant le premier foyer détecté en Vendée (canards à rôtir) et celui en Deux-Sèvres (canards reproducteurs), indiquent la forte présence d'avifaune sauvage à risque à proximité des élevages (sur les champs autour de l'élevage ou sur des plans d'eau situés entre 40 et 900 m du bâtiment infecté selon le foyer). Les services de l'Etat ont constaté que les équipements et l'organisation des élevages étaient conformes aux exigences en terme de biosécurité.

L'hypothèse majeure retenue pour la contamination de ces trois foyers primaires en Vendée et dans les Deux-Sèvres, après investigation de tous les liens amont et aval identifiés, est le contact indirect avec l'environnement contaminé par l'avifaune sauvage, à la faveur d'une rupture dans la biosécurité appliquée quotidiennement. Concernant le foyer secondaire, après exploration de tous les liens possibles avec le foyer primaire, l'hypothèse majeure retenue est l'exposition à des aérosols ou des poussières contaminées émises dans l'environnement à la faveur des opérations de dépeuplement du foyer primaire. Le foyer secondaire se situe sous les vents dominants du foyer primaire à une distance d'1,5 km (Figure 1).

2.4. Une gestion rapide des foyers, réactive du risque et concertée de la zone

La mise en œuvre du dépeuplement des foyers a été réalisée dans les un à trois jours après la détection de la présence d'un VIA de sous-type H5 en laboratoire de criblage pour les trois premiers foyers pour lesquels le dépeuplement a été réalisé par une entreprise spécialisée. Les délais supérieurs à un jour sont liés à la mobilisation de l'entreprise sur des foyers dans le sud-ouest de la France au moment de la détection. Le dernier foyer détecté a été dépeuplé le jour même du résultat du laboratoire de criblage par les équipes de la DDPP et les vétérinaires sanitaires mobilisés.

En plus de la surveillance mise en place dans les zones de contrôle autour des foyers et suite à la détection du foyer secondaire, un élevage de 36 500 poulettes futures pondeuses, situé entre le foyer primaire et le foyer secondaire, a été dépeuplé préventivement 9 jours après la détection du foyer secondaire, afin de limiter les risques d'une nouvelle propagation de proche en proche. De plus, l'ensemble des élevages de volailles situés en zone de protection (dans les 3 km autour d'un foyer), ainsi que des basses-cours à proximité des foyers ont été visités avec réalisation de prélèvements systématiques quelle que soit l'espèce. Ce scénario fait écho à une situation très similaire aux Pays Bas au démarrage de l'épizootie en Europe. Dans un rayon de 3 km autour d'un foyer de *Gallus* reproducteurs détecté fin octobre 2020, neuf élevages avicoles ont été testés négatifs vis-à-vis de la présence de VIA. Cependant, six jours après le signalement de la suspicion du foyer primaire, suite à une suspicion clinique, un de ces neuf élevages, un élevage de poules pondeuses de près de 100 000 poules a été détecté infecté par un virus IAHP H5N8. Pour prévenir la

poursuite de la diffusion, les autorités néerlandaises ont décidé de dépeupler préventivement l'élevage de 115 000 oiseaux situé à 1 km du second foyer (source : <https://www.nvwa.nl/nieuws-en-media/nieuws/2020/11/05/vogelgriep-vastgesteld-bij-pluimveebedrijf-in-puiflijk>) .

Pour réduire le risque estimé important d'une nouvelle introduction d'un virus IAHP H5N8 depuis l'avifaune sauvage dans les élevages des zones de contrôle, les services de l'Etat de Vendée en concertation avec les organisations professionnelles, ont choisi de diminuer les densités de volailles sur les zones de contrôle vendéennes en anticipant autant que possible le départ des lots de volailles présents vers les abattoirs. Ainsi sur la zone de Saint Maurice des Noues, 412 000 puis 333 000 volailles ont été envoyées à l'abattoir sous laissez-passer sanitaire respectivement fin décembre et en janvier, sur une population initiale estimée à environ 1 million. Sur la zone de Saint Christophe du Ligneron, il s'agit de 525 000 puis 377 000 volailles respectivement en janvier puis en février sur une population initiale estimée à 2,2 millions. Cela correspond au final à une baisse de densité de volailles d'environ 50% sur les deux zones, et de 24 à 40% dans les trois semaines ayant suivi la première détection de chaque zone.

2.5. Les clés de la maîtrise et points à améliorer

La maîtrise de la diffusion inter-élevage de l'IAHP après trois introductions distinctes dans ce bassin de production de volailles est très probablement le résultat de plusieurs actions combinées : à commencer par une collaboration importante des services de l'Etat avec les acteurs du secteur pour appliquer et faire appliquer les mesures de prévention telle que la claustration des lots de volailles. Ensuite, les délais réduits entre les déclarations de suspicion et la mise en œuvre du dépeuplement ont limité la durée d'excrétion des lots contaminés et le risque de diffusion. Ces délais sont passés de 4 (au départ du fait de la difficulté de mobilisation de l'entreprise spécialisée) à 2 jours grâce à la mobilisation des acteurs de terrain (services pour tous les foyers et vétérinaires sanitaires pour le dernier foyer). Finalement, une gestion réactive du risque avec le dépeuplement préventif d'un élevage de 36 500 volailles suite à la détection d'un foyer secondaire et la gestion concertée de la population de volailles des zones de contrôles par les services de l'Etat et les professionnels ont permis de diminuer les densités. Il s'agit donc principalement du résultat d'une collaboration forte entre les services de l'Etat et les professionnels avec une volonté partagée de mettre en œuvre toutes les actions possibles pour contrôler la diffusion de l'IAHP.

La détection d'un foyer secondaire pose la question des risques de diffusion à faible distance par voie aéroportée lors des opérations de dépeuplement des foyers. Le mode de dépeuplement qui requiert le déplacement des animaux de l'intérieur du bâtiment vers des caissons placés à l'extérieur, génère un

important nuage de poussières, de plumes porteuses du virus vers l'extérieur. Une étude menée sur le terrain lors de l'épizootie IAHP H5N8 de 2016-2017 en France a montré qu'une quantité importante de génome viral d'IAHP était présente dans l'air au niveau de la zone de chargement des oiseaux aux cours d'une opération de dépeuplement d'un foyer (Scoizec et al., 2018). La capacité de portage des virus influenza par les poussières est maintenant bien établie et joue sans doute un rôle important dans la diffusion par portage mécanique (Asadi et al., 2020), sur une distance d'environ un kilomètre. Boender et al. (2007) ont démontré que les élevages situés à moins d'un kilomètre d'un site infecté (IAHP H7N7) sont près de 35 fois plus à risque d'être infectés par rapport aux élevages situés à au moins 10 km. Une révision des méthodes utilisées pour le dépeuplement afin de réduire davantage l'émission de virus dans l'environnement lors des opérations pourrait permettre de diminuer encore le risque de diffusion à partir d'un foyer primaire. De plus, le dépeuplement préventif des élevages avicoles les plus proches voisins d'un foyer pourrait être également appliqué avant toute détection de diffusion secondaire dans les zones de fortes densités d'élevages avicoles.

CONCLUSION

L'introduction d'un virus IAHP dans des élevages situés dans un bassin dense de production avicole, peut ne pas systématiquement aboutir à une diffusion massive de la maladie. L'exemple de la zone Vendée-Deux-Sèvres, nous enseigne qu'avec une collaboration étroite des services de l'Etat et des acteurs professionnels pour mettre en place des mesures de prévention fortes mais également des mesures de gestion rapides, réactives et inventives, une maîtrise de la diffusion est possible.

REMERCIEMENTS

Nous remercions l'ensemble des personnels des laboratoires agréés impliqués dans le dépistage des foyers, les agents des DD(CS)PP de Vendée et des Deux-Sèvres pour leur collaboration majeure à ce travail et en particulier M. Venet et Mme Delizy (DDPP85) ainsi que M. Cousin et M. Saunders (DDETSP79).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Briand F.-X. et al. 2022, JRA 2022 : en cours de parution.

Guinat et al. 2019, Sci Rep.;9(1):6177.

Scoizec A. et al. 2018. Front Vet Sci. 13;5:15.

Asadi et al. 2020. Nat. Commun. 18;11(1):4062

Boender et al. 2007. Prev. Vet. Med. 82(1-2): 90-101.

Figure 1. Localisation des foyers en élevages de volailles détectés dans le Grand-Ouest lors de l'épizootie IAHP H5N8 de 2020-21 et leur contexte géographique

