

Veillez noter que ce rapport a été rédigé en anglais et traduit en français. Veillez consulter le rapport original pour toute divergence ou clarification.

## Contexte

- Des virus de la grippe aviaire A (H5Nx) ont été signalés à l'échelle mondiale, ce qui a entraîné d'importantes éclosions chez la volaille, les oiseaux sauvages et les mammifères.
- Des virus H5 récents (clades 2.3.4.4b et 2.3.2.1c) sont apparus ou réapparus, ce qui a suscité des préoccupations sur la transmission potentielle et le spectre de la charge de morbidité chez les humains.
- Ce profil de preuves vivantes (LEP) vise à déterminer l'état actuel des données probantes et les lacunes en matière de connaissances à partir des synthèses de données probantes existantes concernant l'émergence, la transmission et le spectre de la charge de morbidité chez les humains de la grippe aviaire comme première étape vers l'orientation des interventions de prévention et d'atténuation.
- Cette version du LEP était axée uniquement sur la détermination des synthèses de données probantes existantes et ne comprenait pas d'analyse juridictionnelle, mais il est possible d'élargir la portée à l'avenir pour inclure des études uniques ou une analyse juridictionnelle afin de fournir des renseignements plus détaillés pour appuyer le travail en cours visant à éclairer les interventions de prévention et d'atténuation.

## Questions

- Que sait-on de l'émergence, de la transmission (y compris les effets potentiels) et du spectre de la charge de morbidité chez les humains des sous-types de la grippe aviaire A (H5Nx) actuellement en circulation et émergents?

## Résumé de haut niveau des principales constatations

- Nous avons trouvé 16 synthèses de données probantes ayant fourni des renseignements sur quatre des domaines prioritaires à évaluer dans le LEP (biologie, épidémiologie, diagnostic et présentation clinique de la grippe aviaire A (H5Nx)), mais ayant rarement fourni des renseignements propres aux autres domaines d'intérêt (émergence, transmission et risques pour la santé humaine de la grippe aviaire A (H5Nx)).
- La majorité des synthèses des données probantes décrivaient les sous-types H5Nx en général, mais elles ne faisaient pas explicitement état des clades en circulation (2.3.4.4b et 2.3.2.1c) ou d'autres sous-types émergents.
- En général, les sous-types H5Nx ont circulé dans différentes régions du monde (p. ex., en Chine, en Égypte, en Amérique du Nord, dans le Pacifique occidental), la plupart des transmissions s'effectuant entre oiseaux.

## Profil de preuves vivantes

### Examen de ce que l'on sait au sujet de l'émergence, de la transmission et du spectre de la charge de morbidité des sous-types de la grippe aviaire A(H5Nx)

12 janvier 2024

[Code de produit du FSUM : LEP 8.1]

### Davantage de données



Synthèses de données probantes sélectionnées en fonction de la pertinence,

### \* Autres caractéristiques

Préparation en trois jours ouvrables en utilisant une approche « tout le monde sur le pont »

- Les déplacements d’oiseaux, d’êtres humains et de fomites jouent un rôle dans la transmission de la grippe A entre les oiseaux et entre les oiseaux et les êtres humains au cours de la production de volaille, mais les preuves sont contradictoires.
  - Bien que des cas de transmission aient été signalés dans des rapports de cas, les synthèses des données probantes relevées indiquent, d’après deux études plus anciennes, que les petites fermes jouent un rôle limité dans la transmission de l’influenza aviaire hautement pathogène (IAHP), les nombres de reproduction étant inférieurs à un pour la transmission entre les petites fermes et entre les petites fermes et les fermes commerciales.
- Le prélèvement d’échantillons environnementaux semble être une technique prometteuse de surveillance et de détection.
- Nous avons trouvé peu de renseignements sur la charge de morbidité chez les humains.
- Dans la documentation recensée, les principales lacunes ont été décrites au sujet de la production et des réseaux de volaille, des techniques d’échantillonnage, des facteurs contextuels et des paramètres qui influent sur la transmission et les risques entre les espèces ainsi que des approches d’élaboration de programmes optimaux de surveillance de la grippe aviaire.
- Les prochaines étapes supplémentaires devraient porter sur les efforts visant à combler les lacunes dans la documentation, telles que la production de synthèses de données probantes sur la biologie des clades en circulation, les paramètres de susceptibilité et de transmission, le diagnostic et la présentation clinique chez les espèces (oiseaux, mammifères non humains, humains), et des descriptions claires des groupes de population prioritaires.

## Encadré 1 : Approche et documents à l’appui

Au début de chaque profil de preuve vivante et tout au long de son élaboration, nous faisons appel à un expert en la matière, qui nous aide à délimiter la question et à veiller à ce que le contexte pertinent soit pris en compte dans le résumé de la preuve.

Nous avons cerné des données probantes répondant à la question en effectuant des recherches dans ACCESSSS, Health Systems Evidence, Health Evidence et [PubMed](#) pour trouver des synthèses complètes de données probantes (ou des produits dérivés de la synthèse tels que des aperçus de synthèses de données probantes) et des protocoles pour les synthèses de données probantes. Ces recherches ont été menées pour la dernière fois le 18 décembre 2023 et n’étaient pas limitées par la date de publication, sauf dans PubMed, à l’exception de PubMed, qui se limitait à la documentation publiée au cours des cinq dernières années (à partir de 2019). Nous avons également inclus des données probantes issues de recherches internes fournies par l’ASPC et portant sur la littérature publiée depuis octobre 2022, la dernière recherche ayant été effectuée le 13 décembre 2023. Les stratégies de recherche utilisées sont présentées à l’annexe 1. Contrairement aux méthodes de synthèse qui permettent une compréhension approfondie des données probantes, ce profil vise à fournir un aperçu et des renseignements clés à partir de documents pertinents. À noter que le moment, la fréquence et la portée des futures mises à jour de ce LEP seront déterminés en collaboration avec le demandeur et que, bien que les études uniques et les analyses juridictionnelles n’aient pas encore été classées par ordre de priorité aux fins d’inclusion dans ce LEP, elles pourraient être incluses dans les versions améliorées futures.

Nous avons évalué la qualité méthodologique des synthèses de données probantes qui ont été jugées très pertinentes à l’aide d’AMSTAR. AMSTAR évalue la qualité globale sur une échelle de 0 à 11, où 11/11 représente une revue de la plus haute qualité. L’outil AMSTAR a été conçu pour évaluer les revues axées sur les interventions cliniques, de sorte que ce ne sont pas tous les critères qui s’appliquent aux synthèses de données probantes portant sur les ententes de prestation, les ententes financières ou de gouvernance au sein des systèmes de santé ou dans les systèmes sociaux plus vastes.

## Cadre pour organiser ce que nous cherchions

- Biologie
  - Clades en circulation

- 2.3.4.4b
  - 2.3.2.1c
  - Autre (si de nouveaux sous-types sont apparus)
- Modifications et incidences génomiques sur :
  - L'infectivité ou la transmission
  - La pathogénicité
  - La virulence ou la gravité de la maladie
  - L'adaptation des mammifères
  - La susceptibilité antivirale
- Caractéristiques virologiques
  - L'infectivité ou la transmission (c.-à-d. la probabilité d'infecter un hôte)
  - La pathogénicité (c.-à-d. la capacité à provoquer la maladie)
  - La virulence ou la gravité de la maladie
- L'épidémiologie (y compris la transmission)
  - Voie de transmission
    - Des oiseaux aux mammifères non humains
    - De mammifère non humain à mammifère (y compris le développement d'un réservoir de mammifère non humain)
    - Des oiseaux ou des mammifères non humains aux humains (c.-à-d. la transmission zoonotique)
    - Charge virale environnementale (p. ex., excrétion virale des oiseaux et des mammifères)
    - Entre humains
  - Cas déclarés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire A(H5Nx) (p. ex., prévalence, taux de mortalité, répartition géographique)
  - Paramètres de susceptibilité et de transmission
    - Période d'incubation
    - Période de maladie clinique
    - Période de latence
    - Période infectieuse
    - Excrétion de virus
- Diagnostic
  - Méthodes moléculaires pour la détection rapide
  - Diagnostics sérologiques (p. ex., autodiagnostic, diagnostic au point de service)
- Présentation clinique
  - Caractéristiques immunologiques
    - Inné
    - Adaptatif
    - Antigène ou anticorps et réponses immunitaires cellulaires
- Populations prioritaires
  - Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé
    - Travailler dans une ferme avicole commerciale (p. ex., producteur, travailleur dans une usine de transformation, éleveur de volaille)
    - Travailler avec des troupeaux non commerciaux ou de basse-cour
    - Élever et manipuler des oiseaux (p. ex., vendeur, éleveur d'oiseaux exotiques, fauconnerie, pigeons voyageurs)
    - Chasse et piégeage d'oiseaux et de mammifères sauvages (p. ex., chasseurs autochtones)
    - Travailler avec de la volaille vivante ou récemment tuée (p. ex., boucher)
    - Travailler avec des oiseaux sauvages ou des mammifères à des fins de soins de santé, de recherche et de conservation (p. ex., vétérinaires, travailleurs de laboratoire, chercheurs, biologistes, agents de réadaptation)

de la faune, personnes autorisées à marquer des oiseaux, à les capturer, à les échantillonner, à les enlever, à les restaurer

- Travailler avec des mammifères non humains qui mangent couramment des oiseaux sauvages
  - Travailler dans des marchés d'oiseaux ou de mammifères vivants ou les visiter
  - Travailler avec des animaux qui interagissent régulièrement avec des oiseaux sauvages ou s'en occuper (par exemple, les gardiens, les animaux de compagnie, les chiens de garde, les chiens de chasse, les éleveurs de visons).
  - Travailler dans des établissements de soins de santé et autres contacts avec des cas (en cas de transmission interhumaine)
- Autres considérations relatives à l'équité

## Ce que nous avons trouvé

Nous avons trouvé 16 synthèses de données probantes ayant fourni des renseignements sur quatre des domaines prioritaires à évaluer dans le LEP (biologie, épidémiologie, diagnostic et présentation clinique de la grippe aviaire A (H5Nx)), mais ayant rarement fourni des renseignements propres aux autres domaines d'intérêt (émergence, transmission et risques pour la santé humaine de la grippe aviaire A (H5Nx)). De nombreux documents de données probantes ont été exclus (mais sont énumérés à l'annexe 3), en grande partie parce qu'il s'agissait d'analyses documentaires sans stratégie de recherche explicite. Les détails méthodologiques du profil de preuve vivante se trouvent à l'encadré 1 et à l'annexe 1. Nous décrivons ci-dessous les lacunes et les constatations des synthèses de données probantes avec des détails supplémentaires sur chacune des synthèses de données probantes incluses fournies à l'annexe 2.

### Lacunes dans les synthèses de données probantes existantes

Nous avons relevé plusieurs lacunes dans les synthèses de données probantes existantes. La plupart des synthèses des données probantes décrivaient les sous-types H5Nx en général, mais ne décrivaient pas explicitement les clades en circulation (2.3.4.4b et 2.3.2.1c) ou d'autres sous-types émergents. Dans l'ensemble, nous avons trouvé peu de données probantes sur la biologie, l'épidémiologie, le diagnostic, la présentation clinique en général ou propre aux populations prioritaires ou entre les sous-types et les clades H5Nx. Certaines raisons pourraient être l'accent mis sur les synthèses de données probantes pour cette version, l'indexation de la documentation sur la grippe aviaire A dans les bases de données bibliographiques (p. ex., surtout des analyses documentaires sans section sur les méthodes) et des descriptions détaillées limitées dans les synthèses de données probantes signalées. Dans la documentation mentionnée, les auteurs ont décrit les principales lacunes en matière de données probantes sur la production et les réseaux de volaille, les techniques d'échantillonnage, les facteurs contextuels et les paramètres qui influent sur la transmission et les risques entre les espèces ainsi que les approches d'élaboration des programmes optimaux de surveillance de la grippe aviaire.(1-16)

### Ce que les synthèses de données probantes existantes nous apprennent sur l'émergence, la transmission et les risques pour la santé humaine de la grippe aviaire

#### *Sous-types généraux H5Nx*

Les synthèses de données probantes signalées décrivaient la biologie, l'épidémiologie, le diagnostic et la présentation clinique de l'influenza aviaire A (H5Nx). En ce qui concerne la biologie (caractéristiques virologiques), une synthèse de données probantes de qualité moyenne a fait état de la dynamique de la transmission en mettant l'accent en grande partie sur les oiseaux individuels en tant qu'unité épidémiologique. Les auteurs ont suggéré que la transmission de l'IAHP entre les fermes avicoles se produisait à courte ou moyenne distance les unes des autres, peu importe le sous-type ou l'emplacement géographique. Les auteurs ont signalé un nombre de reproduction variant de 0,03 à 15,7 pour la transmission entre fermes chez la volaille du virus H5N1 (12). Une synthèse de données

probantes de faible qualité a révélé que l'excrétion du virus de la grippe aviaire de l'IAHP était plus élevée que celle du virus de l'influenza aviaire faiblement pathogène (IAFP). Pour les voies d'introduction des virus de l'IAHP, les voies intranasales ou intraconales n'ont entraîné aucune différence entre l'excrétion et l'infection par contact. Dans l'ensemble, l'excrétion du virus chez la volaille dépend en grande partie des voies d'introduction (p. ex., intranasale, aérosol, oropharyngée) (7).

En ce qui concerne l'épidémiologie, neuf synthèses de données probantes ont décrit la prévalence, la voie de transmission et les paramètres de sensibilité chez les oiseaux, les mammifères non humains et les humains. Trois synthèses de données probantes de faible qualité ont décrit la prévalence chez les oiseaux de différentes régions du monde. En Afrique subsaharienne, les auteurs ont signalé une prévalence globale de 3,0 %, le H5N1 étant le plus fréquemment observé, suivi du H5N2 et du H5N8 chez les oiseaux sauvages et domestiques (en particulier chez les poulets et les canards) (10). Les auteurs ont décrit que les espèces indigènes d'oiseaux d'Afrique et les oiseaux migrateurs aquatiques d'Eurasie maintiennent les virus de la grippe aviaire en circulation. De plus, ils ont indiqué que les virus H5N1 de l'IAHP étaient répandus dans cette région parce qu'il s'agissait d'une importante destination d'hivernage pour les oiseaux aquatiques migrateurs (10). En Chine, on a constaté que les oiseaux aquatiques étaient considérés comme les principaux transmetteurs des virus de la grippe aviaire (y compris les sous-types H5Nx), mais la prévalence chez les oiseaux sauvages variait selon la région. (3) Une synthèse de donnée probantes de faible qualité a révélé une prévalence mondiale combinée de 1,6 % du H5N8 chez les oiseaux (1). Nous avons trouvé une synthèse de données probantes de faible qualité qui décrivait la prévalence du H5N1 chez les humains. En Égypte, on a constaté que la plupart des cas d'infection humaine par le virus H5N1 se trouvaient chez les enfants, les jeunes adultes et les personnes directement exposées à la volaille (14). Deux synthèses de données probantes de qualité moyenne et deux synthèses de faible qualité ont décrit d'autres voies de transmission et paramètres de susceptibilité. Une synthèse de données probantes a révélé que les déplacements des oiseaux, des humains et des fomites jouent tous un rôle dans la transmission des virus de l'IAHP entre les oiseaux et entre les humains et les oiseaux pendant la production de volaille. (p. ex., les déplacements d'oiseaux vivants entre les fermes, les déplacements de poussins depuis le couvoir, le ramassage des oiseaux jusqu'à l'abattage pour la production de poulets à chair, la livraison d'aliments, la collecte des œufs, les mouvements humains tels que les contacts avec des vétérinaires ou des travailleurs agricoles) (8). Une autre synthèse de données probantes a décrit le risque de transmission interspécifique à partir de petites fermes qui impliquent à la fois des volailles domestiques et des porcs (2). Cependant, une synthèse de données probantes a permis de constater que le rôle des petites fermes dans la transmission était minime (12). Enfin, les auteurs d'une autre synthèse de données probantes ont souligné l'importance pour les études de contextualiser les espèces et les sous-types afin de mieux comprendre la transmission et le risque(11).

En ce qui concerne le diagnostic de la grippe aviaire A (H5Nx), trois synthèses de données probantes (une de faible qualité et deux de qualité moyenne) ont indiqué que les techniques prometteuses consistent en grande partie à prélever des échantillons d'oiseaux vivants dans des marchés et des fermes (p. ex., écouvillons et sérologie), d'oiseaux morts. (p. ex., écouvillons ou échantillons d'organes), et de l'environnement (p. ex., des matières fécales, de la boue, des sources d'alimentation, des plumes et de l'air et des surfaces probablement contaminées par des virus telles que des cages, des planches à découper, des plumeuses, des camions, des bottes)(5; 9; 13).

En ce qui concerne la présentation clinique, une synthèse de données probantes de qualité moyenne a indiqué que l'IAFP H5 cause habituellement de légers symptômes cliniques chez la volaille. Cependant, des virus de l'IAHP tels que le H5N2, le H5N6 et le H5N8 ont été décrits comme étant responsables d'une morbidité et d'une mortalité graves chez la volaille(12).

#### *Clade 2.3.4.4b*

Nous avons relevé des aperçus limités au sujet du clade 2.3.4.4b à partir de synthèses de données probantes. Les données probantes pertinentes relevées sont principalement fondées sur des constatations épidémiologiques en Chine, dans la région du Pacifique occidental et en Amérique du Nord. En épidémiologie, une synthèse de données de qualité moyenne a révélé que la séroprévalence globale de l'infection par le H5N1 chez les humains était de

2,45 % en Chine, avec une séroprévalence plus élevée en Chine centrale (7,3 %) (15). Une synthèse de données de faible qualité a indiqué que le risque de transmission zoonotique est faible dans la région ouest du Pacifique, malgré des changements dans les sous-types primaires et la fréquence des cas signalés (16). Une autre synthèse de données de faible qualité a révélé que ce clade particulier avait été trouvé chez des oiseaux sauvages en Alaska, et les auteurs ont conclu que ces oiseaux sauvages avaient probablement contribué à des éclosions chez des oiseaux sauvages et domestiques au Canada et aux États-Unis au cours des dernières années(6).

Nous avons également relevé une synthèse de données de faible qualité qui a révélé que les personnes exposées à la volaille (p. ex., les travailleurs de la volaille et les éleveurs) présentaient une séroprévalence plus élevée des anticorps H5N1 que les personnes non exposées à la volaille. La fréquence des anticorps détectés chez les contacts étroits des cas confirmés de H5N1 était faible(4).

#### *Clade 2.3.2.1c*

Nous avons trouvé très peu de renseignements sur le clade 2.3.2.1c dans les synthèses de données probantes signalées. Ce clade particulier a été mentionné brièvement dans une synthèse de données probantes de faible qualité, où ils ont décrit le faible risque de transmission zoonotique dans la région ouest du Pacifique comme étant faible(16).

### **Prochaines étapes**

Les prochaines étapes supplémentaires devraient porter sur les efforts visant à combler les lacunes dans la documentation, notamment :

- des synthèses de données probantes sur la biologie (modifications génomiques, caractéristiques virologiques) avec des descriptions claires des clades en circulation, y compris des caractéristiques différentes parmi les clades en circulation
- des synthèses de données probantes sur les paramètres de susceptibilité et de transmission
- des synthèses de données probantes sur le diagnostic et la présentation clinique de la grippe aviaire A (H5Nx) classées par catégorie d'oiseaux, de mammifères non humains et des humains
- des synthèses de données probantes comportant des descriptions claires des groupes de la population, en particulier chez les personnes à risque élevé d'exposition.

## Références

1. Calle-Hernández DM, Hoyos-Salazar V, Bonilla-Aldana DK. Prevalence of the H5N8 influenza virus in birds: Systematic review with meta-analysis. *Travel Med Infect Dis* 2023;51: 102490.
2. Chauhan RP, Gordon ML. A systematic review of influenza A virus prevalence and transmission dynamics in backyard swine populations globally. *Porcine Health Management* 2022;8(1): 10.
3. Chen X, Li C, Sun H-T, Ma J, Qi Y, Qin S-Y. Prevalence of avian influenza viruses and their associated antibodies in wild birds in China: A systematic review and meta-analysis. *Microbial Pathogenesis* 2019;135: 103613.
4. Chen X, Wang W, Wang Y, et coll. Serological evidence of human infections with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus: a systematic review and meta-analysis. *BMC Med* 2020;18(1): 377.
5. Coombe M, Iwasawa S, Byers KA, et coll. A systematic review and narrative synthesis of the use of environmental samples for the surveillance of avian influenza viruses in wild waterbirds. *The Journal of Wildlife Diseases* 2021;57(1): 1-18.
6. Gass JD, Jr., Kellogg HK, Hill NJ, Puryear WB, Nutter FB, Runstadler JA. Epidemiology and ecology of influenza A viruses among wildlife in the arctic. *Viruses* 2022;14(7).
7. Germeraad EA, Sanders P, Hagens TJ, Jong MCM, Beerens N, Gonzales JL. Virus shedding of avian influenza in poultry: A systematic review and meta-analysis. *Viruses* 2019;11(9).
8. Hautefeuille C, Dauphin G, Peyre M. Knowledge and remaining gaps on the role of animal and human movements in the poultry production and trade networks in the global spread of avian influenza viruses - A scoping review. *PLoS One* 2020;15(3): e0230567.
9. Hood G, Roche X, Brioude A, et coll. A literature review of the use of environmental sampling in the surveillance of avian influenza viruses. *Transboundary and Emerging Diseases* 2021;68(1): 110-126.
10. Kalonda A, Saasa N, Nkhoma P, et coll. Avian influenza viruses detected in birds in Sub-Saharan Africa: A Systematic Review. *Viruses* 2020;12(9).
11. Kirkeby C, Ward MP. A review of estimated transmission parameters for the spread of avian influenza viruses. *Transboundary and Emerging Diseases* 2022;69(6): 3238-3246.
12. Lambert S, Bauzile B, Mugnier A, Durand B, Vergne T, Paul MC. A systematic review of mechanistic models used to study avian influenza virus transmission and control. *Veterinary Research* 2023;54(1): 96.
13. Ntakiyisumba E, Lee S, Park BY, Tae HJ, Won G. Prevalence, seroprevalence and risk factors of avian influenza in wild bird populations in Korea: A systematic review and meta-analysis. *Viruses* 2023;15(2).
14. Philippon DAM, Wu P, Cowling BJ, Lau EHY. Avian influenza human infections at the human-animal interface. *The Journal of Infectious Diseases* 2020;222(4): 528-537.
15. Qi Y, Ni HB, Chen X, Li S. Seroprevalence of highly pathogenic avian influenza (H5N1) virus infection among humans in mainland China: A systematic review and meta-analysis. *Transbound Emerg Dis* 2020;67(5): 1861-1871.
16. Skufca J, Bell L, Molino JP, et coll. An epidemiological overview of human infections with HxNy avian influenza in the Western Pacific Region, 2003–2022. *Western Pacific Surveillance and Response Journal: WPSAR* 2022;13(4): 1.

Bhuiya A, T Bain, Dass R, Chen K, Wilson MG. Living evidence profile 8.1: Examining what is known about the emergence, transmission and human health risks of avian influenza A (H5Nx) subtypes. Hamilton: McMaster Health Forum 12 janvier 2024.

Ce profil de preuve vivante a été financé par l'Agence de la santé publique du Canada. Le Forum sur la santé de l'Université McMaster reçoit un appui financier et en nature de l'Université McMaster. Les opinions exprimées dans le profil de preuve vivante sont celles des auteurs et ne doivent pas être prises pour représenter les opinions de l'Agence de la santé publique du Canada ou de l'Université McMaster. Les auteurs remercient Nujud Al-Jabouri, Samantha Cheng, Yao Maclean, Kunika Singh et Tresha Sivanesanathan d'avoir mené les évaluations AMSTAR.