

Annexes

- 1) [Détails méthodologiques](#) (Annexe 1)
- 2) [Principales constatations des documents de preuve organisés par clade circulant](#) (annexe 2)
- 3) [Détails sur chaque synthèse de données probantes identifiée](#) (annexe 3)
- 4) [Détails sur chaque étude unique identifiée](#) (annexe 4)
- 5) [Documents exclus des dernières étapes de la révision](#) (Annexe 5)

Examiner ce qui est connu sur l'émergence, la transmission et le spectre du fardeau de la maladie des sous-types de l'influenza aviaire A (H5Nx)

2 mai 2024

[MHF product code: LEP 7.2]

Annexe 1 : Détails d'ordre méthodologique

Nous utilisons un protocole normalisé pour préparer les profils de preuves vivantes (PPV) afin de nous assurer que notre approche pour identifier les preuves de recherche est aussi systématique et transparente que possible au moment où nous avons été donnés pour préparer le profil. Le moment, la fréquence et la portée des mises à jour futures de ce PPV seront déterminés en collaboration avec le demandeur.

Au début de chaque PPV et au cours de tout son déroulement, nous faisons appel à un expert en la matière qui nous aide à cerner la question et s'assure que le contexte pertinent est pris en compte dans le résumé des données probantes.

Cette première version du PPV vise à déterminer l'état actuel des preuves et les lacunes dans les connaissances des synthèses de données existantes relatives à l'émergence, à la transmission et au spectre du fardeau de la maladie de la grippe aviaire chez l'humain, comme première étape pour éclairer les interventions de prévention et d'atténuation. À ce titre, cette version du PPV ne visait qu'à identifier les synthèses de données probantes existantes et n'incluait pas d'analyse juridique. Cependant, des élargissements de portée pourraient être apportés aux futures versions pour inclure des études uniques ou une analyse juridique afin de fournir des aperçus plus détaillés à l'appui des travaux en cours visant à informer les interventions de prévention et d'atténuation.

Déterminer les preuves de recherche

Pour ce PDPR, nous avons mis à jour nos recherches initiales effectuées le 18 décembre 2023 à partir du PDPR dans ACCESSSS, Health Systems Evidence, Health Evidence et [PubMed](#). Les recherches mises à jour ont été effectuées le 1^{er} mai 2024 à l'aide des termes suivants : (grippe aviaire) OU (H5N1 ou AH5N1 ou A?H5N1 ou H5Nx or H5N*) (limité à l'aide des filtres de recherche pour les examens et les examens systématiques). Cette recherche a été complétée par une recherche supplémentaire effectuée le 1^{er} mai 2024 dans [PubMed](#) pour toute littérature des cinq dernières années relative à la transmission liée aux bovins ou aux ruminants, utilisant cette combinaison de termes rapports de cotes : (grippe aviaire) OU (H5N1 ou AH5N1 ou A?H5N1 ou H5Nx ou H5N*) ET (bovin OU vache OU bétail produits laitiers OU ruminant). Nous avons également effectué une recherche à la Bibliothèque nationale agricole de l'USDA le 1^{er} mai 2024 en utilisant le même ensemble de termes que le premier ensemble recherché dans le titre et le deuxième ensemble de synonymes pour la recherche bovine dans le titre ou l'abrégié. Enfin, nous avons cherché des articles préimprimés sur MedRxiv et BioRxiv en combinant (grippe aviaire OU H5N1 OU AH5N1) dans la recherche avancée avec des recherches individuelles pour chacun des éléments suivants : « bovin » « bétail » « bétail laitier » « vache » et « ruminant ». Les recherches ne comprenaient pas de limite

en termes de date de publication, sauf dans PubMed, où les recherches ont été limitées aux publications datant des cinq dernières années (depuis 2019). De plus, nous avons examiné la documentation compilée à partir de recherches effectuées pour la dernière fois par l'Agence de santé publique du Canada (ASPC) le 13 décembre 2023. Cela comprenait l'examen des résultats de recherches effectuées par l'ASPC à partir du 1^{er} octobre 2022 jusqu'à la dernière qui a été effectuée le 13 décembre 2023. Étant donné que nous n'avons inclus à l'origine que des synthèses de données probantes, nous avons réexaminé ces recherches pour toutes les études portant sur la transmission liée aux bovins ou aux ruminants.

Chaque source de ces documents est attribuée à un membre de l'équipe qui effectue des recherches à la main (lorsqu'une source contient un plus petit nombre de documents) ou des recherches par mot-clé pour identifier les documents potentiellement pertinents. Une évaluation finale de l'inclusion est effectuée à la fois par la personne qui a procédé à l'examen préalable initial et par l'auteur principal du profil de données probantes rapides, les désaccords ayant été résolus par consensus ou par l'apport d'un troisième examinateur au sein de l'équipe. L'équipe utilise un canal virtuel dédié pour discuter et affiner de façon itérative les critères d'inclusion et d'exclusion tout au long du processus, ce qui fournit une liste courante de considérations que tous les membres peuvent consulter au cours des premières étapes de l'évaluation.

Pendant ce processus, nous incluons des synthèses de données probantes de la littérature publiée, préimprimée et grise. Nous n'excluons pas les documents basés sur la langue d'un document. Cependant, nous ne sommes pas en mesure d'extraire les principales constatations de documents rédigés dans des langues autres que le chinois, l'anglais, le français, le portugais ou l'espagnol. Nous fournissons en annexe tout document qui ne contient pas de contenu disponible dans ces langues et qui contient des documents exclus aux étapes finales de l'examen. Nous avons exclu les documents qui n'abordaient pas directement les questions de recherche et le cadre d'organisation pertinent.

Évaluer la pertinence et la qualité des preuves

Nous estimons que la pertinence de chaque document de preuve inclus est élevée, modérée ou faible par rapport à la question.

Deux examinateurs ont évalué de façon indépendante la qualité des lignes directrices que nous avons jugées très pertinentes à l'aide d'AGREE II. Nous avons utilisé trois domaines dans l'outil (participation des intervenants, rigueur du développement et indépendance éditoriale) et classé les lignes directrices comme étant de haute qualité si elles ont été notées à 60 % ou plus dans chacun de ces domaines.

En utilisant la première version de l'outil [AMSTAR](#), deux examinateurs ont évalué indépendamment que la qualité méthodologique des synthèses de données probantes s'avérait des plus pertinentes. Deux examinateurs évaluent chaque synthèse de façon indépendante et les désaccords sont résolus par consensus avec un troisième examinateur, au besoin. AMSTAR évalue la qualité globale de la méthodologie selon une échelle allant de 0 à 11, 11/11 représentant une synthèse de la plus grande qualité. Les synthèses de données probantes de qualité élevée sont celles avec des notes huit ou plus allant jusqu'à 11, les synthèses de données probantes de qualité moyenne étant celles dont la note est entre quatre et sept et les synthèses de faible qualité ayant des notes en dessous de quatre. Il est important de noter que l'outil AMSTAR a été développé pour évaluer les synthèses de données probantes centrées sur les interventions cliniques, permettant l'application sélective des critères de celles relatives aux arrangements du système de santé ou aux stratégies de mise en œuvre. D'ailleurs, nous appliquons les critères AMSTAR aux synthèses factuelles qui traitent de tous les types de questions, et pas seulement de celles qui portent sur l'efficacité, et certaines de ces synthèses factuelles qui traitent d'autres types de questions sont des synthèses d'études qualitatives. Bien qu'AMSTAR ne tienne pas compte de certains des principaux attributs des synthèses d'études qualitatives, tels que la question de savoir si et comment les citoyens et les experts en la matière ont contribué, la compétence des chercheurs et la façon dont la réflexivité a été abordée, il demeure le meilleur outil général d'évaluation de la qualité dont nous sommes conscients. Lorsque le dénominateur n'est pas 11, un aspect de l'outil a été jugé non pertinent par les évaluateurs. En comparant les cotes, il est donc important de garder à l'esprit les deux parties de la note (c.-à-d. le numérateur et le dénominateur). Par exemple, une synthèse des données probantes selon

laquelle les notes 8/8 sont généralement de qualité comparable à une autre note 11/11; les deux cotes sont considérées comme des « notes élevées ». Une note élevée indique que les lecteurs de la synthèse des données probantes peuvent avoir un niveau élevé de confiance dans ses constatations. Par contre, une note faible ne signifie pas que la synthèse des données probantes doit être écartée, mais simplement qu'il est possible d'accorder moins de confiance à ses constatations et qu'il faut l'examiner de près pour déterminer ses limites. (Levin S., Oxman A. D., Lavis J. N., Fretbeim A. *SUPPORT Tools for evidence-informed health Policymaking (STP): 8. Deciding how much confidence to place in a systematic review. Health Research Policy and Systems 2009; 7 (Suppl1):S8*).

Identification des expériences d'autres pays et des expériences des provinces et territoires canadiens

Les analyses juridictionnelles n'ont pas encore été classées par ordre de priorité pour ce PPV. Cependant, pour les versions futures de ce PPV, nous pouvons travailler avec les demandeurs et un expert en la matière pour décider collectivement quels pays (et/ou États ou provinces) examiner en fonction de la question posée.

Préparer le profil

Chaque document inclus est cité dans la liste de référence à la fin du PPV. Pour toutes les lignes directrices incluses, les synthèses de données probantes et les études uniques (lorsqu'elles sont incluses), nous préparons un petit nombre de points qui fournissent un résumé des principales constatations, qui sont utilisées pour résumer les messages clés dans le texte. Les protocoles et titres/questions ont leurs titres hyperliés, étant donné que les constatations ne sont pas encore disponibles. Nous rédigeons ensuite un résumé qui met en évidence les principales constatations de tous les documents très pertinents (en plus de leur date de dernière recherche et de leur qualité méthodologique). Une fois terminé, le PPV est envoyé à l'expert en la matière pour examen.

Annexe 2 : Principales constatations des documents de preuve organisés par clade circulant

Sous-type ou clade en circulation	Biologie	Épidémiologie	Diagnostic	Clinique Présentation	Populations prioritaires
Sous-types H5Nx généraux	<ul style="list-style-type: none"> • L'évolution et l'adaptation de l'hôte du virus de la grippe A (VIA) chez l'espèce bovine a été entravé jusqu'à l'émergence d'un nouveau virus de la grippe D chez l'animal, puisque certains facteurs hôtes de bovins pouvant avoir des propriétés antigrippales auraient pu fournir une résistance au VIA pour les bovins, mais davantage de recherches sont nécessaire pour déterminer les facteurs spécifiques à l'hôte qui ont contribué à cette différence (note AMSTAR 1/9; dernière recherche dans la littérature en 2019) • La plupart des transmissions ont eu lieu à une courte ou moyenne distance, peu importe le sous-type ou l'emplacement géographique; le nombre de reproductions pour la transmission entre exploitations agricoles se situait entre 0,03 et 15,7 (note AMSTAR 6/11; dernière recherche dans la littérature le 20 septembre 2018) • Une synthèse du virus de la grippe aviaire (H5Nx inclus) a révélé des différences dans les niveaux d'excrétion du virus chez la volaille, résultant de diverses voies d'introduction et d'excrétion (grande hétérogénéité des méthodes) (note ANSTAR 4/11; dernière recherche dans la littérature en 2017) 	<ul style="list-style-type: none"> • L'événement panzootique H5N1 en cours a eu des répercussions importantes sur la biodiversité et la santé des mammifères en raison de multiples facteurs (p. ex., impact géographique plus large, nombre accru d'espèces de mammifères infectées et potentiel de transmission d'un mammifère à l'autre), soulignant l'importance de la surveillance continue et de la collaboration internationale (note AMSTAR 4/9; dernière recherche dans la littérature en 2023) • Tous les cas signalés de H5N6 chez l'humain avaient un contact antérieur avec les oiseaux et qu'ils présentaient une gravité élevée de la maladie, 95 % des cas ayant entraîné l'hospitalisation (note AMSTAR 4/9; dernière recherche dans la littérature en 2021) • On a considéré les ansériformes (c.-à-d. la sauvagine) comme les hôtes et les transmetteurs naturels les plus importants des virus de la grippe aviaire (y compris le sous-type H5) en Chine, mais la prévalence des virus de la grippe aviaire et de leurs anticorps connexes chez les oiseaux sauvages varie selon les régions et les espèces (note AMSTAR 6/11; dernière recherche dans la littérature le 20 septembre 2018) • La plupart des cas d'infection humaine par le virus H5N1 de 1997 à 2019 ont été observés en Égypte, chez les enfants et les jeunes adultes, et chez ceux exposés à la volaille (note AMSTAR 2/9; dernière recherche dans la littérature le 31 juillet 2019) • Les petites fermes de porc et de volailles sont à risque de transmission interespèces (de volailles domestiques à porc) (note AMSTAR 3/9; dernière recherche dans la littérature le 31 juillet 2021) 	<ul style="list-style-type: none"> • Les méthodes actuelles de surveillance des virus de l'influenza aviaire comprenaient la collecte d'échantillons d'oiseaux vivants sur les marchés et les fermes (écouvillons cloacaux et trachéaux/oropharyngés et sang), d'oiseaux morts (écouvillons et/ou échantillons d'organes) et d'échantillons environnementaux (excréments, boue, eau, source d'alimentation, plumes et air et surfaces susceptibles d'être contaminés par des virus tels que des cages, des tableaux, des planches à découper et des machines à plumer); cependant, il y avait des renseignements limités sur la sensibilité des techniques d'échantillonnage pour élaborer un programme optimal de surveillance de la grippe aviaire (note AMSTAR 3/9; dernière recherche de la littérature le 10 juin 2019) • La surveillance et la sérosurveillance de la grippe aviaire chez les oiseaux sauvages sont 	<ul style="list-style-type: none"> • Les sous-types H5 causent généralement des symptômes cliniques bénins chez les volailles, mais ils peuvent muter pour causer une morbidité et une mortalité graves (note AMSTAR 6/11; dernière recherche dans la littérature le 20 septembre 2018) 	<ul style="list-style-type: none"> • Selon une étude unique des données de surveillance, le risque d'infection de l'influenza aviaire A (H5) pour la population générale en Europe est faible, mais plus élevé pour les personnes exposées à des animaux infectés

Sous-type ou clade en circulation	Biologie	Épidémiologie	Diagnostic	Clinique Présentation	Populations prioritaires
		<ul style="list-style-type: none"> • Le rôle des fermes de cour arrière dans la transmission a été jugé minimal, avec un nombre de reproductions inférieur à un pour entre les fermes de cour arrière elles-mêmes et entre les fermes de cour arrière et commerciales (AMSTAR note 6/11; dernière recherche dans la littérature le 20 septembre 2018) • Il est important de remettre dans son contexte les paramètres de la grippe aviaire en vue d'obtenir une compréhension exacte de sa transmission et de ses risques (AMSTAR note 5/10; dernière recherche dans la littérature en 2021) • Les déplacements d'oiseaux, d'humains et de matières contaminées jouent tous un rôle dans la transmission de la grippe aviaire pendant la production de volaille en raison d'une contamination croisée; des recherches supplémentaires sur la production de volailles sont nécessaires pour comprendre la transmission de ce virus. (AMSTAR note 5/9; dernière recherche dans la littérature en 2019) • La prévalence de la grippe aviaire H5N8 chez les oiseaux en 2021 était de 1,6 %, ce qui souligne la nécessité d'une surveillance de la transmission du virus et de la migration dans la faune (AMSTAR note 4/11; dernière recherche dans la littérature en 2021) • Entre 2000 et 2019, divers sous-types de virus de l'influenza aviaire ont été trouvés chez des oiseaux sauvages et domestiques à une prévalence globale de 3,0 %, le H5N1 étant le plus fréquemment observé, suivi du H5N2 et du H5N8 (AMSTAR note 4/9; dernière recherche de la littérature en 2019) • Une charge virale environnementale élevée peut faciliter la transmission indirecte entre les troupeaux ou les fermes par des surfaces plus susceptibles d'être contaminées (p. ex. camions, bottes) (grande hétérogénéité dans 	<p>importantes pour surveiller son risque de transmission à d'autres espèces (note AMSTAR 6/11; dernière recherche de la littérature en 2021)</p> <ul style="list-style-type: none"> • La collecte d'échantillons environnementaux semble être un outil prometteur, étant donné la capacité de capturer de grands échantillons et de séquencer plusieurs oiseaux dans un échantillon pour assurer la surveillance du virus de la grippe aviaire chez les oiseaux aquatiques sauvages (note AMSTAR 5/10; dernière recherche de la littérature le 30 juin 2019) 		

Sous-type ou clade en circulation	Biologie	Épidémiologie	Diagnostic	Clinique Présentation	Populations prioritaires
		<p>les méthodes) (note AMSTAR 4/11; dernière recherche dans la littérature en 2017)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Une seule étude a révélé que les infections humaines de l'influenza aviaire A(H5) étaient rares entre décembre 2023 et mars 2024 et que l'Europe et l'Amérique du Nord ont continué de constater des éclosions généralisées chez les oiseaux domestiques et sauvages; les chèvres infectées par le virus de l'influenza A (H5N1) aux États-Unis représentaient la première infection naturelle chez les espèces de ruminants dans le monde • La transmission du H5N1 de vache à vache a été signalée chez les bovins laitiers aux États-Unis, les vaches étant atteintes d'une maladie systémique apparente, d'une diminution brusque de la production laitière, d'une diminution de l'apport alimentaire et de la rumination, d'une excréation abondante, et de la production de lait jaune épais et crémeux • La sauvagine agit de voie de transmission potentielle de l'influenza aviaire au bétail dans les installations commerciales et de petites sources isolées, naturelles et artificielles, d'eau ou de nourriture dans ou près des établissements pour bétail augmentent la probabilité d'attirer ces oiseaux 			
2.3.4.4b	<ul style="list-style-type: none"> • Compte tenu de la présence importante de virus de la grippe A dans diverses matrices d'eau associées à la volaille (taux de prévalence allant de 4,3 % à 76,4 %) et aux habitats d'oiseaux sauvages (taux de prévalence allant de 0,4 % à 69,8 %), il est urgent de mettre en place des protocoles normalisés et d'intensifier la recherche dans les régions sous-représentées pour mieux comprendre la dynamique des 	<ul style="list-style-type: none"> • Un examen systématique et une méta-analyse menés en 2020 ont révélé que la séroprévalence globale de l'infection à H5N1 chez les humains en Chine était de 2,45 % (862/35 159), la séroprévalence chez les humains du centre de la Chine (7,32 %) étant plus élevée que dans d'autres régions de la Chine (note AMSTAR 7/11; dernière recherche dans la littérature le 20 octobre 2018) • Bien qu'il y ait eu des changements au cours des dernières années dans les sous-types primaires et la fréquence des rapports sur la grippe aviaire A(HxNy) humaine dans la 	<ul style="list-style-type: none"> • Aucun déterminé 	<ul style="list-style-type: none"> • Aucun déterminé 	<ul style="list-style-type: none"> • Des preuves sérologiques d'infections de l'aviare A(H5N1) sous-clinique et cliniquement légère chez l'humain ont montré que les personnes exposées à la volaille, comme les travailleurs de la volaille et les éleveurs, ont connu une séroprévalence

Sous-type ou clade en circulation	Biologie	Épidémiologie	Diagnostic	Clinique Présentation	Populations prioritaires
	<p>virus de la grippe dans les milieux aquatiques (note AMSTAR 7/11; dernière recherche dans la littérature en 2023)</p>	<p>région du Pacifique occidental (RPO), le risque global pour la santé publique lié aux virus H5Nx à l'interface humain-animal reste faible (note AMSTAR 2/9; dernière recherche dans la littérature le 31 juillet 2022)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Les virus H5Nx du clade 2.3.4.4 étaient probablement présents chez les oiseaux sauvages en Alaska, ce qui a entraîné des éclosions chez les oiseaux sauvages et domestiques au Canada et aux États-Unis (note AMSTAR 4/10; dernière recherche dans la littérature en février 2022) 			<p>relativement plus élevée d'anticorps contre la grippe A(H5N1) que les personnes non exposées à la volaille; des fréquences très faibles d'anticorps ont été détectées parmi les contacts étroits de cas confirmés de A(H5N1) (note AMSTAR 3/11; dernière recherche de la littérature le 1^{er} septembre 2020)</p>
2.3.2.1c	<ul style="list-style-type: none"> • Une prévalence faible, mais actuelle du virus de la grippe A (y compris 2.3.2.1c au Nigeria, les virus H5N1 et H5N2 2.2.1.2 en Égypte) chez les porcs africains a été identifiée, ainsi qu'une transmission potentielle vers d'autres mammifères, soulignant la nécessité d'une meilleure surveillance en Afrique (note AMSTAR 7/11; dernière recherche de la littérature en 2021) • De 2000 à 2022, 35 zoonoses ont été identifiées au Cameroun, dont le virus H5N1 2.3.2.1c parmi les plus signalés, ce qui souligne la nécessité de mieux comprendre leur répartition pour élaborer des stratégies de prévention (note AMSTAR 7/11; dernière recherche dans la littérature en 2022) 	<ul style="list-style-type: none"> • Bien qu'il y ait eu des changements au cours des dernières années dans les sous-types primaires et la fréquence des rapports sur la grippe aviaire A(H5Nx) humaine dans la région du Pacifique occidental (RPO), le risque global pour la santé publique lié aux virus HxNy à l'interface humain-animal reste faible (note AMSTAR 2/9; dernière recherche dans la littérature le 31 juillet 2022) 	<ul style="list-style-type: none"> • Aucun déterminé 	<ul style="list-style-type: none"> • Aucun déterminé 	<ul style="list-style-type: none"> • Aucun déterminé

Annexe 3 : Principales conclusions de synthèses des données probantes organisées par pertinence

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	État de vie	Qualité (AMSTAR)	Dernière année de recherche de la littérature	Disponibilité du profil GRADE	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain ▪ Mammifère non humain à mammifère (y compris le développement d'un réservoir de mammifères non humain) ▪ Oiseau/mammifère non humain à humain (c.-à-d. transmission zoonotique) • Diagnostic <ul style="list-style-type: none"> ○ Méthodes moléculaires de détection rapide ○ Diagnostic sérologique (p. ex. autodépistage, diagnostic au point d'intervention) • Présentation clinique <ul style="list-style-type: none"> ○ Caractéristiques immunologiques <ul style="list-style-type: none"> ▪ Innée ▪ Adaptable ▪ Réponse immunitaire antigène/anticorps et cellulaire • Populations prioritaires <ul style="list-style-type: none"> ○ Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé ○ Travailler sur une ferme avicole commerciale (p. ex. producteur, travailleur de l'usine de transformation, éleveur de volaille) 	L'événement panzootique H5N1 en cours a eu des répercussions importantes sur la biodiversité et la santé des mammifères en raison de multiples facteurs (p. ex., impact géographique plus large, nombre accru d'espèces de mammifères infectées et potentiel de transmission d'un mammifère à l'autre), soulignant l'importance de la surveillance continue et de la collaboration internationale	élevée	Non	4/9	2023	Non	Profession
<ul style="list-style-type: none"> • Biologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Clades en circulation 	Compte tenu de la présence importante du virus de la grippe A dans diverses matrices d'eau	élevé	Non	7/11	2023	Non	Aucun déterminé

<ul style="list-style-type: none"> ▪ 2.3.4.4b ○ Changements génomiques et incidences sur : <ul style="list-style-type: none"> ▪ Infectiosité/transmission ▪ Pathogénicité ▪ Virulence/gravité de la maladie ▪ Adaptation des mammifères ▪ Sensibilité aux antiviraux ○ Caractéristiques virologiques <ul style="list-style-type: none"> ▪ Infectivité/transmission (c.-à-d. probabilité d'infecter un hôte) ▪ Pathogénicité (c.-à-d. capacité de causer la maladie) ▪ Virulence/gravité de la maladie ● Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain ▪ Mammifère non humain à mammifère (y compris le développement d'un réservoir de mammifères non humain) ● Oiseau/mammifère non humain à humain (c.-à-d. transmission zoonotique) 	<p>associées à la volaille (taux de prévalence allant de 4,3 % à 76,4 %) et aux habitats d'oiseaux sauvages (taux de prévalence allant de 0,4 % à 69,8 %), il est urgent de mettre en place des protocoles normalisés et d'intensifier la recherche dans les régions sous-représentées pour mieux comprendre la dynamique des virus de la grippe dans les milieux aquatiques</p> <ul style="list-style-type: none"> ● Les résultats ont également mis en évidence le fait que la détection de la grippe B était limitée dans tous les milieux aquatiques et que, d'après les études identifiées, il n'y avait pas de recherche sur la grippe dans les milieux aquatiques associés au porc 						
<ul style="list-style-type: none"> ● Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau/mammifère non humain à humain ○ Cas signalés et autres indicateurs épidémiologiques de l'influence aviaire ● Populations prioritaires <ul style="list-style-type: none"> ○ Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé <ul style="list-style-type: none"> ▪ Travail sur une ferme avicole commerciale 	<p>Tous les cas signalés de H5N6 chez l'humain avaient un contact antérieur avec les oiseaux et qu'ils présentaient une gravité élevée de la maladie, 95 % des cas ayant entraîné l'hospitalisation</p> <ul style="list-style-type: none"> ● L'examen de la littérature a permis d'identifier 85 cas déclarés d'AH5N6 et de synthétiser les rapports de cas ● L'âge médian des personnes infectées était de 50 ans, 13 cas ayant été signalés chez les enfants ● Dans tous les cas, il y avait des contacts connus avec les oiseaux avant le début de la maladie, avec des méthodes de contact, notamment la visite des marchés d'oiseaux 	élevée	Non	1/9	2021	Non	Aucune n'a été signalée.

<ul style="list-style-type: none"> ▪ Travailler avec des troupeaux non commerciaux cour ou de petit élevage ▪ Travailler avec des volailles vivantes ou récemment abattues ▪ Travailleur de l'usine de transformation de la viande/du lait 	<p>vivants, l'emploi comme travailleur avicole ou l'exposition à la volaille abattue et cuite ou à la volaille domestique et de cour arrière</p> <ul style="list-style-type: none"> • Presque tous les cas ont été signalés en Chine, dans 15 provinces différentes, à l'exception d'un cas au Laos • La gravité de la maladie est assez élevée, 95 % des personnes infectées nécessitant l'hospitalisation dans la semaine suivant l'apparition de la maladie • Les symptômes commencent souvent par une fièvre, des symptômes aux voies respiratoires supérieures et une myalgie, suivis d'une progression rapide vers les voies respiratoires inférieures, d'une défaillance multiple des organes et d'un syndrome de détresse respiratoire aiguë <p>Les données sur les résultats n'étaient disponibles que pour la moitié des cas et les deux tiers de ces personnes sont décédés</p>						
<ul style="list-style-type: none"> • Biologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Caractéristiques virologiques ○ Infectivité/transmission (c.-à-d. probabilité d'infecter un hôte) 	<p>L'évolution et l'adaptation de l'hôte du virus de la grippe A (VIA) chez l'espèce bovine a été entravé jusqu'à l'émergence d'un nouveau virus de la grippe D chez l'animal, puisque certains facteurs hôtes de bovins pouvant avoir des propriétés antigrippales auraient pu fournir une résistance au VIA pour les bovins, mais davantage de recherches sont nécessaire pour déterminer les facteurs spécifiques à l'hôte qui ont contribué à cette réponse pathogénique différente et à la progression de la maladie chez les bovins</p> <ul style="list-style-type: none"> • La distribution de la grippe A au cours des 45 dernières années montre qu'elle a évolué dans « presque tous les hôtes de mammifères à l'interface homme-animal, sauf chez les espèces bovines » • Il y a eu des cas naturels de grippe chez des bovins qui causent des maladies respiratoires semblables à la grippe (p. ex., avec la bronchopneumonie, la toux épizootique, la décharge nasale, la larmoiement ou d'autres signes extrapulmonaires comme la chute de lait), mais très peu ont abouti à l'isolement du virus 	Moyenne	Non	1/9	2019	Non	Non

	<ul style="list-style-type: none"> Les souches de VAI d'origine bovine ont été isolées pour la première fois au début des années 1970, au moment où les souches humaines de VAI étaient prévalentes (H3N2), mais il y a peu de preuves de parenté génétique 						
<ul style="list-style-type: none"> Biologie <ul style="list-style-type: none"> Clades en circulation <ul style="list-style-type: none"> 2.3.2.1c Autres (si de nouveaux sous-types ont été identifiés comme ayant émergé) Changements génomiques et incidences sur : <ul style="list-style-type: none"> Infectiosité/transmission Adaptation des mammifères Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> Oiseau à un mammifère non humain Mammifère non humain à mammifère (y compris le développement d'un réservoir de mammifères non humain) Populations prioritaires <ul style="list-style-type: none"> Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé <ul style="list-style-type: none"> Travailleur de l'élevage de troupeau/propriétaire d'un petit troupeau Travailleur de l'usine de transformation de la viande/du lait 	<p>Une prévalence faible, mais actuelle du virus de la grippe A (y compris 2.3.2.1c au Nigeria, les virus H5N1 et H5N2 2.2.1.2 en Égypte) chez les porcs africains a été identifiée, ainsi qu'une transmission potentielle vers d'autres mammifères, soulignant la nécessité d'une meilleure surveillance en Afrique</p>	Moyenne	Non	7/11	2021	Non	Profession
<ul style="list-style-type: none"> Biologie <ul style="list-style-type: none"> Clades en circulation <ul style="list-style-type: none"> 2.3.2.1c Changements génomiques et incidences sur : <ul style="list-style-type: none"> Adaptation des mammifères Caractéristiques virologiques <ul style="list-style-type: none"> Infectivité/transmission (c.-à-d. probabilité d'infecter un hôte) 	<p>De 2000 à 2022, 35 zoonoses ont été identifiées au Cameroun, dont le virus H5N1 2.3.2.1c parmi les plus signalés, ce qui souligne la nécessité de mieux comprendre leur répartition pour élaborer des stratégies de prévention</p>	Faible	Non	7/11	2022	Non	Profession

<ul style="list-style-type: none"> • Populations prioritaires <ul style="list-style-type: none"> ○ Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé ○ Travailler sur une ferme avicole commerciale (p. ex. producteur, travailleur de l'usine de transformation, éleveur de volaille) 							
<ul style="list-style-type: none"> • Biologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Caractéristiques virologiques <ul style="list-style-type: none"> ▪ Infectiosité/transmission • Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Charge virale environnementale ○ Cas signalés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire A (H5Nx) • Paramètres de sensibilité et de transmission <ul style="list-style-type: none"> ○ Période infectieuse 	<p>Les sous-types H5 causent généralement des symptômes cliniques bénins chez les volailles, mais ils peuvent muter pour causer une morbidité et une mortalité graves, la plupart des transmissions se produisant à une courte ou moyenne distance, quel que soit le sous-type ou l'emplacement géographique</p> <ul style="list-style-type: none"> • La grippe aviaire hautement pathogène H5Nx a causé une mortalité massive chez les oiseaux et les volailles sauvages. <ul style="list-style-type: none"> ○ La durée infectieuse au niveau de la ferme a été estimée à une moyenne de 6,4 à 17,22 jours. ○ Le nombre de reproductions Rh pour la transmission entre les exploitations agricoles a été établi à 0,03-15,7. ○ La plupart des transmissions semblent avoir eu lieu à une courte ou moyenne distance, peu importe le sous-type ou l'emplacement géographique. ○ Le rôle des fermes de cour arrière dans la transmission a été jugé minimal, avec un nombre de reproductions inférieur à un pour entre les fermes de cour arrière elles-mêmes et entre les fermes de cour arrière et commerciales. 	Élevée	Non	3/9	2023	Non	Non
<ul style="list-style-type: none"> • Biologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Clades en circulation <ul style="list-style-type: none"> ▪ 2.3.4.4b ▪ 2.3.2.1c ▪ Autres (si de nouveaux sous-types ont été identifiés comme ayant émergé) ○ Changements génomiques et incidences sur : <ul style="list-style-type: none"> ▪ Infectiosité/transmission 	<p>Bien qu'il y ait eu des changements au cours des dernières années dans les sous-types primaires et la fréquence des rapports d'influenza aviaire (HxNy) humaine dans la région du Pacifique occidental (RPO), le risque global pour la santé publique lié aux virus HxNy à l'interface humain-animal reste faible</p> <ul style="list-style-type: none"> • Entre le 1^{er} octobre 2017 et le 31 juillet 2022, on a observé une réduction des A(H7N9) et A(H5N1), et une augmentation des A(H5N6) et A(H9N2), avec trois nouveaux sous-types, 	Élevée	Non	2/9	31 juillet 2022	Non	Non

<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau/mammifère non humain à humain ○ Cas signalés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire A (H5Nx) 	<p>A(H7N4), A(H10N3) et A(H3N8) signalés à partir de la Chine au cours de cette période.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Les infections étaient presque exclusivement associées au contact humain avec des oiseaux infectés. 						
<ul style="list-style-type: none"> • Biologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Clades en circulation <ul style="list-style-type: none"> ▪ 2.3.4.4b ○ Caractéristiques virologiques <ul style="list-style-type: none"> ▪ Virulence/gravité de la maladie • Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau/mammifère non humain à humain (c.-à-d. transmission zoonotique) ▪ Charge virale environnementale (p. ex., l'excrétion virale aviaire et des mammifères) ▪ D'humain à humain ○ Cas signalés et autres indicateurs épidémiologiques de l'influenza aviaire A (H5Nx) • Diagnostic <ul style="list-style-type: none"> ○ Diagnostics sérologiques • Présentation clinique <ul style="list-style-type: none"> ○ Caractéristiques immunologiques <ul style="list-style-type: none"> ▪ Réponse immunitaire antigène/anticorps et cellulaire • Populations prioritaires <ul style="list-style-type: none"> ○ Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé <ul style="list-style-type: none"> ▪ Travail sur une ferme avicole commerciale ▪ Rôle qui implique la reproduction et la manipulation d'oiseaux 	<p>Des preuves sérologiques d'infections de la grippe aviaire A(H5N1) sous-clinique et cliniquement légère chez l'humain ont montré que les personnes exposées à la volaille, comme les travailleurs de la volaille et les éleveurs, ont connu une séroprévalence relativement plus élevée d'anticorps de la grippe A(H5N1) que les personnes non exposées à la volaille; des fréquences très faibles d'anticorps ont été détectées parmi les contacts étroits de cas confirmés de A(H5N1)</p> <ul style="list-style-type: none"> • La séroprévalence moyenne était de 0,2, 0,6 et 1,8 % pour les travailleurs de la volaille, les éleveurs de volaille et les personnes exposées à la volaille et à l'humain, respectivement, dans les études qui utilisaient les critères de séropositivité de l'OMS; la séroprévalence moyenne était de 0 % dans la population générale et les contacts étroits des cas confirmés de A(H5N1). • La séroprévalence était aussi plus élevée chez les personnes exposées au virus A(H5N1) clade 0 que chez les participants exposés à d'autres clades du virus A(H5N1). • Chez les populations exposées au risque professionnel, les personnes qui travaillaient sur les marchés de la volaille vivante avaient des fréquences plus élevées d'anticorps spécifiques au virus A(H5N1) que les aviculteurs et les vétérinaires. 	Élevée	Non	3/11	1 ^{er} septembre 2020	Non	Aucun déterminé

<ul style="list-style-type: none"> ▪ Travailler avec des volailles vivantes ou récemment abattues ▪ Travailler avec des oiseaux sauvages et/ou des mammifères pour des besoins de soins de santé, de recherche et de conservation ▪ Visiter des marchés d'oiseaux vivants ou de mammifères, ou y travailler ▪ Travailler en milieux de soins et autres foyers de contact 							
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain ○ Cas déclarés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire A (H5Nx) (p. ex. prévalence, taux de mortalité, répartition géographique) 	<p>Entre 2000 et 2019, divers sous-types de virus de la grippe aviaire ont été trouvés chez des oiseaux sauvages et domestiques en Afrique subsaharienne à une prévalence globale de 3,0 %, le H5N1 étant le plus fréquemment observé, suivi du H5N2 et du H5N8</p> <ul style="list-style-type: none"> • La prévalence du virus de la grippe aviaire est plus élevée en Afrique subsaharienne pendant la saison sèche, alors que les oiseaux migrateurs eurasiens sont peu nombreux; une explication possible de cette situation pourrait être une augmentation du regroupement de sauvagines résultant d'une diminution des masses d'eau (cette saisonnalité s'est avérée statistiquement insignifiante). • Les espèces indigènes d'oiseaux africains et les oiseaux aquatiques migrateurs d'Eurasie maintiennent les virus de la grippe aviaire en circulation. • La détection de virus de la grippe aviaire H5 chez les oiseaux sauvages et domestiques suggère la possibilité d'une transmission entre les deux. • Les virus de la grippe aviaire à forte pathogénicité ont été plus fréquents chez les oiseaux domestiques, particulièrement chez les poulets et les canards. • Les virus de la grippe aviaire à forte pathogénicité H5N1 se sont avérés répandus en Afrique de l'Ouest, ce qui peut être parce que cette région est une destination hivernale 	Élevée	Non	4/9	2019	Non	Aucun déterminé

	<p>majeure pour les oiseaux aquatiques migrateurs.</p> <ul style="list-style-type: none"> • La circulation continue des virus de la grippe aviaire hautement pathogènes H5N1 peut être attribuable à des facteurs comme : <ul style="list-style-type: none"> ○ transport illicite de volailles infectées (traversant parfois les frontières nationales) ○ élevage de plusieurs espèces d'élevage ○ faible adhésion aux mesures de biosécurité sur les marchés des oiseaux. • L'infection à la grippe aviaire à forte pathogénicité H5N8 a été détectée pour la première fois en Égypte et au Nigeria à peu près au même moment. • Les virus de la grippe aviaire à forte pathogénicité H5N2 ont provoqué des éclosions dans les fermes d'autruches sud-africaines. 						
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Cas déclarés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire A (H5Nx) (p. ex. prévalence, taux de mortalité, répartition géographique) • Diagnostic <ul style="list-style-type: none"> ○ Méthodes moléculaires de détection rapide 	<p>Les méthodes actuelles de surveillance des virus de la grippe aviaire comprenaient la collecte d'échantillons d'oiseaux vivants sur les marchés et les fermes (écouvillons cloacaux et trachéaux/oropharyngés et sang), d'oiseaux morts (écouvillons et/ou échantillons d'organes) et d'échantillons environnementaux (excréments, boue, eau, source d'alimentation, plumes et air et surfaces susceptibles d'être contaminés par des virus tels que des cages, des tableaux, des planches à découper et des machines à plumer); cependant, il y avait des renseignements limités sur la sensibilité des techniques d'échantillonnage pour élaborer un programme optimal de surveillance de la grippe aviaire</p> <ul style="list-style-type: none"> • Il y a peu d'études qui ont porté sur la sensibilité des techniques d'échantillonnage environnemental avec des variations selon la prévalence, le sous-type, l'espèce, l'âge, la densité des oiseaux échantillonnés, la collecte, la manipulation des échantillons et les méthodes d'essai. • On dispose de peu d'information sur les programmes optimaux de surveillance de la grippe aviaire en raison de l'absence de 	Élevée	Non	3/9	10 juin 2019	Non	Aucun déterminé

	protocoles et de méthodes normalisés dans la documentation.						
<ul style="list-style-type: none"> Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> Cas déclarés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire A (H5Nx) (p. ex. prévalence, taux de mortalité, répartition géographique) Diagnostic <ul style="list-style-type: none"> Méthodes moléculaires de détection rapide 	<p>La collecte d'échantillons environnementaux semble être un outil prometteur, étant donné la capacité de capturer de grands échantillons et de séquencer plusieurs oiseaux dans un échantillon pour assurer la surveillance du virus de la grippe aviaire chez les oiseaux aquatiques sauvages</p> <ul style="list-style-type: none"> Le séquençage peut se faire soit sur les isolats, soit directement par l'intermédiaire d'un échantillon environnemental; l'isolement du virus était plus fréquent avec les échantillons d'eau, ce qui permet de déterminer des souches virales spécifiques. Les échantillons environnementaux étaient bien adaptés à la surveillance des virus de la grippe aviaire chez les oiseaux aquatiques sauvages, car ils fournissent des renseignements sur plusieurs oiseaux ou espèces au sein d'un échantillon, ce qui permet de recueillir facilement de grands échantillons. 	Élevée	Non	5/10	30 janvier 2019	Non	Aucun déterminé
<ul style="list-style-type: none"> Biologie <ul style="list-style-type: none"> Clades en circulation <ul style="list-style-type: none"> 2.3.4.4b Caractéristiques virologiques <ul style="list-style-type: none"> Infectiosité/transmission Cas signalés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire A (H5Nx) Diagnostic <ul style="list-style-type: none"> Méthodes moléculaires de détection rapide Diagnostiques sérologiques 	<p>Un examen systématique et une méta-analyse menés en 2020 ont révélé que la séroprévalence globale de l'infection à H5N1 chez les humains en Chine était de 2,45 % (862/35 159), la séroprévalence chez les humains du centre de la Chine (7,32 %) étant plus élevée que dans d'autres régions de la Chine.</p> <ul style="list-style-type: none"> Dans les 56 études incluses, la séroprévalence détectée par les tests d'inhibition de l'hémagglutination (HI) et de microneutralisation (TMN) était respectivement de 1,30 % et de 4,37 %. En raison de sa production avicole à grande échelle et de l'emplacement de trois voies migratoires d'oiseaux migrateurs, la Chine est reconnue comme une zone géographique offrant des conditions propices à l'émergence de nouveaux virus de la grippe aviaire. 	Élevée	Non	7/11	20 octobre 2018	Non	Aucun déterminé
<ul style="list-style-type: none"> Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> Oiseau à un mammifère non humain 	<p>On a considéré les ansériformes (c.-à-d. la sauvagine) comme les hôtes et les transmetteurs naturels les plus importants des virus de la grippe aviaire (y compris le sous-type H5) en Chine, mais la prévalence des virus de la grippe aviaire et</p>	Élevée	Non	6/11	20 septembre 2018	Non	Aucun déterminé

<ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau/mammifère non humain à humain (c.-à-d. transmission zoonotique) 	<p>de leurs anticorps connexes chez les oiseaux sauvages varie selon les régions et les espèces</p> <ul style="list-style-type: none"> • L'utilisation de méthodes sérologiques ou de la réaction en chaîne par polymérase avec transcription inverse (RT-PCR) pour étudier les virus de la grippe aviaire et leurs anticorps chez les oiseaux sauvages semblait coûteuse, mais était plus sensible à la détection des infections, tandis que la collecte d'œufs des oiseaux sauvages semblait plus facile, car les jaunes d'œufs contenaient des matériaux appropriés pour surveiller la prévalence des virus de la grippe aviaire. • On a considéré les ansériformes (c.-à-d. la sauvagine) comme les hôtes et les transmetteurs naturels les plus importants des virus de la grippe aviaire. • Des données probantes ont soulevé des préoccupations au sujet de la transmission possible de sous-types de H5, provenant de mutations, des oiseaux sauvages aux volailles ou aux humains. • En Chine, la prévalence du sous-type H5 était de 0,6 %, les anticorps du virus de la grippe aviaire étant estimés à 12,3 %. 						
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau/mammifère non humain à humain (c.-à-d. transmission zoonotique) ▪ D'humain à humain ○ Cas déclarés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire A (H5Nx) (p. ex. prévalence, taux de mortalité, répartition géographique) 	<p>La plupart des cas d'infection humaine par le virus H5N1 de 1997 à 2019 ont été observés en Égypte, chez les enfants et les jeunes adultes, et chez ceux exposés à la volaille</p> <ul style="list-style-type: none"> • Les infections humaines au virus du H5N1 présentaient un risque de décès de 52,4 % chez les cas confirmés en laboratoire, signalés entre 1997 et 2019. • Des infections humaines par le virus H5N1 et le virus H5N6 ont été signalées entre 2014 et 2015 en Chine et en Égypte. • Selon les documents de l'OMS et la littérature, des infections humaines par le virus du H5N1 ont été signalées entre 1997 et 2019, avec un risque de décès de 52,4 % parmi les cas confirmés en laboratoire. <ul style="list-style-type: none"> ○ La plupart des cas ont été signalés en Égypte, suivis par l'Indonésie, le Vietnam, le Cambodge et la Chine continentale. 	Élevée	Non	2/9	31 juillet 2019	Non	Aucun déterminé

	<ul style="list-style-type: none"> ○ Un pic saisonnier a été détecté en hiver dans ces pays. ○ La plupart des cas ont été observés chez des enfants et de jeunes adultes, avec une plus grande proportion de femmes en Asie du Sud-Est et en Chine. ○ 97,4 % étaient liés à l'exposition à la volaille, ce qui laisse croire qu'il y a eu une transmission interhumaine limitée. • D'autres sous-types, comme le H5N6, étaient liés à l'origine du décès. • Un rapport indique que l'on a confirmé une transmission interhumaine chez une femme provenant de la même famille qui avait signalé des cas de H5N1. 						
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain 	<p>Les petites fermes de porc et de volailles sont à risque de transmission interspécies (de volailles domestiques à porc)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Le grand nombre de virus H5N1 peut être attribuable à des oiseaux sauvages migrateurs provenant de la voie de migration de l'Afrique de l'Est-Asie de l'Ouest, et peut entraîner des interactions avec des porcs, des volailles et des oiseaux sauvages dans les petites fermes. 	Élevée	Non	3/9	31 juillet 2021	Non	Aucun déterminé
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain ○ Cas signalés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire ○ Paramètres de sensibilité et de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Période latente ▪ Période infectieuse 	<p>Il est important de remettre dans son contexte les paramètres de la grippe aviaire en vue d'obtenir une compréhension exacte de sa transmission et de ses risques</p> <ul style="list-style-type: none"> • Le but de cet examen était d'examiner et d'évaluer la variation des données disponibles sur la grippe aviaire en ce qui concerne le nombre de reproductions, la période d'infectiosité, le type d'espèce, le type de virus et la pathogénicité. • Les types de virus les plus fréquents ayant fait l'objet de recherches étaient le H5N1 et le H7N3. • La période d'infectiosité moyenne variait de 6,2 à 7,7 jours, avec une période de latence possible d'un jour. <ul style="list-style-type: none"> ○ La confiance dans cette estimation est faible en raison des défis liés à la mesure à un niveau de troupeau. • Les canards sauvages étaient plus susceptibles d'être exposés au virus que d'autres espèces 	Élevée	Non	5/10	2021	Non disponible	Aucun déterminé

	<p>d'oiseaux, ce qui suggère que la faune pourrait être plus touchée.</p> <ul style="list-style-type: none"> • La transmission était plus susceptible de se produire au sein des troupeaux qu'entre eux. • Aucune différence significative n'a été relevée pour la pathogénicité entre les études. • Les auteurs ont conclu en prenant en compte la variabilité des estimations entre les études, soulignant l'importance de contextualiser les résultats. 						
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain • Populations prioritaires <ul style="list-style-type: none"> ○ Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé <ul style="list-style-type: none"> ▪ Travail sur une ferme avicole commerciale 	<p>Les déplacements d'oiseaux, d'humains et de matières contaminées jouent tous un rôle dans la transmission de la grippe aviaire pendant la production de volaille en raison d'une contamination croisée; des recherches supplémentaires sur la production de volailles sont nécessaires pour comprendre la transmission de ce virus.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Le but de cet examen de la portée était de déterminer les voies de transmission de la grippe aviaire dans la production de volaille afin d'améliorer la compréhension du rôle que jouent les animaux et les humains dans la propagation du virus. • De nombreuses sources incluses dans le présent examen ont décrit la transmission du virus par les oiseaux sauvages aux fermes commerciales et aux réseaux de production. • La transmission peut se produire en raison de la contamination croisée pendant le transport de la volaille et des œufs. <ul style="list-style-type: none"> ○ Les pratiques de l'industrie de fermes avicoles, comme les réseaux de ramassage d'oiseaux, les livraisons inefficaces d'aliments pour animaux, les déplacements d'oiseaux vivants entre les fermes et les transports d'œufs non nettoyés, peuvent accroître la propagation de la transmission. ○ Les matières contaminées peuvent participer à la transmission, en particulier pendant le transport d'œufs d'oiseaux de reproduction et le ramassage d'oiseaux. ○ Les mouvements humains dans la production de volaille, y compris les 	Élevée	Non	5/9	2019	Non disponible	<ul style="list-style-type: none"> • Profession

	<p>travailleurs à temps partiel, les mouvements de vétérinaires avec des produits, ou les réseaux de fermes centrales, sont également susceptibles de propager le virus.</p> <ul style="list-style-type: none"> Le rôle des humains et des matières contaminées dans les réseaux commerciaux n'a pas pu être déterminé. 						
<ul style="list-style-type: none"> Biologie <ul style="list-style-type: none"> Caractéristiques virologiques <ul style="list-style-type: none"> Infectiosité/transmission Pathogénicité Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> Charge virale environnementale Paramètres de sensibilité et de transmission Excrétion du virus 	<p>Une synthèse du virus de la grippe aviaire (H5Nx inclus) a révélé des différences dans les niveaux d'excrétion du virus chez la volaille, résultant de diverses voies d'introduction et d'excrétion (grande hétérogénéité des méthodes)</p> <ul style="list-style-type: none"> Chez toutes les espèces de volaille, on a constaté que l'excrétion du virus de la grippe aviaire hautement pathogène était plus élevée que celle du virus de la grippe aviaire faiblement pathogène. Une charge virale environnementale élevée peut faciliter la transmission indirecte entre les troupeaux ou les fermes par des surfaces plus susceptibles d'être contaminées (p. ex. camions, bottes). Pour les voies d'introduction de virus de la grippe aviaire hautement pathogènes, les voies intranasales ou intraconales n'ont entraîné aucune différence de l'excrétion par rapport à l'infection par contact. Pour les voies d'introduction de virus de la grippe aviaire faiblement pathogène, les voies aérosol, intranasal et oropharyngée ont entraîné une plus grande excrétion par rapport à l'infection par contact. Pour les virus de la grippe aviaire fortement pathogènes : <ul style="list-style-type: none"> l'excrétion respiratoire était plus élevée que l'excrétion cloacale on a observé une excrétion plus élevée dans les voies respiratoires chez les canards que chez les poulets on a observé une excrétion plus faible du cloaque chez les canards que chez les poulets. Pour les virus de la grippe aviaire faiblement pathogène : 	Élevée	Non	4/11	2017	Non disponible	Aucun déterminé

	<ul style="list-style-type: none"> ○ on a observé une excrétion semblable dans les voies respiratoires et digestives des canards et des poulets; ○ on a observé une excrétion plus élevée dans le cloaque des canards que celui des poulets; ○ on a observé une excrétion plus élevée dans le cloaque des dindes que celui des poulets. • Il est plus probable que le virus de la grippe aviaire faiblement pathogène se propage chez un troupeau de dindes qu'un troupeau de poulets. • Au sein d'un troupeau de poulets, il y a une forte probabilité qu'une infection <u>ne</u> soit pas répandue lorsque le virus de la grippe aviaire provient d'un ordre différent (hautement ou faiblement pathogène). • Dans un troupeau de dindes, il y a une forte probabilité qu'une infection soit répandue lorsque le virus de la grippe aviaire provient d'un ordre différent (hautement ou faiblement pathogène). 						
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain ○ Cas signalés et autres indicateurs épidémiologiques de la grippe aviaire • Diagnostic <ul style="list-style-type: none"> ○ Diagnostic sérologique (p. ex. autodépistage, diagnostic au point d'intervention) 	<p>La surveillance et la sérosurveillance de la grippe aviaire chez les oiseaux sauvages sont importantes pour surveiller son risque de transmission à d'autres espèces</p> <ul style="list-style-type: none"> • L'objectif de cette étude systématique était d'estimer la prévalence de la grippe aviaire chez les oiseaux sauvages situés en Corée du Sud. • Cette étude a révélé que la prévalence de la grippe aviaire était d'environ 2 %, ce qui indique que 2 % des oiseaux sauvages en Corée du Sud étaient porteurs du virus. La séroprévalence était de 16 %, ce qui suggère que 16 % des oiseaux sauvages y ont été exposés. • Cette étude suggère que des mesures de surveillance sont nécessaires pour surveiller la transmission entre les espèces. 	Moyenne	Non	6/11	2021	Non disponible	Aucun déterminé
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain 	<p>La prévalence de la grippe aviaire chez les oiseaux en 2021 était de 1,6 %, ce qui souligne la nécessité d'une surveillance de la transmission du virus et de la migration dans la faune</p>	Moyenne	Non	4/11	2021	Non disponible	Aucun déterminé

<ul style="list-style-type: none"> ○ Cas signalés et autres indicateurs épidémiologiques de grippe aviaire 	<ul style="list-style-type: none"> ● Le but de cet examen systématique était d'estimer la prévalence de la grippe aviaire chez les oiseaux. ● Cette étude a révélé que la prévalence de la grippe aviaire était de 1,6 %. ● Cette étude met l'accent sur la nécessité d'une surveillance supplémentaire des habitudes des oiseaux, des systèmes avicoles et des voies de migration pour surveiller la transmission de la grippe aviaire. 						
<ul style="list-style-type: none"> ● Biologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Clades en circulation <ul style="list-style-type: none"> ▪ 2.3.4.4b ▪ Autres (si de nouveaux sous-types ont été identifiés comme ayant émergé) ● Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain ▪ Mammifère non humain à mammifère ▪ Charge virale environnementale ● Diagnostic <ul style="list-style-type: none"> ○ Diagnostic sérologique (p. ex. autodépistage, diagnostic au point d'intervention) 	<p>Les virus H5Nx du clade 2.3.4.4 étaient probablement présents chez les oiseaux sauvages en Alaska, ce qui a entraîné des éclosions chez les oiseaux sauvages et domestiques au Canada et aux États-Unis</p> <ul style="list-style-type: none"> ● Les sous-types H13, H16, H1 et H9 ont été fréquemment identifiés chez les espèces de goélands et les sous-types H3, H4 et H5 ont été trouvés plus souvent chez les espèces de canards. ● Les taux de séroprévalence de tous les sous-types, y compris H5, étaient généralement beaucoup plus élevés que l'excrétion virale, reflétant l'exposition tout au long du cycle de vie. 	Moyenne	Non	4/10	Février 2022	Non	Aucun déterminé

Annexe 4 : Principales conclusions d'études uniques organisées par pertinence

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> • Biologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Clades en circulation <ul style="list-style-type: none"> ▪ 2.3.4.4b ▪ 2.3.2.1c ○ Changements génomiques et incidences sur : <ul style="list-style-type: none"> ▪ Infectiosité/transmission ▪ Pathogénicité ▪ Virulence/gravité de la maladie ○ Caractéristiques virologiques <ul style="list-style-type: none"> ▪ Infectivité/transmission (c.-à-d. probabilité d'infecter un hôte) ▪ Pathogénicité (c.-à-d. capacité de causer la maladie) ▪ Virulence/gravité de la maladie • Épidémiologie (y compris la transmission) <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Oiseau à un mammifère non humain ▪ Mammifère non humain à mammifère (y compris le développement d'un réservoir de mammifères non humain) ▪ Oiseau/mammifère non humain à humain (c.-à-d. transmission zoonotique) ○ Cas déclarés et autres indicateurs 	<p>Entre décembre 2023 et mars 2024, l'Europe a connu moins d'éclotions, mais encore très répandues, de la grippe aviaire A(H5) hautement pathogène chez les oiseaux domestiques et sauvages, la plupart d'entre elles provenant d'oiseaux sauvages, tandis qu'à l'extérieur de l'Europe, l'Amérique du Nord est demeurée un foyer d'infection alors qu'aux États-Unis, on a trouvé des chevreux infectés par le virus de la grippe aviaire A (H5N1), ce qui représente la première infection naturelle chez les espèces ruminantes du monde entier</p> <ul style="list-style-type: none"> • Les infections humaines sont restées rares pendant cette période, sans aucune preuve de transmission interhumaine soutenue. • Le risque d'infection pour l'ensemble de la population européenne est faible, mais plus élevé pour les personnes exposées à des animaux infectés. 	Élevée	<p><i>Objet de l'étude :</i> Fournir un aperçu de la grippe aviaire dans le monde entre décembre 2023 et mars 2024</p> <p><i>Date de publication :</i> 2024</p> <p><i>Compétence étudiée :</i> Mondiale</p> <p><i>Méthodes utilisées :</i> Données de surveillance</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Profession

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
<p>épidémiologiques de la grippe aviaire A (H5Nx) (p. ex. prévalence, taux de mortalité, répartition géographique)</p> <ul style="list-style-type: none"> • Présentation clinique <ul style="list-style-type: none"> ○ Caractéristiques immunologiques <ul style="list-style-type: none"> ▪ Innée ▪ Adaptable ▪ Réponse immunitaire antigène/anticorps et cellulaire • Populations prioritaires <ul style="list-style-type: none"> ○ Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé <ul style="list-style-type: none"> ▪ Travailler sur une ferme avicole commerciale (p. ex. producteur, travailleur de l'usine de transformation, éleveur de volaille) ▪ Travailler avec des troupeaux non commerciaux cour ou de petit élevage ▪ Rôle qui implique la reproduction et la manipulation d'oiseaux (par exemple, vendeur, éleveur d'espèces exotiques, fauconnerie, pigeons voyageurs) ▪ Travailleur de l'élevage de troupeau/propriétaire d'un petit troupeau 				
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie <ul style="list-style-type: none"> ○ Voie de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Mammifère non humain à mammifère 	<p>La transmission du H5N1 de vache à vache a été signalée chez les bovins laitiers aux États-Unis, les vaches étant atteintes d'une maladie systémique apparente, d'une diminution brusque de la production laitière, d'une</p>	Élevée	<p><i>Objet de l'étude :</i> Décrire les cas de H5N1 chez les bovins laitiers</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Aucune n'a été signalée.

Dimension du cadre d'organisation	Titre déclaratif et principales constatations	Cote de pertinence	Caractéristiques de l'étude	Considérations relatives à l'équité
<ul style="list-style-type: none"> ○ Paramètres de sensibilité et de transmission <ul style="list-style-type: none"> ▪ Période de maladie clinique ○ Présentation clinique 	<p>diminution de l'apport alimentaire et de la rumination, d'une excrétion abondante, et de la production de lait jaune épais et crémeux</p> <ul style="list-style-type: none"> • On suppose que la source initiale d'infection la plus probable dans les fermes laitières est l'ingestion d'aliments contaminés par les excréments d'oiseaux sauvages, mais la source exacte du virus est inconnue. • Les oiseaux migrateurs (Anseriformes et Charadriiformes) proviennent probablement de la partie septentrionale du Texas. • Dans les fermes touchées, l'incidence a atteint un sommet de quatre à six jours après que les animaux aient été touchés pour la première fois, puis a diminué entre 10 et 14 jours. • On a signalé un nombre minime de décès de bovins, bien que des décès d'oiseaux sauvages et de chats domestiques aient été observés dans les sites touchés. • La voie d'exposition chez les chats domestiques était probablement liée à la consommation du lait et du colostrum non pasteurisés, ce qui a entraîné l'apparition rapide de signes neurologiques, de cécité et de décès. • Le virus H5N1 peut se répandre dans le lait, ce qui peut entraîner une transmission à d'autres mammifères par le lait non pasteurisé. • La surveillance continue des virus de la grippe aviaire hautement pathogène chez les animaux issus de la production domestique est nécessaire pour comprendre l'évolution du virus et la pathogénèse, et prévenir la transmission entre espèces et de mammifère à mammifère. • Les résultats suggèrent une transmission entre espèces et de mammifère à mammifère du H5N1. 		<p><i>Date de publication :</i> Mars 2024</p> <p><i>Compétence :</i> É.-U.</p> <p><i>Méthodes :</i> Description du cas</p>	
<ul style="list-style-type: none"> • Épidémiologie • Voie de transmission 	<p>La sauvagine peut parcourir jusqu'à 1 251 km pour visiter des installations commerciales de bétail et agit de voie de transmission potentielle de l'influenza aviaire au bétail, par conséquent, de petites sources isolées, naturelles et artificielles, d'eau ou de nourriture dans ou près des établissements pour bétail augmentent la probabilité d'attirer ces oiseaux</p>	Moyenne	<p><i>Objet de l'étude :</i> Documenter les mouvements de la sauvagine</p> <p><i>Date de publication :</i> Janvier 2022</p> <p><i>Compétence :</i> É.-U.</p> <p>Méthodes Télémetrie et suivi par GPS</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Aucune n'a été signalée.

Annexe 5 : Documents exclus aux étapes finales de l'examen

Type de document	Titre avec hyperlien
Synthèses de données probantes	Nurses' coping strategies caring for patients during severe viral pandemics: A mixed-methods systematic review
	Antivirals for influenza in healthy adults: Systematic review
	Comparative effectiveness of H7N9 vaccines in healthy individuals
	Efficacy of avian influenza vaccine in poultry: A meta-analysis
	Prediction of highly pathogenic avian influenza vaccine efficacy in chickens by comparison of in vitro and in vivo data: A meta-analysis and systematic review
	Serological evidence of human infection with avian influenza A(H7N9) virus: A systematic review and meta-analysis
Examens de la littérature sans recherche systématique	Potential zoonotic spillover at the human–animal interface: A mini-review
	Transboundary determinants of avian zoonotic infectious diseases: Challenges for strengthening research capacity and connecting surveillance networks
	Insights from avian influenza: A review of its multifaceted nature and future pandemic preparedness
	A brief introduction to avian influenza virus
	A brief history of bird flu
	A comprehensive review of highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1: An imminent threat at doorstep
	A global perspective on H9N2 avian influenza virus
	A literature review of the use of environmental sampling in the surveillance of avian influenza viruses
	A review of avian influenza a virus associations in synanthropic birds
	A review of H5Nx avian influenza viruses
	A review of knowledge discovery process in control and mitigation of avian influenza
	A review on current trends in the treatment of human infection with H7N9-avian influenza A
	Adenoviral vectors as vaccines for emerging avian influenza viruses
	Alarming situation of emerging H5 and H7 avian influenza and effective control strategies
	An outbreak of highly pathogenic avian influenza (H7N7) in Australia and the potential for novel influenza a viruses to emerge
	An overview of avian influenza in the context of the Australian commercial poultry industry
	Avian influenza (H5N1) virus, epidemiology and its effects on backyard poultry in Indonesia: A review
	Avian influenza A (H7N9) virus: From low pathogenic to highly pathogenic
	Avian influenza A virus associations in wild, terrestrial mammals: A review of potential synanthropic vectors to poultry facilities
	Avian influenza in the greater Mekong subregion, 2003–2018
	Avian influenza in wild birds and poultry: Dissemination pathways, monitoring methods, and virus ecology
	Avian influenza overview June–September 2023
	Avian influenza revisited: Concerns and constraints
	Avian influenza viruses at the wild–domestic bird interface in Egypt
	Avian influenza viruses in humans: Lessons from past outbreaks

	Avian influenza: Strategies to manage an outbreak
	Backyard poultry: Exploring non-intensive production systems
	Control of avian influenza in China: Strategies and lessons
	Controlling avian influenza virus in Bangladesh: Challenges and recommendations
	Emerging and re-emerging infectious diseases in the WHO Eastern Mediterranean region, 2001-2018
	Emerging and re-emerging zoonotic viral diseases in Southeast Asia: One health challenge
	Emerging diseases of avian wildlife
	Emerging HxNy influenza A viruses
	Evolution and adaptation of the avian H7N9 virus into the human host
	Evolution and current status of influenza a virus in Chile: A review
	Evolutionary pressures rendered by animal husbandry practices for avian influenza viruses to adapt to humans
	Global patterns of avian influenza A (H7): Virus evolution and zoonotic threats
	H5 influenza viruses in Egypt
	H7N9 influenza virus in China
	Highly pathogenic avian influenza in Bulgaria – A review
	Immune control of avian influenza virus infection and its vaccine development
	Immune responses to avian influenza viruses
	Influenza A virus infection in cats and dogs: A literature review in the light of the “one health” concept
	Influenza virus infections in cats
	Inventory of molecular markers affecting biological characteristics of avian influenza A viruses
Études individuelles	A tool for prioritizing livestock disease threats to Scotland
	An overview of transboundary animal diseases of viral origin in South Asia: what needs to be done?
	Avian influenza A viruses modulate the cellular cytoskeleton during infection of mammalian hosts
	Backyard poultry: Exploring non-intensive production systems
	Bird flu outbreak in us cows: why scientists are concerned
	Common and potential emerging foodborne viruses: A comprehensive review
	Comparative investigation of coincident single nucleotide polymorphisms underlying avian influenza viruses in chickens and ducks
	Disease control tools to secure animal and public health in a densely populated world
	Emerging threats: is highly pathogenic avian influenza a(H5N1) in dairy herds a prelude to a new pandemic?
	Highly pathogenic avian influenza h5n1 virus infection of companion animals
	Highly sensitive and label-free detection of influenza H5N1 viral proteins using affinity peptide and porous BSA/MXENE nanocomposite electrode
	Interactions between avian viruses and skin in farm birds
	Mechanisms of intestinal epithelial cell damage by clostridium perfringens
	Molecular detection of avian influenza virus in wild birds in Morocco, 2016–2019

	Respiratory disease complex due to mixed viral infections in chicken in Jordan
	Safety and immunogenicity of a delayed heterologous avian influenza a(H7N9) vaccine boost following different priming regimens: a randomized clinical trial
	Signalling and responding to zoonotic threats using a one health approach: A decade of the zoonoses structure in the Netherlands, 2011 to 2021
	Study of the interface between wild bird populations and poultry and their potential role in the spread of avian influenza
	The public health importance and management of infectious poultry diseases in smallholder systems in Africa
	U.S. dairy farm worker infected as bird flu spreads to cows in five states
	Viral RNA capping: Mechanisms and antiviral therapy
	Zoonotic animal influenza virus and potential mixing vessel hosts
	Optimizing environmental viral surveillance: Bovine serum albumin increases RT-qPCR sensitivity for high pathogenicity avian influenza H5Nx virus detection from dust samples
	Association between movement patterns, microbiome diversity, and potential pathogen presence in free-ranging feral pigeons foraging in dairy farms
	Managing the challenges of a highly pathogenic avian influenza H5N8 outbreak in Uganda: A case study
	Novel avian influenza a virus infections of humans
	Opening pandora's box at the roof of the world: Landscape, climate and avian influenza (H5N1)
	Pandemic potential of highly pathogenic avian influenza clade 2.3.4.4 a(h5) viruses
	Peering into avian influenza A(H5N8) for a framework towards pandemic preparedness
	Potential cross-species transmission of highly pathogenic avian influenza H5 subtype (HPAI H5) viruses to humans calls for the development of H5-specific and universal influenza vaccines
	Rational approach to vaccination against highly pathogenic avian influenza in Nigeria: A scientific perspective and global best practice
	Review of poultry recombinant vector vaccines
	Strategies for enhancing immunity against avian influenza virus in chickens: A review
	Synthesis and biological evaluation of benzothiazolyl-pyridine hybrids as new antiviral agents against H5N1 bird flu and SARS-COV-2 viruses
	The emergence and decennary distribution of clade 2.3.4.4 HPAI H5Nx
	The epidemiology, virology, and pathogenicity of human infections with avian influenza viruses
	The neuropathogenesis of highly pathogenic avian influenza H5Nx viruses in mammalian species including humans
	Vaccination and antiviral treatment against avian influenza H5Nx viruses: A harbinger of virus control or evolution
Préimpressions	Detection of clade 2.3.4.4b highly pathogenic H5N1 influenza virus in New York City
	Effects of cattle on vector-borne disease risk to humans: A systematic review

Références

1. Burrough ER, DR Magstadt, B. Petersen, et coll. Highly Pathogenic Avian Influenza A (H5N1) Clade 2.3. 4.4 b virus infection in domestic dairy cattle and cats, United States, 2024, *Emerging infectious diseases*, vol. 30, n° 7.
2. U.S. Centers for Disease Control and Prevention. Current H5N1 bird flu situation in dairy cows, Atlanta, Géorgie, 2024. <https://www.cdc.gov/flu/avianflu/mammals.htm> (consulté).
3. Harris E. CDC: H5N1 Bird flu confirmed in person exposed to cattle, *JAMA*, 2024.
4. Looi M-K. Bird flu: Person with rare strain in US sparks alarm about cow transmission, *BMJ*, 2024, 385: q797.
5. Fusaro A, JL Gonzales, T Kuiken, et coll. Avian influenza overview December 2023-March 2024, *Efsa j*, 2024, vol. 22, n° 3, p. e8754.
6. Sreenivasan CC, M. Thomas, RS Kaushik, D. Wang, F. Li. Influenza a in bovine species: a narrative literature review, *Virus*, 2019, vol. 11, n° 6, p. 561.
7. McDuie F, EL Matchett, DJ Prosser, et coll. Pathways for avian influenza virus spread: GPS reveals wild waterfowl in commercial livestock facilities and connectivity with the natural wetland landscape, *Transboundary and Emerging Diseases*, 2022, vol. 69, n° 5 : p. 2898-2912.
8. Calle-Hernández DM, V Hoyos-Salazar, DK Bonilla-Aldana. Prevalence of the H5N8 influenza virus in birds: Systematic review with meta-analysis, *Travel Med Infect Dis*, 2023, vol. 51, p. 102490.
9. Chauhan RP, ML Gordon. A systematic review of influenza A virus prevalence and transmission dynamics in backyard swine populations globally, *Porcine Health Management*, 2022, vol. 8, n° 1, p. 10.
10. Chen X, C Li, H-T Sun, J Ma, Y Qi, S-Y Qin. Prevalence of avian influenza viruses and their associated antibodies in wild birds in China: A systematic review and meta-analysis, *Microbial Pathogenesis*, 2019, vol. 135, p. 103613.
11. Chen X, W. Wang, Y. Wang, et coll. Serological evidence of human infections with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus: a systematic review and meta-analysis, *BMC Med*, 2020, vol. 18, n° 1, p. 377.
12. Coombe M, S Iwasawa, KA Byers, 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, vol. 57, n° 1, p. 1 à 18.
13. Gass JD, Jr., HL Kellogg, NJ Hill, WB Puryear, FB Nutter, JA Runstadler. Epidemiology and Ecology of Influenza A Viruses among Wildlife in the Arctic, *Viruses*, 2022, vol. 14, n° 7.
14. Germeraad EA, P. Sanders, TJ Hagenaars, MCM Jong, N Beerens, JL Gonzales. Virus shedding of avian influenza in poultry: a systematic review and meta-analysis, *Viruses*, 2019. vol. 11, n° 9.
15. Hautefeuille C, G Dauphin, M Peyre. 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, vol. 15 n° 3, p. e0230567.
16. Hood G, X Roche, A Brioudes, et coll. A literature review of the use of environmental sampling in the surveillance of avian influenza viruses, *Transboundary and Emerging Diseases*, 2021, vol. 68, n° 1, p. 110-126.
17. Kalonda A, N. Saasa, P. Nkhoma, et coll. Avian influenza viruses detected in birds in sub-saharan africa: a systematic review, *Viruses*, 2020, vol. 12, n° 9.
18. Kirkeby C, MP Ward. A review of estimated transmission parameters for the spread of avian influenza viruses, *Transboundary and Emerging Diseases*, 2022, vol. 69, n° 6, p. 3238-3246.
19. Lambert S, B Bauzile, A Mugnier, B Durand, T Vergne, MC Paul. A systematic review of mechanistic models used to study avian influenza virus transmission and control, *Veterinary Research*, 2023, vol. 54, n° 1, p. 96.

20. Ntakiyisumba E, S Lee, BY Park, HJ Tae, G Won. Prevalence, seroprevalence and risk factors of avian influenza in wild bird populations in Korea: a systematic review and meta-analysis, *Viruses*, 2023, vol. 15, n° 2.
21. Philippon DAM, P. Wu, BJ Cowling, EHY Lau. Avian Influenza Human Infections at the Human-Animal Interface, *The Journal of Infectious Diseases*, 2020, vol. 222, n° 4, p. 528-537.
22. Qi Y, HB Ni, X Chen, S Li. Seroprevalence of highly pathogenic avian influenza (H5N1) virus infection among humans in mainland China: A systematic review and meta-analysis, *Transbound Emerg Dis*, 2020, vol. 67, n° 5, p. 1861-1871.
23. Skufca J, L Bell, JP Molino, 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, vol. 13, n° 4, p. 1.
24. Plaza PI, Gamarra-Toledo V, Euguí JR, Lambertucci SA. Recent changes in patterns of mammal infection with highly pathogenic avian influenza (H5N1) virus worldwide, *Emerg Infect Dis*, 2024, vol. 30, n° 3, p. 444-452.
25. Sandhu S, C. Ferrante, A. MacCosham, N. Atchessi, C. Bancej. Epidemiological characteristics of human infections with avian influenza A(H5N6) virus, China and Laos: A multiple case descriptive analysis, February 2014-June 2023, *Can Commun Dis Rep*, 2024, vol. 50, n°s 1-2, p. 77-85.
26. Kenmoe S, GR Takuissu, JT Ebogo-Belobo, et coll. A systematic review of influenza virus in water environments across human, poultry, and wild bird habitats, *Water Res X* 2024, vol. 22, p. 100210.
27. Tahmo NB, Wirsiy FS, Nnamdi D-B, et al. An epidemiological synthesis of emerging and re-emerging zoonotic disease threats in Cameroon, 2000–2022: a systematic review, *IJID Regions*, 2023, vol. 7, p. 84-109.
28. Kalonda A, M. Phonera M, N. Saasa N, et coll. Influenza A and D viruses in non-human mammalian hosts in Africa: a systematic review and meta-analysis, *Viruses*, 2021, vol. 13, n°12, p. 2411.

Bhuiya A, T Bain, K Waddell, A Ali, P DeMaio, K Moat, MG Wilson. Profil de preuves vivantes 7.2 : Examiner ce qui est connu sur l'émergence, la transmission et le spectre du fardeau de la maladie des sous-types de l'influenza aviaire A (H5Nx) Hamilton : McMaster Health Forum, 2 mai 2024.

Ce profil de preuve vivante a été financé par l'Agence de la santé publique du Canada. Le McMaster Health Forum bénéficie de l'appui financier et en nature de la part 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 souhaitent remercier Angela Wang, Ariana Jaspal, Yao Maclean et Tresha Sivanesanathan d'avoir réalisé les évaluations AMSTAR.