

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

Contexte

- Des virus de l'influenza aviaire A (H5Nx) ont été signalés à l'échelle mondiale, ce qui a entraîné de grandes éclosons 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 soulève des préoccupations quant à la transmission potentielle et au spectre du fardeau de la maladie chez les humains.
- Plus récemment, aux États-Unis, une écloson multiétatique d'influenza aviaire A (H5N1) hautement pathogène chez les vaches laitières a été signalée le 25 mars 2024, ce qui témoigne de la propagation continue des virus du clade 2.3.4.4b qui sont entrés aux États-Unis à la fin de 2021. (1; 2)
- Les CDC américains ont depuis confirmé une infection à H5N1 chez l'humain et bien qu'il y ait incertitude quant à savoir si l'infection était causée par l'exposition au bétail laitier au Texas avec une infection présumée ou un environnement contaminé, il s'agit probablement du premier cas de transmission mammaire-humain (1-4).
- Ce profil de preuves vivantes (PPV) a été demandé à l'origine pour déterminer l'état 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 l'influenza aviaire chez l'humain, comme première étape pour éclairer les interventions de prévention et d'atténuation.
- Cette version mise à jour du PPV visait à identifier les synthèses de données probantes existantes publiées depuis les recherches initiales effectuées le 18 décembre 2023, ainsi que les études uniques que nous pouvions identifier sur la transmission comprenant des bovins ou d'autres ruminants, ainsi que le risque de transmission aux travailleurs du bétail, compte tenu de la récente écloson aux États-Unis.
- Le PPV n'inclut pas d'analyse juridictionnelle, mais des élargissements de portée pourraient être apportés à l'avenir pour inclure des études uniques dans d'autres domaines prioritaires et/ou une analyse juridictionnelle afin de fournir des aperçus plus détaillés à l'appui des travaux en cours visant à informer les interventions de prévention et d'atténuation.

Profil de preuves vivantes

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]

Encadré 1: Preuves et autres types d'information

+ Preuves mondiales utilisées



Synthèses des preuves sélectionnées en fonction de la pertinence, de la qualité et

- Formes de preuves nationales utilisées (🇨🇦 = canadienne)



Évaluation

* Autres caractéristiques

Mise à jour préparée en un jour ouvrable à l'aide de l'approche « tout le monde sur le pont »

Des questions?

- Que sait-on de l'émergence, de la transmission (y compris le potentiel de retombées) et du spectre du fardeau de la charge de morbidité des sous-types de la grippe aviaire A(H5Nx) qui circulent et qui émergent actuellement?

Résumé de haut niveau des faits saillants

- Nous avons identifié neuf nouveaux documents de preuve (six synthèses de preuves et trois études uniques qui fournissent un aperçu de l'influenza aviaire chez le bétail et d'autres ruminants) depuis la dernière mise à jour pour comprendre l'émergence, la transmission et le spectre du fardeau de la maladie des sous-types de l'influenza aviaire A (H5Nx).
- Ce PPV comprend également des documents de preuve de la version précédente que nous jugions pertinents, pour un total de 25 synthèses de preuves qui ont fourni des renseignements sur l'influenza aviaire A (H5Nx), plus les trois études uniques nouvellement identifiées.
- Les nouveaux documents de preuves complètent les résultats antérieurs sur l'épidémiologie et la biologie du virus H5Nx et fournissent des renseignements supplémentaires sur les clades en circulation et la transmission comprenant des bovins ou d'autres ruminants.
- Des preuves ont indiqué que le clade 2.3.2.1c a été trouvé chez des volailles domestiques et des oiseaux morts au Cameroun et chez des porcs africains au Nigéria.
- En ce qui concerne le clade 2.3.4.4b, certains auteurs ont indiqué que la présence croissante de virus de

Encadré 2 : Approche et matériel à l'appui

Au début de chaque profil de preuves vivantes 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.

Nous avons dégagé des preuves en interrogeant ACCESSSS, Health Systems Evidence, Health Evidence et [PubMed](#). Nous recherchons des synthèses complètes de données probantes (ou des résultats issus de synthèses comme des survols de synthèses de données probantes) ainsi que des protocoles pour des synthèses de données probantes. Ces recherches ont été effectuées pour la dernière fois le 1^{er} mai 2024 et 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). Nous avons également mené une recherche pour des études uniques dans [PubMed](#) et à la Bibliothèque nationale agricole de l'USDA, pertinentes à l'éclosion chez les vaches laitières. Nous avons également inclus des synthèses de données probantes et des études uniques pertinentes au sujet des éclosions chez les vaches laitières aux États-Unis. Les résultats identifiés par les recherches internes de l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) ont fourni des publications depuis octobre 2022, la recherche la plus récente datant du 13 décembre 2023. Les stratégies de recherche utilisées se retrouvent dans l'annexe 1.

À l'opposé des méthodologies de synthèse permettant d'obtenir une parfaite compréhension des preuves, ce profil permet surtout d'offrir une vue d'ensemble et des points clés issus des documents pertinents. Il est à noter que le moment, la fréquence et la portée des mises à jour futures de ce PPV 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 pour inclusion dans ce PPV, elles peuvent être incluses dans les versions améliorées futures.

En utilisant la première version de l'outil [AMSTAR](#), nous avons pu constater que la qualité méthodologique des synthèses de données probantes s'avérait des plus pertinentes. AMSTAR évalue la qualité globale selon une échelle allant de 0 à 11, 11/11 représentant une synthèse de la plus grande qualité, les synthèses 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. L'outil AMSTAR a été développé pour permettre l'évaluation critique des revues centrées sur les interventions cliniques, permettant l'application sélective des critères aux synthèses de données probantes relativement à l'exécution et aux ententes financières ou gouvernementales à même les systèmes de santé ou les stratégies de mises en œuvre.

Une annexe distincte au document inclut :

- 1) détails méthodologiques (Annexe 1)
- 2) détails 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).

Cette mise à jour du profil des preuves vivantes a été préparée dans l'équivalent d'une journée de « pression tout terrain » par tous les employés concernés.

l'influenza A dans les habitats de volailles et d'oiseaux sauvages dans divers milieux aquatiques justifie la nécessité de protocoles normalisés et d'une recherche accrue dans les régions sous-représentées.

- La transmission de l'influenza aviaire A (H5N1) entre les vaches a été observé aux États-Unis en mars 2024, ce qui a eu des répercussions négatives sur la production et la qualité du lait.
- Les résultats suggèrent la transmission du H5N1 entre les espèces et entre les mammifères non humains.
- Les auteurs des documents de données probantes sur les bovins et d'autres ruminants ont indiqué que les sources naturelles ou artificielles d'eau et de nourriture dans les installations ou à proximité ont pu accroître la probabilité d'attirer des oiseaux sauvages qui pourraient servir de voies de transmission.
- Nous continuons de trouver des preuves limitées sur le fardeau de la maladie chez les humains.
- Des données ont mis l'accent sur la surveillance continue des virus de l'influenza aviaire hautement pathogène chez les animaux de production domestiques afin de comprendre l'évolution des virus, la pathogénèse et afin de prévenir la transmission entre les espèces et la transmission de mammifères à mammifères non humains.
- Les prochaines étapes devraient porter sur les efforts visant à combler les lacunes de la littérature, comme la production de synthèses factuelles sur la biologie des clades en circulation, les paramètres de sensibilité et de transmission, le diagnostic et la présentation clinique entre les espèces (oiseaux, mammifères non humains, humains) et la description claire des groupes de population prioritaires.

Cadre pour organiser l'information recherchée

- Biologie
 - Clades en circulation
 - 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 :
 - Infectiosité/transmission
 - Pathogénicité
 - Virulence/gravité de la maladie
 - Adaptation des mammifères
 - Sensibilité aux antiviraux
 - Caractéristiques virologiques
 - 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)
 - Voie de transmission
 - Oiseau à un mammifère non humain
 - Mammifère non humain à mammifère (y compris le développement d'un réservoir de mammifères non humain)
 - Oiseaux/mammifères non humains à humains (c.-à-d. transmission zoonotique)
 - Charge virale environnementale (p. ex., l'excrétion virale aviaire et des mammifères)
 - D'humain à humain
 - Cas déclarés et autres indicateurs épidémiologiques de l'influenza aviaire A (H5Nx) (p. ex. prévalence, taux de mortalité, répartition géographique)
 - Paramètres de sensibilité et de transmission
 - Période d'incubation
 - Période de maladie clinique
 - Période latente
 - Période infectieuse

- Excrétion du virus
- Diagnostic
 - Méthodes moléculaires de détection rapide
 - Diagnostic sérologique (p. ex. autodépistage, diagnostic au point d'intervention)
- Présentation clinique
 - Caractéristiques immunologiques
 - Innée
 - Adaptable
 - Réponse immunitaire antigène/anticorps et cellulaire
- Populations prioritaires
 - 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)
 - 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 de concours)
 - Chasser et trapper des oiseaux sauvages et des mammifères (par exemple, chasseurs-cueilleurs autochtones)
 - Travailler avec des volailles vivantes ou récemment abattues (par exemple, boucher)
 - Travailler avec des oiseaux sauvages et/ou des mammifères pour des besoins de soins de santé, de recherche et de conservation (par exemple, vétérinaires, techniciens de laboratoire, chercheurs, biologistes, spécialistes œuvrant à la réhabilitation de la faune ou ayant l'autorisation de pratiquer le marquage d'oiseaux, la capture, l'échantillonnage, le retrait, la réhabilitation)
 - Travailler avec des mammifères non humains qui se nourrissent communément d'oiseaux sauvages
 - Visiter des marchés d'oiseaux vivants ou de mammifères, ou y travailler
 - Travailleur de l'élevage de troupeau/propriétaire d'un petit troupeau
 - Travailleur de l'usine de transformation de la viande/du lait
 - Garder ou travailler avec des animaux qui interagissent régulièrement avec des oiseaux sauvages (par exemple, gardiens d'animaux, animaux de compagnie, chiens de garde, chiens de chasse, employé d'élevage de visons)
 - Travailler en milieux de soins et autres foyers de contact (s'il y a début de transmission de personne à personne)
 - Autres considérations d'équité

Ce que nous avons découvert

Nous avons identifié neuf nouveaux documents de preuve (six synthèses de données probantes et trois études uniques qui fournissent un aperçu de l'influenza aviaire chez le bétail et d'autres ruminants) depuis la dernière mise à jour de ce PPV. Ce PPV comprend également des documents de preuve de la version précédente que nous jugeons pertinents, pour un total de 25 synthèses de preuves qui ont fourni des renseignements sur l'influenza aviaire A (H5Nx), plus les trois études uniques nouvellement identifiées. Les nouveaux documents de preuves complètent ce qui a été découvert précédemment sur l'épidémiologie et la biologie du virus H5Nx et fournissent davantage de renseignements sur les clades en circulation et les éclosions chez les bovins ou d'autres ruminants. De plus, quatre documents de preuves (une synthèse de données probantes et trois études uniques) ont fourni des renseignements précis sur l'éclosion chez les vaches laitières, que nous résumons dans la dernière sous-section ci-dessous (1; 5-7).

De nombreux documents de preuve ont été exclus (mais sont énumérés à l'annexe 4), en grande partie parce qu'il s'agissait d'examen de la littérature sans stratégie de recherche explicite. Les détails méthodologiques du profil des preuves vivantes se trouvent dans l'encadré 1 et l'annexe 1. Nous décrivons ci-dessous les lacunes et les conclusions des synthèses de données probantes, ainsi que des détails supplémentaires sur chacune des synthèses de données probantes incluses et les études uniques présentées respectivement aux annexes 3 et 4.

Lacunes dans les synthèses de données probantes existantes

Nous avons découvert plusieurs lacunes dans les synthèses de données probantes existantes. La plupart des synthèses de données probantes ont décrit les sous-types H5Nx en général, mais elles ne décrivent 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 des preuves limitées sur la biologie, l'épidémiologie, le diagnostic, la présentation clinique en général ou spécifique aux populations prioritaires ou entre les sous-types et clades du virus H5Nx. Certaines raisons pourraient être à cause de l'accent mis sur les synthèses de données probantes pour cette version, à l'indexation de la documentation sur l'influenza aviaire A dans les bases de données bibliographiques (p. ex., la plupart des examens de la documentation sans section sur les méthodes) et à des descriptions détaillées limitées dans les synthèses de données probantes identifiées. Dans la documentation identifiée, les auteurs ont décrit les principales lacunes en matière de preuves sur la production et les réseaux de volailles, les techniques d'échantillonnage, les facteurs contextuels et les paramètres qui influent sur la transmission et les risques entre les espèces et les approches pour élaborer des programmes optimaux de surveillance de l'influenza aviaire (8-23).

Pour la mise à jour prioritaire des preuves sur la transmission relative aux vaches laitières, les documents de preuve ont souligné l'importance d'une surveillance continue des virus de l'influenza aviaire hautement pathogène chez les animaux de production domestiques afin de comprendre l'évolution des virus, la pathogénie et de prévenir la transmission entre les espèces et entre les mammifères.

Que nous disent les synthèses de données probantes existantes sur l'émergence, la transmission et le spectre du fardeau de la maladie chez l'humain de l'influenza A

Sous-types H5Nx généraux

Les synthèses des données probantes identifiées ont décrit 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 transmission qui se concentre principalement sur les oiseaux individuels comme unité épidémiologique. Les auteurs ont laissé entendre que la plupart de la transmission de l'IAHP entre les fermes avicoles se faisait à distance courte à moyenne, peu importe le sous-type ou l'emplacement géographique. Les auteurs ont rapporté un nombre de reproduction allant de 0,03 à 15,7 pour la transmission entre les exploitations chez les volailles de H5N1 (19). Une synthèse de données probantes de faible qualité a révélé que la propagation du virus de l'IAHP était plus élevée que celle du virus de l'influenza aviaire faiblement pathogène (IAFP). Pour les voies d'introduction de 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, les niveaux de décomposition de virus chez les volailles dépendent en grande partie des voies d'introduction (p. ex. intranasal, aérosol, oropharyngé) (14).

En ce qui a trait à l'épidémiologie, neuf synthèses de données probantes ont décrit la prévalence, la voie de transmission et les paramètres de susceptibilité 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 %, H5N1 étant le plus fréquemment observé, suivi de H5N2 et de H5N8 chez les oiseaux sauvages et domestiques (particulièrement chez les poulets et les canards) (17). Selon les auteurs, les espèces indigènes d'oiseaux africains et les oiseaux aquatiques migrateurs d'Eurasie maintiennent les virus de l'influenza aviaire en circulation. De plus, ils ont indiqué que les virus de l'IAHP H5N1 étaient répandus dans cette région parce qu'ils constituaient une destination hivernale majeure pour les oiseaux aquatiques migrateurs (17). En Chine, on a constaté que la sauvagine était considérée comme le plus important transmetteur de virus de l'influenza aviaire (y compris les sous-types H5Nx), mais la prévalence chez les oiseaux sauvages variait selon la région (10). Une synthèse de données probantes de faible qualité a révélé une prévalence mondiale combinée de 1,6 % du H5N8 chez les oiseaux (8). Nous avons trouvé une synthèse de données probantes de faible qualité qui décrit la prévalence du H5N1 chez les humains. En Égypte, on a constaté que la plupart des cas

d'infection humaine par le H5N1 étaient chez les enfants, les jeunes adultes et ceux qui étaient directement exposés à la volaille (21). Deux synthèses de données probantes de qualité moyenne et de faible qualité ont décrit d'autres voies de transmission et paramètres de sensibilité. Une synthèse de données probantes a révélé que le mouvement des oiseaux, des humains et des fomites joue un rôle dans la transmission des virus de l'IAHP chez les oiseaux et entre les humains et les oiseaux pendant la production de volaille (p. ex., les mouvements d'oiseaux vivants entre les fermes, les mouvements de poussins de couvoirs, la cueillette d'oiseaux jusqu'à l'abattage pour la production de poulets à griller, la livraison d'aliments pour animaux, la collecte d'œufs, le mouvement humain comme le contact avec les vétérinaires ou les travailleurs agricoles) (15). Une autre synthèse de données probantes décrivait le risque de transmission interespèces des fermes de cour arrière qui impliquent à la fois la volaille domestique et le porc (9). Cependant, une synthèse de données probantes a révélé que le rôle des fermes de cour arrière dans la transmission était minime (19). Les auteurs dans une autre synthèse de données probantes ont souligné l'importance pour les études de contextualiser les espèces et sous-types pour avoir une meilleure compréhension de la transmission et des risques (18). Enfin, une synthèse de données probantes de qualité moyenne a révélé que les défis actuels liés au H5N1 ont eu une incidence significative sur la biodiversité et la santé des mammifères, car il y a un nombre croissant d'espèces de mammifères infectées, ainsi que la transmission entre les mammifères non humains. Les auteurs de la synthèse de données probantes ont souligné l'importance d'une surveillance continue et d'une collaboration internationale (24).

En ce qui a trait au diagnostic de l'influenza aviaire A (H5Nx), trois synthèses de données probantes (une de faible qualité et deux de qualité moyenne) ont indiqué que les techniques prometteuses comprennent surtout des prélèvements d'échantillons d'oiseaux vivants sur les marchés et les fermes (p. ex. écouvillons et sérologie), d'oiseaux morts (p. ex. écouvillons et/ou échantillons d'organes) et l'environnement (p. ex. fèces, boue, sources d'alimentation, plumes et air ainsi que des surfaces susceptibles d'être contaminées par des virus tels que des cages, des planches à découper, des machines à plumer, des camions et des bottes) (12; 16; 20).

Pour la présentation clinique, une synthèse de données probantes de faible qualité a indiqué que 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. La plupart des méthodes de contact signalées comprenaient des visites sur les marchés des oiseaux vivants, l'emploi comme travailleur avicole et l'exposition directe à la volaille récemment tuée (25).

Une synthèse de données probantes de qualité moyenne a indiqué que l'IAFP H5 causait généralement des symptômes cliniques bénins chez les volailles. Cependant, on a décrit que des virus de l'IAHP comme H5N2, H5N6, H5N8 causent une morbidité et une mortalité graves chez la volaille (19).

Clade 2.3.4.4b

Nous avons identifié des points de vue limités sur le clade 2.3.4.4b à partir de synthèses de données probantes. Les preuves pertinentes sont principalement fondées sur des résultats épidémiologiques en Chine, dans la région du Pacifique occidental et en Amérique du Nord. En matière de biologie, une synthèse de données probantes de qualité moyenne a indiqué que la présence croissante de virus de l'influenza A dans les habitats de volailles et d'oiseaux sauvages dans divers milieux aquatiques justifie la nécessité de protocoles normalisés et d'une recherche accrue dans les régions sous-représentées (26). En ce qui concerne l'épidémiologie, une synthèse de données probantes de qualité moyenne a révélé que la séroprévalence globale de l'infection à H5N1 chez les humains était de 2,45 % en Chine, avec une séroprévalence plus élevée en Chine centrale (7,3 %) (22). Une synthèse de données probante de faible qualité a indiqué que le risque de transmission zoonotique est faible dans la région du Pacifique occidental, malgré les changements dans les sous-types primaires et la fréquence des cas signalés (23). Une autre synthèse de données probantes de faible qualité a révélé que ce clade particulier a été trouvé chez les oiseaux sauvages en Alaska, et les auteurs ont conclu que ces oiseaux sauvages contribuaient probablement à des éclosions chez les oiseaux sauvages et domestiques au Canada et aux États-Unis ces dernières années (13).

Nous avons également identifié une synthèse de données probantes 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 d'anticorps H5N1 que les personnes non exposées à la volaille. On a décelé de faibles fréquences d'anticorps chez des contacts étroits de cas confirmés de H5N1 (11).

Clade 2.3.2.1c

Nous avons trouvé des renseignements limités sur le clade 2.3.2.1c dans les synthèses de données probantes identifiées. Deux synthèses de données probantes de qualité moyenne ont rapporté que ce clade particulier a été trouvé chez des volailles domestiques et des oiseaux morts au Cameroun, en plus des porcs africains au Nigéria (27; 28). Les auteurs ont indiqué qu'il pourrait y avoir transmission à d'autres mammifères, soulignant la nécessité d'une surveillance améliorée en Afrique. De plus, le clade 2.3.2.1c a été mentionné brièvement dans une synthèse de données probantes de faible qualité, où ils ont décrit le faible risque de transmission de zoonoses dans la région du Pacifique occidental comme faible (23).

Perspectives sur le bétail et d'autres ruminants

En ce qui concerne la biologie de l'influenza aviaire A (H5Nx), une synthèse de données probantes de faible qualité a révélé que l'évolution et l'adaptation de l'hôte du virus de l'influenza A chez l'espèce bovine avaient été entravées jusqu'à l'émergence d'un nouveau virus de l'influenza D chez l'animal, puisque certains facteurs hôtes de bovins ayant des propriétés antigrippales potentielles ont pu fournir une résistance au virus de l'influenza A pour les bovins (6).

Les caractéristiques épidémiologiques de la transmission de l'influenza aviaire A (H5Nx) ont été discutés dans les trois études uniques que nous avons identifiées à partir de notre recherche ciblée sur les éclosions chez le bétail et d'autres ruminants. Selon une étude des Centers for Disease Control and Prevention des États-Unis, les fermes laitières ont signalé la transmission du virus H5N1 entre les vaches (1). L'incidence signalée était de quatre à six jours après que les premiers animaux aient été touchés, puis a diminué entre 10 et 14 jours en mars 2024. Les vaches touchées ont connu une maladie systémique apparente, une baisse abrupte de la production laitière, une diminution de l'apport alimentaire et de la rumination, ainsi que la production de lait jaune épais. L'étude a indiqué que l'ingestion d'aliments pour animaux contaminés par des matières fécales provenant d'oiseaux sauvages est présumée être la source initiale d'infection la plus probable chez les vaches laitières. L'étude a conclu que H5N1 peut excréter le virus dans le lait, ce qui pourrait conduire à une transmission interspécifique et mammaire par le lait non pasteurisé. Bien que l'étude indique que la source exacte du virus est inconnue, les oiseaux migrateurs (Ansériformes et Charadriiformes) ont été considérés comme des sources potentielles. La sauvagine a été identifiée dans une autre étude comme une voie de transmission possible de l'influenza aviaire chez le bétail (y compris les vaches) dans les installations commerciales, et il a été noté que les sources d'eau naturelle ou artificielle et les sources alimentaires dans ou à proximité des installations auraient augmenté la probabilité d'attirer ces oiseaux (7).

Enfin, une étude a révélé que, tandis que l'Europe et l'Amérique du Nord ont continué de constater des éclosions généralisées d'influenza aviaire A(H5Nx) chez les oiseaux domestiques et sauvages entre décembre 2023 et mars 2024, l'Amérique du Nord est demeurée un point chaud (5). L'étude a signalé que les chevreaux aux États-Unis étaient infectés par le virus de l'influenza A (H5N1), ce qui a été noté comme représentant la première infection naturelle d'une espèce de ruminants à l'échelle mondiale. De plus, l'étude a fait remarquer qu'il y a un risque plus élevé de transmission des espèces de ruminants aux humains en contact étroit avec elles, mais elle n'a trouvé aucune preuve de transmission durable entre humains.

Prochaines étapes

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

- synthèses de données probantes sur la biologie (changements génomiques, caractéristiques virologiques) avec des descriptions claires des clades en circulation (y compris différentes caractéristiques)
- synthèses de données probantes sur la susceptibilité et les paramètres de transmission chez les oiseaux, les mammifères non humains (p. ex. bovins ou autres ruminants) et les humains
- synthèses des données probantes sur le diagnostic et la présentation clinique de l'influenza aviaire A (H5Nx) catégorisées par oiseaux, mammifères non humains et humains
- synthèses des données probantes avec une description claire des groupes et des régions de population, en particulier chez ceux qui ont un risque d'exposition plus élevé
- études primaires qui étudient plus en détail la transmission de l'influenza aviaire chez le bétail et d'autres espèces de ruminants, ainsi que chez les travailleurs du bétail, étant donné la récente éclosion aux États-Unis et le nombre limité d'études primaires identifiées à partir de nos recherches sur ce sujet.

Références

1. Burrough E. R., Magstadt D. R., Petersen B. et al. 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*;30(7).
2. U.S. Centers for Disease Control and Prevention. Current H5N1 bird flu situation in dairy cows. Atlanta, GA: 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., Gonzales J. L., Kuiken T., et al. Avian influenza overview December 2023-March 2024. *Efsa j* 2024;22(3): e8754.
6. Sreenivasan C. C., Thomas M., Kaushik R. S., Wang D., Li F. Influenza a in bovine species: a narrative literature review. *Viruses* 2019;11(6): 561.
7. McDuie F., Matchett E. L., Prosser D. J. et al. 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;69(5): 2898-2912.
8. Calle-Hernández D. M., Hoyos-Salazar V., Bonilla-Aldana D. K. Prevalence of the H5N8 influenza virus in birds: Systematic review with meta-analysis. *Travel Med Infect Dis* 2023;51: 102490.
9. Chauhan R. P., Gordon M. L. A systematic review of influenza A virus prevalence and transmission dynamics in backyard swine populations globally. *Porcine Health Management* 2022;8(1): 10.
10. 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.
11. Chen X., Wang W., Wang Y. et al. 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.
12. Coombe M., Iwasawa S., Byers K. A. et al. 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.
13. Gass J. D., Jr, Kellogg H. K., Hill N. J., Puryear W. B., Nutter F. B., Runstadler J. A. Epidemiology and Ecology of Influenza A Viruses among Wildlife in the Arctic. *Viruses* 2022;14(7).
14. Germeraad E. A., Sanders P., Hagenaars T. J., Jong M. C. M., Beerens N., Gonzales J. L. Virus shedding of avian influenza in poultry: a systematic review and meta-analysis. *Viruses* 2019;11(9).

15. 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.
16. Hood G., Roche X., Brioudes A. et al. 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.
17. Kalonda A., Saasa N., Nkhoma P. et al. Avian influenza viruses detected in birds in sub-saharan africa: a systematic review. *Viruses* 2020;12(9).
18. Kirkeby C., Ward M. P. A review of estimated transmission parameters for the spread of avian influenza viruses. *Transboundary and Emerging Diseases* 2022;69(6): 3238-3246.
19. Lambert S., Bauzile B., Mugnier A., Durand B., Vergne T., Paul M. C. A systematic review of mechanistic models used to study avian influenza virus transmission and control. *Veterinary Research* 2023;54(1): 96.
20. Ntakiyisumba E., Lee S., Park B. Y., Tae H. J., 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).
21. Philippon D. A. M., Wu P., Cowling B. J., Lau E. H. Y. Avian Influenza Human Infections at the Human-Animal Interface. *The Journal of Infectious Diseases* 2020;222(4): 528-537.
22. Qi Y., Ni H. B., 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.
23. Skufca J., Bell L., Molino J. P., et al. 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.
24. Plaza P. I., Gamarra-Toledo V., Euguí J. R., Lambertucci S. A. Recent changes in patterns of mammal infection with highly pathogenic avian influenza a(h5n1) virus worldwide. *Emerg Infect Dis* 2024;30(3): 444-452.
25. Sandhu S., Ferrante C., MacCosham A., Atchessi N., Bancej C. 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;50(1-2): 77-85.
26. Kenmoe S., Takuissu G. R., Ebogo-Belobo J. T. et al. A systematic review of influenza virus in water environments across human, poultry, and wild bird habitats. *Water Res X* 2024;22: 100210.
27. Tahmo N. B., Wirsiy F. S., 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;7: 84-109.
28. Kalonda A., Phonera M., Saasa N. et al. Influenza a and d viruses in non-human mammalian hosts in africa: a systematic review and meta-analysis. *Viruses* 2021;13(12): 2411.

Bhuiya A., Bain T., Waddell K., Ali A., DeMaio P., Moat K., Wilson M. G. 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.