McMaster University | Health Forum

"Veuillez noter que ce rapport a été rédigé en anglais et traduit en français. Veuillez consulter le rapport original pour toute divergence ou clarification." ("Note that this report was produced in English and has been translated to French. Please refer to the original report for any discrepancies/clarifications")

Profil de preuves vivantes

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

Le 17 juillet 2024

[MHF product code: : LEP 7.4]
* À noter que ce produit a déjà été étiqueté PPV 8, mais qu'il a depuis été changé en PPV 7 pour accompagner un PPV complémentaire (maintenant avec le code PPV 8) sur les stratégies de santé publique qui peuvent être utilisées pour prévenir, réduire et atténuer la propagation de l'influenza aviaire chez l'humain.

Contexte

- Des virus de l'influenza aviaire A(H5Nx) ont été signalés à l'échelle mondiale, ce qui a entraîné des éclosions importantes chez les volailles et les oiseaux sauvages ainsi que les détections sporadiques chez les mammifères;
- Récemment, des virus H5 (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 éclosion multiétatique d'influenza aviaire A(H5N1) 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);
- En 2024, des cas humains confirmés des sous-types du virus A(H5Nx) ont été observés dans le monde (dont 14 cas d'infection au virus A(H5N1), un cas d'infection au virus A(H5N2) et deux cas d'infection au virus A(H5N6) en date du 9 juillet 2024), ce qui a entraîné une surveillance et un suivi continus de la situation(1-5).

Encadré 1: Données probantes et autres types de renseignements

+ Données probantes mondiales utilisées

Synthèses de données probantes sélectionnées en fonction de la pertinence, de la qualité et du caractère récent de la recherche

- Formes de données probantes à l'échelle nationale utilisées (🍁 = canadienne)

Évaluation

- Autre type de renseignements utilisés

Analyse par administration

12 pays (Australie, Brésil, Cambodge, Chili, Chine, Équateur, France, Nouvelle-Zélande, Espagne, Royaume-Uni, États-Unis et Vietnam), en plus des organisations internationales et des provinces et territoires canadiens.

* Autres caractéristiques notables

Préparé en trois jours ouvrables à l'aide d'une approche « tout le monde participe ».

- Ce profil de preuves vivantes (PPV) a été demandé à l'origine pour déterminer l'état des données probantes et des lacunes dans les connaissances des synthèses de données probantes 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.
- Une mise à jour subséquente (PPV 7.2) 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 éclosion aux États-Unis;
- Cette mise à jour du PPV (7.3) comprend une mise à jour des recherches de documents de données probantes au moyen de la même portée que la dernière version (comme mise en évidence au point précédent), et l'ajout d'une

nouvelle analyse par administration afin de fournir des aperçus plus détaillés d'autres pays et provinces et territoires canadiens sur l'émergence, la transmission et le spectre du fardeau des sous-types d'influenza aviaire A(H5Nx).
- Ce PPV (7.4) fournit une mise à jour des recherches et de l'analyse par administration depuis la dernière version, documentant les nouveaux renseignements pendant la période allant du 14 mai 2024 à la semaine du 8 juillet 2024.

Question

- Que savons-nous de l'émergence, de la transmission (y compris le potentiel de propagation) et du spectre du fardeau de la charge de morbidité des sous-types de l'influenza aviaire A(H5Nx) qui circulent et qui émergent actuellement dans les documents de données probantes et des expériences dans d'autres administrations?

Résumé de haut niveau des nouveaux faits saillants

- Nous avons recensé huit nouveaux documents de données probantes (deux synthèses de données probantes et six études individuelles) depuis la dernière mise à jour de ce PPV.
  - À l'aide de ces documents de données probantes nouvellement recensés, nous avons inclus un total de 38 documents de données probantes (24 synthèses de données probantes et 14 études individuelles).
- Les études uniques (préimpressions) ont permis de recueillir des données émergentes sur ce qui est connu au sujet de l'influenza A(H5Nx) chez les humains, les bovins laitiers et les labbes;
- Nous avons effectué une analyse par administration de pays sélectionnés (Australie, Brésil, Cambodge, Chili, Chine, Équateur, France, Nouvelle-Zélande, Espagne, Royaume-Uni, États-Unis et Vietnam), d'organisations internationales (Organisation mondiale de la Santé [OMS], Organisation panaméricaine de la santé [OPS], Organisation mondiale de la santé animale [OSMA], Centre européen de prévention et de contrôle des maladies [CEPCM] et Organisation des

Encadré 2 : Approche et documents d'accompagnement

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.

Pour le PPV 7.4, nous avons effectué de nouvelles recherches le 8 juillet 2024 afin de recenser toute nouvelle synthèse de données probantes et tout nouveau protocole pour les synthèses de données probantes dans ACCESSSS, Health Systems Evidence, Health Evidence, et PubMed depuis la dernière version du PPV (les recherches précédentes ont eu lieu le 18 décembre 2023, le 1er et le 13 mai 2024). Nous avons également effectué une recherche pour des études uniques dans PubMed et dans la National Agricultural Library du USDA concernant seulement les vaches laitières, d'autres mammifères non humains (y compris les ruminants), la transmission associée aux produits laitiers et le risque pour le bétail (et non une recherche plus exhaustive pour toutes les études individuelles sur l'influenza aviaire). 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). En outre, nous avons effectué de nouveau des recherches pour des préimpressions dans medRxiv et bioRxiv pour la période allant du 14 mai au 8 juillet 2024. Les stratégies de recherche utilisées sont présentées à l'Annexe 1.

Nous avons consulté les sites Web du gouvernement et des intervenants d'autres pays sélectionnés (Australie, Brésil, Cambodge, Chili, Chine, Équateur, France, Nouvelle-Zélande, Espagne, Royaume-Uni, États-Unis et Vietnam), d'organisations internationales (Organisation mondiale de la Santé, Organisation panaméricaine de la santé, Organisation mondiale de la santé animale, Centre européen de prévention et de contrôle des maladies et Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture) et des provinces et territoires du Canada afin d'identifier toute information publique publiée depuis le 14 mai 2024 jusqu'à la semaine du 8 juillet 2024. Une liste des sources figure à l'Annexe 8.

À l'opposé des méthodologies de synthèse permettant d'obtenir une parfaite compréhension des données probantes, 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 à venir de ce PPV seront déterminés en collaboration avec le demandeur.

Une annexe distincte au document inclut :
1) les renseignements méthodologiques (Annexe 1);
2) les renseignements sur les documents de données probantes et les analyses par administration (Annexes 2-7);
3) la liste des principales sources pour les administrations (Annexe 8);
4) les documents exclus à l'étape finale de l'examen (Annexe 9).

Cette mise à jour du profil des preuves vivantes a nécessité une préparation d'une durée de trois jours et un effort concerté de tout le personnel impliqué.

Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture [FAO]) et des provinces et territoires du Canada afin d'identifier toute information publique et expérience avec l'influenza A(H5Nx) pertinentes;

- Le Canada et les autres pays analysés continuent de signaler qu'il n'y a aucune donnée probante de transmission d'humain à humain et indiquent que le risque global pour la santé publique est faible pour le grand public.
- La transmission du virus A(H5N1) à différentes populations animales provient principalement des oiseaux sauvages, mais il existe des données probantes sur d'autres mécanismes de transmission (par exemple, le déplacement du bétail), ce qui augmente la probabilité de nouvelles éclosions chez les mammifères et de cas sporadiques chez les humains.
- En 2024, il y a eu de nouveaux cas humains confirmés de sous-types du virus A(H5Nx), y compris le premier cas en Australie (clade 2.3.2.1a du virus A[H5N1]), au Cambodge (virus A[H5N1]), aux États-Unis (clade 2.3.4.4b du virus A[H5N1]), en Chine (virus A[H5N1] et virus A[H5N6]) et au Vietnam (virus A[H5N1]).
- Bien qu'elle ne se trouve pas dans les pays sélectionnés pour l'analyse juridictionnelle, une constatation notable a été le premier cas humain confirmé d'infection au virus A(H5N2) au Mexique signalé dans le Bulletin des agents pathogènes des voies respiratoires émergents de juin 2024 de l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC).
- Les organisations et les administrations internationales continuent de recommander la surveillance et la collaboration continuelle pour comprendre la biologie et l'épidémiologie des virus A(H5Nx).

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
  - Caractéristiques immunologiques
    - Innée
    - Adaptable
    - Réponses immunitaires des antigènes/anticorps et des réactions cellulaires (y compris la protection croisée et la réactivité croisée avec d'autres virus de l'influenza humaine et les souches saisonnières)
- 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 humains, de bovins et autre bétail)
    - Oiseau/mammifère non humain à humain (c.-à-d. transmission zoonotique)
    - Charge virale environnementale (p. ex., l'excrétion virale provenant des oiseaux 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
    - Signes et symptômes
    - Facteurs de risque
    - Évolution de la maladie
- Populations humaines prioritaires
    - Groupes présentant un risque d'exposition plus élevé
        - Travail sur une ferme avicole commerciale (p. ex., producteurs, travailleurs saisonniers et migrants)
        - Travail avec des troupeaux non commerciaux ou de petit élevage
        - Travailleur avec des élevages de troupeau/propriétaire d'un petit troupeau
        - Rôle qui implique la reproduction et la manipulation d'oiseaux (p. ex., vendeur, éleveur d'espèces exotiques, fauconnerie, pigeons de concours)
        - Chasser et trapper des oiseaux sauvages et des mammifères (p. ex., chasseurs-cueilleurs autochtones)
        - Travailler avec de la volaille, du bétail ou d'autres animaux vivants ou récemment tués (p. ex. boucher, ouvrier d'une usine de transformation, éleveur de volaille)
        - Travailler avec des produits laitiers non pasteurisés (p. ex., travailleur d'usine de transformation du lait, fromager)
        - Vétérinaires et personnel vétérinaire
        - Travailler avec des oiseaux sauvages et des mammifères pour des besoins de soins de santé, de recherche et de conservation (p. ex., 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
        - Travailler dans des marchés d'oiseaux ou de mammifères vivants, ou les visiter
        - Garder ou travailler avec des animaux qui interagissent régulièrement avec des oiseaux sauvages (p. ex., gardiens d'animaux, animaux de compagnie, chiens de garde, chiens de chasse, employé d'élevage de visons ou d'animaux à fourrure)
        - 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

Depuis la dernière mise à jour de ce PPV, nous avons recensé huit nouveaux documents de données probantes (deux synthèses de données probantes et six études individuelles provenant de recherches sur des données probantes effectuées le 8 juillet 2024). À l'aide de ces documents de données probantes nouvellement recensés, nous avons inclus un total de 38 documents de données probantes (24 synthèses de données probantes et 14 études individuelles).

Lacunes dans les documents de données probantes existantes

Les données probantes disponibles sur l'émergence, la transmission et le spectre du fardeau des sous-types de l'influenza aviaire A(H5Nx) demeurent limitées, mais cette disponibilité augmente. À l'instar de la version précédente de ce PPV, les documents de données probantes soulignaient l'importance d'une surveillance continue des virus de l'influenza aviaire chez les animaux d'élevage sur les exploitations agricoles au pays afin de comprendre l'évolution et la pathogenèse des virus et d'empêcher la transmission entre espèces et entre les mammifères.

Que nous disent les 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 A(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 volailles domestiques comme unité épidémiologique et pour l'ensemble des 46 études, à l'exception de cinq d'entre elles, axées sur l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP). Les auteurs ont laissé entendre que la plupart de la transmission entre les fermes avicoles se faisait à courte et moyenne distance, peu importe le sous-type ou l'emplacement géographique. Les auteurs ont rapporté un nombre de reproductions allant de 0,03 à 15,7 pour la transmission du virus A(H5N1) chez les volailles d'une ferme à une autre (6). 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 d'excrétion du virus chez les volailles dépendent en grande partie des voies d'introduction (p. ex., voie intranasale, par aérosol, voie oropharyngée) (7). Enfin, une seule étude (préimpression) a révélé que le virus de l'influenza A(H5N1) se répliquait avec une efficacité élevée dans les coupes pulmonaires de précision de donneurs humains d'âges différents, avec une réplication réduite chez les donneurs plus âgés comparativement aux donneurs plus jeunes (8).

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 sensibilité chez les oiseaux, les mammifères non humains et les humains. Trois synthèses de données probantes de faible qualité (une réalisée en 2018, une en 2019 et une n'a pas précisé la date de recherche, mais a été publiée en 2023) 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 %, A(H5N1) étant le plus fréquemment observé, suivi de A(H5N2) et de A(H5N8) chez les oiseaux sauvages et domestiques (particulièrement chez les poulets et les canards) (9). 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 A(H5N1) étaient répandus dans cette région parce qu'ils constituaient une destination hivernale majeure pour les oiseaux aquatiques migrateurs (9). 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 A[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 virus A(H5N8) chez les oiseaux (11). Nous avons trouvé une synthèse de données probantes de faible qualité qui décrit la prévalence du virus A(H5N1) chez les humains. En Égypte, on a constaté que la plupart des cas d'infection humaine par le virus A(H5N1) se produisaient chez les enfants, les jeunes adultes et ceux qui étaient directement exposés à la volaille (12).
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 vecteurs passifs 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 volailles (p. ex., les mouvements d'oiseaux vivants entre les fermes, les mouvements de poussins provenant 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) (13). Une autre synthèse de données probantes décrivait le risque de transmission interespèces des petites fermes qui impliquent à la fois la volaille domestique et le porc (14). Cependant, une synthèse de données probantes a révélé que le rôle des petites fermes dans la transmission était minime (6). Les auteurs d'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 (15). Enfin, une synthèse de données probantes de qualité moyenne au cours de laquelle on a effectué des recherches dans la documentation en octobre 2023 a révélé que les défis actuels liés au A(H5N1) ont eu une incidence importante sur la biodiversité et la santé des mammifères, car il y a un nombre croissant d'espèces de mammifères infectées, ainsi que la transmission potentielle entre les mammifères non

humains. Les auteurs de la synthèse de données probantes ont souligné l'importance d'une surveillance continuelle et d'une collaboration internationale (16).

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 sur des oiseaux vivants sur les marchés et les fermes (p. ex., écouvillons et sérologie), sur des oiseaux morts (p. ex., écouvillons et échantillons d'organes) et dans l'environnement (p. ex., fèces, boue, sources d'alimentation, plumes et air ainsi que des surfaces susceptibles d'être contaminées par des virus comme des cages, des planches à découper, des machines à plumer, des camions et des bottes) (17-19).

Pour la présentation clinique, une synthèse de données probantes de faible qualité a indiqué que tous les cas signalés du virus A(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, un emploi comme travailleur avicole et l'exposition directe à la volaille récemment tuée (20).

Une synthèse de données probantes de qualité moyenne a indiqué que l'IAFP A(H5) causait habituellement des symptômes cliniques bénins chez les volailles. Cependant, on a décrit que des virus de l'IAHP comme A(H5N2), A(H5N6), A(H5N8) causent une morbidité grave et une mortalité chez la volaille (6).

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 données probantes 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 (21). En ce qui concerne l'épidémiologie, une synthèse de données probantes de qualité moyenne a révélé que la séroprévalence globale de l'infection au virus A(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 probantes 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 détecté chez les oiseaux sauvages en Alaska et les auteurs ont conclu que ces oiseaux sauvages ont probablement contribué à des éclosions chez les oiseaux sauvages et domestiques au Canada et aux États-Unis ces dernières années (24). Une récente synthèse de données probantes de qualité moyenne (la dernière recherche documentaire a été effectuée le 28 mai 2024) a révélé que la propagation du clade 2.3.4.4b du virus A(H5N1) est probablement attribuée à la migration des oiseaux. La prévalence de la maladie chez les espèces non aviaires est faible(25). Une récente synthèse de données probantes de faible qualité (la dernière recherche documentaire a été effectuée en 2023) a indiqué que le risque de transmission pour le grand public et les amateurs de plage est faible(26). Une étude unique (préimprimée) nouvellement identifiée confirme que le clade 2.3.4.4b du virus A(H5N1) a causé la mort de cinq labbes de McCormick (un type d'oiseau de mer) en Antarctique (26). Une autre étude unique a signalé la circulation d'un nouveau génotype B3.13 du clade 2.3.4.4b du virus A(H5N1) chez les bovins laitiers après des mutations d'acides aminés associées à des adaptations de mammifères ont indiqué environ quatre mois d'évolution avec une circulation locale limitée chez les bovins laitiers aux États-Unis (27). L'étude a démontré que la détection de variants séquentiels à faible fréquence pourrait constituer une menace zoonotique potentielle de transmission interspécifique accrue.

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 signalé que ce clade particulier a été trouvé chez des volailles domestiques et des oiseaux morts au Cameroun, en plus des porcs africains au Nigéria (28; 29). 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, dans laquelle le faible risque de transmission de zoonoses dans la région du Pacifique occidental est décrit.(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 des 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 (30). De plus, une nouvelle étude unique (préimpression) a signalé que les récepteurs du virus de l'influenza A découverts chez les humains, les canards et les poulets étaient largement exprimés dans les glandes mammaires et les voies respiratoires des bovins, ce qui pourrait expliquer les niveaux élevés du virus A(H5N1) dans le lait de bovins infectés. Les auteurs ont exprimé leurs préoccupations concernant la possibilité de nouveaux changements génomiques survenant dans le virus de l'influenza A (31). Les auteurs d'une autre étude (préimpression) ont conclu que les vaches infectées pouvaient excréter le virus pendant deux à trois semaines. L'étude a également révélé des mutations d'acides aminés associées à l'adaptation des mammifères, ce qui indique quatre mois d'évolution avec une circulation locale limitée au sein des vaches laitières. Des variants séquentiels à basse fréquence ont également été détectés, ce qui peut entraîner une augmentation de la probabilité de l'existence de phénotypes susceptibles d'augmenter la transmission interespèce (27).

Les caractéristiques épidémiologiques de la transmission de l'influenza aviaire A(H5Nx) ont été discutés dans les huit études individuelles que nous avons recensées à partir de notre recherche ciblée sur les éclosions chez le bétail et d'autres ruminants. Selon une étude des CDC des États-Unis, les fermes laitières ont signalé la transmission du virus A(H5N1) entre les vaches (1). L'incidence signalée était de quatre à six jours après que les premiers animaux ont 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 et 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 le virus A(H5N1) peut être excrété dans le lait, ce qui pourrait conduire à une transmission interespèce et de mammifères à mammifères 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 désignée dans une autre étude comme étant une voie de transmission potentielle 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 d'aliments dans ou à proximité des installations auraient augmenté la probabilité d'attirer ces oiseaux (32). Une étude unique (préimpression) a indiqué que les espèces autres que la sauvagine étaient les plus exposées à la ferme laitière et des facteurs supplémentaires comme le commerce du bétail, l'utilisation de litière de volaille pouvant contenir des excréments et des plumes, et les machines de traite contaminées peuvent avoir entraîné l'amplification des éclosions aux États-Unis (33). L'éclosion aux États-Unis aurait été regroupée au sein du nouveau génotype B3.13 du clade 2.3.4.4b et une récente étude unique (préimpression) suggère que ce nouveau génotype pourrait constituer une menace zoonotique potentielle, nécessitant une surveillance continue pour éclairer le risque épidémiologique et une alerte précoce pour toute transmission interespèce. Le nouveau génotype B3.13 peut avoir résulté des récents événements de réassortiment(27).

Enfin, un rapport a noté 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 pour les éclosions chez les volailles(34). Le rapport a également noté que les chevreaux aux États-Unis étaient infectés par le virus de l'influenza A(H5N1), ce qui représente la première infection signalée d'une espèce de ruminants à l'échelle mondiale.

Principales conclusions de l'analyse par administration

Les principales conclusions de l'analyse par administration mise à jour le 8 juillet 2024 à partir de l'analyse précédente effectuée le 14 mai 2024 sont résumées ci-dessous en fonction de chacune des catégories du cadre d'organisation.

Biologie

Des organisations internationales et des pays ont effectué des signalements sur les clades en circulation. Au cours d'une évaluation conjointe publiée le 23 avril 2024 par l'OMS, la FAO et l'OSMA, les entités ont indiqué que le clade 2.3.4.4b se diversifie génétiquement et se propage géographiquement, ce qui entraîne la circulation chez les oiseaux sauvages et migrateurs et les volailles, les mammifères carnivores et charognards sauvages, les chats et chiens domestiques et les mammifères aquatiques. Un rapport technique mis à jour le 26 avril 2024 indique que les CDC des États-Unis travaillent activement sur les virus du clade 2.3.4.4b et effectuent des analyses continues du virus pour identifier les changements génétiques, d'autant plus que ce clade génétique a été découvert chez les vaches laitières au Texas. À ce jour, peu de changements génétiques préoccupants pour la santé publique ont été constatés dans les virus circulant chez les oiseaux sauvages et les volailles. Le clade 2.3.2.1c du A(H5N1) a été identifié par séquençage génétique dans deux cas humains confirmés au Cambodge. Ce clade circule depuis plusieurs années chez les oiseaux et les volailles au Cambodge et au Vietnam. En France, il y a eu confirmation de l'infection au virus A(H5N1) chez des canards musqués d'élevage qui avaient reçu deux doses de vaccination. La deuxième dose a été administrée 41 jours avant l'infection. L'Autorité européenne de sécurité des aliments a indiqué que les données sur la réponse immunitaire humorale et la protection virologique suggèrent que la protection offerte par les vaccins a été réduite après la deuxième dose avec l'âge croissant des canards.

Épidémiologie

L'influenza aviaire A(H5Nx) est actuellement surveillée par des organisations internationales, des pays, des provinces et des territoires canadiens analysés dans nos analyses par administration. Selon l'OPS, l'OMS, le CEPCM, l'EFSA, les CDC américains et l'ASPC, le risque global pour le public demeure faible. De plus, le rapport hebdomadaire de la région du Pacifique occidental de l'OMS sur le virus A(H5N1) et le virus A(H5N6) (du 5 au 11 juillet 2024) indique que le risque global de pandémie n'a pas changé de façon importante par rapport aux années précédentes. Les organismes recommandent une surveillance continuelle de la situation mondiale. La transmission du virus A(H5N1) à différentes populations animales provient principalement des oiseaux sauvages, mais il existe des données probantes sur d'autres mécanismes de transmission (par exemple, le déplacement du bétail), ce qui augmente la probabilité de nouvelles éclosions chez les mammifères et de cas sporadiques chez les humains. Le virus reste principalement lié aux récepteurs de type aviaire, ce qui limite la transmissibilité aux humains par les gouttelettes respiratoires ou les vecteurs passifs.

Il y a eu des cas humains confirmés du virus A(H5Nx) dans le monde. Le Bulletin des agents pathogènes des voies respiratoires émergents de juin 2024 a rapporté qu'entre le 13 janvier et le 30 juin 2024 il y avait eu 11 cas humains du virus A(H5N1) en Australie, cinq au Cambodge, un en Chine, trois aux États-Unis et un au Vietnam, et le tout premier cas humain du virus A(H5N2) signalé au Mexique. Le premier cas humain du virus A(H5N1) en Australie concernait une enfant de deux ans et demi, sans problème médical sous-jacent, qui s'est rendue à Kolkata, en Inde, du 12 au 29 février 2024. Les symptômes de l'enfant ont débuté le 25 février en Inde par une perte d'appétit, une irritabilité et de la fièvre, progressant vers la toux et les vomissements, entraînant l'admission à l'hôpital en Australie le 2 mars 2024 et le transfert à l'unité de soins intensifs le 4 mars 2024. Un écouvillon nasopharyngé et un aspirât endotrachéal prélevés les 6 et 7 mars 2024 se sont d'abord révélés positifs pour l'influenza A et les résultats ont plus tard confirmé qu'il s'agissait du clade 2.3.2.1a du virus A(H5N1) qui est différent du clade principal du virus A(H5N1) qui est présentement en circulation dans le monde chez les animaux, y compris au Canada. Sur le plan clinique, l'enfant est maintenant considérée comme allant bien. L'enfant n'avait aucune exposition à des personnes ou à des animaux malades pendant son séjour, et ses contacts familiaux en Australie ou en Inde n'ont pas développé de symptômes en date du 22 mai 2024. Selon l'OMS, l'exposition au clade 2.3.2.1a du virus A(H5N1) s'est probablement produite en Inde, où ce clade de virus était en circulation chez les oiseaux.

De nouveaux cas humains d'infection au virus A(H5N1) ont été confirmés depuis la publication du bulletin en juin 2024 de l'ASPC. En date du 9 juillet 2024, le Cambodge avait signalé deux nouveaux cas humains d'infection au virus A(H5N1), faisant passer le nombre total de cas au Cambodge en 2024 à sept. Le premier cas a été signalé par le ministère de la Santé du Cambodge le 6 juillet 2024 et concernait un garçon de trois ans de la province de Takeo qui avait des symptômes de fièvre, de toux et de difficultés respiratoires et qui a été hospitalisé. On a déclaré que son état s'améliorait. Après enquête, on a découvert que le garçon avait été en contact avec un poulet décédé 10 jours avant le début de sa maladie. Le deuxième nouveau cas a été signalé le 8 juillet 2024 et concernait la cousine de cinq ans du premier nouveau cas qui vivait dans la même maison et qui serait également entré en contact avec le poulet mort. La fille présentait des symptômes légers et elle recevait un traitement au moment de l'annonce. Le clade du virus A(H5N1) de ces nouveaux cas est présentement inconnu. En outre, le ministère de la Santé du Cambodge a souligné que la plupart des cas de cette année étaient des enfants.

Aux États-Unis, il y a maintenant quatre cas humains confirmés de A(H5N1) pour la période allant du 1er avril au 3 juillet 2024. Le dernier cas a été recensé dans l'État du Colorado à la suite d'une éclosion multiétatique du virus A(H5N1) chez les vaches laitières. La personne n'a signalé que des symptômes oculaires et a reçu un traitement au moyen de l'oseltamivir et elle s'est rétablie depuis.

Un rapport datant du 4 juillet 2024 a documenté deux cas d'influenza aviaire A(H5N6) dans la province du Fujian, en Chine, où les deux personnes ont été exposées à de la volaille. Le premier cas concernait une femme de 52 ans qui a développé des symptômes le 13 avril 2024, qui a été hospitalisée le 22 avril 2024, puis qui est décédée le 30 avril 2024. L'autre cas concernait un homme de 41 ans qui a développé des symptômes le 8 mai, qui a été hospitalisé le 11 mai et qui est décédé le même jour.

En ce qui concerne les oiseaux, la volaille continue de courir un risque en raison de la circulation continuelle et de la propagation des virus A(H5N1) chez les oiseaux sauvages. Le bulletin hebdomadaire du CEPCM signale de nouvelles récurrences du virus A(H5N1) chez les volailles et les oiseaux autres que la volaille. Le Royaume-Uni s'est autodéclaré comme étant une zone indemne d'influenza aviaire hautement pathogène depuis le 29 mars 2024. Le Royaume-Uni n'a actuellement pas d'éclosions d'influenza aviaire chez la volaille ou d'autres oiseaux captifs et le risque actuel est faible. Par contre, le virus A(H5N1) continue d'être présent chez les oiseaux sauvages au Royaume-Uni et dans toute l'Europe. Depuis le 1er février 2024, il y a eu huit cas d'influenza aviaire chez des oiseaux sauvages au Royaume-Uni, qui comprenaient un mélange de A(H5N1) et de A(H5N5). La France a confirmé la présence du virus A(H5N1) dans un établissement hébergeant des canards musqués vaccinés, touchant 8 700 canards en janvier 2024. En outre, une autre éclosion a été détectée en janvier 2024, causant la mort de 40 canards qui présentaient des signes cliniques de troubles neurologiques et une diminution de l'appétit et de la soif. Selon l'OPS, il y a eu sept éclosions d'influenza aviaire A(H5) chez des oiseaux sauvages au Brésil, mais aucune éclosion chez des oiseaux d'élevage ou des cas humains pour la période allant du 1er janvier au 18 mars 2024. Depuis cette période, une éclosion de A(H5N1) chez des oiseaux autres que des volailles a été détectée au Brésil entre le 6 avril et le 3 mai 2024. L'Agence canadienne d'inspection des aliments présente des rapports sur le nombre de troupeaux de volailles infectées chez lesquels le virus A(H5N1) a été détecté au Canada. Depuis septembre 2023, l'Alberta, la Colombie-Britannique, le Manitoba, la Nouvelle-Écosse, l'Ontario, le Québec et la Saskatchewan ont signalé des troupeaux infectés par l'IAHP A(H5N1).

Selon l'évaluation conjointe de l'OMS, de la FAO et de l'OMSA, on a signalé une propagation allant d'oiseaux vers des mammifères non humains dans les Amériques et en Europe, ce qui a entraîné une infection grave avec des symptômes neurologiques chez certains mammifères non humains. Par exemple, l'évaluation a indiqué que les furets infectés ont entraîné des maladies graves. L'Agence canadienne d'inspection des aliments (ACIA), en collaboration avec Environnement et Changement climatique Canada (ECCC) et la Coopérative canadienne pour la santé de la faune, ont un tableau de bord dans lequel ils surveillent les virus A(H5Nx) chez différents types d'animaux sauvages. En février 2024, des cas confirmés d'influenza aviaire A(H5N1), A(H5), A(H5N5) ou d'une combinaison de ces virus dans toutes les provinces et tous les territoires ont été signalés. Entre le 14 mai et le 11 juillet 2024, le tableau de bord a signalé un total de

trois nouveaux cas positifs au virus A(H5Nx) et au virus A(H5N1) apparus chez des renards roux, qui étaient concentrés dans les zones côtières de l'Île-du-Prince-Édouard.

En ce qui concerne les bovins et les autres ruminants, l'évaluation conjointe de l'OMS, de la FAO et de l'OMSA a révélé la détection du H5N1 chez des vaches laitières aux États-Unis et chez des chèvres nouveau-nés (qui partagent le même espace sur une ferme que des volailles infectées par le virus A[H5N1]). L'évaluation des risques pour la santé publique de l'OPS de la propagation du clade 2.3.4.4b de l'influenza aviaire A(H5N1) en date du 12 juillet 2024 a indiqué qu'il y a des occurrences localisées du clade 2.3.4.4b du virus A(H5N1) dans les troupeaux de bovins laitiers aux États-Unis, avec une propagation aux humains et autres mammifères qui ont été en contact direct. Au 5 juillet 2024, 12 États américains avaient confirmé la présence du clade 2.3.4.4b du virus A(H5N1) dans 139 troupeaux de bovins laitiers. Les CDC des États-Unis ont indiqué qu'il y a eu quatre cas humains signalés après l'exposition aux bovins laitiers. chez les vaches laitières est multiétatique et a été signalée pour la première fois le 25 mars 2024, et elle a abouti à la première transmission présumée de l'influenza aviaire entre un mammifère et un humain. Il est probable que la transmission latérale se produit entre les bovins laitiers dans les sites touchés aux États-Unis. À l'heure actuelle, on signale que le virus A(H5N1) s'est propagé des bovins laitiers à certains établissements avicoles. Cependant, la voie et la fréquence de transmission des bovins aux oiseaux sont inconnues. En date du 20 avril 2024, aucun marqueur d'adaptation des mammifères n'avait été découvert dans le virus de l'influenza aviaire A(H5N1) isolé chez les vaches laitières. Un rapport technique mis à jour le 5 juin 2024 (la mise à jour de juillet n'avait pas encore été publiée au moment de la rédaction du présent rapport) note que les CDC continuent de travailler activement sur les virus du clade 2.3.4.4b et ils effectuent des analyses continues du virus pour recenser les changements génétiques. Bien que le risque pour la santé publique soit faible, l'éclosion multiétatique en cours chez les vaches laitières, la propagation de l'influenza chez les oiseaux sauvages et les éclosions sporadiques chez les troupeaux de volailles et les mammifères sont préoccupantes.

Le Animal and Plant Health Inspection Service de l'USDA fournit régulièrement des mises à jour sur les détections chez les vaches laitières ainsi que des rapports épidémiologiques et des conseils à jour pour les agriculteurs et les vétérinaires.En date du 10 mai 2024, la FDA des États-Unis a prélevé 297 échantillons de produits laitiers vendus dans les commerces de détail et ils se sont tous révélés négatifs. En date du 3 mai 2024, le bulletin hebdomadaire du CEPCM n'a signalé aucun cas chez le bétail en Europe. Selon l'Agence de santé publique du Canada, en date du 16 mai 2024, l'influenza aviaire hautement pathogène A(H5N1) n'avait pas été détectée au Canada chez les bovins ou le bétail (à l'exception de la volaille) et le risque de transmission aux humains demeure faible. De plus, l'Agence canadienne d'inspection des aliments, en collaboration avec Santé Canada et l'Agence de la santé publique du Canada, a analysé de façon proactive des échantillons de lait commercial partout au Canada afin de détecter des fragments du virus A(H5N1). En date du 14 mai 2024, tous les échantillons analysés se sont révélés négatifs. Le 6 juin 2024, une évaluation de l'ASPC sur le scénario de risque posé par le clade 2.3.4.4b du virus de l'influenza aviaire A(H5Nx) et des virus apparentés a permis de constater que la transmission du virus de l'influenza aviaire A(H5N1) d'un bovin à l'autre se produit, mais que la transmission est complexe et que la capacité du virus à se réassortir demeure préoccupante.

Diagnostic

Il existe des méthodes d'analyses communes, comme la réaction en chaîne de la polymérase à transcription inverse (RT-PCR) et les épreuves immunoenzymatiques (ELISA), qui sont utilisées dans l'ensemble des administrations pour détecter le virus A(H5Nx). Par exemple, il y a des lignes directrices mises à jour sur les analyses, les rapports et l'information de laboratoire sur l'utilisation d'épreuves RT-PCR à l'aide d'amorces et de sondes propres à H5 provenant des CDC américains. Le 14 mai 2024, l'USDA a publié des recommandations concernant le virus A(H5N1) chez le bétail à l'intention des responsables de la santé animale de l'État, des vétérinaires et des producteurs. L'OMSA a indiqué que le virus A(H5Nx) chez les espèces non aviaires (y compris les bovins et d'autres populations de bétail) devrait faire l'objet d'un diagnostic différentiel, en particulier chez les animaux présentant des symptômes cliniques, les animaux domestiques malades ou morts près des zones touchées et les animaux soupçonnés d'être exposés ou liés au virus A(H5Nx) soupçonné ou confirmé chez les oiseaux ou les bovins. En Australie, les efforts de diagnostic comprennent des méthodes d'analyses PCR et ELISA, l'influenza aviaire étant une maladie à déclaration obligatoire nationale. L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (ANSES) s'engage à lutter contre la propagation de la maladie

en coordonnant le diagnostic de l'influenza aviaire chez les animaux et en effectuant des recherches pour améliorer la détection des virus. Le Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique (BCCDC) utilise des analyses de l'acide nucléique et Santé publique Ontario utilise une épreuve de RT-PCR pour détecter la présence du virus A(H5N1).

Présentation clinique

Il existe des rapports sur la présentation clinique du virus A(H5Nx) chez les humains, les oiseaux et les mammifères non humains. Les symptômes et les maladies variaient de la maladie asymptomatique à la maladie grave chez les humains, avec des symptômes comme la fièvre, la fatigue, la toux, les douleurs abdominales, la diarrhée, la pneumonie, la septicémie et le syndrome de détresse respiratoire aiguë. Les résultats suivants sur la présentation clinique proviennent des versions antérieures du PPV (contenant de nouveaux renseignements sur les cas dans la section Épidémiologie). Certains pays comme le Cambodge, le Vietnam et la Chine ont signalé des décès dus à des complications. Au Cambodge, tous les cas humains confirmés ont été hospitalisés avec des symptômes et la personne décédée a été admise quand son état s'est aggravé. Le rapport hebdomadaire du CEPCM pour la période allant du 28 avril au 4 mai 2024 a signalé les symptômes d'un cas au Cambodge, y compris la toux, les difficultés respiratoires et la fièvre, qui a finalement été traité au moyen de l'antiviral oseltamivir. Au Vietnam, le cas humain qui a finalement été hospitalisé avait de la fièvre, de la toux, des douleurs abdominales et de la diarrhée. L'état du patient s'est aggravé en raison d'une pneumonie grave, d'une septicémie grave et d'un syndrome de détresse respiratoire aiguë. Le patient est finalement mort huit jours après son admission à l'hôpital en mars 2024. Les deux cas en Chine ont développé des symptômes graves, accompagné d'un décès 26 jours après le développement des symptômes. Dans le cas de l'exposition à des vaches laitières aux États-Unis, le patient a déclaré que la rougeur oculaire (compatible avec la conjonctivite) était son seul symptôme.

En ce qui concerne les oiseaux, les signes cliniques peuvent comprendre un manque d'énergie et d'appétit, une diminution de la production d'œufs, la ponte d'œufs à coquille molle ou sans coquille, une enflure des extrémités, des problèmes respiratoires et neurologiques, de la diarrhée et une mort subite. Par exemple, au cours de l'éclosion de janvier 2024 en France, les canards présentaient des troubles neurologiques, une diminution de l'appétit et de la soif, et des décès. Selon l'USDA, les bovins laitiers peuvent subir une baisse soudaine de l'appétit, une baisse marquée ou aiguë de la production laitière, un épaississement du lait ou l'absence de lait et des signes respiratoires comme les écoulements nasaux clairs.

Populations prioritaires

Nous avons trouvé peu de renseignements publics sur les populations prioritaires. Comme pour les versions antérieures du PPV, les cas humains confirmés (y compris les enfants) étaient ceux qui étaient en contact étroit avec des bovins et des oiseaux infectés ou soupçonnés de l'être ou qui les manipulaient (p. ex., les marchés de volaille et les volailles de basse-cour, les oiseaux sauvages).

Prochaines étapes

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

- les synthèses de données probantes sur la biologie (changements génomiques, caractéristiques virologiques) avec des descriptions claires des clades en circulation (y compris différentes caractéristiques);
- les synthèses de données probantes sur la susceptibilité et les paramètres de transmission chez les oiseaux, les mammifères non humains (p. ex., bovins ou autres bétails) et les humains;
- les 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;
- les 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;
- les études primaires qui étudient plus en détail la transmission de l'influenza aviaire chez le bétail et d'autres espèces de bétails, 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;
- des analyses par administration qui continuent de surveiller et de comprendre l'état actuel du virus A(H5Nx) sur l'ensemble de la planète, en particulier pour cerner des rapports techniques sur la biologie émergente et les populations prioritaires.

Références

1. Burrough ER, Magstadt DR, 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): 1335-1343.
2. U.S. Centers for Disease Control and Prevention. Current H5N1 bird flu situation in dairy cows. Atlanta, United States: CDC; 2024. https://www.cdc.gov/bird-flu/situation-summary/mammals.html?CDC_AAref_Val=https://www.cdc.gov/flu/avianflu/mammals.htm (consulté le 29 juillet 2024).
3. Harris E. CDC: H5N1 Bird flu confirmed in person exposed to cattle. *JAMA* 2024; 331(19); 1615.
4. Looi M-K. Bird flu: Person with rare strain in US sparks alarm about cow transmission. *BMJ* 2024; 385: q797.
5. Uyeki TM, Milton S, Abdul Hamid C, et al. Highly pathogenic avian influenza A (H5N1) virus infection in a dairy farm worker. *New England Journal of Medicine* 2024; 390(21): 2028-2029.
6. Lambert S, Bauzile B, Mugnier A, Durand B, Vergne T, Paul MC. A systematic review of mechanistic models used to study avian influenza virus transmission and control. *Veterinary Research* 2023; 54(1): 96.
7. Germeraad EA, Sanders P, Hagenaars TJ, Jong MCM, Beerens N, Gonzales JL. Virus shedding of avian influenza in poultry: A systematic review and meta-analysis. *Viruses* 2019; 11(9): 812.
8. Bruegger M, Machahua C, Zumkehr B, et al. Aging shapes infection profiles of influenza A virus and SARS-CoV-2 in human lung slices. *bioRxiv* 2024: 2024.04.14.589423.
9. 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): 993.
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. Calle-Hernández DM, Hoyos-Salazar V, Bonilla-Aldana DK. Prevalence of the H5N8 influenza virus in birds: Systematic review with meta-analysis. *Travel Med Infect Dis* 2023;51: 102490.
12. Philippon DAM, Wu P, Cowling BJ, Lau EHY. Avian Influenza Human Infections at the Human-Animal Interface. *The Journal of Infectious Diseases* 2020; 222(4): 528-537.
13. 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.
14. Chauhan RP, Gordon ML. A systematic review of influenza A virus prevalence and transmission dynamics in backyard swine populations globally. *Porcine Health Management* 2022; 8(1): 10.
15. Kirkeby C, Ward MP. A review of estimated transmission parameters for the spread of avian influenza viruses. *Transboundary and Emerging Diseases* 2022; 69(6): 3238-3246.
16. Plaza PI, Gamarra-Toledo V, Euguí JR, Lambertucci SA. Recent changes in patterns of mammal infection with Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus worldwide. *Emerging Infectious Diseases* 2024; 30(3): 444-452.
17. 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.
18. Ntakiyisumba E, Lee S, Park BY, Tae HJ, Won G. Prevalence, seroprevalence and risk factors of avian influenza in wild bird populations in Korea: A systematic review and meta-analysis. *Viruses* 2023; 15(2): 472.
19. Coombe M, Iwasawa S, Byers KA, 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.
20. Sandhu S, Ferrante C, MacCosham A, Atchessi N, Bancej C. Caractéristiques épidémiologiques des infections humaines par le virus de la grippe aviaire A(H5N6) en Chine et au Laos : une analyse descriptive de cas multiples, février 2014 à juin 2023. *Relevé des maladies transmissibles au Canada* 2024; 50(1-2): 77-85.

21. Kenmoe S, Takuissu GR, Ebogo-Belobo JT, et al. A systematic review of influenza virus in water environments across human, poultry, and wild bird habitats. *Water Research X* 2024; 22: 100210.
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. *Transboundary and Emerging Diseases* 2020; 67(5): 1861-1871.
23. Skufca J, Bell L, Molino JP, 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. Gass JD, Jr., Kellogg HK, Hill NJ, Puryear WB, Nutter FB, Runstadler JA. Epidemiology and Ecology of Influenza A Viruses among Wildlife in the Arctic. *Viruses* 2022; 14(7): 1531.
25. 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 Medical* 2020; 18(1): 377.
26. Bennet B, Berazay B, Munoz G, et al. Confirmation of highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1 associated with an unexpected mortality event in South Polar Skuas (Stercorarius maccormicki) during 2023–2024 surveillance activities in Antarctica. *bioRxiv* 2024: 2024.04.10.588951.
27. Nguyen T-Q, Hutter C, Markin A, et al. Emergence and interstate spread of highly pathogenic avian influenza A (H5N1) in dairy cattle. *bioRxiv* 2024: 2024.05.01.591751.
28. 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; 7: 84-109.
29. 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.
30. Sreenivasan CC, Thomas M, Kaushik RS, Wang D, Li F. Influenza A in bovine species: A narrative literature review. *Viruses* 2019; 11(6): 561.
31. Kristensen C, Jensen HE, Trebbien R, Webby RJ, Larsen LE. The avian and human influenza A virus receptors sialic acid (SA)-α2, 3 and SA-α2, 6 are widely expressed in the bovine mammary gland. *bioRxiv* 2024: 2024.05.03.592326.
32. McDuie F, Matchett EL, Prosser DJ, 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.
33. Stone H, Jindal M, Lim S, et al. Potential pathways of spread of highly pathogenic avian influenza A/H5N1 Clade 2.3. 4.4 b across dairy farms in the United States. *medRxiv* 2024: 2024.05.02.24306785.
34. Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, et al. Avian influenza overview December 2023–March 2024. *EFSA J* 2024; 22(3): e8754.

Bhuiya A, T Bain, Alam S, Ciurea P, Chen K, Vélez M, Wu N, Wang Q, Waddell K, DeMaio P, Wilson MG. Profil de preuves vivantes 7.4 : Examen de ce qui est connu au sujet de l'émergence, de la transmission et du spectre du fardeau de la maladie des sous-types de l'influenza aviaire A(H5Nx). Hamilton : McMaster Health Forum, 17 juillet 2024.

Remerciements des partenaires citoyens : Nous remercions nos partenaires citoyens, Annie-Danielle Grenier et Marion Knutson, d'avoir contribué au profil de preuves vivantes en fournissant des commentaires qui ont été intégrés au rapport final.

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 la McMaster University. 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.