



# Données épidémiologiques récentes sur H5N1 au Canada

SantéAnimaleCanada



Atelier sur IAHP  
29 mars 2023



RDIMS 19016054  
SGDDI 19027212



**Objectif:** Fournir un résumé des connaissances épidémiologiques à ce jour sur l'événement IAHP H5N1

## **Contenu**

1. Introduction du virus
2. Détection chez les oiseaux sauvages
3. Situation dans la population domestique
4. Analyses phylogénétiques et épidémiologiques

# Une menace des 2 côtés

Alkie et al. 2022: <https://doi.org/10.1093/ve/veac077>

## Introduction atlantique

- H5 IAHP type Terre-Neuve
- Déc. 2021: Goéland marin à T-N
- Lignée eurasienne
- Puis, réassortiments avec lignée nord-américaine

**286 IP/295 (97%)**

## Introduction pacifique

- H5 IAHP type asiatique
- Fév. 2022: pygargue à tête blanche en C-B
- Génétiquement lié au virus isolé à Hokkaido, au Japon, en janvier 2022

**9 IP/295 (3%)**

Nouvelles incursions:  
Déc. 2022 H5N1; Jan 2023 H5N5

# Détection dans la faune



## INFLUENZA AVIAIRE HAUTEMENT PATHOGÈNE - FAUNE

Par les services de SIG ACIA CNOU

◀ 1 sur 1829 ▶

### Plus récent cas positif

Date d'autorisation du résultat 28/02/2023

Date d'échantillonnage 25/02/2023

Groupe d'oiseaux Corvidé

Souche

Dernière mise à jour : il y a 20 secondes

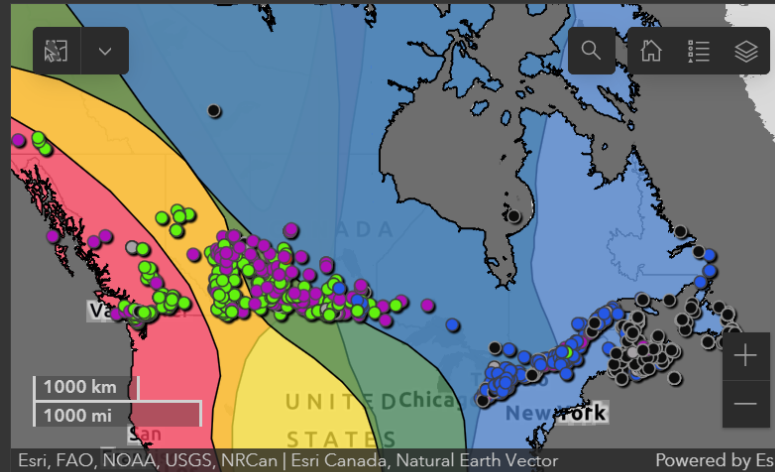
### Nombre total de cas positifs -

# 1829



Influenza aviaire hautement pathogène (IAHP):

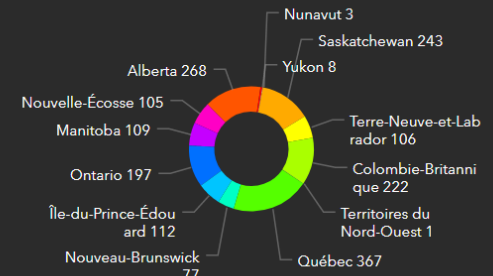
Suspect: Échantillon ayant testé positif pour l'influenza à un laboratoire provincial.



Esri, FAO, NOAA, USGS, NRCan | Esri Canada, Natural Earth Vector Powered by Esri

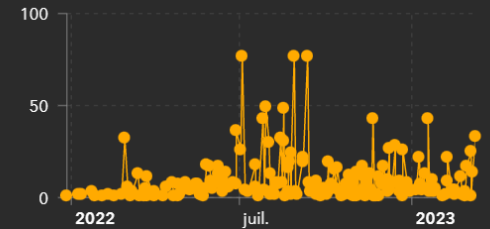
Dat...	Dat...	No...	Pro...	Statut	So...	Rés...	Lig...	Gra...
25/...	28/...	Cor...	Île-...	Mort		Sus...		
24/...	28/...	Gra...	Île-...	Mort		Sus...		
24/...	28/...	Mo...	Île-...	Mort		Sus...		
21/...	28/...	Ber...	Île-...	Mort		Sus...		

### Cas positifs par province



Dernière mise à jour : il y a 20 secondes

### Nombre de cas positif quotidien



Environnement et Changement climatique Canada



Agence canadienne d'inspection des aliments

Voie migratoire de l'Atlantique (approximative) Voie migratoire Centrale (approximative)



Voie migratoire du Mississippi (approximative)

Voie migratoire du Pacifique (approximative)



[http://www.cwhc-rclf.ca/avian\\_influenza.php](http://www.cwhc-rclf.ca/avian_influenza.php)

# Détection dans la faune

## - Grappes

● Segments de gènes PB2 et NP appartenant à la lignée nord américaine et segments de gènes PB1, PA, HA, NA, M et NS appartenant à la lignée eurasienne

● Segments de gènes NP appartenant à la lignée nord américaine et segments de gènes PB2, PB1, PA, HA, NA, M et NS appartenant à la lignée eurasienne

● Segments de gènes PB2, NP et NS appartenant à la lignée nord américaine et segments de gènes PB1, PA, HA, NA, M appartenant à la lignée eurasienne

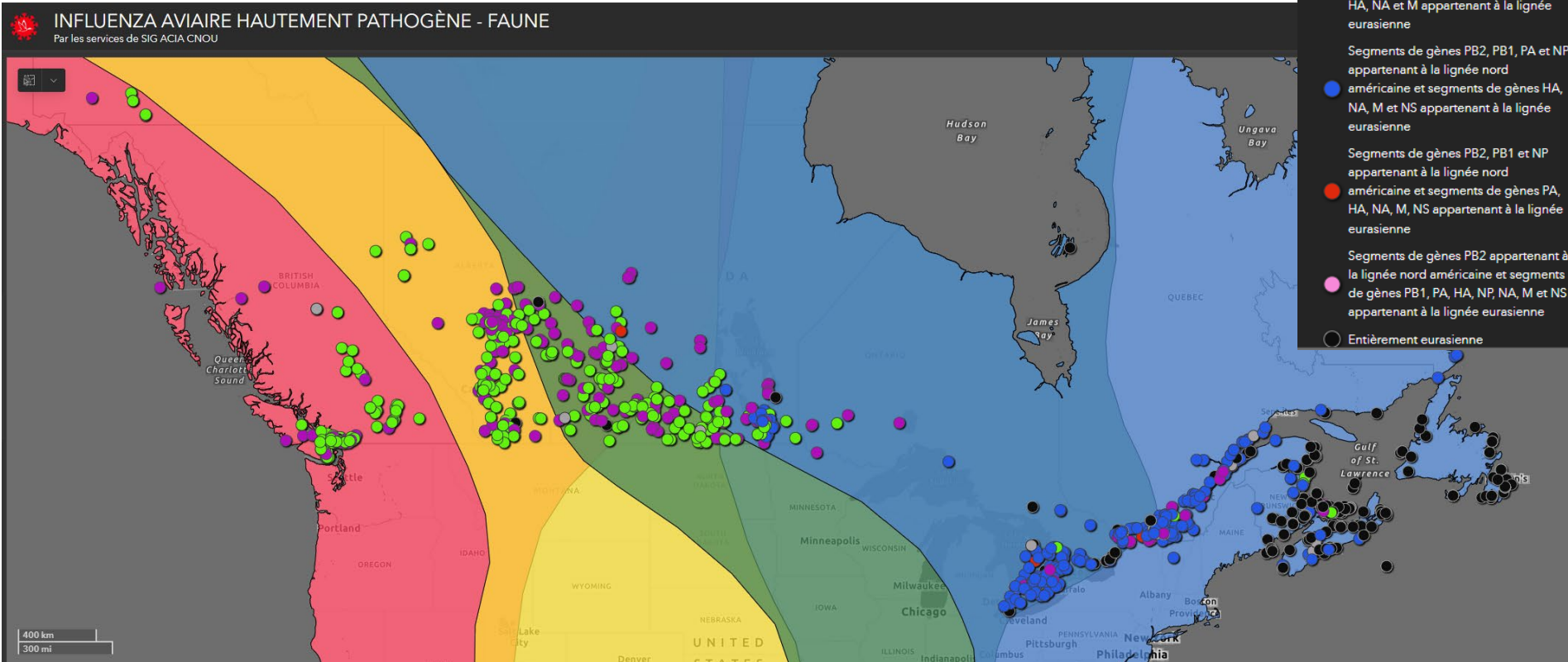
● Segments de gènes PB2, PB1, NP et NS appartenant à la lignée nord américaine et segments de gènes PA, HA, NA et M appartenant à la lignée eurasienne

● Segments de gènes PB2, PB1, PA et NP appartenant à la lignée nord américaine et segments de gènes HA, NA, M et NS appartenant à la lignée eurasienne

● Segments de gènes PB2, PB1 et NP appartenant à la lignée nord américaine et segments de gènes PA, HA, NA, M, NS appartenant à la lignée eurasienne

● Segments de gènes PB2 appartenant à la lignée nord américaine et segments de gènes PB1, PA, HA, NP, NA, M et NS appartenant à la lignée eurasienne

● Entièrement eurasienne



# 302 détections chez les oiseaux domestiques

En date du 17 mars 2023

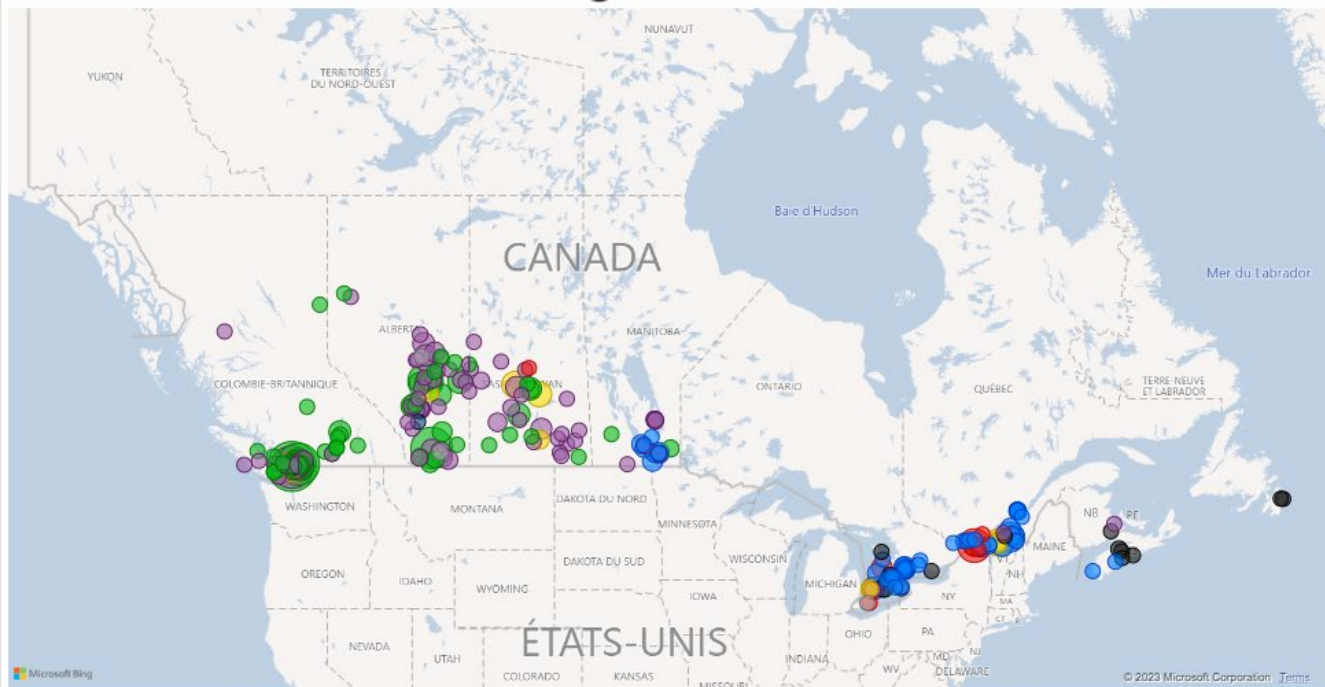
La répartition géographique des grappes chez les oiseaux sauvages correspond à la répartition des grappes des oiseaux domestiques

Canadian Food Inspection Agency / Agence canadienne d'inspection des aliments

## Géolocalisation des fermes infectées par lignée et grappe virale et nombre relatif d'oiseaux

Province: **Tout** | WOA Classification: **Tout** | IP Status: **Tout** | Wave: **Tout** | Cluster: **Tout** | Reference Virus: **Tout** | **Reset**

Regulation Type: **Tout** | **Timeline** | **Dynamic** | 06/12/2021 | 17/03/2023



### Cluster - map

- (Vide)
- Fully Eurasian
- Gene segments PB1 and PA belonging to North American li...
- Gene segments PB2 and NP belonging to North American li...
- Gene segments PB2, NP and NS belonging to North Americ...
- Gene segments PB2, PB1 and NP belonging to North Ameri...
- Gene segments PB2, PB1, NP and NS belonging to North A...
- Gene segments PB2, PB1, PA and NP belonging to North A...
- Gene segments PB2, PB1, PA, NP and NS belonging to Nort...
- Sample quality insufficient for sequencing to determine gen...

\* Date is based on the CFIA Notification Date

Data Last Refreshed: 3/17/2023 9:13:22 AM ET

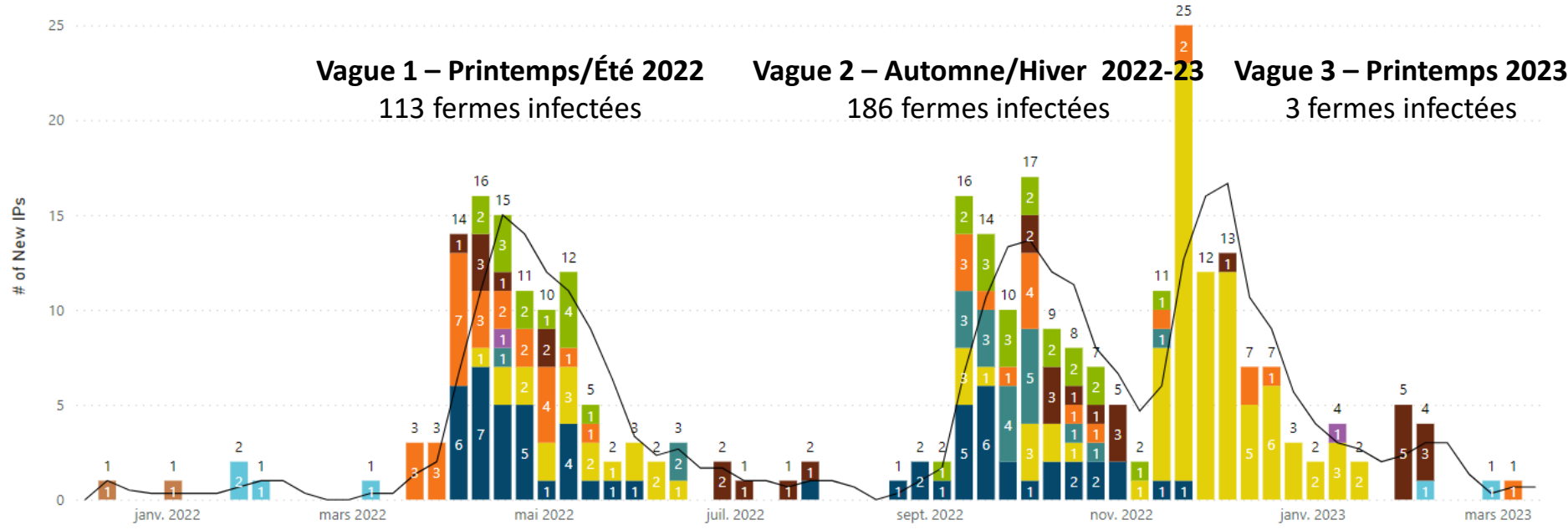


# Courbe épidémiologique de l'événement IAHP H5N1 (jusqu'au 17 mars 2023; 302 fermes infectées)

## Nombre de nouvelles fermes infectées par semaine

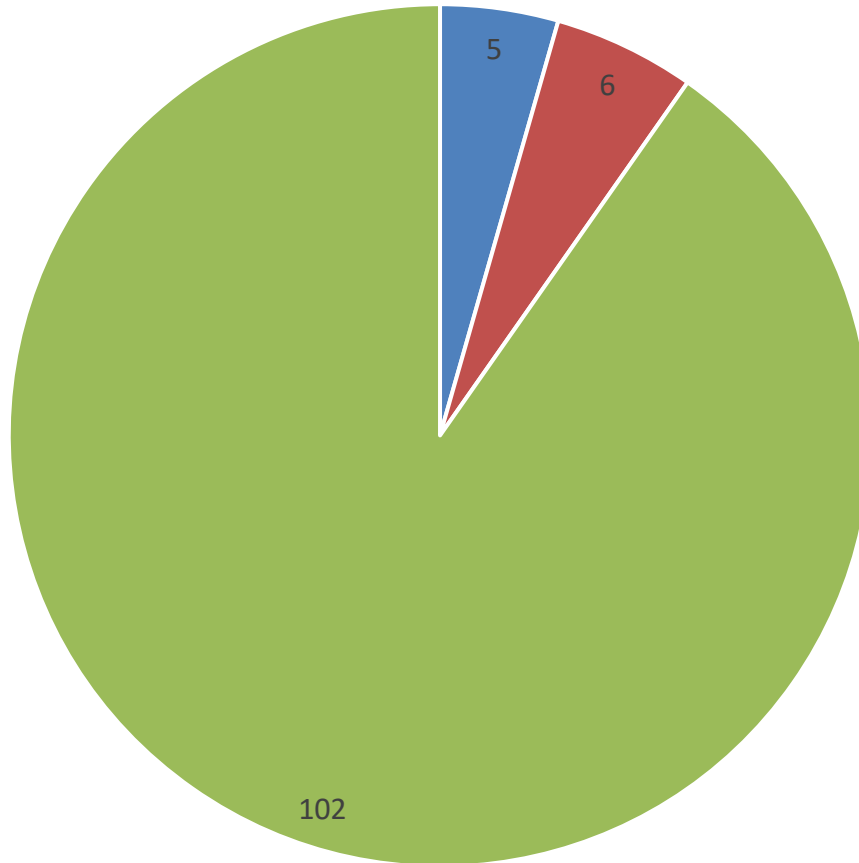
Province: Tout | Regulation Type: Tout | WOH Classification: Tout | Date: 06/12/2021 - 18/03/2023 | [Reset Filters](#)

Province: ● AB ● BC ● MB ● NB ● NL ● NS ● ON ● QC ● SK ● 3-week Moving Average



\* Date is based on CFIA Notification Date

## Méthode de découverte – première vague (n=113)

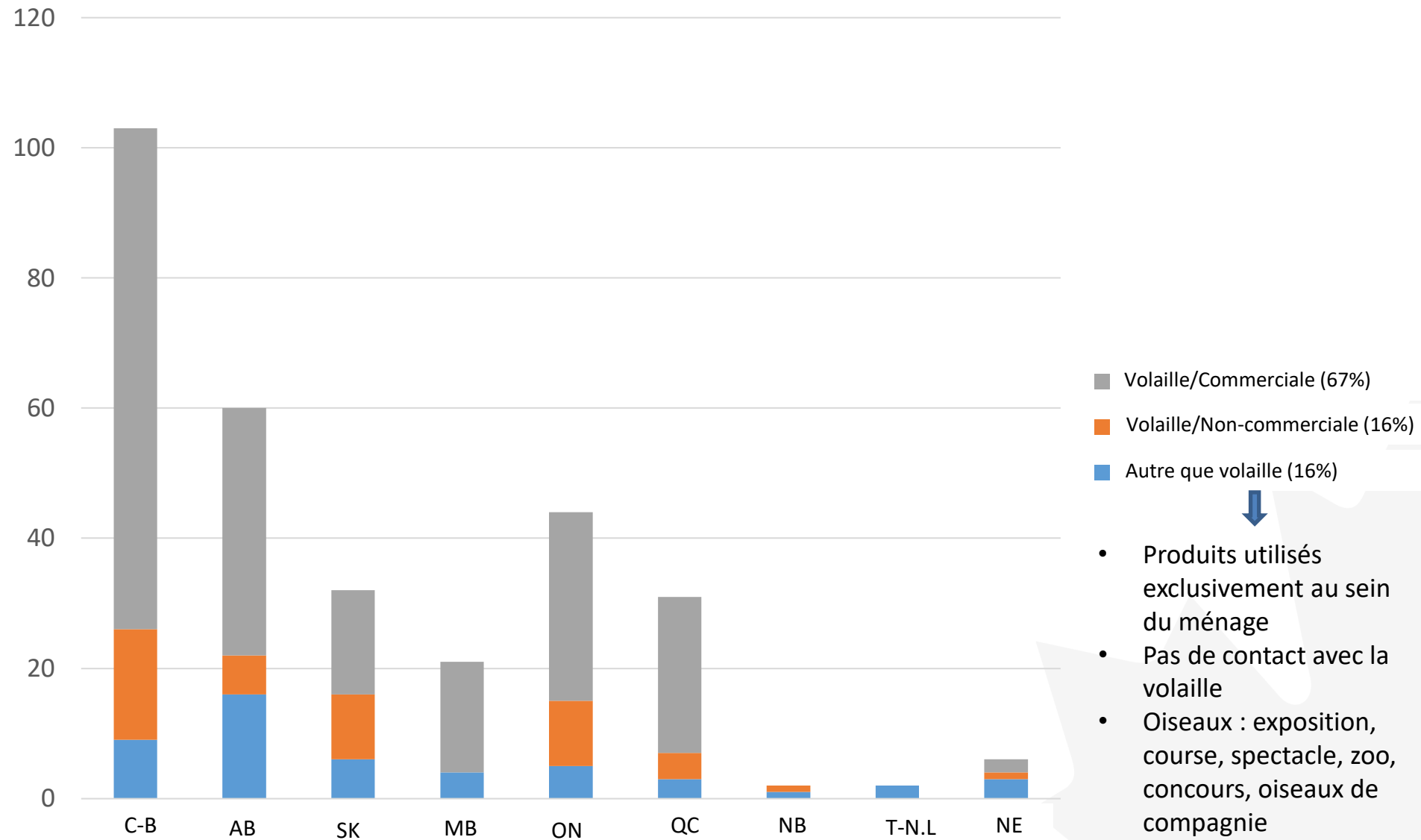


- Actif – contact à haut risque
- Actif – Surveillance
- Passif

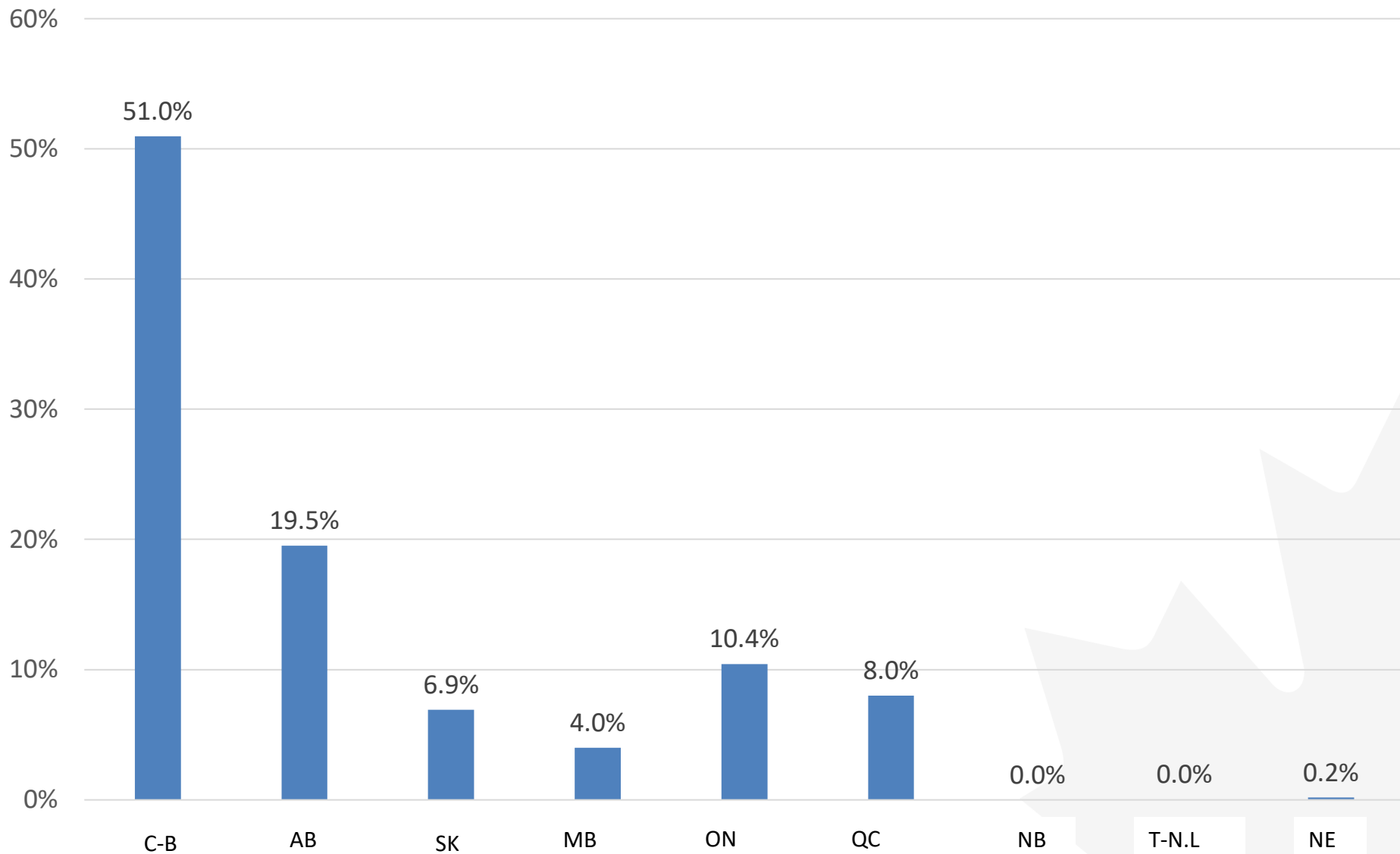
La majorité des fermes infectées (90%) ont été identifiées suite à un appel d'oiseaux malades (surveillance passive)



# Nombre de fermes infectées par province et catégorie

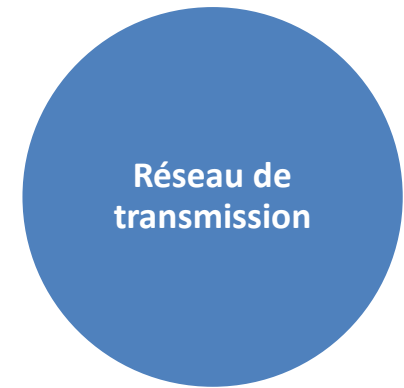
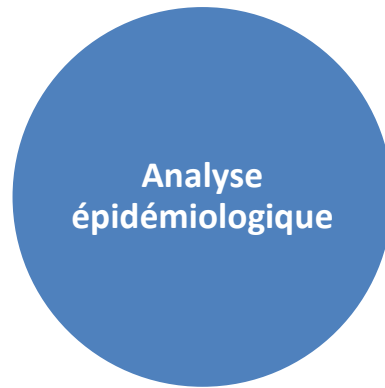
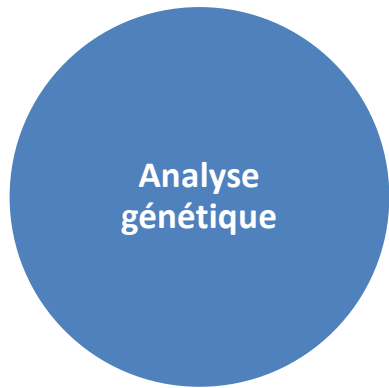


## Contribution de chaque province au nombre total d'oiseaux affectés



Nombre total d'oiseaux atteints > 7,2 millions

- Vague 1: >2,1 millions
- Vague 2: >5 millions



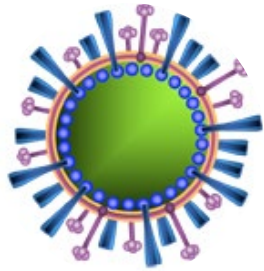
- Analyse des mutations dans le génome (fermes positives et oiseaux sauvages)
- Les virus génétiquement similaires sont plus susceptibles de partager un lien

- Évaluation de tous les liens identifiés lors du retraçage
- Établir des liens qui ont du sens d'un point de vue temporel

- Le réseau de transmission final combine les 2 analyses

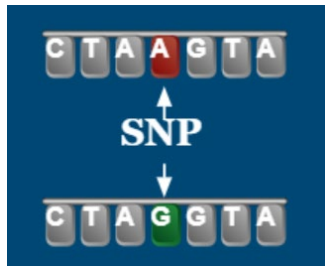
## **ANALYSES PHYLOGÉNÉTIQUES ET ÉPIDÉMIOLOGIQUES**

# Analyse génétique - Arbre phylogénétique



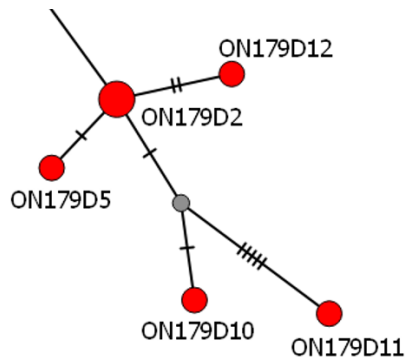
- Génome du virus de l'influenza = séquence de **13 500 nucléotides** (lettres)

AGCAGAAAGCGGAGCGTTTTTC



- Analyse phylogénétique évalue les différences dans le génome (i.e. nombre de SNP) entre les virus

- **SNP** (*single-nucleotide polymorphism*) est une substitution d'un seul nucléotide à une position spécifique dans le génome

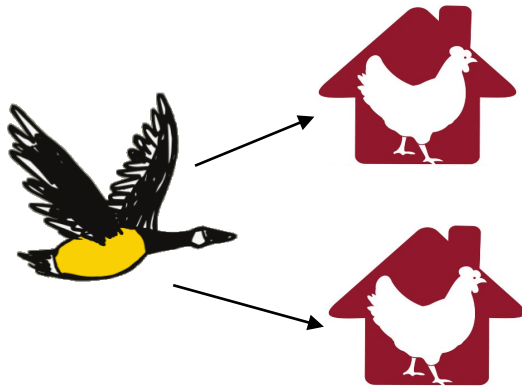


- Différences de SNP dans des échantillons prélevés sur une même ferme (en général de 0 à 10 SNP sur une même ferme; jusqu'à 15 sur un site multi-espèce)

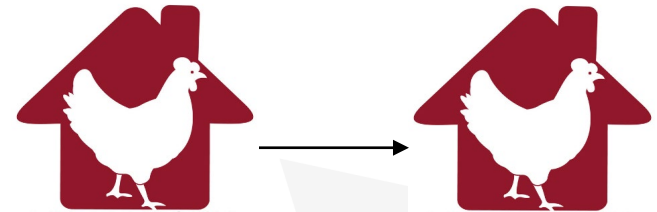
Les souches phylogénétiquement plus proches sont plus susceptibles de partager un lien épidémiologique

# 2 possibilités quand les virus sont génétiquement liés

## Source commune

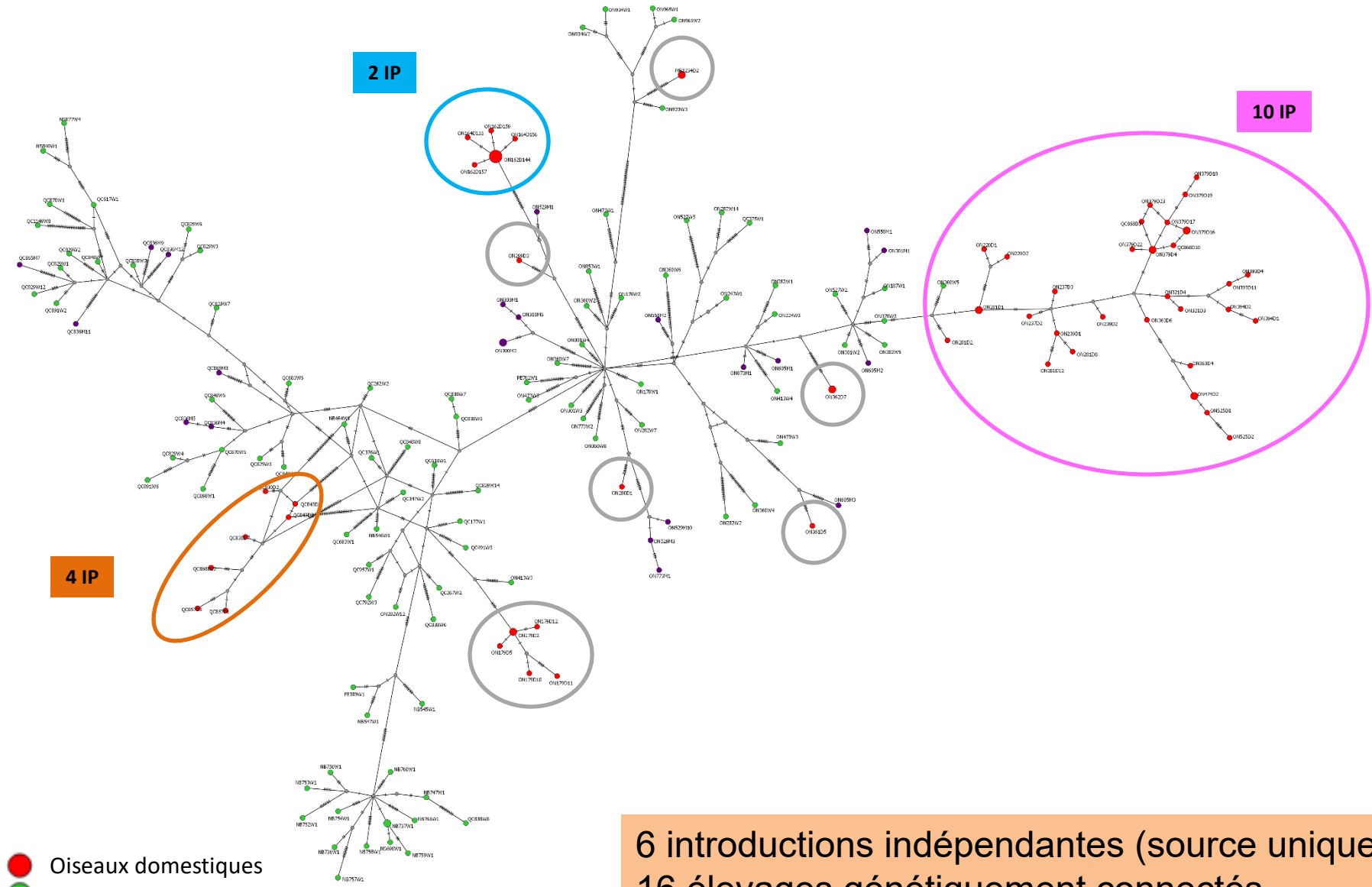


## Vecteur commun



Quand des liens épidémiologiques sont trouvés, le vecteur commun est plus probable

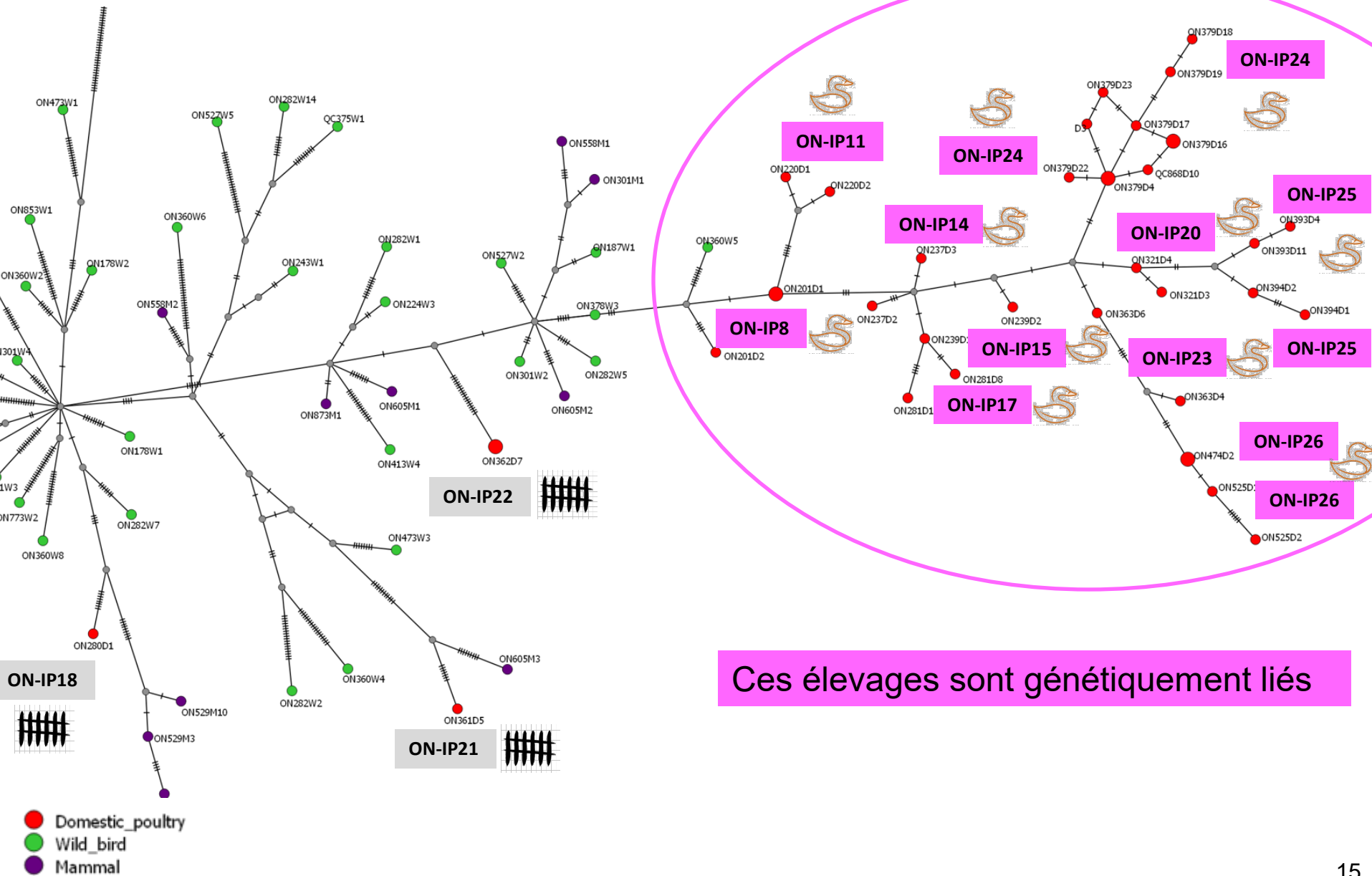
# Grappe PB2, PB1, PA et NP : ON, QC, MB (n=22 IP)



6 introductions indépendantes (source unique)  
 16 élevages génétiquement connectés

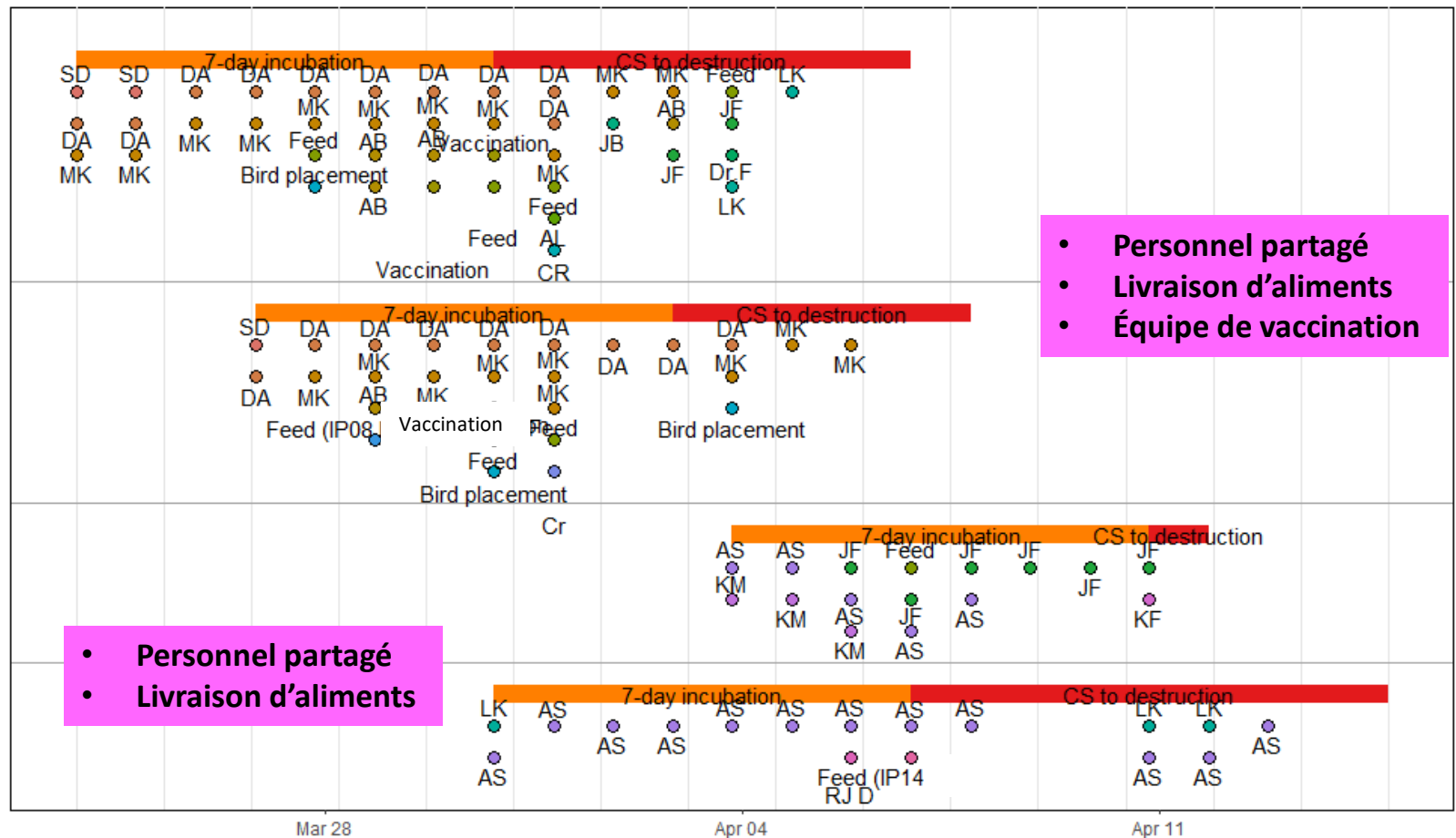
- Oiseaux domestiques
- Oiseaux sauvages
- Mammifères

# Grappe PB2, PB1, PA et NP : ON, QC, MB (n=22 IP)



Ces élevages sont génétiquement liés

# Analyses épidémiologiques



ON-IP08

ON-IP11

ON-IP14

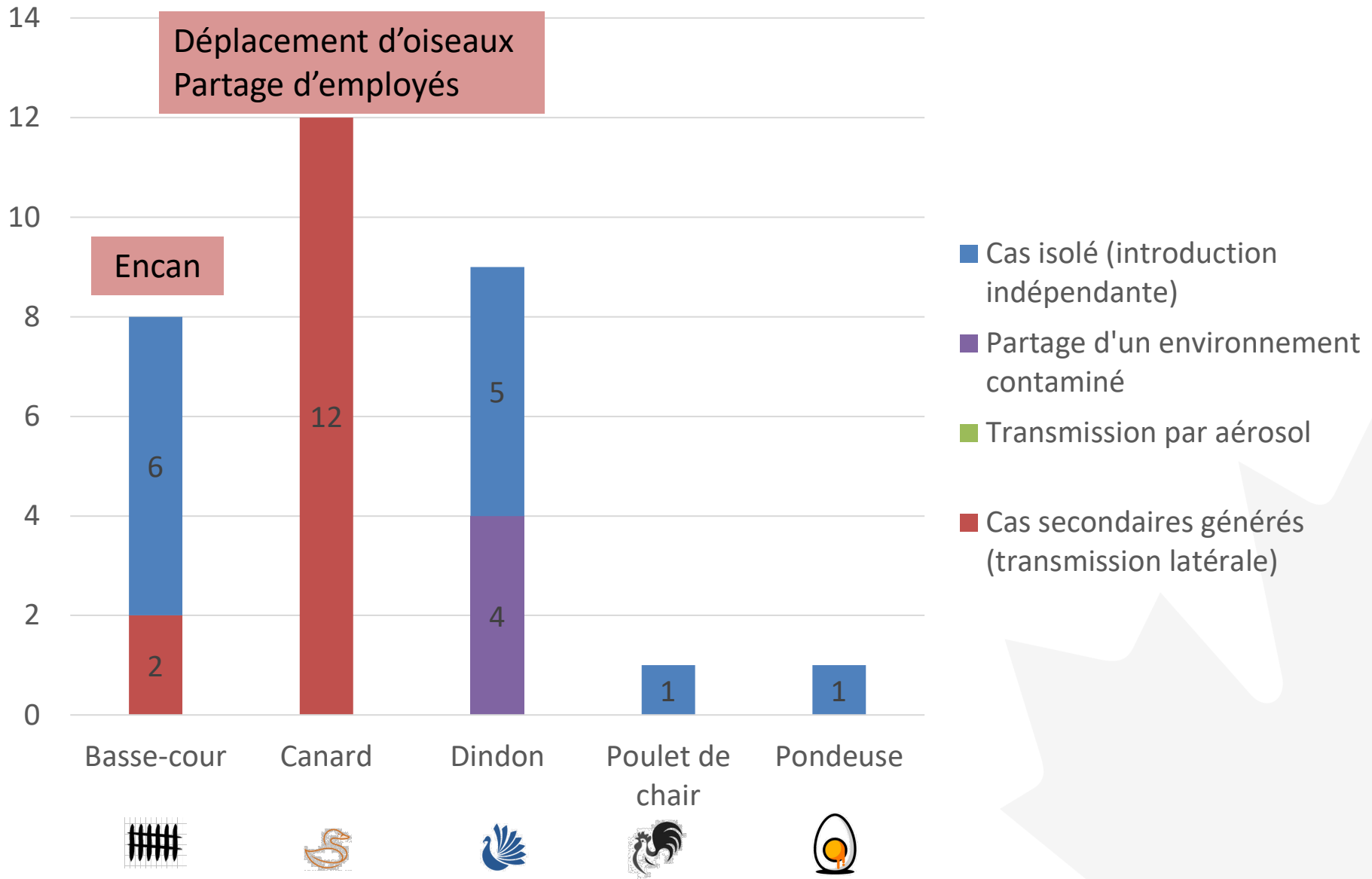
ON-IP15

- Personnel partagé
- Livraison d'aliments
- Équipe de vaccination

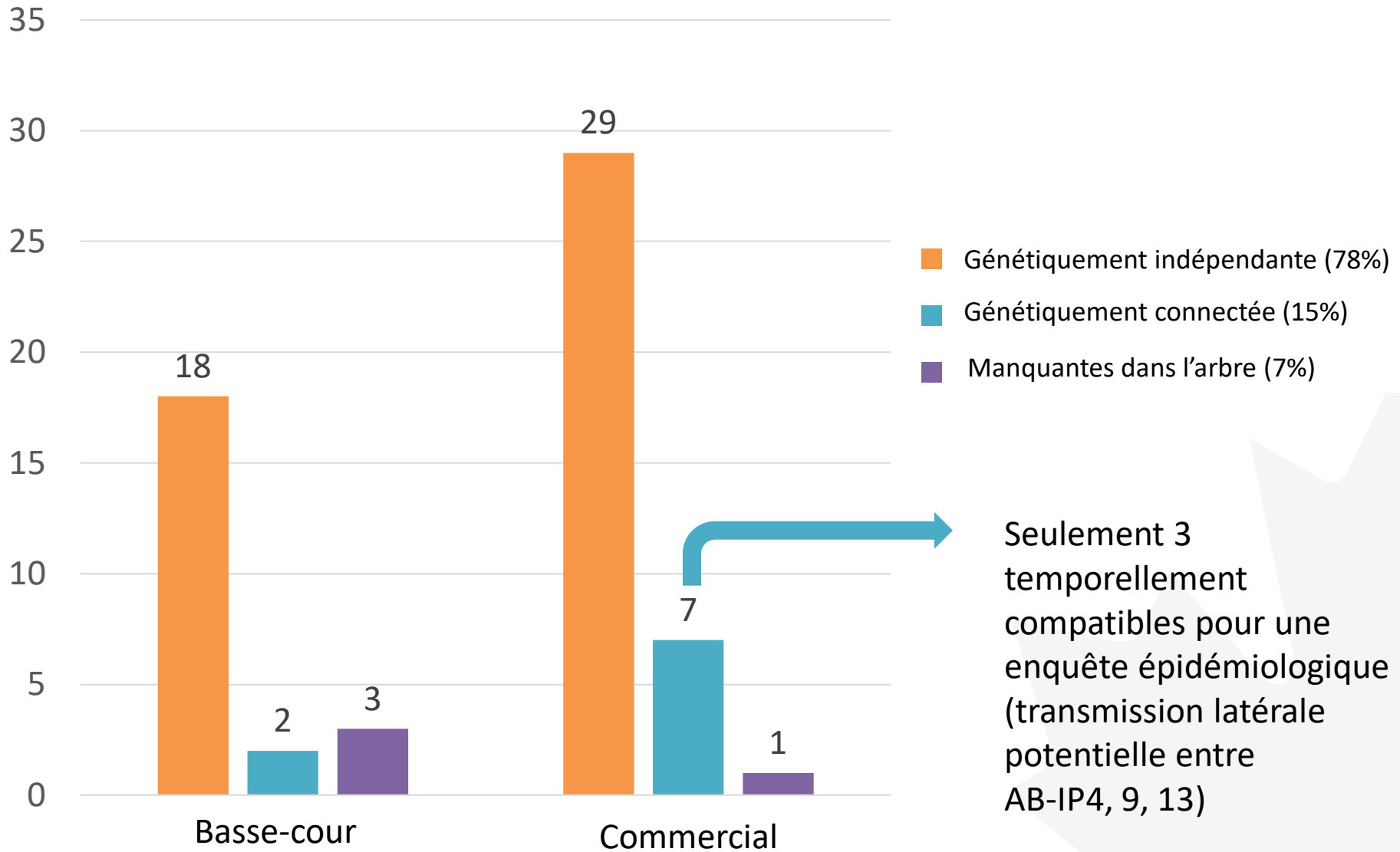
- Personnel partagé
- Livraison d'aliments



# Analyses épidémiologiques des 31 fermes infectées du Québec



# Analyses génétiques des 60 fermes infectées en Alberta



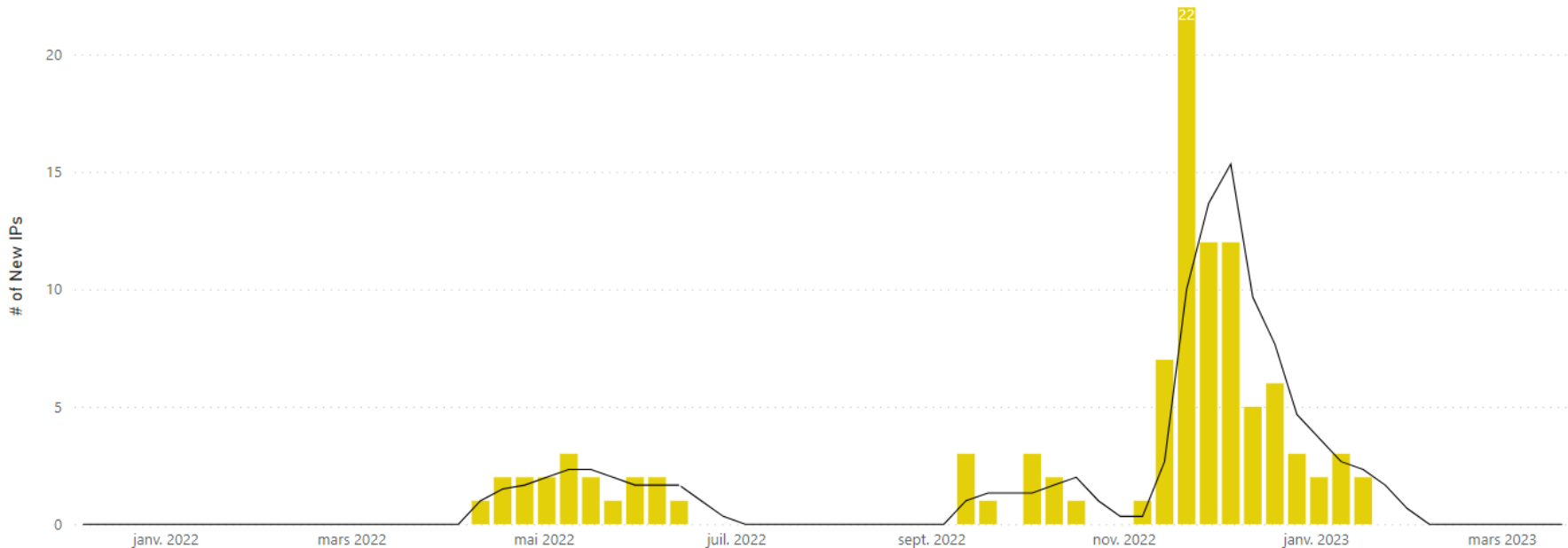
# Situation en C-B – 103 IP

 Canadian Food Inspection Agency / Agence canadienne d'inspection des aliments

## Nombre de nouvelles fermes infectées par semaine

Province: BC | Regulation Type: Tout | WOHAH Classification: Tout | Date: 06/12/2021 - 23/03/2023 | [Reset Filters](#)

Province ● BC ● 3-week Moving Average



\* Date is based on CFIA Notification Date

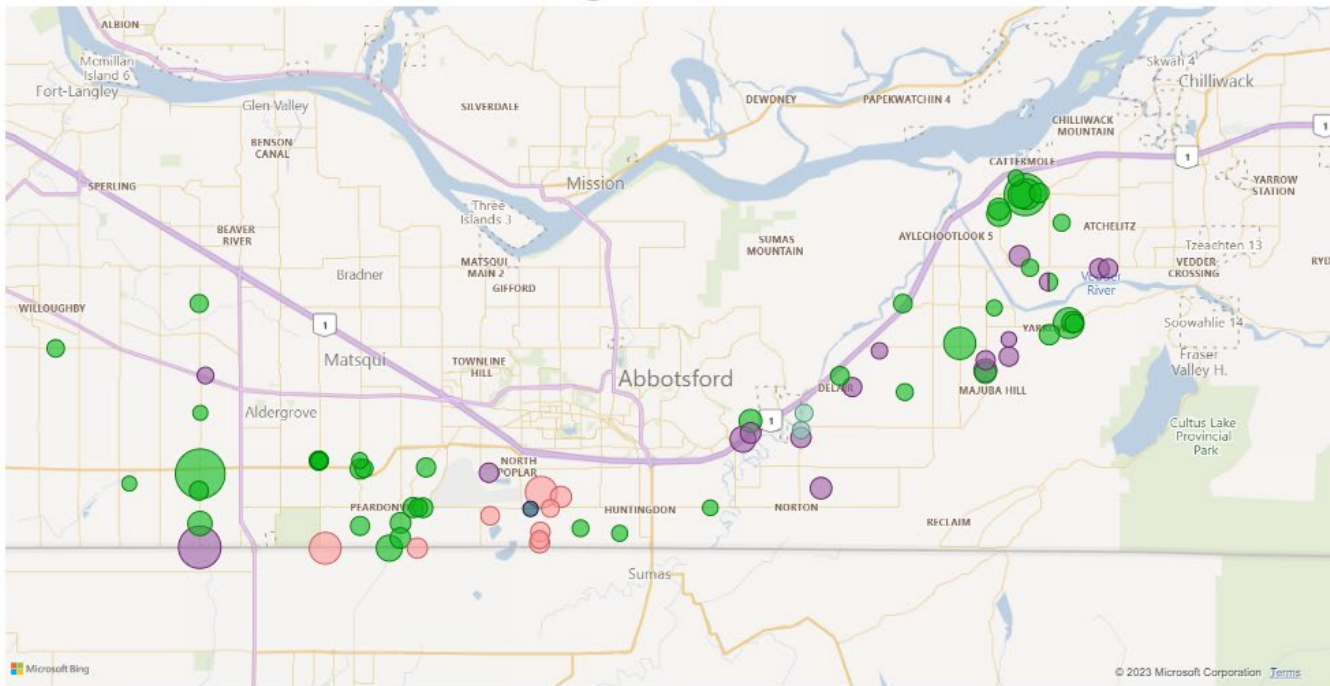
Data Last Refreshed: 3/23/2023 9:13:17 AM ET



# Cas en C-B – 4 grappes virales

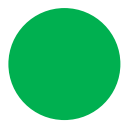
Province: BC | WOH Classification: Tout | IP Status: Tout | Wave: Tout | Cluster: Tout | Reference Virus: Tout | Reset

Regulation Type: Tout | Timeline: Dynamic | 06/12/2021 | 23/03/2023



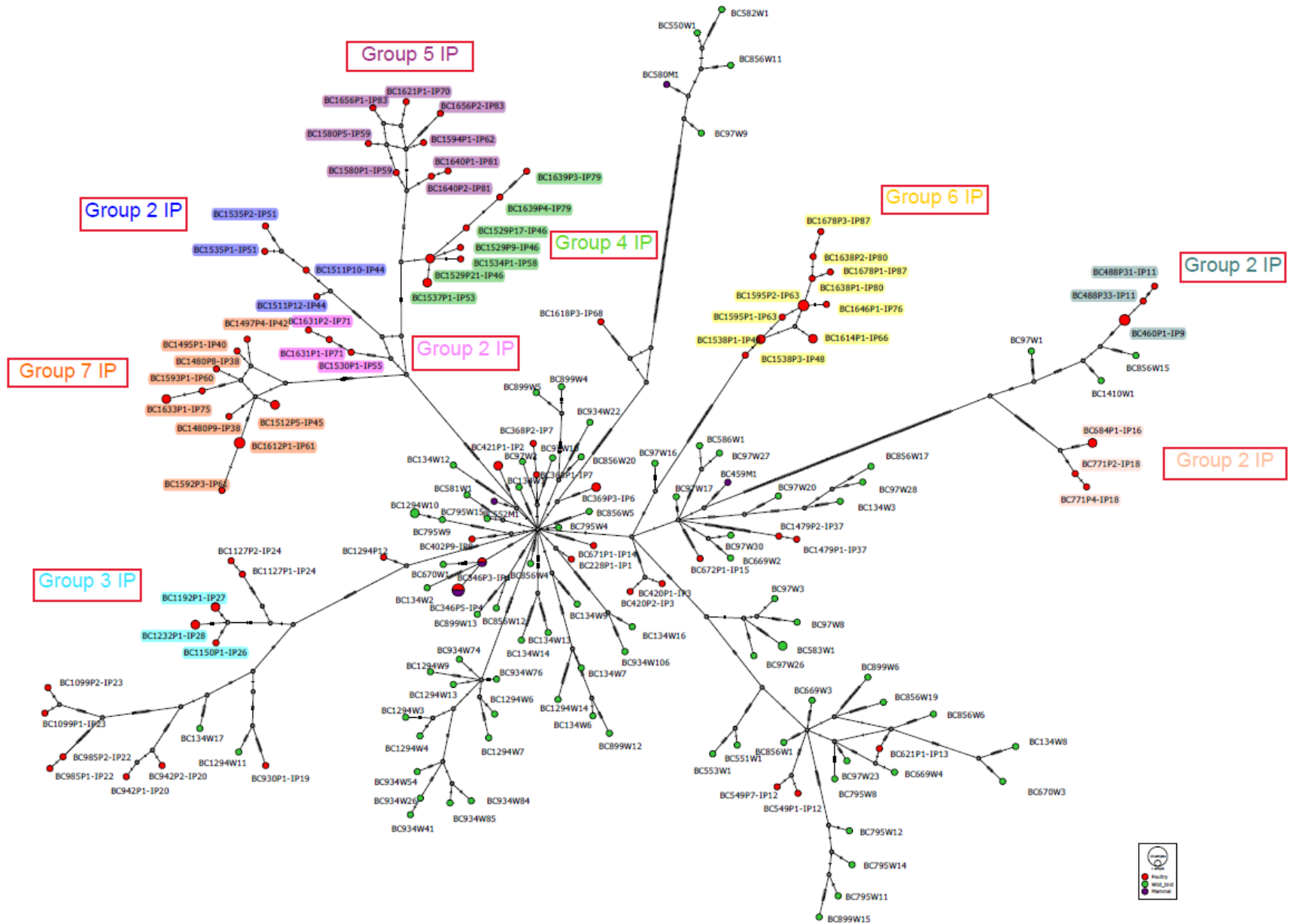
- Cluster - map**
- Gene segments PB1 and PA belonging to North American li...
  - Gene segments PB2 and NP belonging to North American li...
  - Gene segments PB2, PB1, NP and NS belonging to North A...
  - Gene segments PB2, PB1, PA, NP and NS belonging to Nort...
  - Sample quality insufficient for sequencing to determine gen...

\* Date is based on the CFIA Notification Date  
 Data Last Refreshed: 3/23/2023 9:13:17 AM ET

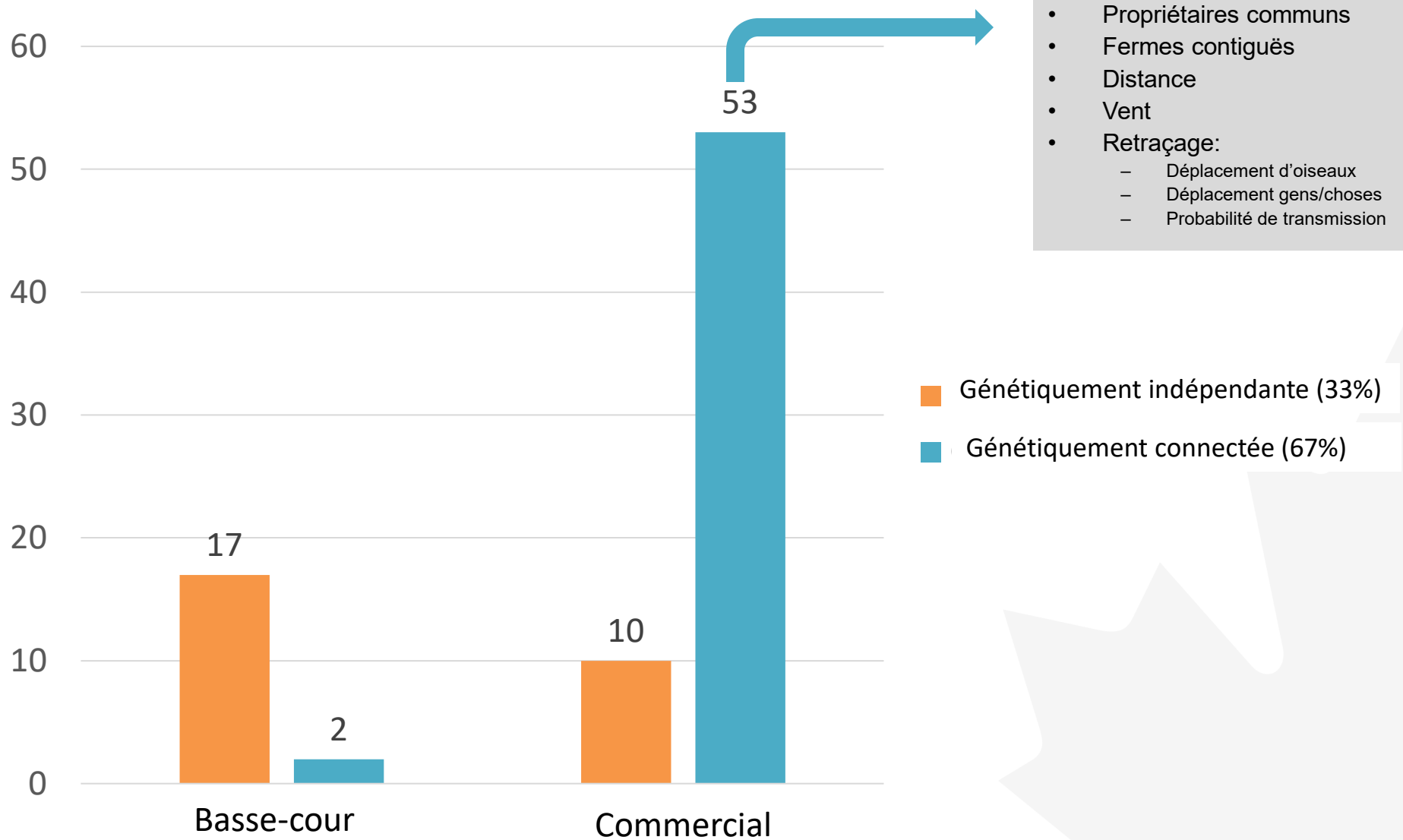


# PB2, NP (NA) – 51 fermes

18 génétiquement indépendantes  
33 génétiquement connectées : 9 groupes



# Analyses génétiques des cas de C-B (n=82 IP)



# Résultats préliminaires

Investigations épidémiologiques des fermes génétiquement connectées		Nb IP (n=51)
Aucun lien documenté avec une autre IP (41; 80%)	Possible introduction indépendante (environnement contaminé commun)	27
	Possible transmission par aérosol	10
	Possible introduction indépendante $\pm$ vent	4
Liens documentés (10; 20%)	Faible probabilité de transmission (livraison moulée)	7
	Forte probabilité de transmission (déplacement d'oiseaux ou personnel partagé)	3

# Conclusions

- Leçons apprises:
  - Principalement des introductions indépendantes du virus associées à une faible biosécurité (et conception inappropriée des entrées de bâtiments)
  - Transmission latérale via un partage régulier d'employés/équipement (commun chez les intégrateurs) et un manque de biosécurité
  - Les élevages avec des canards sont surreprésentés. Ils excrètent le virus avant les signes cliniques (contamination élevée)
  - Aucune preuve de propagation des basses-cours au commercial, et transmission très limitée entre basses-cours (encan)
- Étendue géographique et nombre d'espèces d'oiseaux sauvages touchées sans précédent et le niveau de contamination devrait rester élevé
  - Nous devons tous nous adapter à ce nouveau contexte
  - Les interventions doivent cibler les sources de contamination

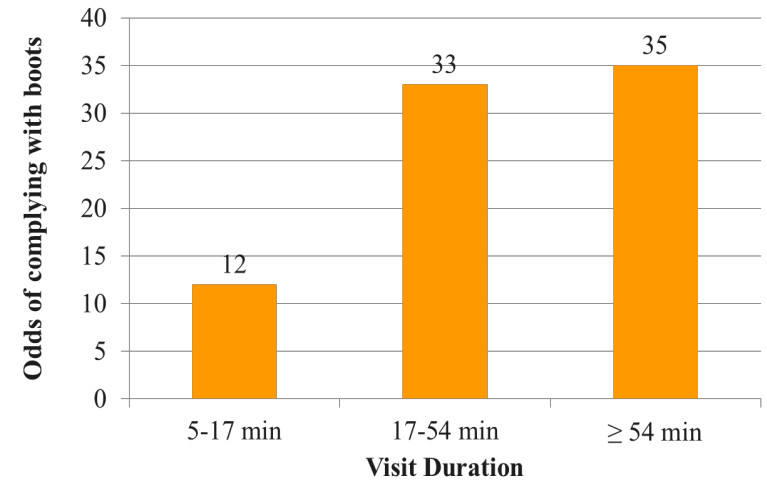


# La biosécurité est le message clé

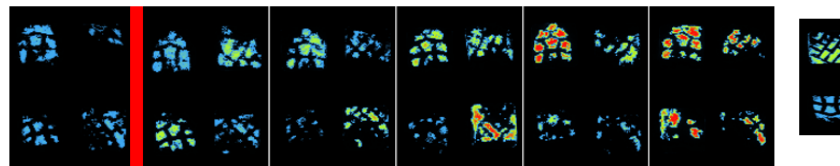
## Améliorer la conception des entrées



## Expliquer la biosécurité aux employés



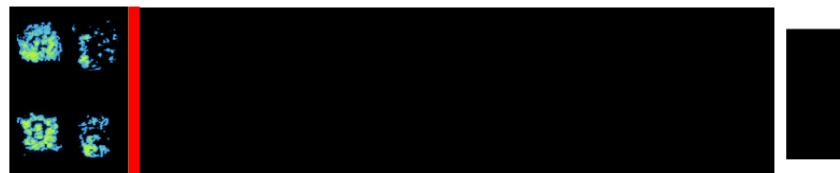
## Comprendre l'impact des bris de biosécurité



Ne pas changer de bottes



Changer de bottes  
correctement



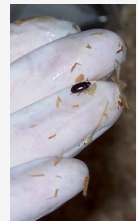
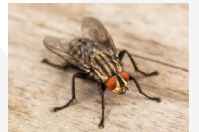
# La biosécurité est le message clé

## Empêcher l'introduction via de l'équipement partagé

## N&D équipement entreposé à l'extérieur

## Lutte contre les oiseaux sauvages, insectes, vermine

- Stratégies de dissuasion des oiseaux sauvages
- Pourchasser les oiseaux sauvages augmente la probabilité de contaminer le tracteur et les chaussures, et rapproche le virus de l'environnement de la ferme
- Détection du virus H5N1 chez les insectes
  - Mouches : infectantes jusqu'à 96h après exposition, déplacement généralement limité à 3km<sup>2</sup>
  - Ténébrions: l'adulte vit de 3 mois à 1 an, parcourt la longue distance



Article | [Open Access](#) | [Published: 17 June 2021](#)

**Efficacy of an automated laser for reducing wild bird visits to the free range area of a poultry farm**

[Armin R. W. Elbers](#) & [José L. Gonzales](#)

*Scientific Reports* 11, Article number: 12779 (2021) | [Cite this article](#)

1988 Accesses | 3 Citations | [Metrics](#)

A large, dense crowd of young, light-colored chicks, likely in a farm setting, filling the frame. The chicks are packed closely together, creating a textured, repetitive pattern of heads and necks. The lighting is somewhat dim, highlighting the texture of their feathers and the intensity of their eyes.

# Questions

**Biosécurité est un engagement 24/7/365**