

Influenza aviaire zoonotique

SITUATION ÉPIDÉMIOLOGIQUE ET RISQUE POUR LA SANTÉ PUBLIQUE AUX NIVEAUX NATIONAL ET INTERNATIONAL

Actualisation au 10 novembre 2025

Points- et chiffres-clés

- Depuis le mois d'août 2025, circulation constante devenue très intense à partir de mi-octobre 2025, de virus influenza aviaries hautement pathogènes du sous-type A(H5N1) de clade 2.3.4.4b chez les oiseaux sauvages en Europe, y compris en France.
- Mortalité de masse observée depuis mi-octobre dans la population de grues cendrées sur leur parcours de migration descendante en Allemagne, en Belgique, en France et en Espagne. En France, plus de 10 000 carcasses de grues infectées recensées au 10 novembre 2025 dans de nombreux départements de la diagonale Nord-Est / Sud-Ouest. Augmentation du niveau de risque épizootique d'influenza aviaire hautement pathogène à « Elevé » sur l'ensemble du territoire métropolitain et renforcement des mesures de prévention et de biosécurité pour les élevages de volailles.
- Compte-tenu de cette situation, risque élevé d'introduction d'IAHP dans les établissements détenant des oiseaux sauvages ou domestiques.
- Risque accru mais difficilement quantifiable en l'état actuel des connaissances :
 - De contamination de l'environnement d'autres espèces d'oiseaux et de mammifères sauvages et domestiques exposés aux carcasses : sangliers, carnivores sauvages (renards) et domestiques (chats, chiens), ainsi que ruminants ayant accès à des pâturages ;
 - D'exposition humaine à des animaux infectés.
- Depuis le début de la saison de surveillance 2025-2026 (1^{er} août 2025) et jusqu'au 10 novembre 2025, 16 foyers en élevages de volailles, et 7 en basses-cours ou dans d'autres établissements détenant des oiseaux en France.

- Impact plausible de la vaccination obligatoire des canards sur la réduction de l'ampleur de l'épizootie A(H5N1) de clade 2.3.4.4b en élevages de volailles observé en France depuis la saison hivernale 2023-2024.
- Aucun cas d'infection humaine par un virus influenza aviaire détecté en France à ce jour.
- Depuis 2022 et au 6 octobre 2025, 129 cas humains dus à un virus A(H5N1) signalés par 13 pays et dus à 3 clades différents, sans transmission interhumaine détectée.
- Fréquence faible de détection de marqueurs d'adaptation à l'homme chez les virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b dans l'avifaune.
- **Compte tenu des éléments disponibles à date, niveau de risque lié aux virus influenza aviaires de sous-type A(H5N1) de clade 2.3.4.4b évalué à faible pour la population générale, et faible à modéré pour les personnes régulièrement exposées.**

Sommaire

Points- et chiffres-clés.....	1
Abréviations	4
Contexte.....	5
Méthode	6
Point sur la situation épidémiologique en lien avec les virus influenza aviaires zoonotiques	7
Synthèse de l'évaluation du risque posé par l'influenza aviaire zoonotique au niveau international	23
Analyse qualitative du risque posé par les virus IAHP A(H5N1) du clade 2.3.4.4b pour la santé des Français	25
Conclusion et recommandations.....	29
Références.....	32
Liste des contributeurs.....	36

Abréviations

CNR-VIR : Centre National de Référence Virus des infections Respiratoires

ECDC : *European Center for Disease Prevention and Control*

EFSA : *European Food Safety Authority*

FAO : *Food and Agriculture Organization of the United Nations*

HAS : Haute Autorité de Santé

HCSP : Haut Conseil de la Santé Publique

IA : influenza aviaire

IAFP : influenza aviaire faiblement pathogène

IAHP : influenza aviaire hautement pathogène

IRAT : *Influenza Risk Assessment Tool*

IZSVe : *Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie*

LNR-IA : Laboratoire National de Référence Influenza aviaire

OMS : Organisation Mondiale de la Santé

OMSA : Organisation Mondiale de la Santé Animale

SAGA : Surveillance Active de la Grippe Aviaire

TIPRA : *Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment*

US CDC : *United States Centers for Disease Control and Prevention*

Contexte

Depuis leur émergence en Europe fin 2020, les virus influenza aviaires hautement pathogènes (IAHP) de sous-type A(H5N1) appartenant au clade 2.3.4.4b ont diffusé rapidement au sein de l'avifaune sauvage en Afrique, en Asie, en Amérique et en Antarctique (1, 2). Cette panzootie, d'une ampleur sans précédent, a des conséquences majeures sur la filière avicole à l'échelle mondiale et constitue une menace importante pour la survie de nombreuses espèces d'oiseaux sauvages en danger d'extinction (1). Par ailleurs, de multiples espèces de mammifères, terrestres et marines, sauvages et domestiques, sont touchées par ces virus depuis 2021, ce qui n'avait pas été observé avec d'autres virus influenza aviaires par le passé (3). Enfin, un nombre croissant d'infections chez l'être humain par des virus IAHP de sous-type A(H5N1) est observé depuis 2022 (4). Ces différents éléments suscitent l'inquiétude au sein de la communauté scientifique internationale, du fait de la capacité des virus influenza de type A à causer de façon périodique des pandémies lorsqu'un nouveau virus capable de transmission interhumaine émerge (1, 5, 6).

Dans ce contexte, Santé publique France, l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses) et le Centre national de référence Virus des infections respiratoires (CNR-VIR) ont mené de façon conjointe des travaux de synthèse des données disponibles sur l'influenza aviaire zoonotique et d'évaluation du risque que les virus IAHP de sous-type A(H5N1) circulant actuellement en France et dans les pays voisins posent pour la santé de la population française.

Définitions

Le terme « influenza zoonotique » désigne les virus influenza d'origine animale capables d'infecter l'être humain. **Le terme « grippe zoonotique »** désigne l'infection d'un être humain par un virus influenza d'origine animale.

Le terme « influenza aviaire » désigne l'infection d'oiseaux, sauvages ou domestiques, par un virus influenza d'origine aviaire. **Le terme « grippe aviaire »** désigne l'infection d'un être humain par un virus influenza d'origine aviaire.

Les termes « hautement pathogène » et « faiblement pathogène » associés aux virus influenza aviaires désignent la pathogénicité (c'est-à-dire le degré de sévérité clinique) de ces virus chez la volaille et non chez l'être humain.

Les sous-types de virus influenza de type A sont définis par la combinaison entre l'hémagglutinine (HA) et la neuraminidase (NA), qui sont les deux protéines de surface (exemple : H5N1).

L'évolution génétique de l'hémagglutinine permet de définir **les clades**, du fait de l'accumulation de mutations (ex : 2.3.4.4b).

Les génotypes sont définis sur la base de la combinaison des 8 segments constituant le génome viral (ex : BB, B3.13). L'existence de différents génotypes au sein d'un même clade s'explique par le fait que les virus influenza de type A sont capables de transférer un ou plusieurs segments de leur génome à un autre virus de type A, phénomène dit de « réassortiment ».

Les termes « panzootie » et « épizootie » correspondent, dans le compartiment animal, aux termes « pandémie » et « épidémie » utilisés chez l'être humain.

Méthodes

Les travaux présentés ici ont été menés par les experts du Laboratoire National de Référence Influenza aviaire (LNR-IA, Anses), du CNR-VIR (Hospices Civils de Lyon et Institut Pasteur de Paris) et de Santé publique France, conformément à la Charte de l'expertise sanitaire (Décret N° 2013-413 du 21 mai 2013).

Une analyse de la littérature scientifique disponible ainsi que des données et analyses de risque mises à jour régulièrement par différentes organisations sanitaires internationales (Organisation Mondiale de la Santé (OMS), *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO), Organisation Mondiale de la Santé Animale (OMSA), *European Center for Disease Prevention and Control* (ECDC), *European Food Safety Authority* (EFSA), *United States Centers for Disease Control and Prevention* (U.S. CDC)) a été réalisée entre le 2 septembre et le 16 octobre 2025.

Les données de séquençage des virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b détectés en France ont été analysées par le LNR-IA.

La méthodologie employée pour l'évaluation qualitative du risque posé par les virus IAHP circulant actuellement en France et dans les pays voisins pour la santé des Français est inspirée du document publié par l'ECDC en 2019 « *Operational tool on rapid risk assessment methodology* » (7). Les évaluations de risque publiées par les organisations internationales ont été prises en compte dans le cadre de cette analyse de risque, et les particularités du contexte français spécifiquement étudiées.

L'analyse des données disponibles sur la situation internationale en lien avec les virus influenza aviaires zoonotiques couvrent la période allant du 1^{er} janvier 2022 **au 06 octobre 2025**.

Les données sur les foyers d'IAHP confirmés en France sont arrêtées **au 10 novembre 2025**, date de finalisation de la rédaction de ce document.

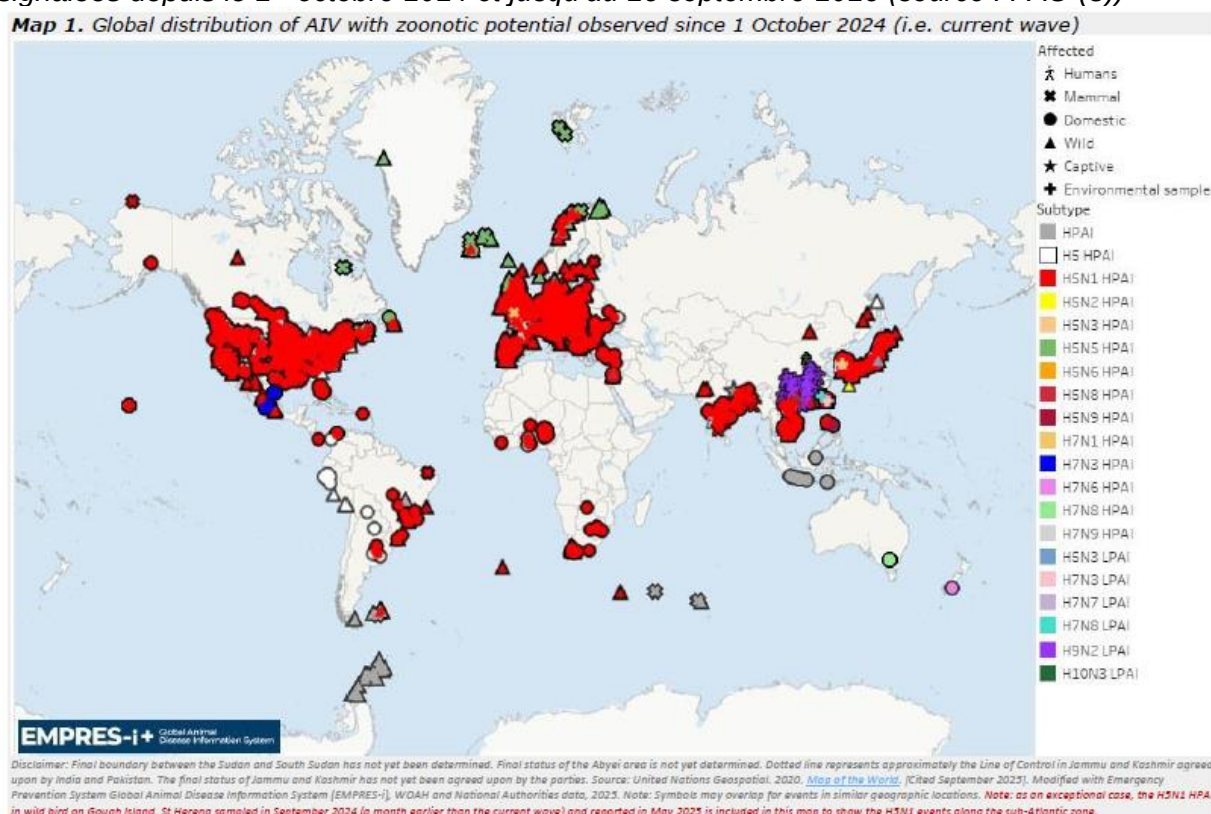
Point sur la situation épidémiologique en lien avec les virus influenza aviaires zoonotiques

1. Quelle est l'épidémiologie actuelle des virus influenza aviaires zoonotiques chez l'animal ?

a) Situation épidémiologique internationale

Selon le dernier rapport de la FAO en date du 25 septembre 2025 (8), un nombre très élevé de détections de virus IA zoonotiques a été recensé au niveau international au cours de la saison¹ 2024-2025, y compris durant la période juillet-août 2025. Le sous-type A(H5N1) HP était très largement prédominant par rapport aux autres sous-types d'IA zoonotiques listés. Parmi les virus de ce sous-type, différents clades ont été définis, dont le clade 2.3.4.4.b. Les virus appartenant à ce clade sont caractérisés par une circulation active sur la quasi-totalité des continents, et particulièrement en Amérique du Nord, en Europe et en Asie, d'où l'utilisation du terme de « panzootie » pour qualifier la situation épidémiologique en lien avec ces virus (Figure 1).

Figure 1 : Distribution mondiale des détections de virus influenza aviaires à potentiel zoonotique signalées depuis le 1^{er} octobre 2024 et jusqu'au 25 septembre 2025 (source : FAO (8))



Une panzootie H5N1 touchant également les mammifères

En parallèle des plusieurs centaines de millions d'oiseaux sauvages et domestiques touchés depuis 2021, des centaines de milliers de mammifères appartenant à plus de 70 espèces différentes, terrestres ou marines, sauvages ou domestiques, ont été retrouvés infectés dans toutes les régions du monde où les virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b circulent (3, 4). Une grande majorité d'entre eux sont des carnivores, qui se

¹ La FAO définit une saison de surveillance de l'IAHP du 1^{er} octobre au 30 septembre de l'année n+1.

contaminent en se nourrissant de carcasses d'oiseaux infectés, de lait, de viande ou d'aliments crus pour carnivores domestiques. Toutefois plusieurs espèces de ruminants, de rongeurs et de lagomorphes ont été retrouvées infectées en conditions naturelles, ce qui est inédit pour des virus influenza aviaires (1).

Plusieurs évènements de transmission de mammifère à mammifère de différents génotypes A(H5N1) de clade 2.3.4.4b ont été rapportés ou fortement suspectés en vie réelle :

- Lors d'évènements de mortalité de masse survenant dans des colonies de mammifères marins, notamment en Amérique du Sud (9) et dans les Terres australes et antarctiques françaises ;
- Lors d'épizooties marquées par un fort taux d'attaque et une mortalité élevée dans des élevages d'animaux à fourrure en Espagne en 2022 (10) et en Finlande en 2023 (11) ;
- Au sein du cheptel bovin laitier aux Etats-Unis, suite à l'introduction et la diffusion de plusieurs génotypes depuis fin 2023 (cf. infra), et entre des vaches laitières et des mammifères domestiques ou sauvages vivant à proximité d'élevages touchés (12) ;
- Entre des chats domestiques infectés aux Etats-Unis (13) ;

Par ailleurs, dans des conditions expérimentales, une transmission de différents génotypes entre mammifères a pu être démontrée :

- Chez le furet (14-16) ;
- Chez le porc (17) ;
- Chez la chèvre (18).

Cette transmission reste limitée et se fait principalement par contact direct. Chez le furet, une transmission par voie aérienne a été décrite de façon ponctuelle.

Un faible nombre de détections d'infections par un virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b chez le porc été signalé à ce jour. Les données disponibles, à la fois en vie réelle (Italie, Etats-Unis) et à partir d'études expérimentales, indiquent que l'infection est généralement sous-clinique, mais qu'elle peut donner lieu à une séroconversion (17, 19-21). Deux études récentes, mises en ligne sous la forme d'un manuscrit non encore publié dans un journal à comité de lecture, ont testé expérimentalement sur un nombre limité de porcs la transmission de porc à porc de virus influenza A(H5N1) de clade 2.3.4.4b par contact direct à partir d'un animal infecté. Les résultats sont contradictoires : une étude a conclu à l'existence d'une transmission (17), tandis que l'autre n'a pas permis de mettre en évidence de transmission (20).

Situation épidémiologique aux Etats-Unis : un cas particulier

Aux Etats-Unis, au 6 octobre 2025, 1 749 foyers dus à plusieurs génotypes de virus IAHP A(H5N1) de clade 2.3.4.4b avaient été détectés en élevages de volailles depuis février 2022. Ces foyers (814 en élevages commerciaux et 935 en basses-cours) comprennent près de 180 millions d'animaux (22). L'USDA a recensé plus de 15 000 détections chez des oiseaux sauvages depuis décembre 2021 (23), et environ 650 détections chez des mammifères (sauvages et domestiques) appartenant à une cinquantaine d'espèces différentes depuis mai 2022 (24).

Par ailleurs, depuis l'introduction du virus A(H5N1) du clade 2.3.4.4b dans le cheptel bovin laitier en 2023 et sa diffusion massive dans 18 États, 1 080 élevages ont été retrouvés positifs (25). Trois introductions distinctes ont été identifiées, la première due au génotype B3.13 fin 2023 (26) et les suivantes dues au génotype D1.1 début 2025. Une telle circulation d'un virus IAHP chez des ruminants n'avait jamais été décrite.

Il est à noter que des cas d'infection par un virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b ont été signalés ponctuellement chez d'autres espèces de ruminants depuis 2024, sans détection d'une circulation active significative au sein de ces espèces. C'est le cas aux Etats-Unis où des chèvres et des alpagas ont été retrouvés infectés en 2024 (27, 28). En dehors des Etats-Unis, une brebis a été retrouvée infectée en Angleterre début 2025 (29). Par ailleurs, une séroconversion vis-à-vis de virus IA A(H5) a été rétrospectivement détectée chez une brebis en Norvège, dans un prélèvement datant de juin 2024 (30).

D'après plusieurs études expérimentales menées chez des bovins (31) et des caprins (18), ces animaux sont sensibles à l'infection par différents génotypes, y compris le génotype DG qui a circulé en Europe à partir de novembre 2023, suite à une inoculation par voie respiratoire, oro-gastrique ou intra-mammaire.

La réplication virale est localisée principalement au sein de la mamelle des ruminants infectés, où les récepteurs viraux (acides sialiques de type $\alpha 2,3$) utilisés préférentiellement par les virus IA sont présents en grande quantité (32). L'excrétion virale dans le lait est massive, et le virus conserve son infectiosité de façon prolongée en l'absence de traitement thermique si le lait est conservé à basse température. En revanche, un traitement thermique du lait à 72°C pendant 15 à 30 secondes permet une inactivation complète du virus (33-35).

D'après plusieurs études expérimentales, la persistance de virus infectieux dans les fromages ou autres produits au lait cru dépend principalement du pH. Le virus est inactivé à pH inférieur à 5.0, tandis que des particules virales infectieuses ont pu être retrouvées dans des fromages maturés pendant plusieurs mois si le pH était supérieur à 5.0 (32, 36).

La transmission au sein des élevages et d'un élevage à l'autre se produit principalement dans le contexte de la traite, par l'intermédiaire de matériel contaminé. Les mouvements de vaches en cours de lactation au sein d'un même État et d'un État à l'autre ont largement contribué à la diffusion importante de l'infection au sein du cheptel bovin laitier (32). La transmission respiratoire est vraisemblablement limitée du fait de la faible et courte excrétion virale dans les sécrétions respiratoires (32, 37). Toutefois, une étude expérimentale a montré que le virus pouvait se lier et se répliquer au niveau de la sphère orale des bovins et que le virus pouvait se transmettre à la vache en lactation lors de la tétée des veaux (38).

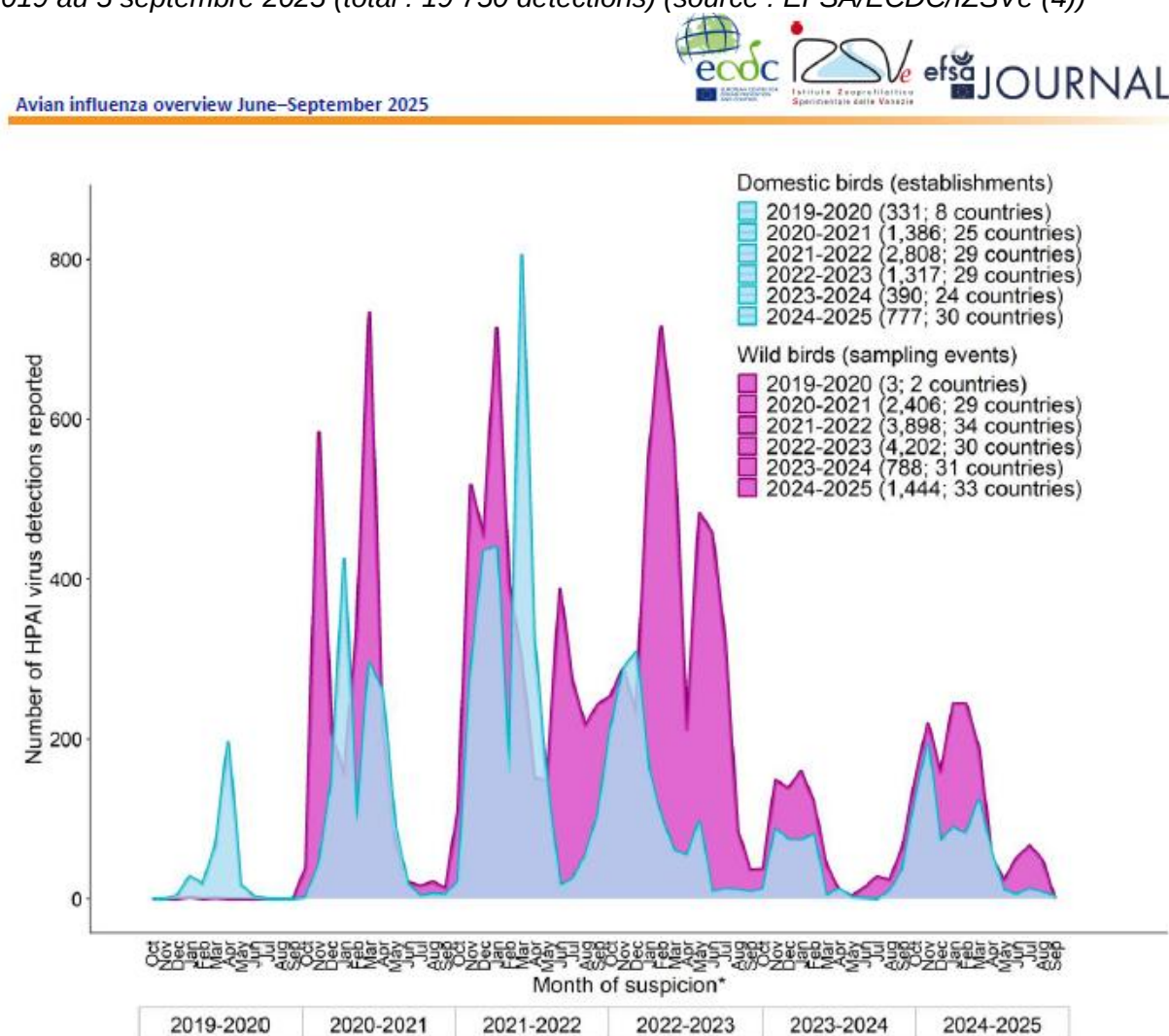
Après une nette diminution de la circulation des virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b observée dans l'avifaune sauvage depuis le printemps 2025 et pratiquement aucun foyer d'IAHP détecté en élevages de volaille, la situation s'est à nouveau dégradée aux Etats-Unis à partir de septembre 2025, avec 33 élevages (22 commerciaux et 11 basses-cours) recensés, représentant 4,3 millions d'animaux au total. Par ailleurs, deux nouvelles détections en élevages de vaches laitières ont été signalées depuis le mois de septembre, l'une au Nebraska, nouvel État touché, et l'autre au Texas. Plusieurs

génotypes continuent de circuler, notamment les génotypes B3.13, D1.1 et D1.3, qui n'ont été détectés que sur le continent américain à ce jour (39, 40).

Situation épidémiologique en Europe : une circulation d'IAHP toujours active

D'après le dernier rapport EFSA/ECDC/Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IZSVe) en date du 25 septembre 2025, la saison 2024-2025 s'est traduite par une circulation de virus A(H5Nx) de clade 2.3.4.4b plus intense que durant la saison précédente en Europe, à la fois dans l'avifaune sauvage et en élevages de volailles, quoique dans une bien moindre mesure par rapport aux saisons 2021-2022 et 2022-2023 (Figure 2) (4).

Figure 2 : Distribution du nombre de détections d'IAHP dans l'avifaune sauvage et dans des élevages d'oiseaux domestiques signalées en Europe, par mois de suspicion, du 1^{er} octobre 2019 au 5 septembre 2025 (total : 19 750 détections) (source : EFSA/ECDC/IZSVe (4))



Les virus IAHP détectés au cours de la saison 2024-2025 étaient majoritairement de sous-type A(H5N1) de clade 2.3.4.4b. Toutefois une circulation du sous-type A(H5N5) du même clade continue également d'être détectée dans le nord de l'Europe (Norvège, Royaume-Uni, Islande, Finlande, Belgique, Pays-Bas).

La très grande majorité des virus A(H5Nx) séquencés (> 1 500 génomes) appartenaient à trois génotypes distincts : DI et BB pour le sous-type A(H5N1) et I pour le sous-type A(H5N5). La fréquence de détection d'un 4^e génotype, de sous-type H5N1 DT, a

progressé au cours de l'été 2025, principalement en Europe de l'Ouest (Espagne, Portugal, France).

Il est à noter que parmi les virus A(H5N5) détectés chez les oiseaux et séquencés en Europe depuis 2021, 20% présentaient un marqueur d'adaptation aux mammifères, à savoir la substitution E627K ou E627V dans le gène PB2. Cette proportion était de 88% chez les mammifères retrouvés infectés par ce sous-type. Elle semble nettement progresser récemment chez ce sous-type, puisque tous les virus A(H5N5) séquencés en 2025, qu'ils aient été isolés chez des oiseaux ou des mammifères, étaient porteurs de l'une ou l'autre de ces mutations. Cette observation suggère une propension récente et inhabituelle pour un virus de sous-type H5 à acquérir et conserver ce marqueur d'adaptation aux mammifères au sein de l'avifaune (4).

Les mutations E627K/V, ou d'autres localisées dans le gène PB2 et également associées à une adaptation aux mammifères (271A, K526R, D701N ou M631L), n'ont été détectées que sporadiquement chez les virus de sous-type A(H5N1) de clade 2.3.4.4b isolés chez des oiseaux. Toutefois, une augmentation de leur fréquence de détection dans l'avifaune est à noter en 2024-2025 par rapport à la saison précédente (4% *versus* 2,5%, respectivement). Par ailleurs, ces mutations sont plus fréquemment retrouvées chez des mammifères infectés, avec une proportion de détection de 42% depuis 2021 et supérieure à 50% depuis octobre 2024 (4).

D'autres mutations décrites *in vitro* comme pouvant augmenter l'adaptation du virus à l'être humain ou diminuer la sensibilité à certains antiviraux ont été très sporadiquement détectées chez les virus A(H5Nx) de clade 2.3.4.4b détectés en Europe, mais ces détections concernaient moins de 1% des séquences isolées depuis 2024. Enfin, aucune des mutations décrites comme nécessaires à la capacité du virus à être transmis efficacement d'homme à homme n'a été détectée chez les virus circulant en Europe actuellement (4).

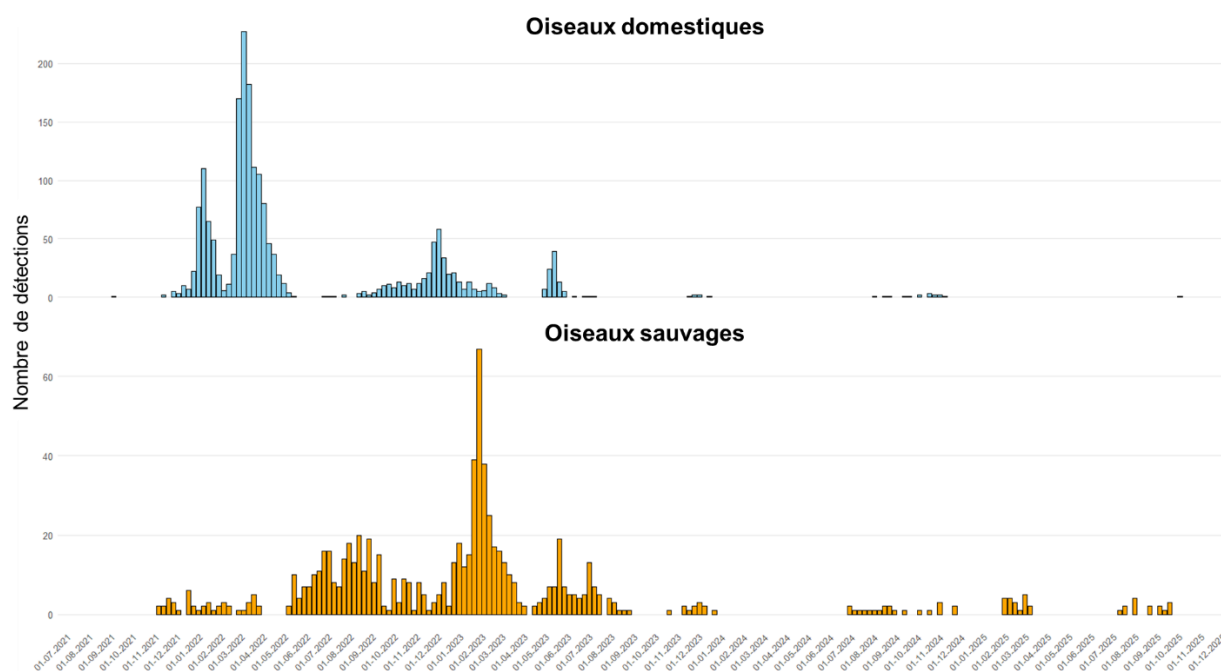
Depuis septembre 2025, plusieurs pays voisins de la France ont signalé des foyers confirmés d'IAHP en élevages de volaille : l'Espagne, le Portugal, le Royaume-Uni ou encore l'Allemagne (41).

b) Situation en France

La France fait partie des pays européens qui ont été les plus durement touchés par l'épizootie de A(H5N1) de clade 2.3.4.4b dès son émergence et sa diffusion sur le continent européen dès 2021. Les deux saisons² 2021-2022 et 2022-2023 ont ainsi été marquées par un nombre très élevé de foyers d'IAHP survenus en élevages de volaille, avec 1 377 et 396 foyers confirmés, respectivement (Figure 3).

² En France, une saison de surveillance de l'IAHP est définie du 1^{er} août au 31 juillet de l'année n+1.

Figure 3 : Distribution du nombre de détections d'IAHP dans l'avifaune sauvage et dans des élevages d'oiseaux domestiques confirmées en France, par mois de suspicion, de juillet 2021 au 10 octobre 2025 (source : LNR-IA, Anses)



La mise en œuvre, à partir de l'automne 2023, de la vaccination obligatoire des canards en production (Barbarie, mulards et Pékin) détenus en élevages de plus de 250 animaux a très probablement permis de réduire de façon majeure le risque d'introduction et de diffusion des virus H5HP en élevage de volailles. Ainsi, 10 et 19 foyers d'IAHP confirmés en élevages de volailles ont été recensés en France au cours des saisons 2023-2024 et 2024-2025, respectivement. En effet, la vaccination des canards permet de réduire significativement les niveaux et durées d'excrétion virale chez les animaux vaccinés, ce qui réduit le risque de transmission du virus entre animaux et de diffusion entre les élevages (42, 43).

Toutefois l'impact de la vaccination sur le nombre de foyers d'IAHP en France au cours de ces saisons est difficile à estimer précisément, compte tenu de la plus faible circulation virale dans l'avifaune sauvage en France au cours de ces deux saisons.

Depuis le début de la saison 2025-2026 (depuis le 1^{er} août et en date du 10 novembre), 23 foyers d'IAHP H5N1 en établissements détenant des oiseaux ont été détectés : 16 foyers en élevages commerciaux (faisans, dindes, canards, poulets et multi-espèces), 7 foyers dans des basses-cours et dans une ferme animalière détenant plusieurs espèces de volailles et de mammifères. Ces foyers ont été identifiés dans huit régions hexagonales : Auvergne-Rhône-Alpes, Bourgogne-Franche-Comté, Centre-Val-de-Loire, Grand-Est, Hauts-de-France, Pays de la Loire, Normandie et Nouvelle-Aquitaine, la région Pays de la Loire étant celle où le plus de foyers (11/23) ont été identifiés.

Par ailleurs, de multiples évènements de mortalité de masse touchant les grues cendrées au cours de leur migration descendante, ont été détectés depuis la mi-octobre sur une large zone géographique s'étendant du nord-est au sud-ouest de la France. Les régions Grand-Est, Bourgogne-Franche Comté, Centre-Val de Loire et Nouvelle-

Aquitaine sont les plus touchées, mais des détections de grues infectées ont également été signalées en Pays de la Loire, Auvergne-Rhône-Alpes, Occitanie et Provence Alpes Côte d'Azur. Au 10 novembre 2025, plus de 10 000 carcasses de grues avaient été recensées, un chiffre qui se situe très probablement très en-deçà du nombre réel d'oiseaux morts en France.

Les virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b détectés et séquencés au cours de cette période dans l'avifaune sauvage et en élevages (111 séquences de génomes complets) appartenaient aux génotypes DI.2 (n=109) et DT (n=2), qui sont également détectés en Europe de l'Ouest et du Nord (4). Aucun virus IAHP du sous-type A(H5N5) de clade 2.3.4.4b n'a été détecté en France à ce jour.

Compte tenu de la circulation intense de virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b dans l'avifaune sauvage en France et en Europe depuis mi-octobre 2025, le risque est élevé (44) que des foyers d'IAHP continuent à se produire dans les différents types d'établissements détenant des oiseaux (élevages, basses-cours, etc.).

Par ailleurs, les évènements de mortalité massive de grues cendrées constituent **un risque accru de contamination de l'environnement** (y compris de contamination hydrique) **et d'autres espèces animales**, notamment d'animaux sauvages (oiseaux, sangliers, carnivores tels que les renards) et domestiques (carnivores, ruminants en pâturages) en raison de la concentration de cadavres pouvant être très élevée dans certaines zones.

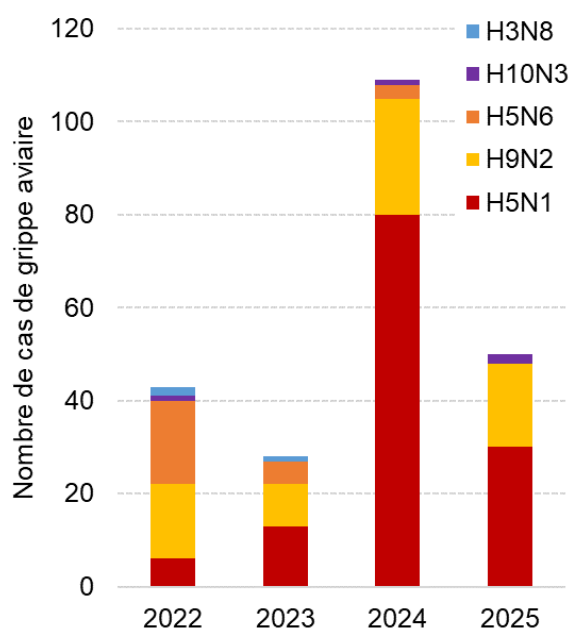
Enfin, compte tenu de la détection de grues cendrées mourantes ou mortes dans l'espace public et chez des particuliers en zones rurales, péri-urbaines et urbaines dans les régions touchées, **le risque d'exposition humaine à des animaux infectés et/ou un environnement contaminé est considérablement accru en France à l'heure actuelle**. Le nombre de personnes exposées à l'IAHP a ainsi augmenté de façon importante depuis la mi-octobre, et de façon nettement plus marquée par rapport aux années précédentes, qu'il s'agisse de personnes en charge du ramassage des carcasses d'animaux morts, de chasseurs ou de particuliers pratiquant l'ornithologie dans des zones à forte densité d'oiseaux infectés ou encore ne respectant pas les consignes de ne pas toucher à des animaux malades ou morts.

2. Quelle est l'épidémiologie des cas humains d'infection par un virus influenza aviaire au cours de la période 2022-2025 ?

a) Virus concernés et incidence des cas de grippe aviaire dans le monde

Cinq sous-types d'influenza aviaire ont causé des cas humains dans le monde depuis 2022 (Figure 4).

Figure 4 : Nombre annuel de cas humains confirmés d'infection par un virus influenza aviaire dans le monde par sous-type, 2022 - 6 octobre 2025 (sources : OMS, ECDC)



Parmi eux, **le sous-type A(H5N1) HP** est responsable du plus grand nombre de cas avec **129 cas signalés par 13 pays** situés en Asie (Chine, Cambodge, Vietnam, Inde, Bangladesh), en Amérique (Etats-Unis, Canada, Mexique, Equateur et Chili), en Europe (Angleterre et Espagne)³ ainsi qu'en Australie⁴.

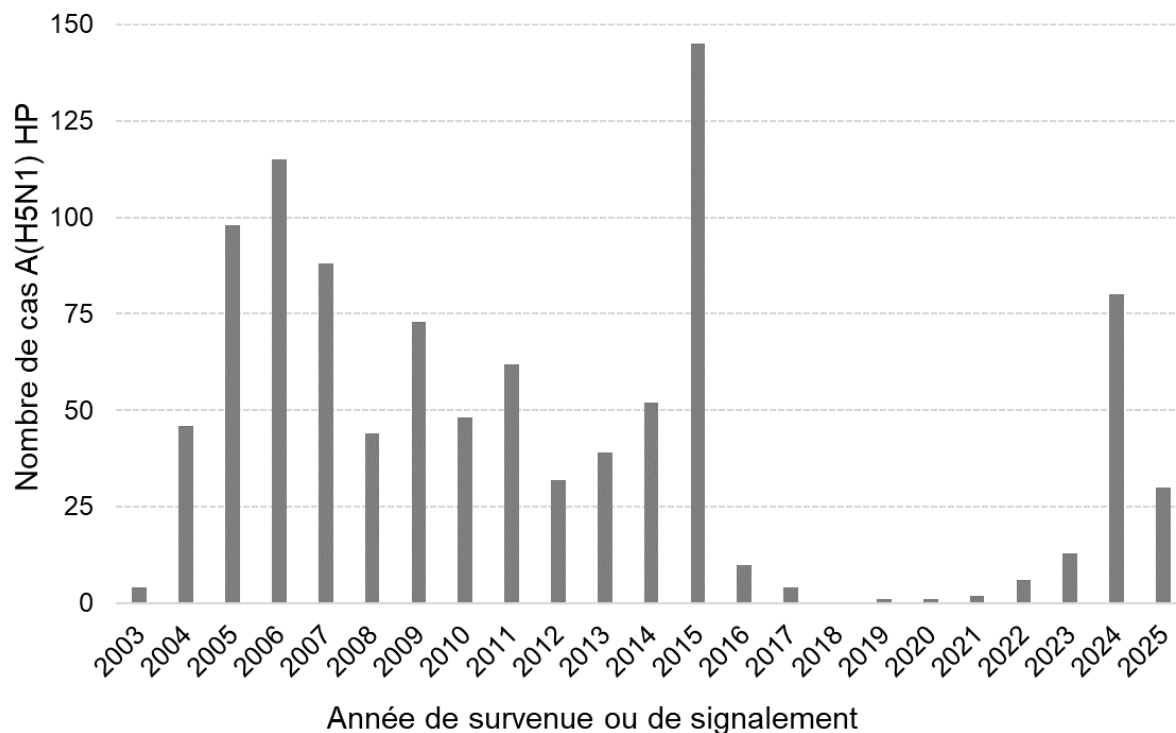
Les virus de ce sous-type responsables d'infections humaines ont émergé en Chine à la fin des années 1990. L'OMS recensait fin septembre 2025 1 010 cas humains qui lui ont été signalés depuis 1997, dont 474 décès (4). Entre 2004 et 2015, entre 30 et 150 cas environ étaient signalés par an, principalement en Asie (Vietnam, Indonésie, Thaïlande, Chine, Cambodge notamment) et en Afrique (principalement en Egypte). Au cours de cette période, les virus appartenant à ce sous-type se sont diversifiés en différents clades et génotypes dont la répartition géographique était généralement restreinte à un pays ou une zone géographique donnée (par exemple, le clade 2.3.2.1c en Asie du Sud-Est, le clade 2.3.2.1a en Inde et les pays voisins, etc.)(1).

³ Deux détections ont été signalées par l'Espagne en 2022 chez des personnes asymptomatiques, que les autorités sanitaires espagnoles ne considèrent pas comme des infections productives.

⁴ Un cas A(H5N1) HP du clade 2.3.2.1a a été signalé par l'Australie en 2024, concernant une personne vraisemblablement contaminée en Inde.

A partir de 2016, le nombre de cas signalés a brutalement baissé, avec moins de 5 cas signalés par an. Celui-ci est reparti à la hausse à partir de 2022, de façon consécutive à l'émergence, la diffusion géographique rapide et la diversification génétique intense des virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b (Figure 5) (1).

Figure 5 : Nombre annuel de cas humains confirmés d'infection par un virus A(H5N1) hautement pathogène dans le monde, 2003 - 6 octobre 2025 (sources : OMS, ECDC)



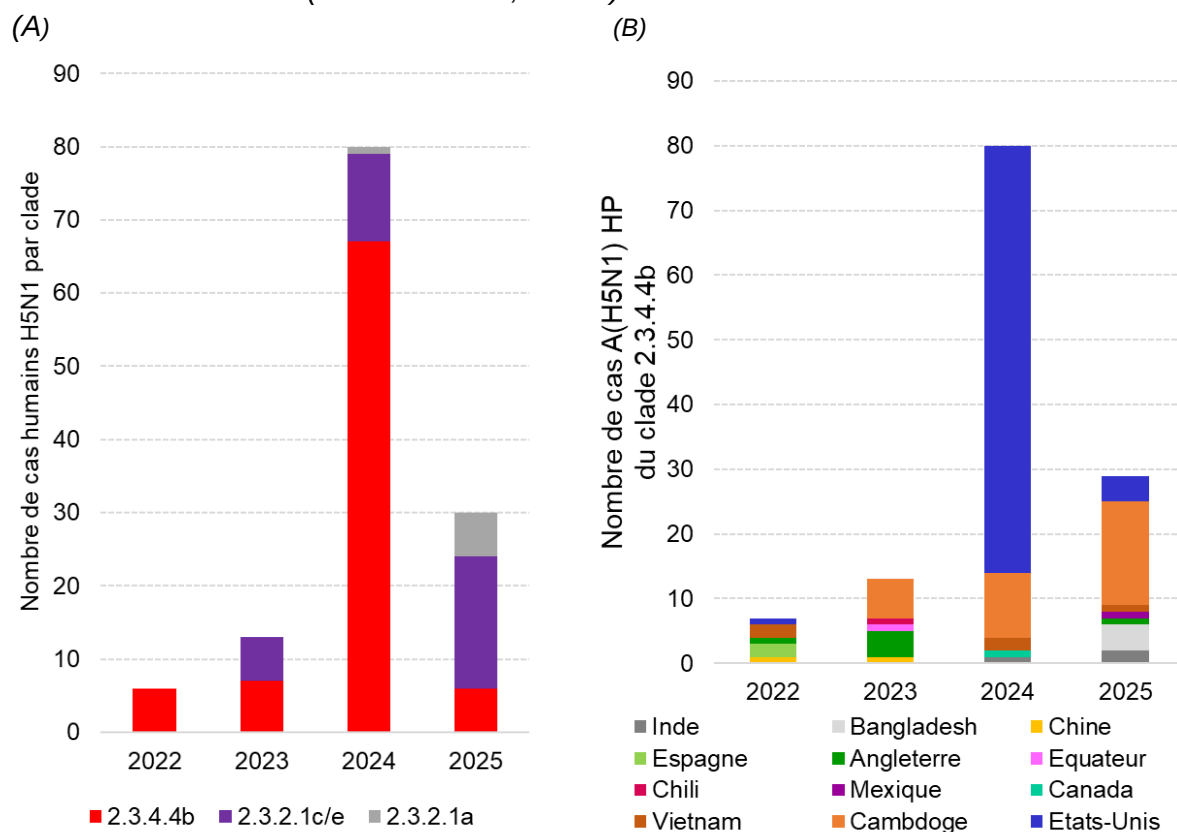
Depuis 2022, les cas humains A(H5N1) sont dus à **trois clades différents** (Figure 6A) et répartis dans une douzaine de pays différents (Figure 6B) :

- **Le clade 2.3.4.4b** pour 86 cas, répartis dans 5 pays d'Amérique (Etats-Unis, Canada, Mexique, Equateur et Chili), 2 pays d'Asie (Chine et Vietnam) et 2 pays d'Europe (Angleterre et Espagne) ;
- **Le clade 2.3.2.1e⁵** pour 36 cas, tous exposés au Cambodge ou au Vietnam ;
- **Le clade 2.3.2.1a** pour 7 cas, tous exposés en Inde ou au Bangladesh.

Les virus des clades 2.3.2.1e et 2.3.2.1a en cause dans la recrudescence de cas observée en Asie depuis fin 2023 sont issus d'événements récents de réassortiments entre les clades H5N1 qui étaient endémiques depuis les années 2000 en Asie du Sud-Est (clade 2.3.2.1c et clades apparentés) ou en Asie du Sud (clade 2.3.2.1a) et des virus H5N1 appartenant au clade 2.3.4.4b qui ont diffusé dans ces zones géographiques (4, 45, 46).

⁵ Parmi les 36 cas signalés au Cambodge et au Vietnam, tous ceux pour lesquels des données de séquençage sont disponibles font partie du clade 2.3.2.1e, ou bien du clade 2.3.2.1c apparenté au précédent.

Figure 6 : Nombre annuel de cas humains A(H5N1) par clade (A) et par pays d'exposition (B), 2022 - 6 octobre 2025 (sources : OMS, ECDC)



Les 86 cas humains dus à un virus A(H5N1) HP du clade 2.3.4.4b sont majoritairement survenus aux Etats-Unis (71 cas, dont 66 en 2024). Différents génotypes sont en cause, en particulier les génotypes B3.13 et D1.3 aux Etats-Unis, D1.1 aux Etats-Unis, au Canada et au Mexique, ou encore les génotypes BB et DI.2 en Angleterre (47).

Les quatre autres sous-types d'influenza aviaire responsables de cas humains depuis 2022 sont :

- **Le sous-type A(H9N2) faiblement pathogène (FP)** : 68 cas signalés par 5 pays (64 cas en Chine et 1 cas détecté au Cambodge, au Vietnam, en Inde et au Ghana) ;
- **Le sous-type A(H5N6) HP de clade 2.3.4.4b** : 26 cas en Chine ;
- **Le sous-type A(H10N3) FP** : 4 cas en Chine ;
- **Le sous-type A(H3N8) FP** : 3 cas en Chine.

La plupart des cas de grippe aviaire, tous sous-types confondus, décrits ici ont été détectés de façon fortuite, soit par le recours au sous-typage grippe face à des formes graves de grippe A hospitalisées⁶, soit grâce aux systèmes de surveillance de la grippe saisonnière en place en médecine de ville ou à l'hôpital dans certains pays. Ces dispositifs reposant généralement sur des réseaux sentinelles, le nombre réel de cas humains de grippe aviaire est vraisemblablement largement sous-estimé (48).

⁶ En cas d'infection par un virus influenza aviaire de sous-type H3N8, H5Nx, H9N2 ou H10N3, le résultat de la RT-PCR de sous-typage ciblant les grippes humaines (de sous-type A(H1N1)_{pdm09} ou A(H3N2)) est en principe positif pour le type A mais négatif pour les sous-types H1 et H3 saisonniers.

Toutefois, la très grande majorité des cas H5N1 du clade 2.3.4.4b détectés aux Etats-Unis et tous ceux détectés en Angleterre et en Espagne l'ont été grâce à une surveillance active menée auprès des personnes exposées à un foyer confirmé d'IAHP, uniquement en cas de symptômes (Etats-Unis (49)) ou non (Angleterre (50) et Espagne (51)).

Par ailleurs, deux études de séroprévalence récentes menées par des équipes nord-américaines ont mis en évidence une séroconversion (c'est-à-dire la présence d'anticorps dirigés contre un virus H5) chez des professionnels exposés à des bovins laitiers en 2024 aux Etats-Unis. La première étude, menée auprès de personnes travaillant en élevage de vaches laitières infectées par le génotype B3.13 du sous-type A(H5N1) de clade 2.3.4.4b (52), a mis en évidence une séroconversion récente chez 8 des 115 personnes testées, soit un taux de séropositivité à 7% (intervalle de confiance à 95% (IC95%) : 3,6-13,1%). Parmi elles, quatre ne se rappelaient pas avoir eu des symptômes cliniques suite à l'exposition aux animaux infectés.

La seconde étude, menée auprès de 150 vétérinaires spécialisés en médecine rurale et exerçant en élevages laitiers (53), a permis d'identifier 3 personnes ayant séroconverti, soit une séroprévalence des anticorps anti-H5 estimée à 2% (IC95% : 0,7-5,7%). Aucun d'entre eux n'a rapporté avoir eu des symptômes cliniques de type infection respiratoire aiguë ou conjonctivite dans les mois précédents. Ces deux études indiquent d'une part une fréquence d'infection par le sous-type A(H5N1) du clade 2.3.4.4b non négligeable parmi les personnes exposées à des bovins infectés, et d'autre part que des infections asymptomatiques peuvent se produire.

b) Sources et facteurs de risque d'infection

Les sources d'infection par un virus influenza aviaire décrites sont les suivantes :

- **Les animaux infectés**, qui excrètent le virus principalement dans les sécrétions respiratoires et, chez les oiseaux essentiellement, les excréments.
- **Les carcasses d'animaux morts, produits crus issus d'animaux infectés (viande, œufs, lait) ou encore toute surface inerte contaminée** (outils, vêtements, etc.) ;
- **Un environnement contaminé**, notamment :
 - **Des lieux confinés** où des animaux infectés ont séjourné, et où des particules virales sont présentes, parfois en très grande quantité, dans les poussières mises en suspension dans l'air ou encore sous la forme d'aérosols ;
 - **Certains milieux aqueux**, où les virus IAHP peuvent persister sous leur forme infectieuse jusqu'à plusieurs jours selon la température, le pH et le degré de salinité de l'eau.

Aucune transmission interhumaine n'a été décrite pour les cas de grippe aviaire détectés depuis 2022. Par le passé, quelques événements de transmission interhumaine avaient été rapportés, survenus au sein de la sphère familiale proche ou dans un contexte de soins (54).

Le mode de contamination principal décrit pour l'être humain est **l'inhalation de particules virales** en suspension dans l'air (gouttelettes ou aérosols), projetées ou manuportées jusqu'à la sphère nasopharyngée (2). De fait, les personnes les plus à risque d'infection par un virus influenza aviaire sont le personnel travaillant et/ou vivant au sein d'un élevage de volailles (ou de vaches laitières pour les Etats-Unis), les

vétérinaires, les personnels d'abattoirs, de laiterie (aux Etats-Unis) ou d'entreprises de dépeuplement et d'équarrissage, les personnels de parcs zoologiques ou fermes pédagogiques détenant des oiseaux, ou encore les propriétaires de volailles de basse-cour.

La voie de contamination par ingestion de produits animaux crus ou encore d'eau contaminée a été évoquée ponctuellement par le passé, mais jamais démontrée formellement chez l'être humain (55, 56). La consommation de produits animaux cuits correctement, tels que la viande de volaille ou les œufs, n'est pas considérée comme à risque. A ce jour, aucun cas humain d'infection suite à l'ingestion de lait cru contaminé par le virus A(H5N1) du clade 2.3.4.4b n'a été rapporté (2).

Toutefois, plusieurs espèces de mammifères sauvages ou domestiques ont été contaminées par le sous-type A(H5N1) du clade 2.3.4.4b suite à l'ingestion de lait, de viande ou encore d'aliments pour animaux de compagnie crus, en particulier des chats domestiques (3, 32, 57, 58). De plus, des études expérimentales récentes menées sur des furets (36) ou des primates non humains (59), ont montré que ces espèces de mammifères sont susceptibles à l'infection lorsqu'inoculés par voie orale ou oro-gastrique. Cela a conduit les US CDC à évaluer en septembre 2025 **le risque d'infection humaine suite à la consommation de lait cru contaminé comme faible mais non nul** (60).

Le risque d'infection humaine dépend de différents facteurs, notamment la charge virale à laquelle la personne a été exposée, de la nature de l'exposition (exposition prolongée ou en l'absence d'équipements de protection individuelle (EPI) appropriés), ou encore de facteurs liés au virus, notamment l'existence de marqueurs génétiques d'adaptation à l'être humain, ou liés à l'hôte (âge, comorbidités, etc.).

Le respect strict des mesures d'hygiène et le port des équipements de protection individuelle appropriés (EPI : appareil de protection respiratoire, vêtement de protection à usage unique, gants de protection étanche et lunettes ou visière de protection) tels que recommandés en 2022 par le Haut Conseil de la Santé Publique (HCSP) permet de réduire le risque d'infection chez des personnes exposées (61). Toutefois, on ne peut exclure, en particulier lors de situations d'aérosolisation intense (par exemple lors d'opérations de nettoyage à haute pression de locaux contaminés), qu'un risque résiduel persiste. Par ailleurs, le risque d'une brèche dans la protection conférée par des EPI est toujours possible, par exemple en cas de mauvais positionnement des EPI lors d'activités prolongées menées au contact des animaux infectés lorsqu'ils sont encore vivants : attrapage, dépeuplement. Et de fait, il est à noter que plusieurs cas récents de grippe aviaire ont rapporté chez des sujets qui avaient porté un ou plusieurs EPI au moment de leur exposition à la source de contamination (62-64).

Parmi les cas de grippe aviaire détectés depuis 2022 tous sous-types confondus, une très grande majorité ont rapporté avoir été exposés directement à des oiseaux (quasi-exclusivement des volailles) que ce soit en élevage commercial, en basse-cour ou encore sur des marchés aux volailles vivantes (1, 2).

En ce qui concerne les cas dus au sous-type H5N1, il est intéressant de noter que la répartition des différentes sources d'exposition décrites (élevage de vaches laitières, élevage de volailles, basse-cour ou autre source (ex : marché aux volailles vivantes, oiseaux sauvages)) diffère de façon substantielle selon le clade (et l'aire de répartition

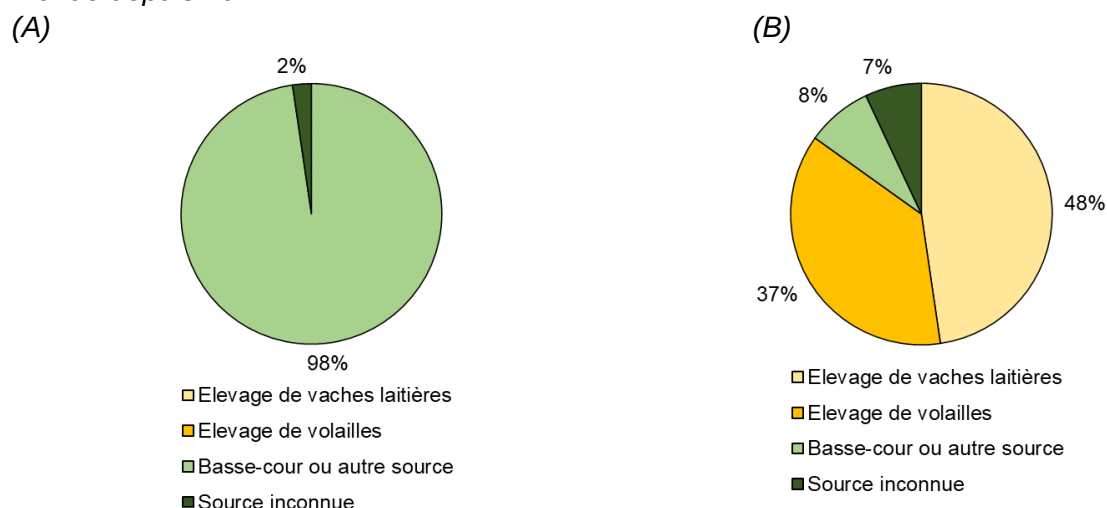
géographique spécifique à chaque clade) au niveau mondial (Figure 7). Ainsi la source d'exposition quasi-systématiquement rapportée pour les cas dus aux clades 2.3.2.1c/e ou 2.3.2.1a sont les volailles de basse-cour (Figure 7A), tandis qu'une exposition à des animaux infectés en élevage commercial (vaches laitières ou volailles) prédomine chez les cas dus au clade 2.3.4.4b (Figure 7B). En particulier, le fait d'avoir participé à des opérations de dépeuplement d'élevages de volailles ou de traite de vaches laitières infectées était décrit dans une majorité des cas confirmés aux Etats-Unis.

Il est très probable que ces disparités dans le type d'exposition rapportée entre les cas récents dus aux différents clades de sous-type H5N1 soient au moins en grande partie liées à leurs modalités de détection. Ainsi, la majorité des cas dus au clade 2.3.4.4b a été détectée par des programmes de surveillance active menée au sein d'élevages commerciaux touchés depuis 2022, tandis que les cas récents dus aux autres clades ont été détectés soit de façon fortuite grâce aux systèmes de surveillance passive de la grippe saisonnière, soit par des actions de contact-tracing autour de cas confirmés (cf. supra).

Par ailleurs, l'exposition à des volailles de basse-cour ou des marchés aux volailles vivantes, saines ou infectées par l'IAHP, est vraisemblablement nettement plus fréquente dans les pays d'Asie où les cas récents de H5N1 dus aux clades 2.3.2.1c/e et 2.3.2.1a ont été détectés, par rapport aux continents nord-américain et européen, du fait des différences substantielles de modes de vie entre ces différentes zones du monde (1, 2).

Quel que soit le sous-type ou le clade en cause, des cas de grippe aviaire sans exposition à risque identifiée sont régulièrement détectés quelle que soit la zone géographique, quoique de façon très minoritaire (Figure 7) (1, 2).

Figure 7 : Répartition des sources d'exposition rapportées pour les 129 cas humains à A(H5N1) de clades 2.3.2.1c/e ou 2.3.2.1a (n=43) (A) ou de clade 2.3.4.4b (n=86) (B), signalés dans le monde depuis 2022



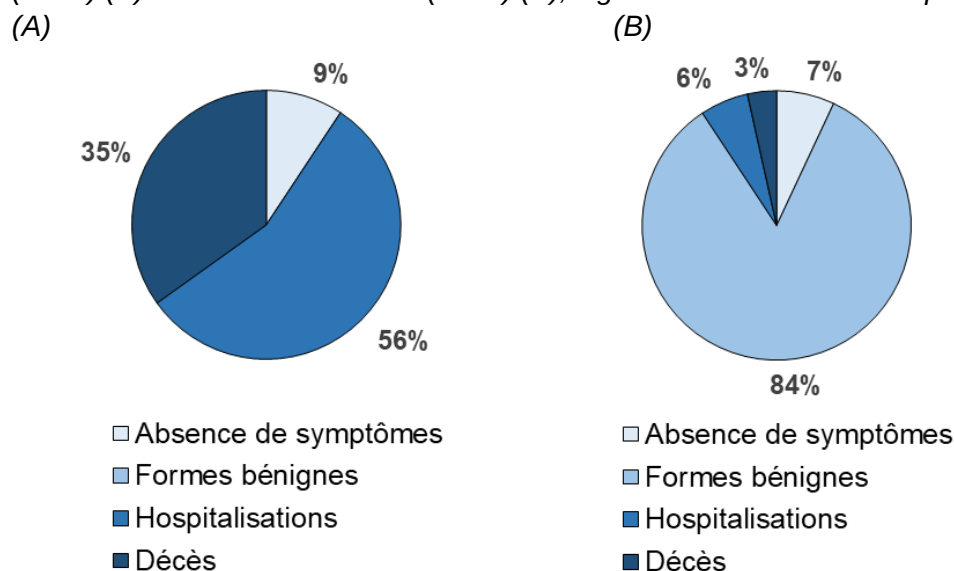
c) Caractéristiques cliniques

L'infection d'un être humain par un virus influenza aviaire se traduit le plus souvent par une infection respiratoire aiguë pouvant évoluer en pneumopathie sévère. Dans les formes les plus graves, une défaillance multi-organique peut conduire à l'admission en réanimation voire au décès. Des formes cliniques atypiques, notamment digestives ou neurologiques peuvent également survenir (1, 2, 60). Enfin, des conjonctivites sont fréquemment décrites chez les cas dus au sous-type H5N1 de clade 2.3.4.4b (62, 63, 65).

Il ne semble pas y avoir de corrélation directe entre la sévérité clinique chez l'être humain et celle chez les oiseaux (2, 48). Ainsi, des sous-types d'IA faiblement pathogènes peuvent causer des formes graves chez l'être humain (H7N9, H10N7, H10N3, H3N8 et H9N2), tandis que des formes bénignes (conjonctivite et/ou fièvre, signes respiratoires sans gravité) sont fréquemment décrites chez les cas dus au sous-type H5N1 de clade 2.3.4.4b (62, 63, 65, 66).

Les cas de grippe aviaire dus au sous-type H5N1 signalés depuis 2022 présentent des différences marquées de fréquence des formes graves entre les clades 2.3.2.1c/e et 2.3.2.1a d'une part, et le clade 2.3.4.4b d'autre part (Figure 8). Ainsi, les formes sévères représentent 91% des cas rapportés pour les deux premiers clades, à l'instar de ce qui était décrit chez les cas H5N1 avant 2017 (Figure 8A), *versus* 9% pour ce dernier (Figure 8B).

Figure 8 : Part relative des infections asymptomatiques, des formes cliniques bénignes, des hospitalisations et des décès parmi les cas humains à A(H5N1) de clades 2.3.2.1c/e ou 2.3.2.1a (n=43) (A) ou de clade 2.3.4.4b (n=86) (B), signalés dans le monde depuis 2022



La différence de sévérité apparente chez l'être humain entre les virus du clade 2.3.4.4b par rapport aux clades plus anciens peut être liée à de multiples facteurs, non mutuellement exclusifs, en particulier (48) :

- Les propriétés de virulence intrinsèque à ces virus ;
- Les modes et circonstances de contamination (charge virale, matrice, voie d'infection) ;
- Les caractéristiques socio-démographiques des cas (âge, sexe, comorbidités) ;

- L'existence éventuelle d'une protection immunologique croisée entre les virus du clade 2.3.4.4b et les virus grippaux saisonniers (en particulier le sous-type A(H1N1)_{pdm09}) qui pourrait réduire la sévérité de l'infection ;
- Les caractéristiques des dispositifs de surveillance existants permettant de détecter les cas (un dispositif de surveillance active permet de détecter des formes asymptomatiques et bénignes tandis qu'en l'absence d'un tel dispositif, la probabilité pour des cas d'être détectés est très nettement inférieure).

S'il apparaît indéniable que les disparités en termes de surveillance des cas de grippe aviaire selon les pays peuvent expliquer au moins en partie les différences en termes de sévérité de l'infection pour les cas de grippe aviaire, des travaux de recherche demeurent nécessaires afin de mieux comprendre l'impact éventuel des autres facteurs cités ci-dessus, voire en identifier d'autres (48).

En particulier, des études aux résultats contradictoires ont paru récemment concernant l'éventuelle séroneutralisation croisée contre l'infection et/ou les formes graves par le sous-type H5N1 de clade 2.3.4.4b en cas d'infection préalable par un virus A(H1N1)_{pdm09} ou de vaccination contre la grippe saisonnière.

D'une part, une étude expérimentale récente menée chez le furet indique que l'infection préalable par le virus A(H1N1)_{pdm09} réduit la sensibilité à l'infection par des virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b et confère une protection contre les formes graves (67).

D'autre part, deux études *in vitro* récentes basées sur des sérums provenant d'individus vaccinés contre la grippe saisonnière n'ont pas permis de mettre en évidence de séroneutralisation croisée significative vis-à-vis de virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b (68, 69). Une troisième étude utilisant la même approche mais avec une méthodologie différente avait en revanche conclu à l'existence d'une séroneutralisation croisée conférée par la vaccination contre la grippe saisonnière vis-à-vis de H5N1 (70).

En résumé, il est difficile de conclure à ce stade à l'existence d'une séroneutralisation croisée vis-à-vis de l'infection par un virus H5N1 et/ou les formes sévères chez des êtres humains ayant été vaccinés contre la grippe saisonnière et/ou infectés préalablement par un des virus de la grippe saisonnière circulant à l'heure actuelle.

d) Marqueurs viraux d'adaptation aux mammifères détectés chez les cas de grippe aviaire récents dus au sous-type H5N1

Tandis que la quasi-totalité des virus IAHP A(H5N1) détectés dans le compartiment avicole ne présente pas de marqueurs d'adaptation aux mammifères (cf. supra), les souches virales isolées et séquencées à partir de cas humains récents présentent fréquemment une ou plusieurs mutations associées à une meilleure affinité du virus pour le récepteur viral $\alpha 2,6$ (présent majoritairement chez l'être humain), une meilleure réplication virale ou une virulence accrue chez l'être humain. C'est le cas notamment des substitutions E627K/V ou D701N dans le gène PB2, ou encore les substitutions N154D ou T195I dans le gène HA (1, 4, 65). Ces mutations (particulièrement celles affectant le gène PB2) sont également fréquemment retrouvées chez d'autres espèces de mammifères infectés par des virus A(H5N1) (cf. supra) (4).

Des sous-populations virales minoritaires portant des mutations d'adaptation sur le gène de l'hémagglutinine (HA) ont été détectées chez 2 patients (un cas au Canada (71) et un cas en Louisiane (72)) présentant des infections sévères. Ces mutations sont connues pour augmenter la liaison de la HA aux acides sialiques $\alpha 2-6$ qui sont présents

chez l'homme quand les virus H5 lient préférentiellement les acides sialiques α 2-3 présents chez les oiseaux. Toutefois ces mutations d'adaptation restaient minoritaires. La présence d'acides sialiques α 2-3 dans les voies respiratoires basses et les tissus conjonctivaux permet l'infection par des virus aviaires non porteurs de mutations d'adaptation.

Cela souligne la capacité de ces virus à accumuler des mutations d'adaptation à un nouvel hôte dès un premier passage d'un oiseau à un mammifère. Toutefois, aucun virus porteur de l'ensemble des mutations nécessaires pour permettre une transmission interhumaine efficace n'a été détecté à ce jour chez des virus A(H5N1) isolés chez l'être humain ou chez d'autres espèces de mammifères (1, 3).

Synthèse de l'évaluation du risque posé par l'influenza aviaire zoonotique au niveau international

1. Analyse de risque au niveau mondial

L'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) a développé en 2016, puis mis à jour en 2020, une approche standardisée permettant d'évaluer de façon semi-quantitative le risque associé aux virus influenza de type A à potentiel pandémique : le *Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment* (TIPRA) (73). Lors de chaque évaluation, l'ensemble des données virologiques, épidémiologiques, cliniques et immunologiques disponibles sont analysées de façon systématique par un panel d'experts internationaux, pour aboutir à un score de risque attribué à deux critères : le risque d'acquisition de la capacité de transmission interhumaine soutenue et l'impact sur la population humaine, ainsi qu'un score global. Le niveau d'incertitude est également pris en compte dans l'analyse.

Depuis 2016, quinze analyses de risque TIPRA concernant des virus influenza aviaires et porcins différents ont été rendues publiques. **Deux d'entre elles, réalisées en 2023 et 2024, concernent des virus de sous-type A(H5N1) hautement pathogène appartenant au clade 2.3.4.4b** (74). Le score du risque d'acquisition de la capacité de transmission interhumaine soutenue était modéré ; le score de l'impact sur la population humaine était modéré pour des virus isolés entre 2020 et 2023, et faible à modéré pour le génotype B3.13 identifié aux Etats-Unis en 2024 dans le cheptel bovin laitier. **Le score global attribué à ces différents virus était modéré.**

Les évaluations de risque TIPRA nourrissent par ailleurs les travaux menés conjointement par l'OMS, la *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO) et de l'Organisation Mondiale de la Santé Animale (OMSA), dans le cadre de leur évaluation du risque posé par les virus influenza zoonotiques d'origine aviaire et porcine, et de l'impact que ces virus ont sur la santé publique à l'échelle mondiale. Dans leur analyse la plus récente, en date du 28 juillet 2025, le risque que les virus A(H5Nx) posent pour la santé humaine était évalué comme **faible en population générale, et faible à modéré pour les personnes exposées à ces virus dans un contexte professionnel ou de façon fréquente** (par exemple : exposition à des volailles de basse-cour), en fonction des mesures de prévention et d'hygiène adoptées par les personnes exposées (75). **L'impact de ces virus sur la population humaine mondiale était qualifié de très faible.**

2. Analyse de risque au niveau européen

En Europe, trois agences sanitaires s'associent pour réaliser de façon trimestrielle une analyse de risque concernant les virus influenza aviaires zoonotiques circulant sur le continent européen : l'ECDC, l'EFSA et le laboratoire de référence de l'Union européenne pour l'influenza aviaire (IZSVE).

La mise à jour la plus récente de cette analyse de risque, en date du 28 septembre 2025 (4), indiquait une évaluation inchangée par rapport aux précédentes et identique à celle de la tripartite OMS/FAO/OMSA de juillet 2025 (cf. supra), à savoir un **risque faible en population générale, et faible à modéré pour les personnes exposées à ces virus dans un contexte professionnel ou de façon fréquente.**

3. Analyse de risque aux Etats-Unis

Aux Etats-Unis, les *Centers for Disease Control and Prevention* (US CDC) ont développé il y a plus d'une dizaine d'années une approche d'analyse semi-quantitative du risque posé par les virus influenza à potentiel zoonotique, le *Influenza Risk Assessment Tool* (IRAT). Il se base sur une méthodologie analogue à celle de l'approche TIPRA de l'OMS. Parmi les 27 virus évalués depuis 2021 grâce à cet outil, cinq appartenaient à des génotypes différents de sous-type A(H5N1) du clade 2.3.4.4b: quatre virus (dont trois isolés en 2024) appartenant à trois génotypes d'origine Nord-Américaine (B3.13 et D1.1) et un virus appartenant au génotype d'origine européenne BB, isolé en 2022 chez des visons en Espagne. Le score de risque global attribué était modéré pour ces cinq virus (76).

A l'instar de la tripartite OMS/FAO/OMSA au niveau international, et de ECDC/EFSA/IZSVE au niveau européen, **les US CDC considèrent que le risque lié aux virus A(H5N1) du clade 2.3.4.4b est faible pour la population générale américaine**. En revanche, ils ont réévalué à la hausse en février 2025 le niveau de risque pour les personnes exposées, passant d'un niveau de risque faible à modéré jusqu'ici à un **niveau modéré à élevé pour cette population spécifique**, en raison du contexte épidémiologique récent dans ce pays (cf. supra).

Analyse qualitative du risque posé par les virus IAHP A(H5N1) du clade 2.3.4.4b pour la santé des Français

Cette évaluation de risque qualitative concerne **les virus IAHP de sous-type A(H5N1) de clade 2.3.4.4b qui circulent en France** et dans les pays voisins en date du 16/10/2025 (cf. supra). Elle se base sur l'ensemble des données épidémiologiques, cliniques, virologiques et immunologiques disponibles à cette date.

Cette évaluation sera amenée à être actualisée autant que de besoin en cas d'évolution significative de la situation épidémiologique et des connaissances disponibles sur ces virus.

1. Probabilité de survenue de cas de grippe aviaire en France

La probabilité de survenue de cas de grippe aviaire en France est **évaluée à faible pour la population générale, et faible à modérée pour les personnes exposées**, compte tenu :

- D'une part, de la circulation active des génotypes DI.2, BB et DT dans l'avifaune sauvage en France et dans les pays voisins actuellement observée ;
- De la probabilité élevée que cette situation se maintienne au cours de la saison 2025-2026 ;
- Des introductions de virus de l'IAHP de sous-type A(H5N1) de clade 2.3.4.4b en élevages de volailles depuis l'avifaune sauvage, plus nombreuses au cours de l'automne 2025 qu'au cours de deux années précédentes, et donc de l'exposition d'êtres humains à ces virus en France au cours de la saison 2025-2026 ;
- De la situation épidémiologique chez les grues cendrées et les répercussions potentielles dans les autres espèces animales, conduisant à un risque accru d'exposition humaine à des oiseaux ou des mammifères infectés, y compris chez des personnes peu familiarisées au risque que ces virus posent pour leur santé et/ou aux mesures de protection à mettre en œuvre pour s'en protéger ;
- De l'absence de données probantes en faveur de l'existence d'une protection croisée contre l'infection par un virus A(H5N1) du clade 2.3.4.4b conférée par l'infection préalable par un virus grippal saisonnier et/ou la vaccination contre la grippe saisonnière ;
- Et d'autre part, de l'impact significatif très probable du programme de vaccination obligatoire des canards mis en œuvre en France depuis la saison 2023-2024 sur la réduction du nombre de foyers d'IAHP, en raison de la réduction des niveaux et durées d'excrétion virale chez les animaux vaccinés infectés ;
- De la faible adaptation des virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b circulant actuellement chez les oiseaux en Europe vis-à-vis de l'être humain ;
- De l'absence de transmission interhumaine décrite à partir des cas humains A(H5N1) de clade 2.3.4.4b à ce jour.

2. Impact lié à la survenue de cas de grippe aviaire en France

L'impact lié à la survenue de cas de grippe aviaire en France sur la population française est évalué **à très faible pour la population générale, et faible pour les personnes exposées**, compte tenu :

- De la possibilité de survenue, toutefois à une fréquence faible, de formes cliniques sévères liées aux virus de sous-type A(H5N1) de clade 2.3.4.4b ;
- Des modalités d'exposition différentes entre la population générale et les personnes régulièrement exposées, en particulier dans un contexte professionnel, ces dernières pouvant être exposées de façon prolongée à une grande quantité de virus ;
- De la faible adaptation des virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b circulant actuellement en France vis-à-vis de l'être humain, rendant peu probable la possibilité de survenue d'un nombre élevé de cas en France ;
- De la très faible prévalence de marqueurs de résistance aux antiviraux disponibles pour traiter un éventuel cas de grippe aviaire détectés chez les virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b circulant actuellement en Europe ;
- De l'existence de mesures de contrôle permettant de réduire le risque d'infection et de diffusion éventuelle de ces virus au sein de la population humaine ;
- De la mise en œuvre au cours de la saison 2025-2026 d'un dispositif de surveillance active de la grippe aviaire (protocole SAGA) permettant de détecter et prendre en charge précocement tout cas confirmé de grippe aviaire survenant en France.

3. Analyse de risque globale

a) En population générale

Les principales circonstances d'exposition potentielles à un virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b pour la population générale française sont :

- La détention d'oiseaux captifs de type basse-cour ayant un accès à l'extérieur ;
- Un contact direct (manipulation, dépeçage, plumage) avec un animal sauvage infecté (vivant ou mort), particulièrement un oiseau (ex : dans le cadre de la chasse) ;
- L'exposition à un milieu naturel pouvant être fortement contaminé par des événements de mortalité massive chez des oiseaux sauvages, à l'instar des grues cendrées depuis la mi-octobre 2025.

Compte tenu de la faible probabilité de survenue de cas de grippe aviaire dus à un virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b au sein de la population générale française et du très faible impact qu'une telle survenue aurait pour cette population, **l'analyse de risque globale est évaluée à faible** (Figure 9).

Figure 9 : Matrice de classement des risques pour la population générale (adaptée de la méthodologie de l'ECDC (7))

Probabilité Impact	Aucune	Très faible	Faible	Modérée	Elevée
Très faible	Aucune	Très faible	Faible	Faible	Modéré
Faible	Aucune	Faible	Faible	Modéré	Modéré
Modéré	Aucune	Faible	Modéré	Modéré	Elevé
Elevé	Aucune	Modéré	Modéré	Elevé	Très élevé

b) Parmi les personnes exposées dans un cadre professionnel et/ou de façon régulière aux virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b

En France, les personnes exposées au risque d'infection par un virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b dans un cadre professionnel et/ou de façon régulière sont principalement :

- Eleveur(s) et tout personnel d'un établissement d'élevage au sein de laquelle des animaux sont infectés (volaille et/ou mammifères) ;
- Technicien(s), artisan(s) externe(s), membre(s) de l'entourage d'un éleveur (y compris la famille), étant intervenu(s) sur le site d'un élevage contaminé et ayant eu un contact direct ou indirect avec les animaux infectés ;
- Salarié(s) d'une entreprise en charge du dépeuplement/de l'abattage des animaux d'un élevage contaminé, de transport des carcasses ou encore d'équarrissage ;
- Vétérinaire(s), assistant(s) vétérinaire(s), ou encore soigneur(s) étant intervenu(s) sur un ou plusieurs animaux infecté(s), y compris en parcs zoologiques ou centres de soins pour la faune sauvage ;
- Tout professionnel impliqué dans le ramassage et l'élimination des carcasses d'oiseaux sauvages infectés ou responsable de la mise à mort d'oiseaux malades, conformément à la réglementation en vigueur : salariés d'entreprises d'équarrissage, personnels de l'Office Français de la Biodiversité (OFB), agents de voirie, etc. ;

Tout professionnel de santé prenant en charge un cas confirmé de grippe aviaire. Compte tenu de la probabilité faible à modérée de survenue de cas de grippe aviaire dus à un virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b chez les personnes exposées aux virus IAHP et du faible impact qu'une telle survenue aurait pour cette population, **l'analyse de risque globale est évaluée à faible à modérée** (Figure 10).

Figure 10 : Matrice de classement des risques pour la population exposée aux virus IAHP (adaptée de la méthodologie de l'ECDC (7))

Impact \ Probabilité	Aucune	Très faible	Faible	Modérée	Elevée
Très faible	Aucune	Très faible	Faible	Faible	Modéré
Faible	Aucune	Faible	Faible	Modéré	Modéré
Modéré	Aucune	Faible	Modéré	Modéré	Elevé
Elevé	Aucune	Modéré	Modéré	Elevé	Très élevé

4. Incertitudes

L'évaluation proposée par les experts de la probabilité de survenue de cas humains d'infection par un virus IAHP A(H5N1) de clade 2.3.4.4b et de l'impact qu'une telle survenue aurait sur la santé des Français présente des incertitudes :

- Sur le niveau d'adhésion des éleveurs de canards français à la vaccination au cours de l'hiver 2025-2026 ;
- Sur le niveau d'adhésion des personnes exposées à des foyers d'IAHP au protocole SAGA au cours de l'hiver 2025-2026 ;
- Sur l'impact que va avoir l'autorisation de maintenir l'accès à l'extérieur pour les canards vaccinés sur le risque d'introduction de virus IAHP en élevages ;
- Sur le risque d'infection par un virus IAHP chez des personnes exposées ponctuellement à la faune sauvage infectée, en particulier en cas de ramassage de carcasses sur la voie publique ou en milieu naturel, ou en cas d'exposition à un environnement naturel fortement contaminé du fait d'une forte concentration d'animaux malades et morts (ex : évènements de mortalité massive de grues cendrées ou toute autre espèce animale) ;
- Sur la nature et les caractéristiques génétiques des souches virales qui circuleront en France et sur la dynamique de cette circulation dans l'avifaune sauvage au cours de l'hiver 2025-2026 ;
- Liées au manque de données portant sur la fréquence de survenue des infections humaines dues à ces virus à l'interface animal/être humain dans le contexte français et selon le degré de sévérité clinique ;
- Sur l'existence ou non d'une protection croisée vis-à-vis de l'infection par un virus A(H5) de clade 2.3.4.4b conférée par l'infection préalable par un virus grippal saisonnier et/ou par la vaccination contre la grippe saisonnière.

De fait, le degré de confiance que les experts accordent à cette analyse de risque est modéré.

Conclusion et recommandations

Les virus influenza aviaires zoonotiques qui circulent actuellement dans le monde, en particulier les virus A(H5N1) du clade 2.3.4.4b, conservent des propriétés spécifiques aux virus aviaires (notamment une préférence pour les récepteurs aviaires). Malgré la recrudescence de cas humains observée depuis 2022 au niveau international, aucune transmission interhumaine n'a été détectée. Ainsi **les organisations sanitaires internationales (OMS, FAO, OMSA, ECDC, EFSA) considèrent que le risque lié à ces virus est faible pour la population générale, et faible à modéré pour les personnes exposées. L'impact de ces virus sur la santé publique mondiale reste faible à ce jour.**

En France, les experts de l'Anses, du CNR-VIR et de Santé publique France estiment que **le risque lié aux virus A(H5N1) de clade 2.3.4.4b circulant actuellement en France est faible pour la population générale française, et faible à modéré pour les personnes exposées dans un contexte professionnel et/ou régulièrement à ces virus.** Il convient toutefois de noter que **le niveau de confiance est modéré pour cette évaluation du risque.**

Toutefois la situation épidémiologique mondiale de l'influenza aviaire zoonotique demeure évolutive et préoccupante. L'intensité et l'étendue géographique de la circulation de ces virus dans l'avifaune sauvage, les infections fréquentes chez de nombreuses espèces de mammifères, en particulier les ruminants laitiers aux Etats-Unis, constituent des facteurs de risque d'émergence d'un nouveau virus grippal mieux adapté à l'être humain. La pression d'exposition constante à l'interface animal/être humain favorise l'acquisition de mutations d'adaptation aux mammifères et/ou les événements de réassortiments entre plusieurs virus influenza, qui sont les deux mécanismes d'évolution de ces virus qui ont donné lieu aux précédentes pandémies grippales.

C'est la raison pour laquelle l'analyse de risque liée à ces virus est régulièrement réévaluée au niveau international. De même, **toute évolution notable de la situation épidémiologique de l'IA zoonotique en France donnerait lieu à une actualisation de la présente analyse de risque**, en particulier :

- Toute introduction et circulation dans l'avifaune en France ou en Europe d'un nouveau variant mieux adapté à l'être humain ou aux mammifères que les souches circulant à l'heure actuelle ;
- Toute introduction et circulation d'un virus IA dans les cheptels porcins, bovins, ovins ou caprins français, ou au sein d'une population de mammifères proches de l'homme ;
- Toute recrudescence de la fréquence de survenue des cas humains en France ou en Europe, notamment des formes sévères.

Selon l'avis de la Haute Autorité de Santé (HAS) en date du 27 mars 2025, une telle dégradation de la situation justifierait la mise en œuvre d'une vaccination des groupes à risque avec le vaccin prépandémique Zoonotic Influenza Vaccine Seqirus (77), à l'instar de la Finlande, où cette vaccination est proposée aux professionnels exposés aux virus IAHP depuis 2024 (78).

La circulation active et à un niveau plus élevé que l'année dernière à la même période de virus IAHP dans l'avifaune sauvage en Europe de l'Ouest et du Nord, ainsi que la recrudescence récente de la détection de foyers en élevages de volaille en France et dans les pays voisins laissent présager une augmentation des introductions en élevages au niveau national dans les semaines à venir, **nécessitant le maintien d'une vigilance accrue à l'interface animal/être humain.**

Pour toutes ces raisons et conformément aux recommandations de l'OMS (79), de l'ECDC et de l'EFSA (2), les experts de Santé publique France, de l'Anses et du CNR-VIR recommandent :

- De maintenir et renforcer les efforts de **communication et de prévention du risque auprès des personnes exposées à l'IAHP**, en particulier :
 - o Des **actions de communication visant le grand public** en relayant la recommandation de ne pas toucher de carcasses d'animaux morts ni d'oiseaux sauvages malades, et de consulter sans tarder un médecin en cas de symptômes survenant suite à une telle exposition ;
 - o Des **actions d'information des chasseurs et des ornithologues** sur le risque lié à l'IAHP, à la fois dans l'avifaune sauvage et chez les mammifères (renards, sangliers, etc.) et sur la conduite à tenir en cas de symptômes évocateurs de grippe aviaire suite à une exposition dans un contexte de chasse, à minima dans les zones géographiques où des événements de mortalité massive sont observés dans l'avifaune sauvage ;
 - o Des **actions de sensibilisation des vétérinaires cliniciens** au risque lié à l'IAHP chez les carnivores domestiques, à minima dans les zones géographiques où des événements de mortalité massive sont observés dans l'avifaune sauvage ;
- De renforcer la **surveillance de l'IAHP à l'interface animal/homme, en particulier** :
 - o **La surveillance des infections chez les mammifères domestiques** exposés à un foyer d'IAHP en élevage de volaille ou à un environnement fortement contaminé par des carcasses d'oiseaux sauvages infectés (ruminants laitiers, carnivores domestiques, etc.) ;
 - o **La surveillance des cas humains grâce au protocole SAGA** (cf. encadré ci-dessous) ;
 - o En favorisant **le recours au sous-typage grippe** en cas d'exposition à risque ou pour tout patient hospitalisé en réanimation pour une grippe A (80) ;
- De renforcer **les échanges et la collaboration entre les acteurs de la santé humaine, de la santé animale et de la santé environnementale** conformément à l'approche « Une seule santé » ;
- De poursuivre les travaux **de préparation à une émergence grippale à potentiel pandémique**, notamment en mettant en œuvre des **exercices de simulation** d'une émergence grippale aux niveaux national et régional impliquant l'ensemble des acteurs concernés dans la gestion d'une telle crise.

Protocole de Surveillance Active de la Grippe Saisonnière (SAGA)

A compter de la saison 2025-2026, les personnes exposées à un foyer d'IAHP confirmé dans un élevage se verront proposer par l'Agence Régionale de Santé (ARS) un **dépistage virologique** systématique à réaliser en laboratoire de biologie médicale 48 heures après la dernière exposition à risque, **y compris en l'absence de symptômes**.

Ce dispositif a pour objectif de détecter précocement toute infection humaine due à un virus IAHP, y compris asymptomatique, afin de proposer une **prise en charge médicale adaptée** pour prévenir tout risque de complications chez la personne infectée, de mettre en œuvre **des mesures de contrôle** afin de s'assurer de l'absence d'une transmission interhumaine autour d'un cas confirmé et de **réaliser des investigations épidémiologiques** afin de décrire et caractériser les circonstances de transmission d'un virus IAHP à l'être humain, conformément au Règlement Sanitaire International (2005).

La surveillance SAGA s'appuie sur une **collaboration étroite entre les acteurs en santé animale** (Direction générale de l'alimentation, Directions départementales de protection des populations, Anses) **et en santé humaine** (Direction générale de la santé, Agences régionales de santé, Santé publique France, CNR-VIR).

Références

1. Bellido-Martín B, Rijnink WF, Iervolino M, Kuiken T, Richard M, Fouchier RAM. Evolution, spread and impact of highly pathogenic H5 avian influenza A viruses. *Nat Rev Microbiol*. 2025.
2. Health EPoA, Welfare A, ECDC, Alvarez J, Boklund A, Dippel S, et al. Preparedness, prevention and control related to zoonotic avian influenza. *EFSA Journal*. 2025;23(1):e9191.
3. Peacock TP, Moncla L, Dudas G, VanInsberghe D, Sukhova K, Lloyd-Smith JO, et al. The global H5N1 influenza panzootic in mammals. *Nature*. 2025;637(8045):304-13.
4. EFSA (European Food Safety Authority), ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EURL (European Union Reference Laboratory for Avian Influenza), Alexakis L, Buczkowski H, Ducatez M, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Mirinavičiūtė G, Ståhl K, Staubach C, Svartström O, Terregino C, Willgert K, Melo M, and Kohnle L, 2025. Scientific report: Avian influenza overview June–September 2025. *EFSA Journal* 2025;23(10):9702, 63 pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2025.9702>.
5. Ison MG, Marrazzo J. The Emerging Threat of H5N1 to Human Health. *New England Journal of Medicine*. 2025;392(9):916-8.
6. Wille M, Barr IG. The current situation with H5N1 avian influenza and the risk to humans. *Intern Med J*. 2024;54(11):1775-8.
7. European Center for Disease Prevention and Control. 2019. Operational tool on rapid risk assessment methodology. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/operational-tool-rapid-risk-assessment-methodology-ecdc-2019>.
8. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2025. Global AIV with Zoonotic Potential situation update. 25 September 2025, 08:30 hours; Rome. <https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/global-aiv-with-zoonotic-potential/en>.
9. Uhart MM, Vanstreels RET, Nelson MI, Olivera V, Campagna J, Zavattieri V, et al. Epidemiological data of an influenza A/H5N1 outbreak in elephant seals in Argentina indicates mammal-to-mammal transmission. *Nat Commun*. 2024;15(1):9516.
10. Agüero M, Monne I, Sánchez A, Zecchin B, Fusaro A, Ruano MJ, et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, Spain, October 2022. *Euro Surveill*. 2023;28(3).
11. Lindh E, Lounela H, Ikonen N, Kantala T, Savolainen-Kopra C, Kauppinen A, et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection on multiple fur farms in the South and Central Ostrobothnia regions of Finland, July 2023. *Euro Surveill*. 2023;28(31).
12. Caserta LC, Frye EA, Butt SL, Laverack M, Nooruzzaman M, Covaleda LM, et al. Spillover of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus to dairy cattle. *Nature*. 2024;634(8034):669-76.
13. Gomez JF, Bemis IG, Shittu I, Gray GC, Coleman KK. Outbreak of highly pathogenic avian influenza a(H5N1) among house cats: A case series involving oseltamivir treatment. *One Health*. 2025;21:101211.
14. Eisfeld AJ, Biswas A, Guan L, Gu C, Maemura T, Trifkovic S, et al. Pathogenicity and transmissibility of bovine H5N1 influenza virus. *Nature*. 2024;633(8029):426-32.
15. Restori KH, Septer KM, Field CJ, Patel DR, VanInsberghe D, Raghunathan V, et al. Risk assessment of a highly pathogenic H5N1 influenza virus from mink. *Nat Commun*. 2024;15(1):4112.
16. Pulit-Penalosa JA, Brock N, Belser JA, Sun X, Pappas C, Kieran TJ, et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus of clade 2.3.4.4b isolated from a human case in Chile causes fatal disease and transmits between co-housed ferrets. *Emerg Microbes Infect*. 2024;13(1):2332667.
17. Feldmann H, Rosenke K, Bushmaker T, Griffin A, Okumura A, Kaiser F, et al. Bovine Derived Clade 2.3.4.4b HPAI H5N1 Virus Causes Mild Disease and Limited Transmission in Pigs. *Research Square*. 2025.
18. Alkie TN, Embury-Hyatt C, Signore AV, Ramos D, Moffat E, Raj S, et al. Dairy cow- and avian-origin clade 2.3.4.4b H5N1 induce severe mastitis in lactating goats and transmission to suckling goats. *Cell Reports*. 2025;44(10):116346.
19. Rosone F, Bonfante F, Sala MG, Maniero S, Cersini A, Ricci I, et al. Seroconversion of a Swine Herd in a Free-Range Rural Multi-Species Farm against HPAI H5N1 2.3.4.4b Clade Virus. *Microorganisms*. 2023;11(5).
20. Kwon T, Trujillo JD, Carossino M, Machkovech HM, Cool K, Lyoo EL, et al. Pathogenicity and transmissibility of bovine-derived HPAI H5N1 B3.13 virus in pigs. *Emerg Microbes Infect*. 2025;14(1):2509742.
21. European Food Safety Authority ECfDP, Control, Influenza EURLfA, Alexakis L, Buczkowski H, Ducatez M, et al. Avian influenza overview September–December 2024. *EFSA Journal*. 2025;23(1):e9204.
22. USDA. Animal and Plant Health Inspection Service. Confirmations of Highly Pathogenic Avian Influenza in Commercial and Backyard Flocks. <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/commercial-backyard-flocks> [
23. USDA. Animal and Plant Health Inspection Service. Detections of Highly Pathogenic Avian Influenza in Wild Birds. <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/wild-birds> [

24. USDA. Animal and Plant Health Inspection Service. Detections of Highly Pathogenic Avian Influenza in Mammals. <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/mammals> [
25. USDA. Animal and Plant Health Inspection Service. HPAI confirmed cases in livestock. <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/hpai-confirmed-cases-livestock> [
26. Nguyen TQ, Hutter CR, Markin A, Thomas M, Lantz K, Killian ML, et al. Emergence and interstate spread of highly pathogenic avian influenza A(H5N1) in dairy cattle in the United States. *Science*. 2025;388(6745):eadq0900.
27. USDA. Animal and Plant Health Inspection Service. 30 July 2025. Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N1 Detections in Alpacas. <https://www.aphis.usda.gov/livestock-poultry-disease/avian/avian-influenza/hpai-detections/mammals/highly-pathogenic-avian> [
28. Authority EFS, Prevention ECfD, Control, Influenza EURLfA, Alexakis L, Fusaro A, et al. Avian influenza overview March–June 2024. *EFSA Journal*. 2024;22(7):e8930.
29. Authority EFS, Prevention ECfD, Control, Influenza EURLfA, Alexakis L, Buczkowski H, et al. Avian influenza overview March–June 2025. *EFSA Journal*. 2025;23(7):e9520.
30. Fosse JH, Rømo G, Bonfante F, Myhrvold IK, Soetart KS, Udjus K, et al. Detection of antibodies specific to H5 avian influenza virus in a sheep in Norway, June 2024, eleven months after an outbreak of highly pathogenic avian influenza in a nearby seabird colony. *bioRxiv*. 2025:2025.08.14.670265.
31. Halwe NJ, Cool K, Breithaupt A, Schön J, Trujillo JD, Nooruzzaman M, et al. H5N1 clade 2.3.4.4b dynamics in experimentally infected calves and cows. *Nature*. 2025;637(8047):903-12.
32. Authority EFS, Alvarez J, Bortolami A, Ducatez M, Guinat C, Stegeman JA, et al. Risk posed by the HPAI virus H5N1, Eurasian lineage goose/Guangdong clade 2.3.4.4b. genotype B3.13, currently circulating in the US. *EFSA Journal*. 2025;23(7):e9508.
33. Alkie TN, Nasheri N, Romero-Barrios P, Catford A, Krishnan J, Pama L, et al. Effectiveness of pasteurization for the inactivation of H5N1 influenza virus in raw whole milk. *Food Microbiology*. 2025;125:104653.
34. Kaiser F, Morris DH, Wickenhagen A, Mukesh R, Gallogly S, Yinda KC, et al. Inactivation of Avian Influenza A(H5N1) Virus in Raw Milk at 63°C and 72°C. *New England Journal of Medicine*. 2024;391(1):90-2.
35. Guan L, Eisfeld AJ, Pattinson D, Gu C, Biswas A, Maemura T, et al. Cow's Milk Containing Avian Influenza A(H5N1) Virus — Heat Inactivation and Infectivity in Mice. *New England Journal of Medicine*. 2024;391(1):87-90.
36. Nooruzzaman M, de Oliveira PSB, Butt SL, Martin NH, Alcaine SD, Walker SP, et al. H5N1 influenza virus stability and transmission risk in raw milk and cheese. *Nature Medicine*. 2025.
37. Campbell AJ, Shephard M, Paulos AP, Pauly M, Vu M, Stenkamp-Strahm C, et al. Surveillance on California dairy farms reveals multiple sources of H5N1 transmission. *bioRxiv*. 2025.
38. Shi J, Kong H, Cui P, Deng G, Zeng X, Jiang Y, et al. H5N1 virus invades the mammary glands of dairy cattle through 'mouth-to-teat' transmission. *Natl Sci Rev*. 2025;12(9):nwaf262.
39. Updated joint FAO/WHO/WOAH public health assessment of recent influenza A(H5) virus events in animals and people. Assessment based on data as of 1 July 2025. 28 July 2025. <https://www.woah.org/app/uploads/2025/07/25728-fao-woah-who-h5-assessment.pdf>.
40. Zhang G, Shi Y, Ge H, Wang Y, Lu L, Jiang S, et al. Genomic signatures and host adaptation of H5N1 clade 2.3.4.4b: A call for global surveillance and multi-target antiviral strategies. *Curr Res Microb Sci*. 2025;8:100377.
41. OMSA. WAHIS. <https://wahis.woah.org/#/event-management> [
42. Plain Language Summary on vaccination of poultry against highly pathogenic avian influenza – available vaccines and vaccination strategies. *EFSA Journal*. 2023;21(10):p211001.
43. B. Grasland, A. Schmitz, E. Niqueux, M. Andraud, R. Busson, N. Morin, C. Guillemoto, A. Orosco, F. Souchaud, FX. Briand, C. Martenot, M. Cherbonnel, P. Massin, K. Louboutin, I. Pierre, M. Delpont, L. Pouvelle, S. Soubies, N. Rose, M. Amelot, A. Keita, J-L. Guérin, N. Eterradossi . Expérimentation de vaccination des canards moulards en élevage contre un virus influenza aviaire hautement pathogène A(H5N1) clade 2.3.4.4b. 14 mai 2023. https://www.anses.fr/fr/system/files/Rapport_evaluation_transmission_Vaccin.pdf.
44. Légifrance. Arrêté du 17 octobre 2025 qualifiant le niveau de risque en matière d'influenza aviaire hautement pathogène. <https://www.legifrance.gouv.fr/jorf/id/JORFTEXT000052404023>.
45. Deng YM, Wille M, Dapat C, Xie R, Lay O, Peck H, et al. Influenza A(H5N1) Virus Clade 2.3.2.1a in Traveler Returning to Australia from India, 2024. *Emerg Infect Dis*. 2025;31(1):135-8.
46. Raut AA, Aasdev A, Kumar N, Pathak A, Mishra A, Sehgal P, et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A (H5N1) Clade 2.3.2.1a virus infection in domestic cats, India, 2025. *bioRxiv*. 2025:2025.02.23.638954.
47. UKSHA. Human case of avian flu detected in England. 27 January 2025. <https://www.gov.uk/government/news/human-case-of-avian-flu-detected-in-england> [
48. Drake JM. Understanding avian influenza mortality. *Science*. 2025;389(6767):1292-4.
49. U.S. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). H5N1 Bird Flu Surveillance and Human Monitoring. <https://www.cdc.gov/bird-flu/h5-monitoring/index.html> [
50. UK Health Security Agency. Blog. 6 Juin 2023. UKHSA's asymptomatic avian influenza surveillance programme. <https://ukhsa.blog.gov.uk/2023/06/06/ukhsas-asymptomatic-avian-influenza-surveillance-programme/> [

51. Aznar E, Casas I, González Praetorius A, Ruano Ramos MJ, Pozo F, Sierra Moros MJ, et al. Influenza A(H5N1) detection in two asymptomatic poultry farm workers in Spain, September to October 2022: suspected environmental contamination. *Euro Surveill.* 2023;28(8).
52. Mellis AM, Coyle J, Marshall KE, Frutos AM, Singleton J, Drehoff C, et al. Serologic Evidence of Recent Infection with Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5) Virus Among Dairy Workers - Michigan and Colorado, June-August 2024. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2024;73(44):1004-9.
53. Leonard J, Harker EJ, Szablewski CM, Margrey SF, Gingrich KF, 2nd, Crossley K, et al. Notes from the Field: Seroprevalence of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5) Virus Infections Among Bovine Veterinary Practitioners - United States, September 2024. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2025;74(4):50-2.
54. Tarantola A, Barboza P, Gauthier V, Ios S, El Omeiri N, Gastellu-Etchegorry M. The influenza A(H5N1) epidemic at six and a half years: 500 notified human cases and more to come. *Euro Surveill.* 2010;15(29).
55. World Health Organization. Review of latest available evidence on potential transmission of avian influenza (H5N1) through water and sewage and ways to reduce the risks to human health. 10 October 2007. <https://iris.who.int/server/api/core/bitstreams/bcfecd04-5e63-488e-8411-82bee7e25208/content>.
56. de Jong MD, Bach VC, Phan TQ, Vo MH, Tran TT, Nguyen BH, et al. Fatal avian influenza A (H5N1) in a child presenting with diarrhea followed by coma. *N Engl J Med.* 2005;352(7):686-91.
57. Frye EA, Nooruzzaman M, Cronk B, Laverack M, de Oliveira PSB, Caserta LC, et al. Isolation of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus from Cat Urine after Raw Milk Ingestion, United States. *Emerg Infect Dis.* 2025;31(8):1636-9.
58. U.S. Food & Drug Administration. FDA Notifies Pet Owners That Tests Show H5N1 Contamination in Certain Lots of RAWR Raw Cat Food Chicken Eats. 3 septembre 2025. <https://www.fda.gov/animal-veterinary/cvm-updates/fda-notifies-pet-owners-tests-show-h5n1-contamination-certain-lots-rawr-raw-cat-food-chicken-eats> [
59. Rosenke K, Griffin A, Kaiser F, Altynova E, Mukesh R, Bushmaker T, et al. Pathogenesis of bovine H5N1 clade 2.3.4.4b infection in macaques. *Nature.* 2025;640(8060):1017-21.
60. Bullock TA, Pappas C, Uyeki TM, Brock N, Kieran TJ, Olsen SJ, et al. The (digestive) path less traveled: influenza A virus and the gastrointestinal tract. *mBio.* 2025;16(9):e01017-25.
61. Haut Conseil de la Santé Publique. Avis relatif à la prévention de la transmission à l'Homme des virus influenza porcins et aviaires. 10 décembre 2021. <https://www.hcsp.fr/explore.cgi/avisrapportsdomaine?clefr=1142>.
62. Garg S, Reinhart K, Couture A, Kniss K, Davis CT, Kirby MK, et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Infections in Humans. *N Engl J Med.* 2025;392(9):843-54.
63. Zhu S, Harriman K, Liu C, Kraushaar V, Hoover C, Shim K, et al. Human Cases of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) - California, September-December 2024. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2025;74(8):127-33.
64. Drehoff CC WE, Frutos AM, et al. . Cluster of Influenza A(H5) Cases Associated with Poultry Exposure at Two Facilities — Colorado, July 2024. . *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2024;2024(73):734-9.
65. Rolfes MA, Kniss K, Kirby MK, Garg S, Reinhart K, Davis CT, et al. Human infections with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) viruses in the United States from March 2024 to May 2025. *Nat Med.* 2025.
66. Tobolowsky FA, Morris E, Castro L, Schaff T, Jacinto M, Clement JP, et al. Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Virus Infection in a Child with No Known Exposure - San Francisco, California, December 2024-January 2025. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2025;74(33):522-7.
67. Restori KH, Weaver V, Patel DR, Merrbach GA, Septer KM, Field CJ, et al. Preexisting immunity to the 2009 pandemic H1N1 virus reduces susceptibility to H5N1 infection and disease in ferrets. *Sci Transl Med.* 2025;17(808):eadw4856.
68. Arroyave A, Rabezanahary H, Wantchecon A, Rahajamanana VL, Sahli A, Thériault M, et al. Assessment of Cross-Reactive Neutralizing Antibodies Induction Against H5N1 Clade 2.3.4.4b by Prior Seasonal Influenza Immunization in Retail Workers. *Open Forum Infect Dis.* 2025;12(8):ofaf463.
69. Stevenson-Leggett P, Adams L, Greenwood D, Lofts A, Libri V, Williams B, et al. Investigation of Influenza A(H5N1) Virus Neutralization by Quadrivalent Seasonal Vaccines, United Kingdom, 2021-2024. *Emerg Infect Dis.* 2025;31(6):1202-6.
70. Zhang L, Behrens GMN, Kempf A, Nehlmeier I, Gärtner S, Moldenhauer AS, et al. Neutralizing activity against bovine H5N1 HPAIV (clade 2.3.4.4b) in human plasma after seasonal influenza vaccination. *Emerg Microbes Infect.* 2025;14(1):2528539.
71. Jassem AN, Roberts A, Tyson J, Zlosnik JEA, Russell SL, Caleta JM, et al. Critical Illness in an Adolescent with Influenza A(H5N1) Virus Infection. *New England Journal of Medicine.* 2025;392(9):927-9.
72. U.S. Centers for Disease Control and Prevention. Avian influenza (Bird Flu). Genetic Sequences of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Viruses Identified in a Person in Louisiana. 26 décembre 2024. <https://www.cdc.gov/bird-flu/spotlights/h5n1-response-12232024.html> [
73. WHO Tool for Influenza Risk Assessment (TIPRA). Geneva: World Health Organization; 2020. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO. https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/tipra_guidance_version-2_20211008.pdf?sfvrsn=88132b6c_6&download=true.

74. World Health Organization. Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment (TIPRA). [https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/tool-for-influenza-pandemic-risk-assessment-\(tipra\)](https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/tool-for-influenza-pandemic-risk-assessment-(tipra)) [
75. Updated joint FAO/WHO/WOAH public health assessment of recent influenza A(H5) virus events in animals and people Assessment based on data as of 1 July 2025. 28 July 2025. <https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/human-animal-interface-risk-assessments/fao-woah-who-joint-h5-assessment-july-2025.pdf>.
76. U.S. Centers for Disease Control and Prevention. Influenza Risk Assessment Tool (IRAT) - Virus Report. Prepared by the CDC Influenza Division. Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus; clade 2.3.4.4b Viruses: A/California/147/2024 and A/Washington/239/2024. Date of Evaluation: March 14, 2025. <https://www.cdc.gov/pandemic-flu/media/pdfs/2025/IRATA-California-Washington.pdf>.
77. Haute Autorité de Santé. Grippe zoonotique H5N1. Stratégie vaccinale en situation prépandémique. Recommandation vaccinale. Mis en ligne le 08 avril 2025. https://www.has-sante.fr/jcms/p_3599828/fr/grippe-zoonotique-h5n1.
78. Nohynek H, Helve OM. One health, many interpretations: vaccinating risk groups against H5 avian influenza in Finland. *Euro Surveill.* 2024;29(25).
79. World Health Organization. Surveillance for human infections with avian influenza A(H5) viruses: objectives, case definitions, testing and reporting. Geneva: World Health Organization; 2025. <https://doi.org/10.2471/B09337>.
80. European Center for Disease Prevention and Control. 2024. Surveillance and targeted testing for the early detection of zoonotic influenza in humans during the winter period in the EU/EEA. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-and-targeted-testing-early-detection-zoonotic-influenza-humans>.

Liste des contributeurs

Santé publique France :

Direction des maladies infectieuses : Sibylle Bernard-Stoecklin, Anabelle Gilg Soit Ilg, Alexandra Septfons, Isabelle Parent du Châtelet, Bruno Coignard
Direction des régions : Yvan Souares, Mathilde Pivette

Anses :

Laboratoire national de référence Influenza Aviaire (Laboratoire de Ploufragan-Plouzanoé-Niort) : François-Xavier Briand, Éric Niqueux, Béatrice Grasland, Nicolas Eterradosi,
Christophe Cordevant, Eric Cardinale, Gilles Salvat

Centre National de Référence Virus des infections respiratoires :

Hospices Civils de Lyon : Alexandre Gaymard, Vanessa Escuret, Antonin Bal
Institut Pasteur de Paris : Danielle Perez-Bercoff, Marie-Anne Rameix-Welti

Auteur pour la correspondance :

Sibylle Bernard-Stoecklin (sibylle.bernard-stoecklin@santepubliquefrance.fr)

Pour citer ce document :

Santé publique France, Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail, Centre national de référence Virus des infections respiratoires. Situation épidémiologique liée à l'influenza aviaire zoonotique et risque pour la santé publique aux niveaux national et international. Analyse conjointe de Santé publique France, l'Anses et le Centre National de Référence Virus des infections respiratoires. Novembre 2025. 36p.

Directeurs de publication :

Dr Caroline Semaille, Santé publique France

Dr Gilles Salvat, Anses