

Avian influenza overview December 2021 – March 2022

European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention, Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza, Cornelia Adlhoch, Alice Fusaro, José L Gonzales, Thijs Kuiken, Stefano Marangon, Éric Niqueux, Christoph Staubach, Calogero Terregino, Inma Aznar, Irene Muñoz Guajardo, Francesca Baldinelli

EFSA Journal Volume 20, Issue 4

First published: 04 April 2022

Collections: Quarterly reports on avian influenza

Abstract

Between 9 December 2021 and 15 March 2022, 2,653 highly pathogenic avian influenza (HPAI) virus detections were reported in 33 EU/EEA countries and the UK in poultry (1,030), in wild (1,489) and in captive birds (133). The outbreaks in poultry were mainly reported by France (609), where two spatiotemporal clusters have been identified since October 2021, followed by Italy (131), Hungary (73) and Poland (53); those reporting countries accounted together for 12.8 of the 17.5 million birds that were culled in the HPAI affected poultry establishments in this reporting period. The majority of the detections in wild birds were reported by Germany (767), the Netherlands (293), the UK (118) and Denmark (74). HPAI A(H5) was detected in a wide range of host species in wild birds, indicating an increasing and changing risk for virus incursion into poultry farms. The observed persistence and continuous circulation of HPAI viruses in migratory and resident wild birds will continue to pose a risk for the poultry industry in Europe for the coming months. This requires the definition and the rapid implementation of suitable and sustainable HPAI mitigation strategies such as appropriate biosecurity measures, surveillance plans and early detection measures in the different poultry production systems. The results of the genetic analysis indicate that the viruses currently circulating in Europe belong to clade 2.3.4.4b. Some of these viruses were also detected in wild mammal species in the Netherlands, Slovenia, Finland and Ireland showing genetic markers of adaptation to replication in mammals. Since the last report, the UK reported one human infection with A(H5N1), China 17 human infections with A(H5N6), and China and Cambodia 15 infections with A(H9N2) virus. The risk of infection for the general population in the EU/EEA is assessed as low, and for occupationally exposed people, low to medium.

Traduzione

Tra il 9 dicembre 2021 e il 15 marzo 2022, sono stati segnalati **2.653 riscontri di virus dell'influenza aviaria ad alta patogenicità (HPAI)** in 33 paesi dell'UE/SEE e nel Regno Unito nel pollame (1.030), in natura (1.489) e negli uccelli in cattività (133).

I **focolai nel pollame** sono stati registrati principalmente dalla Francia (609), dove da ottobre 2021 sono stati identificati due cluster spazio-temporali, seguita da Italia (131), Ungheria (73) e Polonia

(53).

Questi Paesi rappresentavano insieme 12,8 dei 17,5 milioni di volatili abbattuti negli stabilimenti avicoli colpiti dall'HPAI in questo periodo di riferimento.

La maggior parte dei **rilevamenti negli uccelli selvatici** è stata segnalata da Germania (767), Paesi Bassi (293), Regno Unito (118) e Danimarca (74).

HPAI A(H5) è stato riscontrato in un'ampia gamma di specie ospiti negli uccelli selvatici, indicando un rischio crescente e mutevole di incursione del virus negli allevamenti di pollame.

La persistenza osservata e la circolazione continua dei virus HPAI negli uccelli selvatici migratori e residenti continueranno a rappresentare un rischio per l'industria avicola in Europa nei prossimi mesi.

Ciò richiede la definizione e la rapida attuazione di strategie di mitigazione dell'HPAI adeguate e sostenibili, come idonee misure di biosicurezza, piani di sorveglianza e misure di rilevamento precoce nei diversi sistemi di produzione di pollame.

I risultati dell'analisi genetica indicano che i **virus attualmente in circolazione in Europa appartengono al clade 2.3.4.4b**.

Alcuni di questi virus sono stati rilevati anche in specie di mammiferi selvatici nei Paesi Bassi, Slovenia, Finlandia e Irlanda e mostrano marcatori genetici di adattamento alla replicazione nei mammiferi.

Dall'ultimo rapporto, il Regno Unito ha riportato un'infezione umana con A(H5N1), la Cina 17 casi da A(H5N6), Cina e Cambogia 15 da virus A(H9N2).

Il rischio di infezione per la popolazione generale nell'UE/SEE è valutato basso e per le persone professionalmente esposte da basso a medio.