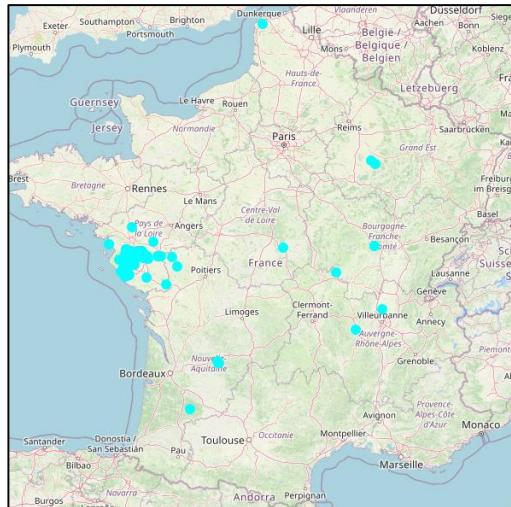
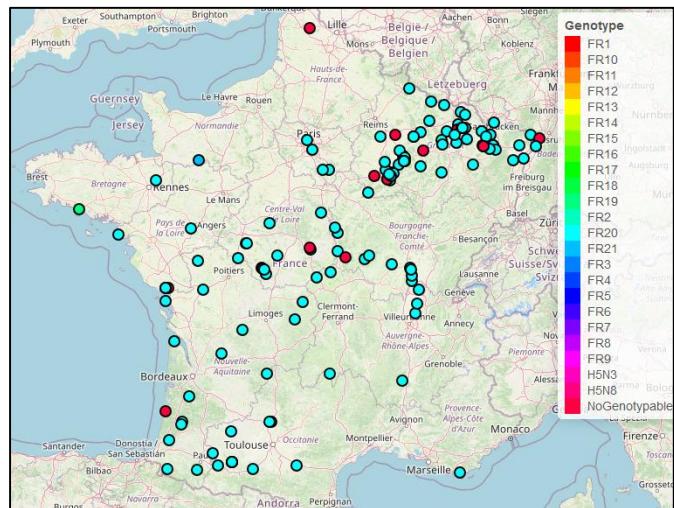


Foyers IAHP H5 séquencés

Foyers « élevage » séquencés



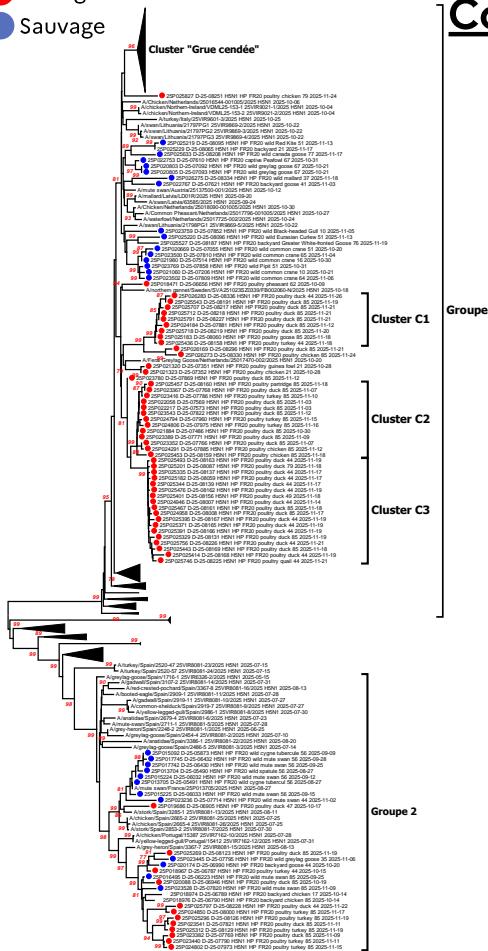
Foyers « Sauvage » séquencés



Context	FR19	FR20	FR21	NoGenotypable	Total
backyard	0	8	0	1	9
captive	0	2	0	0	2
poultry	0	79	0	1	80
wild	1	123	1	13	138
Total	1	212	1	15	229

Entre le 07/10/2025 et le 28/11/2025

Comparaison des séquences de génomes viraux



Groupe 1 :

Lié à la migration des oiseaux sauvages (comportant des anatidés et les « grues cendrées »).

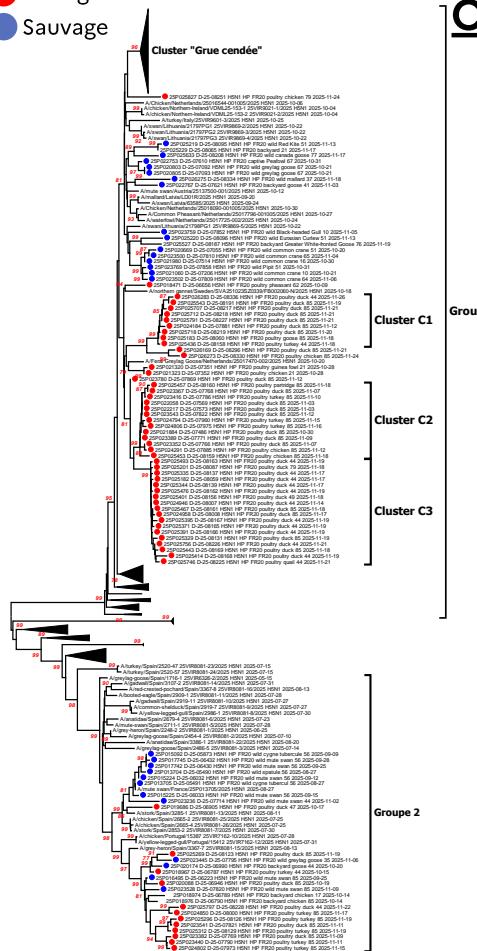
Groupe 2 :

Apparenté à des virus provenant de la péninsule Ibérique

⇒ 22 introductions primaires estimées en élevage (France)

Entre le 09/10/2025 et le 28/11/2025

Comparaison des séquences de génomes viraux

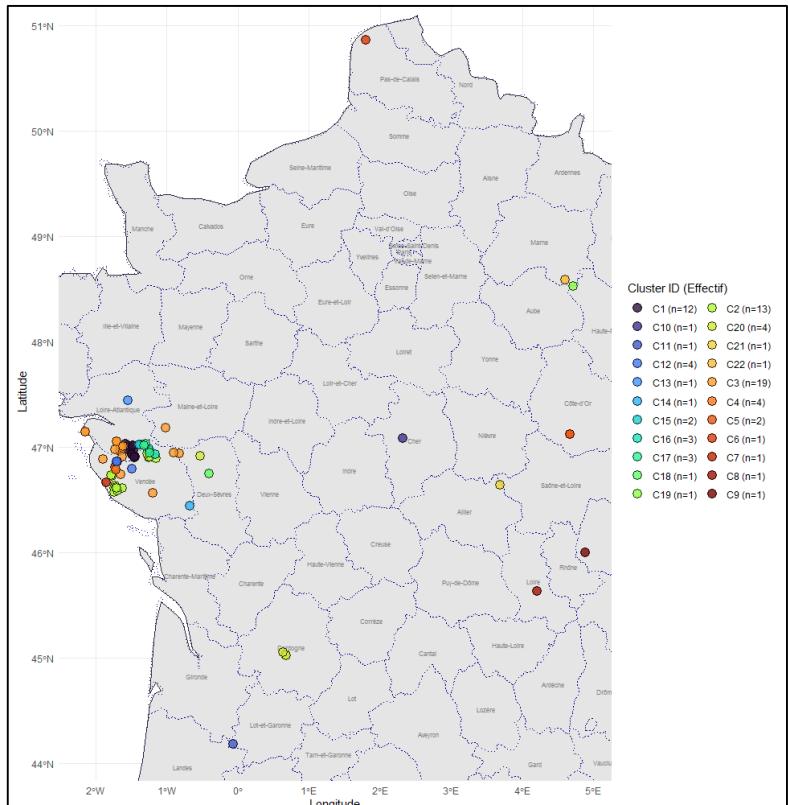


Séquences de génomes viraux d'élevage en regrouper en clusters phylogénétiques

(>99,9 d'identité nucléotidique)

Suggère une transmission inter-
élevages

Répartition géographique des clusters phylogénétiques

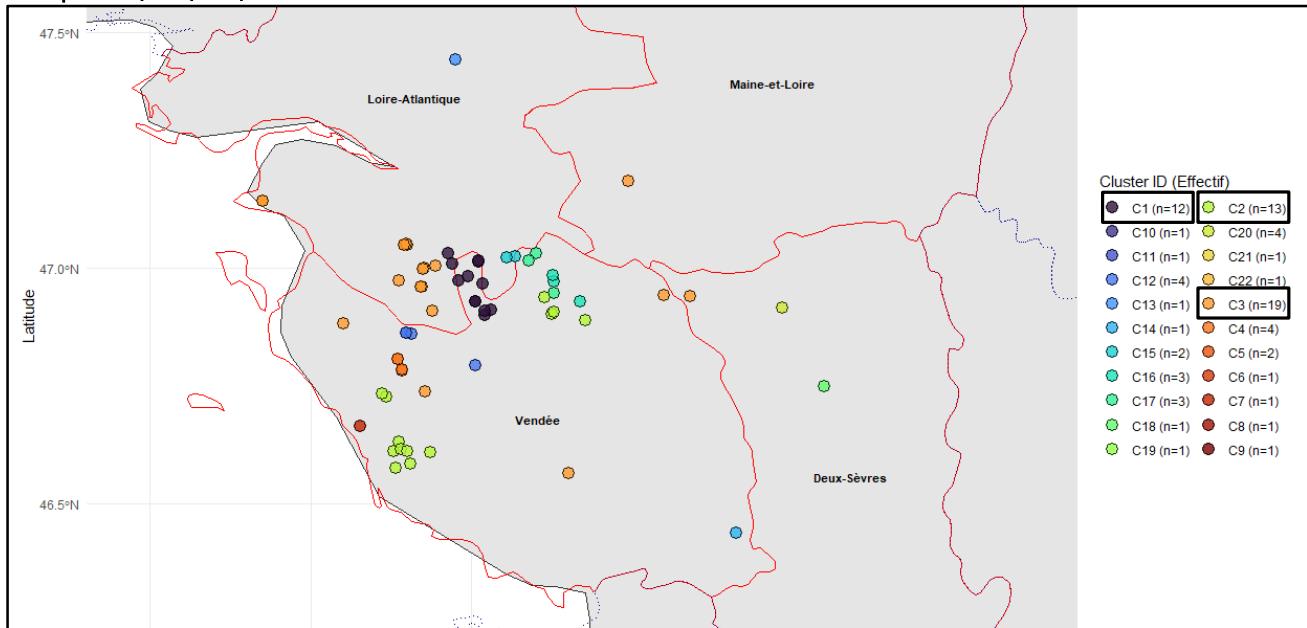


Entre le 09/10/2025 et le 28/11/2025

Répartition géographique des clusters phylogénétiques

Dept 85/44/49/79

65 génomes viraux obtenus
13 introductions estimées



3 Clusters principaux de diffusion inter-élevages

Entre le 09/10/2025 et le 28/11/2025

