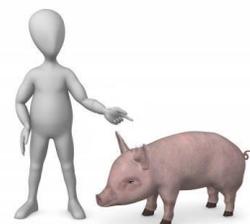
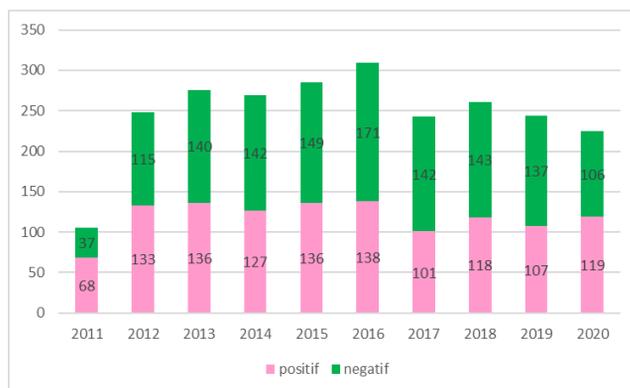


**Résavip** est le réseau national de surveillance des virus influenza A détectés chez le porc (VIP) en France métropolitaine. Son objectif est **d'approcher la diversité et la dynamique des VIP en France métropolitaine**.

Chaque trimestre et chaque année, Résavip publie un bulletin d'information national. Ces bulletins sont publics et mis en ligne sur le site de la Plateforme ESA (<https://www.plateforme-esa.fr/>).

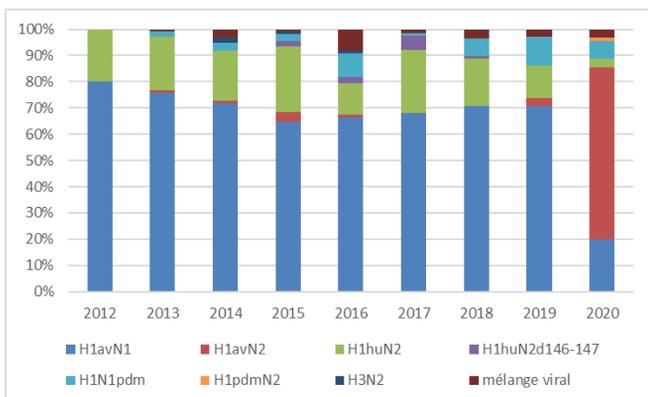


Résavip est un **outil de surveillance nationale**. Il offre au vétérinaire un résultat de détection (positif ou négatif) rapide. Les analyses de sous-typage sont réalisées par le **Laboratoire National de Référence des VIP** (Anses) et le résultat est généralement disponible sous un mois (la moitié des résultats en moins de deux semaines, trois quart des résultats en moins de 23 jours en 2019).



**Nombre de visites d'élevages réalisées par les vétérinaires volontaires de Résavip (données disponibles pour trois trimestres en 2020)**

Alors que les proportions des différents lignages de VIP étaient assez stables depuis la création de Résavip en 2011, un virage s'est produit en 2020, où la **proportion du sous-type H1<sub>av</sub>N2 a augmenté** alors que la proportion de H1<sub>av</sub>N1, prédominant auparavant, a diminué.



**Proportions des principaux lignages de VIP identifiés par Résavip de 2012 à 2020 (données disponibles pour trois trimestres en 2020)**

Pour devenir **vétérinaire volontaire de Résavip**, inscrivez-vous auprès de l'**animateur régional** qui vous fournira les *kits de prélèvements* et le *document d'accompagnement des prélèvements*. Pour plus d'informations veuillez contacter la coordinatrice nationale ([ldommergues@coopdefrance.coop](mailto:ldommergues@coopdefrance.coop)).

### Bilan du 3<sup>ème</sup> trimestre 2020

Un nombre de prélèvements record a été enregistré au troisième trimestre 2020. Cette augmentation était principalement due à un très grand nombre de prélèvements en Bretagne. On peut aussi noter que 10 élevages ont fait l'objet de plusieurs visites au troisième trimestre, ce qui est un chiffre élevé, mais déjà atteint en 2020 au premier trimestre. Le taux de positivité des prélèvements était aussi particulièrement élevé (au dessus de 60 % contre un peu moins de 50 % habituellement).

Comme c'est le cas depuis le début de l'année 2020 (cf. figure à la première page), le lignage H1<sub>av</sub>N2 était majoritaire au troisième trimestre parmi les virus identifiés. Les informations transmises par le LNR suite aux séquençages (NGS) des virus H1<sub>av</sub>N2 montrent que la très grande majorité des souches H1<sub>av</sub>N2 identifiées en 2020 sont du génotype #E et non du génotype #F décrits dans le bulletin épidémiologique de l'Anses (BE) plus tôt cette année ([lien](#)). Un nouvel article dans le BE est en préparation pour faire une synthèse plus complète.

Par ailleurs, un nouveau virus a été détecté dans le Nord, il s'agit d'un virus H1pdmN2.



### 98 visites d'élevages réalisées dans 6 régions

- 76 % (74/98) suite à un appel pour syndrome grippal
- 24 % (22/98) en visite de routine
- 2 % (2/98) non renseigné

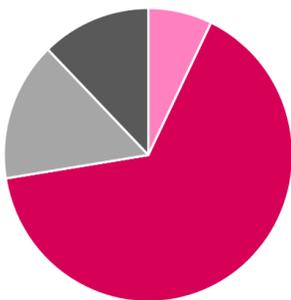
### Répartition mensuelle des visites

- 29 en juillet
- 27 en août
- 42 en septembre



### Répartition des visites suivant le type d'élevage

- Elevages de type NE dans 65 % des cas



- Naisseur (N) (0/98)
- Naisseur-Post sevrer (NPS) (7/98)
- Naisseur-Engraisser (NE) (64/98)
- Post sevrer (PS) (0/98)
- Post sevrer-Engraisser (PSE) (15/98)
- Engraisser (E) (12/98)

### Types de gripes

- 57 gripes classiques<sup>1</sup>
- 32 gripes récurrentes<sup>2</sup>
- 9 non renseigné

### Intensité des signes cliniques

- 59 gripes d'intensité normale
- 36 gripes d'intensité élevée
- 3 non renseigné

<sup>1</sup>Forme épisodique à l'échelle de l'élevage, pouvant se propager sur différentes classes d'âge au moment de l'épisode, sans caractère de récurrence à âge fixe.

<sup>2</sup>Forme persistante à l'échelle de l'élevage, se répétant sur chaque bande ou presque dans une gamme d'âge déterminée.

Tableau : résultats détaillés du 3<sup>ème</sup> trimestre 2020



Région		Auvergne Rhône-Alpes	Bretagne	Aquitaine	Pays-de-la-Loire	Occitanie Midi Pyrénées	Hauts de France	TOTAL national
Nombre de visites d'élevages <sup>a</sup>		1	79	2	12	2	2	98
Nombre d'élevages négatifs		1	29	1	5	1	1	38 (38,8%)
Nombre d'élevages positifs		0	50	1	7	1	1	60 (61,2%)
VIP enzootiques	<i>Avian-like swine</i> H1 <sub>av</sub> N1	0	3	1	1	1	0	6 (10%)
	<i>Human-like reassortant swine</i> H1 <sub>hu</sub> N2	0	2	0	0	0	0	2
	<i>Human-like reassortant swine</i> H3N2	0	0	0	0	0	0	0
	H1N1pdm	0	0	0	0	0	0	0
VIP réassortants	H1 <sub>av</sub> N2	0	39	0	5	0	0	44 (73,3%)
	H1pdmN2	0	0	0	0	0	1	1
Virus non identifiés	Sous-types indéterminés (H?N?) et partiellement indéterminés (ex : H?N1, H?N2, H1 <sub>av</sub> N?, H1 <sub>hu</sub> N?)	0	5	0	1	0	0	6
Nombre de visites d'élevages où plusieurs souches ont été détectées simultanément		0	1	0	0	0	0	1
Caractérisation virale en cours		0	0	0	0	0	0	0

<sup>a</sup> Chaque kit de prélèvements Résavip comprend 3 écouvillons nasaux. On compte autant de visites d'élevages que de kits de prélèvements utilisés, même si le vétérinaire a utilisé plusieurs kits de prélèvements au cours du même déplacement.

Le test de laboratoire utilisé pour détecter le virus influenza A (RT-PCR gène M) est plus sensible que ceux utilisés pour le sous-typage moléculaire. Cette caractérisation est également dépendante de la qualité des prélèvements. Ainsi les virus détectés ne sont pas tous identifiés (sous-typés).



Plateforme ESA  
Epidémiosurveillance santé animale