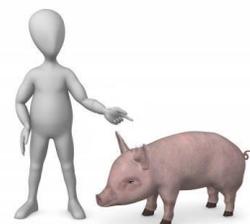
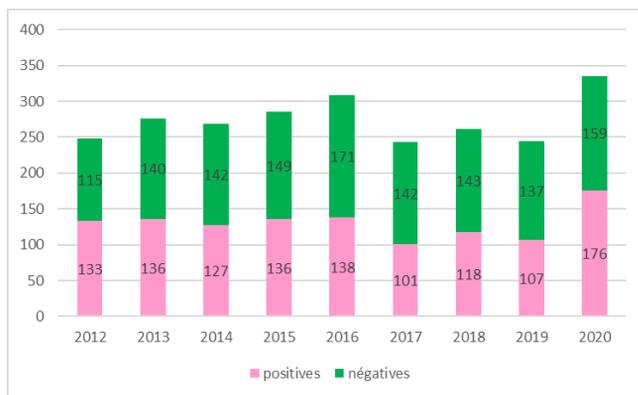


**Résavip** est le réseau national de surveillance des virus influenza A détectés chez le porc (VIP) en France métropolitaine. Son objectif est **d'approcher la diversité et la dynamique des VIP en France métropolitaine**.

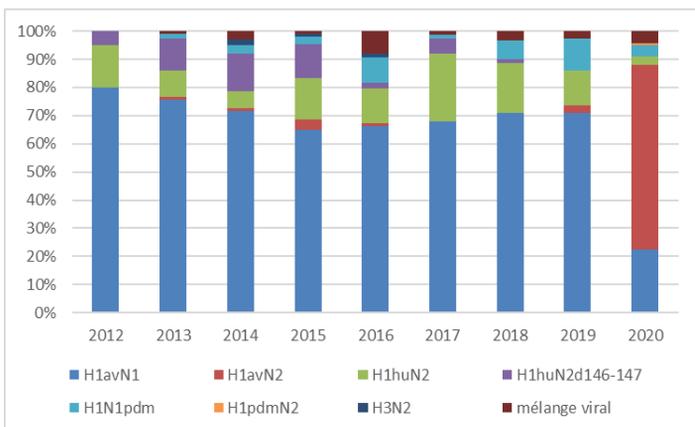
Chaque trimestre et chaque année, Résavip publie un bulletin d'information national. Ces bulletins sont publics et mis en ligne sur le site de la Plateforme ESA (<https://www.plateforme-esa.fr/>).



Résavip est un **outil de surveillance nationale**. Il offre à l'éleveur et au vétérinaire un résultat de détection (positif ou négatif) rapide. Les analyses de sous-typage sont réalisées par le **Laboratoire National de Référence Influenza porcine** (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**



**Proportions des principaux lignages de VIP identifiés par Résavip de 2012 à 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.

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@lacoopagri.coop](mailto:ldommergues@lacoopagri.coop)).

## Bilan du 4<sup>ème</sup> trimestre 2020

Avec 109 visites d'élevages, le 4<sup>ème</sup> trimestre 2020 est celui qui détient le record du nombre de visites réalisées depuis 2011. Au 4<sup>ème</sup> trimestre 2020, le lignage H1<sub>av</sub>N2 est resté majoritaire parmi les virus identifiés. Les cartes ci-dessous montrent, pour chaque trimestre de 2020, en rose les « régions Résavip » où le lignage H1<sub>av</sub>N2 a été détecté, et en vert les « régions Résavip » où des prélèvements ont été réalisés. Pour plus de précisions, un article, paru dans le Bulletin Epidémiologique Santé animale – Alimentation en janvier 2021, décrit la diffusion en 2020, d'un virus influenza porcine de génotype H1<sub>av</sub>N2. Il est accessible à partir du lien suivant : [https://be.anses.fr/sites/default/files/PER-012\\_2021-01-27\\_VIP-Herv%C3%A9\\_VF.pdf](https://be.anses.fr/sites/default/files/PER-012_2021-01-27_VIP-Herv%C3%A9_VF.pdf).



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

- 76 % (84/109) suite à un appel pour syndrome grippal
- 21 % (24/109) en visite de routine
- 3 % (3/109) non renseigné

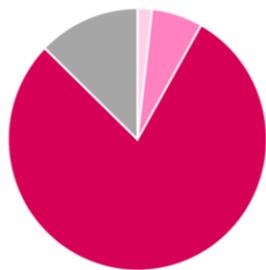
### Répartition mensuelle des visites

- 40 en octobre
- 44 en novembre
- 25 en décembre



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

- Elevages de type NE dans 78 % des cas



- Naisseur (N) (2/109)
- Naisseur-Post sevrer (NPS) (7/109)
- Naisseur-Engraisseur (NE) (87/109)
- Post sevrer (PS) (0/109)
- Post sevrer-Engraisseur (PSE) (14/109)
- Engraisseur (E) (0/109)
- NR : 1/109

### Types de gripes

- 68 gripes classiques<sup>1</sup>
- 37 gripes récurrentes<sup>2</sup>
- 4 non renseigné

### Intensité des signes cliniques

- 89 gripes d'intensité normale
- 17 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 4<sup>ème</sup> trimestre 2020



Région		Bretagne	Hauts de France	Normandie	Aquitaine	Midi Pyrénées	Pays de la Loire	TOTAL national
Nombre de visites d'élevages <sup>a</sup>		72 dont 3 ininterprétables	4	5	5	2	21	109
Nombre d'élevages négatifs		35	2	4	2	1	7	51 (48,1%)
Nombre d'élevages positifs		34	2	1	3	1	14	55 (51,9%)
VIP enzootiques	<i>Avian-like swine H1<sub>av</sub>N1</i>	7	0	0	2	1	1	11
	<i>Human-like reassortant swine H1<sub>hu</sub>N2</i>	2	0	0	0	0	0	2
	<i>Human-like reassortant swine H3N2</i>	0	0	0	0	0	0	0
	H1N1pdm	0	0	0	0	0	0	0
VIP réassortants	H1 <sub>av</sub> N2	18	0	1	1	0	10	30 (54,5%)
	H1pdmN2	0	0	0	0	0	0	0
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?)	1	1	0	0	0	3	5
Nombre de visites d'élevages où plusieurs souches ont été détectées simultanément		3	0	0	0	0	0	3
Caractérisation virale en cours		3	1	0	0	0	0	4

<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  
Epidémiologie santé animale