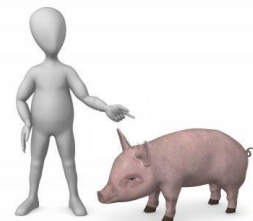
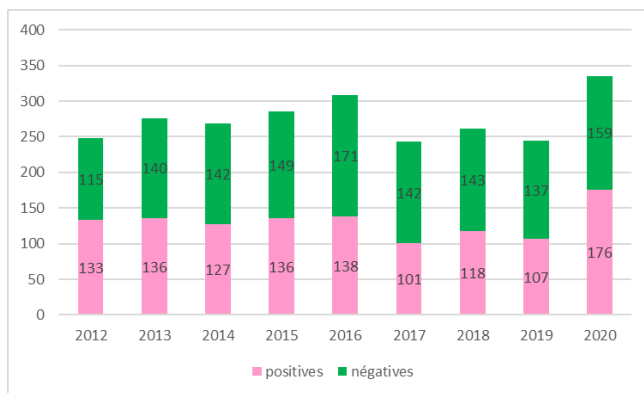


Résavip est le réseau national de surveillance des virus influenza A détectés chez le porc (VIP) en France métropolitaine. Son objectif est **d'approcher la diversité et la dynamique des VIP en France métropolitaine**.

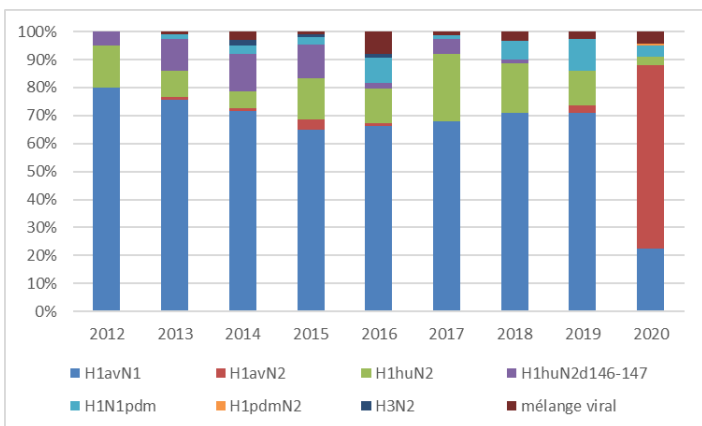
Chaque trimestre et chaque année, Résavip publie un bulletin d'information national. Ces bulletins sont publics et mis en ligne sur le site de la Plateforme ESA (<https://www.plateforme-esa.fr/>).



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



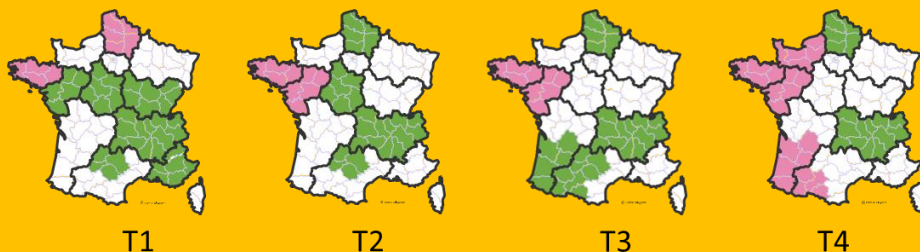
Proportions des principaux lignages de VIP identifiés par Résavip de 2012 à 2020

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_{av}N2 a augmenté** alors que la proportion de H1_{av}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).

Bilan du 4^{ème} trimestre 2020

Avec 109 visites d'élevages, le 4^{ème} trimestre 2020 est celui qui détient le record du nombre de visites réalisées depuis 2011. Au 4^{ème} trimestre 2020, le lignage H1_{av}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_{av}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_{av}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.



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

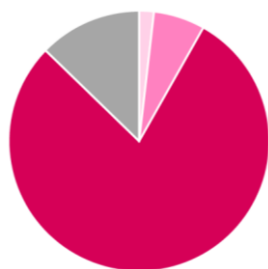
Répartition mensuelle des visites

- 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 classiques¹
- 37 gripes récurrentes²
- 4 non renseigné


Intensité des signes cliniques

- 89 gripes d'intensité normale
- 17 gripes d'intensité élevée
- 3 non renseigné

¹Forme 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.

²Forme 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^{ème} trimestre 2020



Région		Bretagne	Hauts de France	Normandie	Aquitaine	Midi Pyrénées	Pays de la Loire	TOTAL national
Nombre de visites d'élevages ^a		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_{av}N1</i>	7	0	0	2	1	1	11
	<i>Human-like reassortant swine H1_{hu}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 _{av} 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 _{av} N?, H1 _{hu} 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

^a 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