

# Bulletin d'information national

## Résultats de l'année 2019

### Bilan Résavip 2019

La population porcine surveillée en 2019 a des caractéristiques (origine de la visite, types d'élevage, catégories d'animaux...) semblables à celles surveillées chaque année depuis 2013. Des syndromes grippaux ont été observés dans tous les types d'élevage et tout au long de l'année. Ils ont atteint toutes les catégories d'animaux quel que soit leur stade physiologique.

Des virus influenza porcins (VIPs) ont été détectés lors de la moitié des visites environ (44 % ; 107/243). Cette valeur est légèrement inférieure à la proportion observée depuis le lancement du réseau (48,3%). Le lignage le plus fréquemment détecté est toujours le lignage H1<sub>av</sub>N1 (71 % , 51/72). En 2019, deux virus réassortants rH1avN2 ont été détectés en plus des VIP enzootiques habituels.



La prochaine journée dédiée à Résavip est prévue le 19 mai 2020 à Rennes. Elle est ouverte au public et destinée principalement aux vétérinaires volontaires et animateurs régionaux.



### 244 visites d'élevages réalisées dans 8 « régions Résavip »

20 visites par mois en moyenne

206 sites d'élevages différents :

- ✓ 177 visités une fois
- ✓ 23 visités deux fois
- ✓ 7 visités trois fois

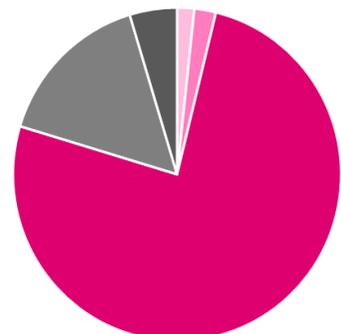
- 70,1 % (171) suite à un appel pour syndrome grippal
- 25,8 % (63) en visite de routine
- 4,1 % (10) non renseigné



### Répartition des 244 visites suivant le type d'élevage

Les visites d'élevages concernent principalement des élevages de type NE (74,9 %), l'information n'est pas disponible pour 2 élevages.

- Naisseur (N) (4)
- Naisseur-Post sevrer (NPS) (5)
- Naisseur-Engraisseur (NE) (183)
- Post sevrer (PS) (0)
- Post sevrer-Engraisseur (PSE) (38)
- Engraisseur (E) (12)



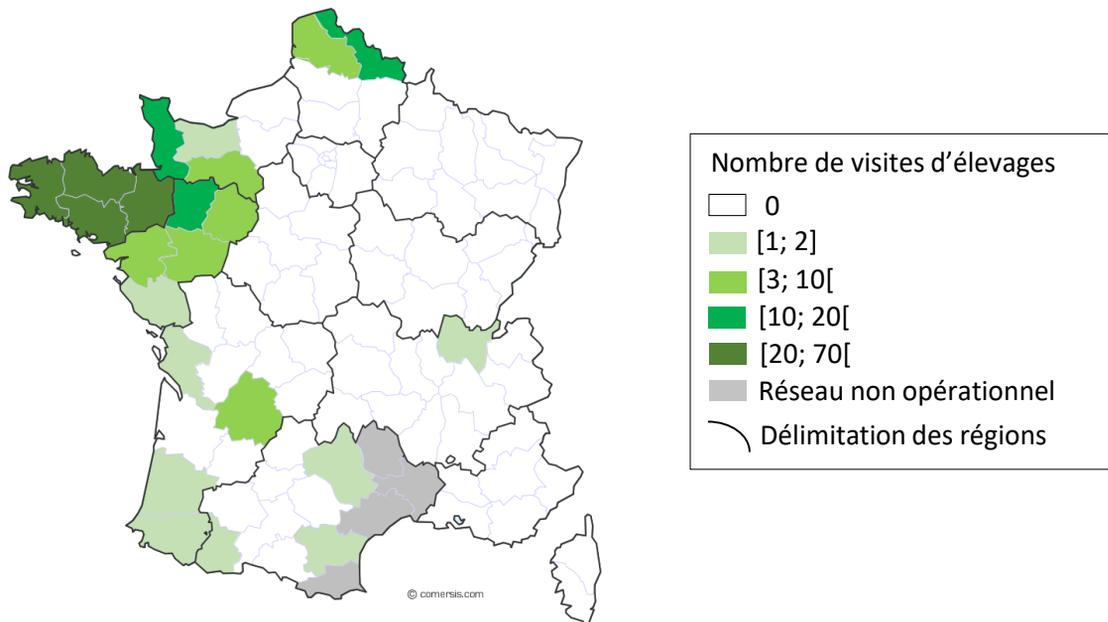


(Pour voir les résultats détaillés se reporter au tableau 1 en page 4)

**Précision :** même si cette surveillance ne garantit pas une détection très précoce des nouveaux variants dès leur apparition, ni d'avoir des informations représentatives de la prévalence ou de l'incidence de la maladie ou des virus, elle permet d'approcher la diversité et la dynamique des virus influenza A circulant chez le porc en France métropolitaine.

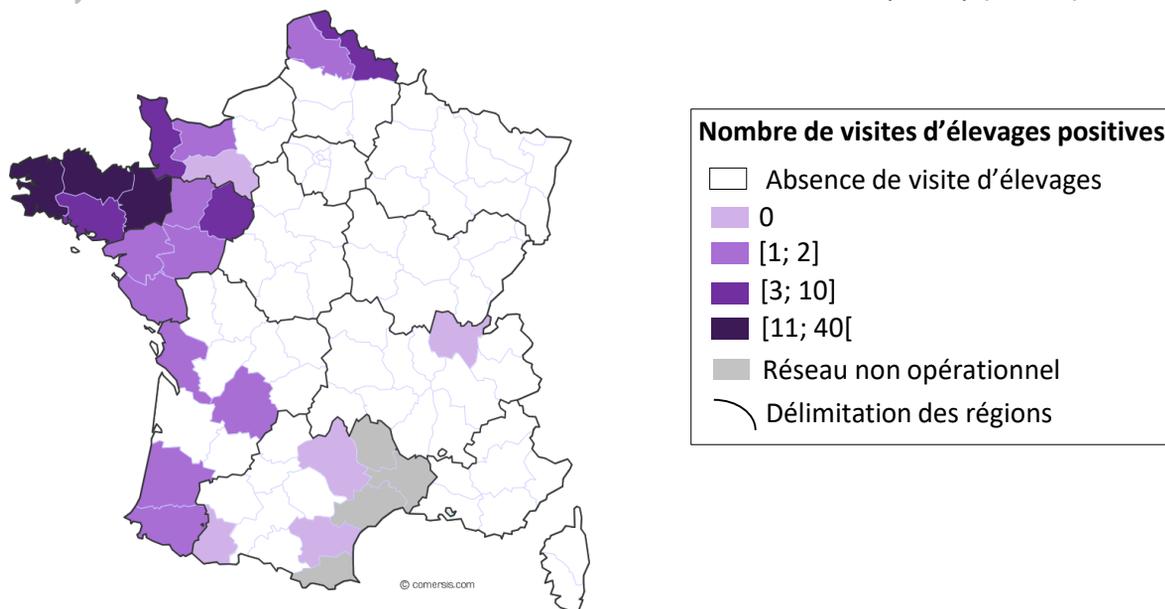
## Répartition géographique des 244 visites d'élevages réalisées en 2019

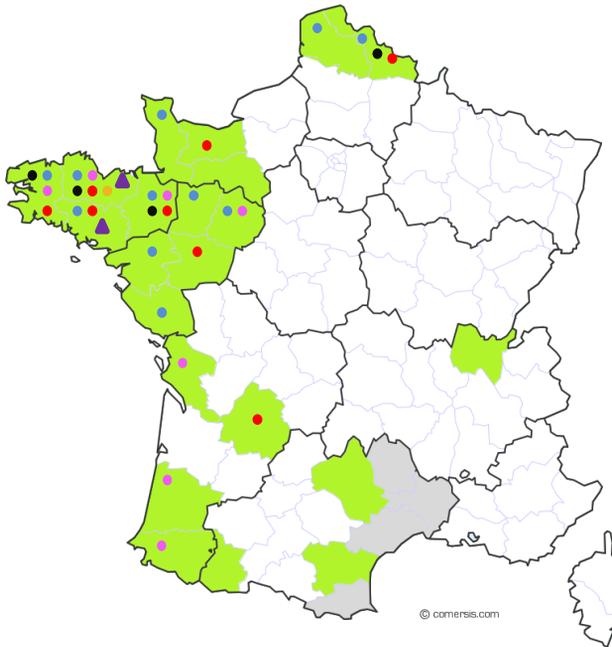
→ 7 régions et 22 départements



## Répartition géographique des visites d'élevages ayant permis la détection de VIPs (= élevages positifs) en 2019

→ Des VIPs détectés lors de la moitié des visites environ (44 %) (n=107)





## Virus identifiés (n=72)

- Aucune visite d'élevage
- Visites d'élevages
- Réseau non opérationnel
- H1<sub>av</sub>N1
- H1N1pdm
- H1<sub>hu</sub>N2
- rH1<sub>av</sub>N2
- ▲ Mélange viral

## Virus non identifiés (n=35)

- H?N? (virus partiellement ou totalement non identifiés ou caractérisation en cours)
- ⤵ Délimitation des régions

### Virus *avian-like swine* H1<sub>av</sub>N1

- ✓ VIP le plus fréquemment identifié (70,8 %; 51/72)
- ✓ Dans des élevages de type E, NE, NPS, PSE
- ✓ En Bretagne, Normandie, Nord-Pas-de-Calais et Pays de la Loire

### Virus *human-like reassortant swine* H1<sub>hu</sub>N2

- ✓ Détecté dans 12,5 % (9/72) des cas de VIPs identifiés
- ✓ Dans des élevages de type PSE, NE, E
- ✓ En Bretagne et Nord-Pas-de-Calais



### Virus réassortant rH1<sub>av</sub>N2

- ✓ Identifié dans deux élevages NE atteints de grippe récurrente en Bretagne

### Virus H1N1pdm

- ✓ Détecté dans 11,1% (8/72) des cas de VIPs identifiés
- ✓ dans huit élevages de type N et NE
- ✓ En Aquitaine, Bretagne, Pays de la Loire et Poitou-Charentes

### Mélange viral

- ✓ Mis en évidence deux fois

Les éleveurs, les vétérinaires volontaires, les animateurs régionaux, les LDAs, les SRAIs et le personnel du LNR-IP sont remerciés pour leur implication et leur travail



Région	Bretagne	France		Normandie	Nouvelle Aquitaine		Occitanie	Pays-de-la-Loire	Total National	
		Hauts de France	Nord-Pas-de-Calais		Aquitaine	Poitou-Charentes			Aura	Rhône-Alpes
Nombre de visites d'élevages <sup>a</sup> (= nombre de kits utilisés)	170	17	18	7	1	2	27	2	244	
Nombre d'élevages négatifs	94	9	9	4	0	2	17	2	137 (56,1%)	
Nombre d'élevages positifs	76	8	9	3	1	0	10	0	107 (43,9%)	
VIP enzootiques	<i>Avian-like swine</i> H1 <sub>av</sub> N1	33	4	8	0	0	0	6	0	51
	<i>Human-like reassortant swine</i> H1 <sub>hu</sub> N2	8	1	0	0	0	0	0	0	9
	<i>Variant Human-like reassortant swine</i> H1 <sub>hu</sub> N2 <sub>Δ146-147</sub>	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	<i>Human-like reassortant swine</i> H3N2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	H1N1pdm	3	0	0	2	1	0	2	0	8
VIP réassortants	2	0	0	0	0	0	0	0	2	
Autres VIP	HxNy	0	0	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? H1 <sub>hu</sub> Δ146-147N?)	23	2	1	1	0	0	2	0	36
Mélange viral (H1av/H1hu/N2)	2	0	0	0	0	0	0	0	2	
Caractérisation en cours	5	1	0	0	0	0	0	0	6	

**a** : Une visite d'élevage correspond à une suspicion qui a amené le vétérinaire à l'utilisation d'un kit de prélèvement Résavip. Il peut arriver qu'un vétérinaire réalise plus de 3 prélèvements au cours d'un même déplacement dans un site d'élevage ou effectue plusieurs déplacements successifs. Dans ce cas, on compte autant de visites que de suspicions



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-ils pas tous identifiés (sous-typés).