

Veille sanitaire internationale	
Note d'information	13/01/2022

## Cas de peste porcine africaine (PPA) en Italie continentale

Trois sangliers ont été détectés et confirmés infectés par la PPA entre le 03 et le 07/01/2022 dans le Piémont et en Ligurie

*Pour le comité de rédaction de la Plateforme ESA : Jean-Philippe Amat, Eric Cardinale, Sophie Carles, Julien Cauchard, Céline Dupuy, Sylvain Falala, Guillaume Gerbier, Viviane Hénaux, Yves Lambert, Carlène Trévennec, Renaud Lancelot*

*Pour le LNR : Olivier Bourry, Marie-Frédérique Le Potier*

Auteur correspondant : [plateforme-esa@anses.fr](mailto:plateforme-esa@anses.fr)

### Trois cas sauvages détectés à la frontière entre le Piémont et la Ligurie

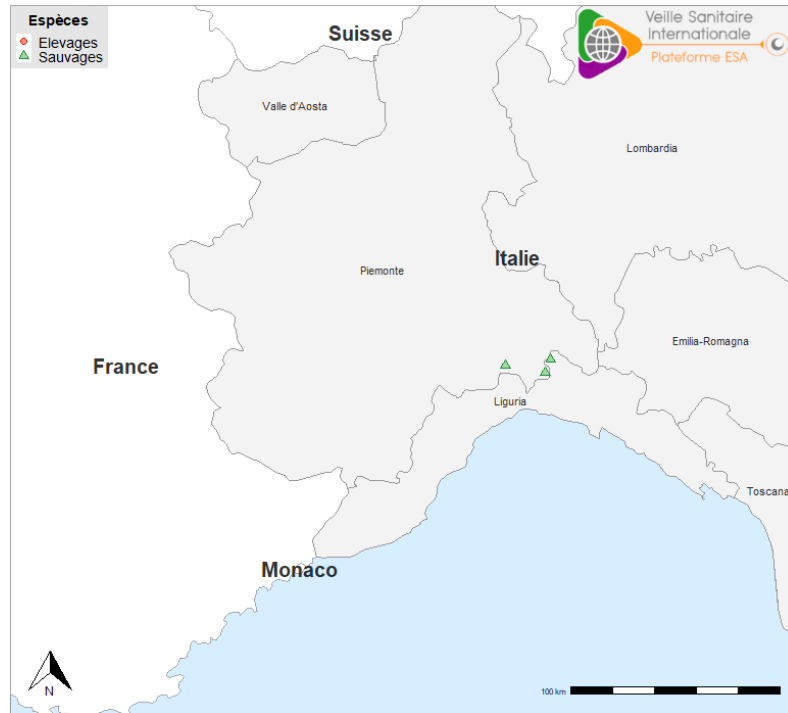
Un premier cas de peste porcine africaine (PPA) chez un sanglier a été détecté le 05/01/2022 sur la commune d'Ovada dans le Piémont et confirmé par PCR le 06/01/2022. Le cas se situe à moins de 100 km de la frontière avec la France (source : Commission européenne ADIS le 07/01/2022). Deux cas ont ensuite été détectés à proximité dans la commune de Fraconalto au Piémont et dans la commune d'Isola del Cantone en Ligurie, dans une région montagneuse où une forte densité de sangliers est signalée.

La distance maximale entre deux cas est de 25 kilomètres. L'EFSA a estimé la vitesse de propagation moyenne de la PPA entre 2,9 et 11,7 km par an mais indique qu'elle peut être supérieure dans des zones à forte densité de sangliers (source : [EFSA janvier 2020](#)). En 2019 en Belgique, la vitesse de propagation avait été estimée à 2,9 km par mois (source : [Munoz et al. 2019, article Plateforme ESA](#)). Ainsi, la distance constatée entre ces premiers cas italiens laisse supposer une détection tardive de l'infection.

La zone infectée initialement mise en place (78 communes) a été étendue le 12/01/2022 à 114 communes (78 dans le Piémont et 36 en Ligurie) (Source : [région du Piémont le 12/01/2021](#)).

### Le virus isolé en Italie est de génotype II, comme ceux circulant actuellement en Allemagne et dans l'est de l'Europe

Comme pour les souches du reste de l'Europe (hors Sardaigne), la souche isolée dans le Piémont appartient au génotype II excluant une contamination venant de Sardaigne où la PPA de génotype I est présente depuis 1978. Le cas le plus proche (hors Sardaigne) en Europe continentale a été confirmé en Hongrie à 592 km de distance.



**Figure 1.** Localisation des cas de peste porcine africaine détectés en Italie dans le Piémont et en Ligurie (source : ADIS commission européenne le 12/01/2022).

**Encadré. Distribution géographique des différents génotypes du virus de la peste porcine africaine**

La PPA est due au virus du même nom qui est classée par l’OIE comme étant la première source de mortalité des porcs domestiques dans le monde.

On compte à ce jour 24 génotypes différents du virus de la PPA. Ils sont tous présents sur le continent africain mais seuls deux génotypes ont été identifiés en dehors de l’Afrique, le génotype I depuis 1958 et le génotype II depuis 2007.

Le virus de génotype II est responsable de l’épizootie qui a débuté en 2007 en Géorgie et qui s’est propagée depuis en Russie, Europe, Chine, Asie du sud-est et plus récemment aux Caraïbes (Haïti et République dominicaine).

La PPA en Sardaigne, considérée comme enzootique depuis 1978, est due au virus de génotype I. Le virus de génotype I a également été isolé en 2021 au sein d’élevages en Chine, provoquant des formes chroniques de la maladie.

**Références**

Njau, E. P., J. B. Domelevo Entfellner, E. M. Machuka, E. N. Bochere, S. Cleaveland, G. M. Shirima, L. J. Kusiluka, C. Upton, R. P. Bishop, R. Pelle et E. A. Okoth. 2021. "The first genotype II African swine fever virus isolated in Africa provides insight into the current Eurasian pandemic." *Sci Rep* 11 (1): 13081. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-92593-2>.

Sun, E., L. Huang, X. Zhang, J. Zhang, D. Shen, Z. Zhang, Z. Wang, H. Huo, W. Wang, H. Huangfu, W. Wang, F. Li, R. Liu, J. Sun, Z. Tian, W. Xia, Y. Guan, X. He, Y. Zhu, D. Zhao et Z. Bu. 2021. "Genotype I African swine fever viruses emerged in domestic pigs in China and caused chronic infection." *Emerg Microbes Infect* 10 (1): 2183-2193. <https://doi.org/10.1080/22221751.2021.1999779>.

Ce document créé dans le cadre de la Plateforme d’épidémiologie en santé animale (ESA) peut être utilisé et diffusé par tout média à condition de citer la source comme suit et de ne pas apporter de modification au contenu « © <https://www.plateforme-esa.fr/> »