



Plateforme

ESA

Rapport d'activité 2021

Réseau national de surveillance des
virus influenza A chez le Porc en
France métropolitaine

21.03.2022



Contributeurs :

Laure Dommergues¹, Emmanuel Garin², Nicolas Rose³, Sébastien Wendling⁴, Olivier Toulouse⁵, Alexandra Grasteau⁶, Céline Dupuy⁷, Gaëlle Simon⁸ et Séverine Hervé⁸

- (1) La Coopération Agricole, Paris, France
- (2) GDS France, Paris, France
- (3) Anses, Unité Epidémiologie, Santé et Bien-être, Ploufragan, France
- (4) DGAI, BDSPA, Paris, France
- (5) SNGTV, Paris, France
- (6) ADILVA, Paris, France
- (7) Anses, Plateforme ESA, Lyon, France
- (8) Anses, Laboratoire national de référence Influenza Porcin, Ploufragan, France

Remerciements :

Résavip remercie les éleveurs, les vétérinaires volontaires, les animateurs régionaux, les LDAs et le personnel du LNR-IP pour leur implication et leur travail

Membres du groupe de suivi Virus Influenza Porcins (VIP)



I. Résumé

Neuf indicateurs de fonctionnement calculés en 2021 étaient conformes aux valeurs cibles, ce qui témoigne du bon fonctionnement du réseau. Les deux autres indicateurs n'ont pas de valeur cible.

La population porcine surveillée dans le cadre de Résavip en 2021 avait des caractéristiques (motif 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.

Le résultat marquant de la surveillance en 2021 est la confirmation du changement de situation épidémiologique commencé en 2020. Alors que le lignage de virus influenza porcins (VIP) majoritaire était H1_{av}N1 depuis la création de Résavip en 2011 jusqu'en 2019, la fréquence de détection du lignage H1_{av}N2 a augmenté pour représenter plus de la moitié des virus identifiés en 2020 et en 2021.

En 2021, le CNR (Centre National de référence) des virus des infections respiratoires a détecté chez un homme une infection par un virus influenza A(H1N2)v d'origine porcine. Ce virus était génétiquement proche du virus porcine de génotype « H1_{av}N2 #E », le lignage détecté majoritairement par Résavip depuis 2020. Les travaux de recherche menés par le LNR (Laboratoire National de Référence) Influenza Porcin (Anses) en aval de la surveillance conduite par Résavip avaient permis d'identifier ce nouveau génotype parmi les virus H1_{av}N2 et d'étudier plus finement certaines propriétés du virus. Cela a permis au LNR IP de répondre très rapidement aux interrogations de leurs homologues du CNR au sujet de ce virus.

La circulation d'un génotype viral supplémentaire dans les élevages augmente les risques d'infections simultanées par plusieurs virus influenza A différents, lesquelles peuvent elles-mêmes conduire à l'émergence de nouveaux virus réassortants, toujours plus nombreux et dont l'impact ne peut être prédit. Ceci montre d'autant plus la plus-value de disposer d'un dispositif de surveillance tel que Résavip.

Table des matières

I.	Résumé.....	3
II.	Introduction	5
III.	Fonctionnement du réseau Résavip.....	5
IV.	Population surveillée.....	7
	A. Répartition géographique des prélèvements	7
	B. Types d'élevages et d'animaux surveillés	8
V.	Situation sanitaire vis-à-vis des VIP	9
	A. Signes cliniques	9
	B. Virus détectés.....	9
	C. Focus H1 _{av} N2	11
VI.	Activité du Groupe de suivi Virus Influenza Porcins (GS-VIP)	12
	A. Vie du groupe	12
	B. Réalisations du groupe	12
	C. Communication	12
VII.	Conclusion	14
VIII.	Annexes	14
	A. Récapitulatif des indicateurs présentés	14
	B. Programme de la journée Résavip 2021	16
	C. Retour sur le cas d'infection d'un homme par le virus influenza A(H1N2)v clade 1C.2.4 d'origine porcine	17

II. Introduction

Comme en 2020, le rapport d'activité de Résavip portant sur l'année 2021 se concentre sur un nombre restreint d'indicateurs considérés par le groupe de suivi des Virus Influenza Porcins (GS-VIP) de la plateforme ESA comme cruciaux. La définition et la méthode de calcul des indicateurs sont identiques à celles définies dans le [rapport 2017-2019](#), disponible en ligne sur le site de la plateforme ESA.

Les indicateurs ont été répartis en trois catégories : le fonctionnement du réseau Résavip, la population porcine surveillée par Résavip, la situation sanitaire en France métropolitaine vis-à-vis des VIP (virus influenza porcins). L'activité du GS-VIP ne fait pas l'objet d'indicateurs et est traitée dans une quatrième partie. Les parties concernant la population surveillée et la situation sanitaire reprennent les données publiées dans le Bulletin d'Information National Annuel (BINA) 2021, également disponible [sur le site de la plateforme ESA](#). Une annexe liste les références des indicateurs utilisés pour faire le lien avec ceux définis dans le rapport 2017-2019.

III. Fonctionnement du réseau Résavip

Le rôle des acteurs de Résavip est présenté à la Figure 1. La coordination du réseau est assurée à deux niveaux : au niveau national par La Coopération Agricole (LCA) et au niveau régional par les animateurs régionaux issu du réseau coopératif et GDS. Le GS-VIP assure un appui scientifique et technique au dispositif VIP. Les indicateurs de fonctionnement de Résavip évaluent chaque étape de fonctionnement du dispositif de surveillance. Onze indicateurs ont été retenus pour évaluer :

- La détection des cas (Figure 2), trois indicateurs
- La collecte des données (Figure 3), deux indicateurs
- La circulation des données (Figure 4), trois indicateurs
- Le retour d'information (Figure 5), trois indicateurs

Pour l'année 2021, une cible a été définie pour le pourcentage de porcs prélevés présentant une hyperthermie supérieure à 40,5°C : entre 33 et 100 %. Cela correspond à avoir en moyenne au moins un porc par visite avec une hyperthermie supérieure à 40,5°C.

Tous les indicateurs de fonctionnement étaient conformes en 2021.

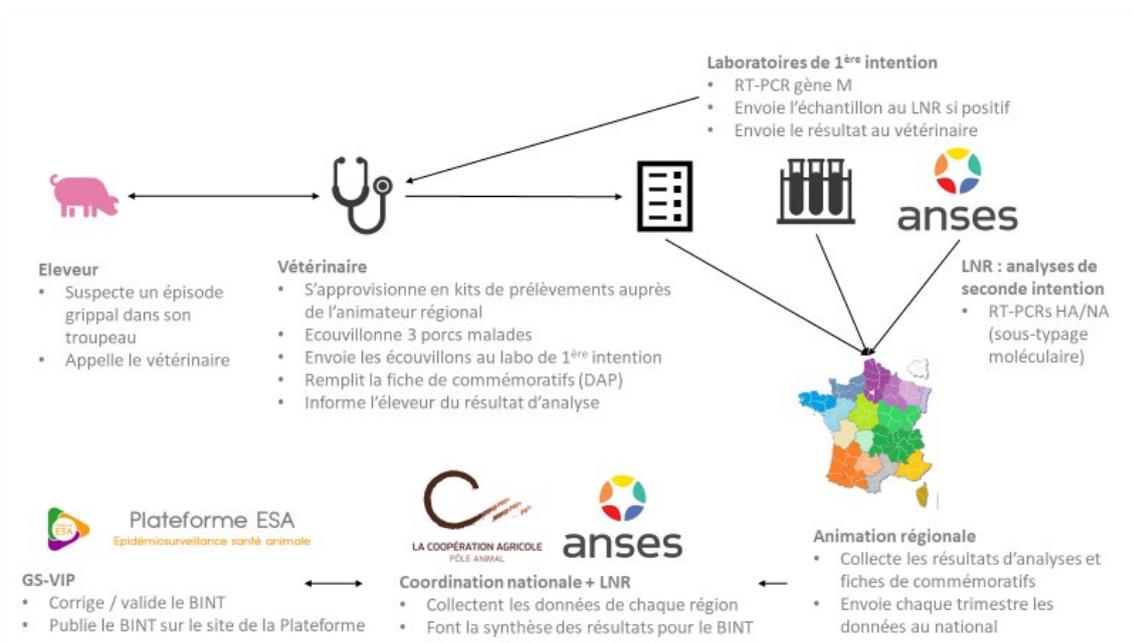


Figure 1 : Rôles des acteurs de Résavip (LNR= Laboratoire National de Référence).

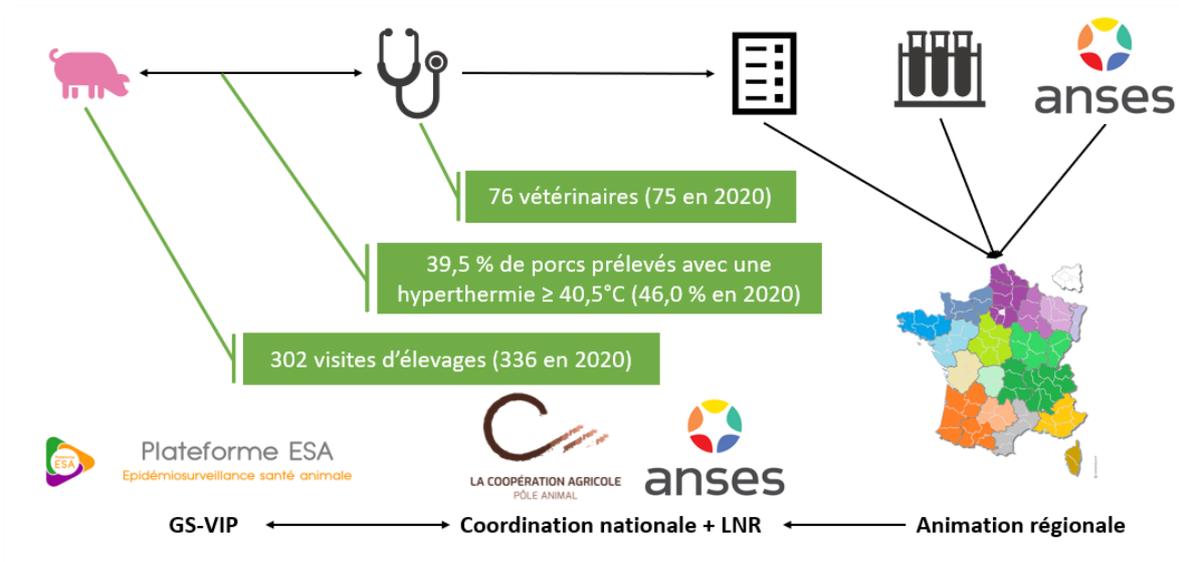


Figure 2 : Indicateurs permettant d'évaluer la capacité à détecter des cas de grippe porcine (vert = conforme).

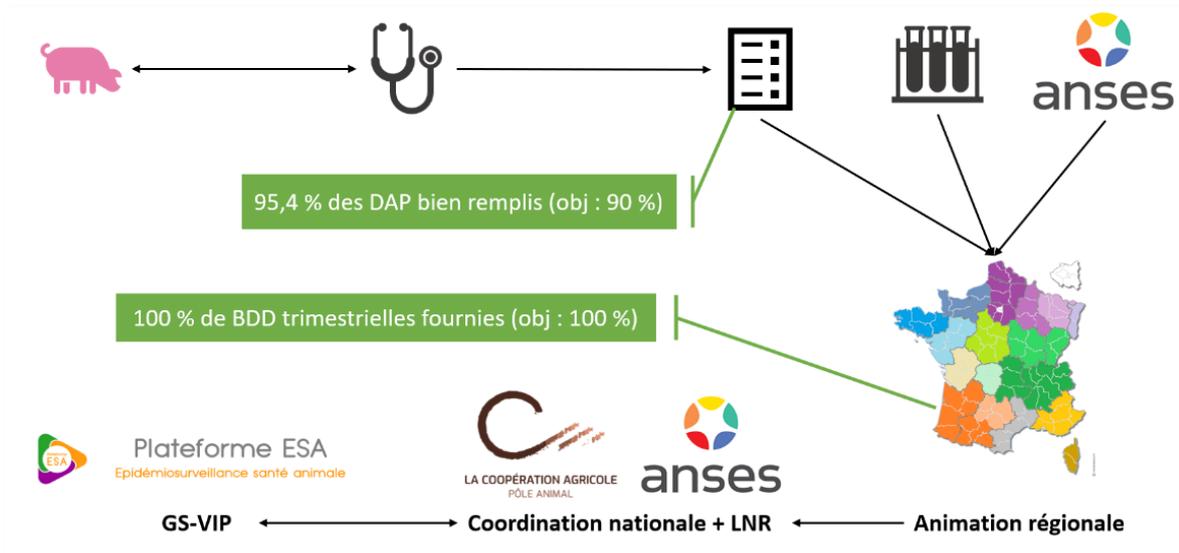


Figure 3 : Indicateurs permettant d'évaluer la qualité de la collecte des données (vert = conforme).

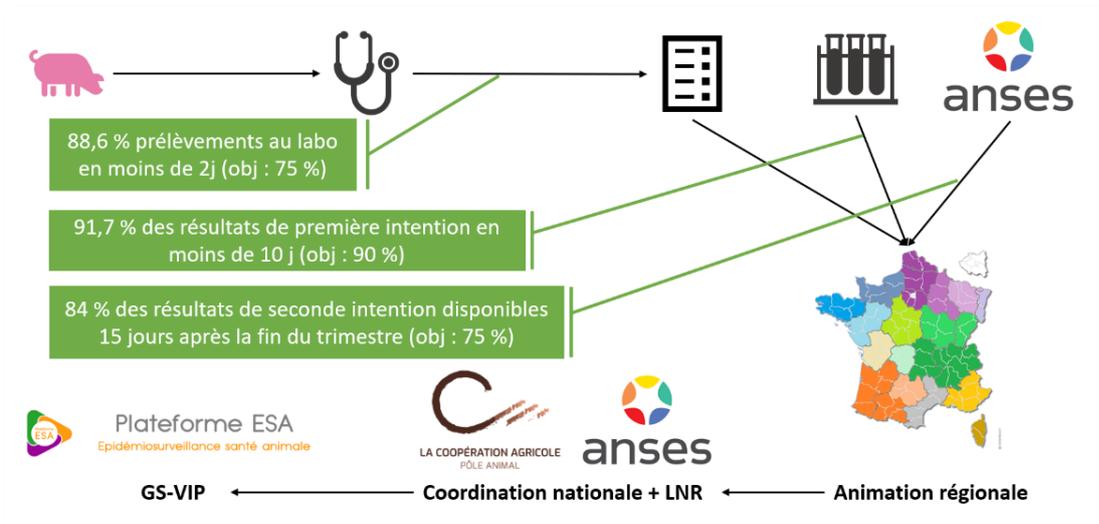


Figure 4 : Indicateurs permettant d'évaluer la rapidité de la circulation des données (vert = conforme).

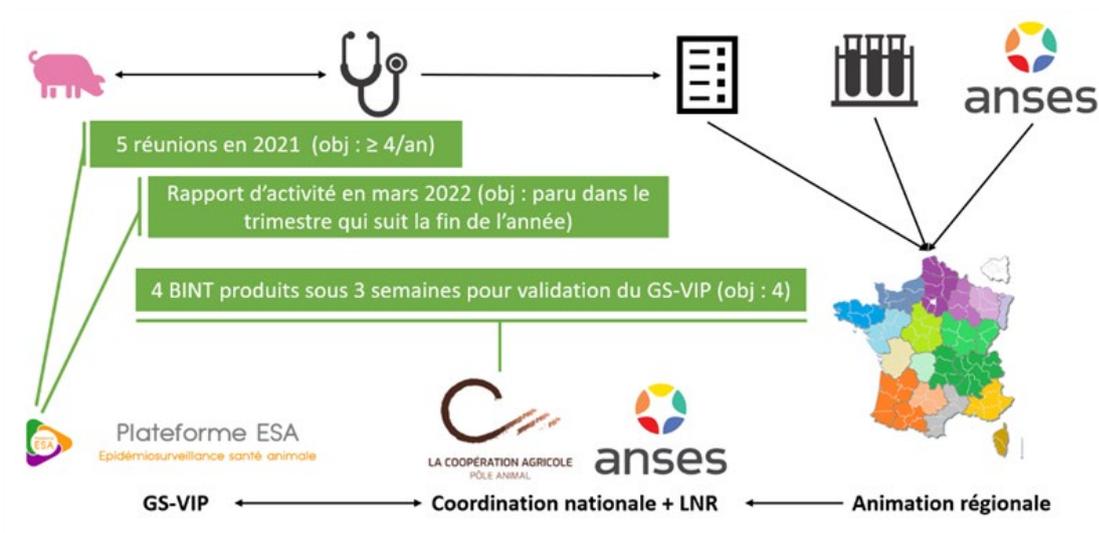


Figure 5 : Indicateurs permettant d'évaluer le retour d'information vers les membres du réseau (vert = conforme).

IV. Population surveillée

A. Répartition géographique des prélèvements

302 visites d'élevages ont été réalisées en 2021 (336 en 2020) dans le cadre de Résavip. C'est la 3^{ème} fois que Résavip atteint plus de 300 visites. Elles concernaient 238 sites d'élevages différents (272 en 2020), définis par leur IDM¹ :

- 186 sites ont été visités une fois
- 44 sites ont été visités deux fois
- 8 sites ont été visités trois à six fois

¹ Indicatif de marquage= numéro unique attribué à chaque site d'élevage porcin en France

Les visites ont eu lieu dans 24 départements (comme en 2020) de 10 régions administratives (comme en 2020). Les départements bretons sont ceux qui comptaient le plus de prélèvements (Figure 6).

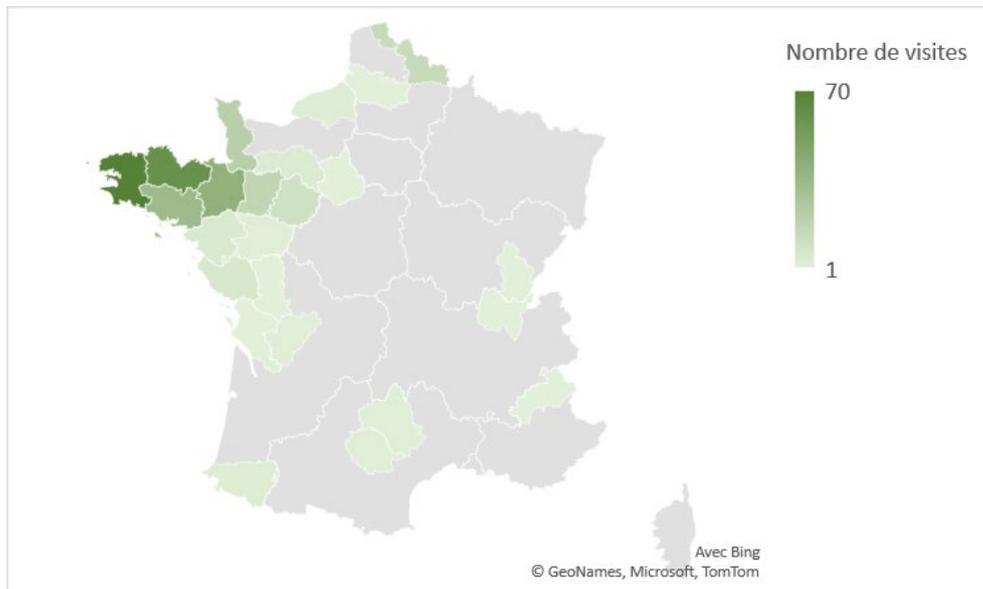


Figure 6 : Répartition des visites d'élevages par département en 2021

Dans plus de trois quarts des cas, les visites ont eu lieu à la suite de l'appel d'un éleveur pour un syndrome grippal (Figure 7).

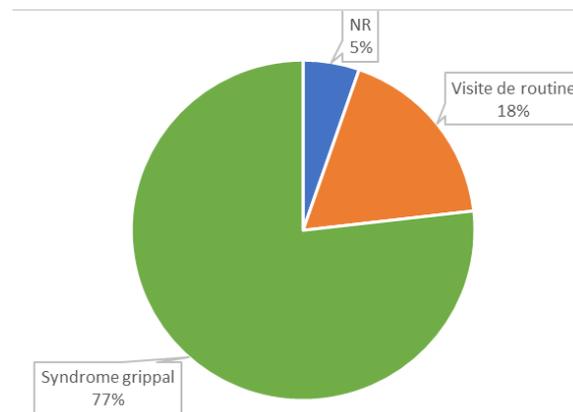


Figure 7 : Motif de la visite du vétérinaire dans l'élevage.

B. Types d'élevages et d'animaux surveillés

Les visites d'élevages ont concerné principalement des élevages de type naisseur engraisseur (71,4 % en 2021 contre 71,7 % en 2020) ; l'information n'est pas disponible pour un élevage (Figure 8). Les animaux prélevés étaient des porcs en croissance dans 77,2 % des cas (81,7 % en 2020).

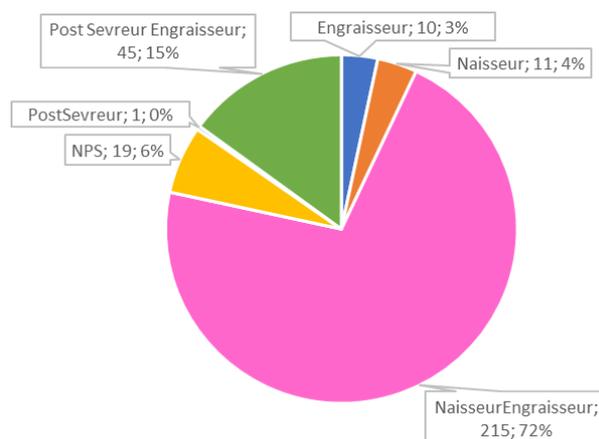


Figure 8 : Types d'élevages où des prélèvements ont été réalisés en 2021

V. Situation sanitaire vis-à-vis des VIP

A. Signes cliniques

En 2021, sur les 283 visites pour lesquels l'information était disponible, la moitié (50,2 %) ont été réalisées dans le cadre d'épisodes de grippe classique d'intensité normale (Tableau 1) contre 46,4 % en 2020. La fréquence des visites dont les symptômes étaient caractérisés par une forme classique² de la maladie mais avec une intensité élevée des signes cliniques a baissé (15,2 % en 2021 contre 17,9 % en 2020).

Tableau 1 : Type de grippe et intensité des symptômes

	Intensité élevée	Intensité normale
Forme classique	43 (15,2 %)	142 (50,2 %)
Forme récurrente	14 (4,9 %)	84 (29,7 %)

B. Virus détectés

Des VIPs ont été détectés lors de 127 visites, soit 42 % (52 % en 2020). Ce niveau de positivité (en-dessous de 50 %) est plus communément observé depuis plusieurs années de surveillance événementielle, pointant l'année 2020 comme ayant connu une situation exceptionnelle. En 2021, les proportions des différents lignages détectés (Tableau 2) étaient similaires à 2020. La répartition annuelle, depuis 2012, des lignages identifiés à la suite des analyses de seconde intention (sous-typage moléculaire) est présentée à la Figure 9. La répartition des lignages dans les différentes régions en 2021 est présentée à la Figure 10.

² Forme classique : 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.

Forme récurrente : forme persistante à l'échelle de l'élevage, se répétant sur chaque bande ou presque dans une gamme d'âge déterminée.

Tableau 2 : lignages détectés en 2021

Lignage	Nombre	Proportion
H1 _{av} N2	59	46,5 %
H1 _{av} N1	27	21,3 %
H1 _{hu} N2	2	1,6 %
H1N1pdm	8	6,3 %
H1pdmN1 ³	3	2,4 %
H1pdmN2	1	0,8 %
Mélange viral (plusieurs lignages détectés simultanément)	1	0,8 %
Virus non ou partiellement identifié	26	20,5 %

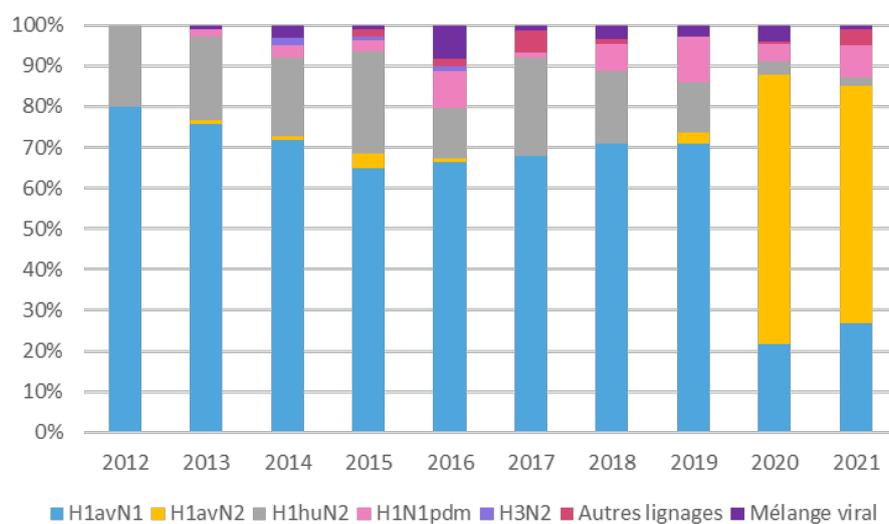


Figure 9 : Proportions des différents lignages identifiés par les analyses de seconde intention de 2012 à 2021. La catégorie « autres lignages » comprend H1pdmN1, H1pdmN2.

³ Les virus H1pdmN1 et H1pdmN2 ont la même hémagglutinine que H1N1pdm (descendant du virus pandémique de 2009) mais n'ont pas la même neuraminidase. Il s'agit de réassortants. Tous les virus H1pdmN1 ne sont pas forcément apparentés, seules des analyses génétiques plus poussées permettraient de le savoir.

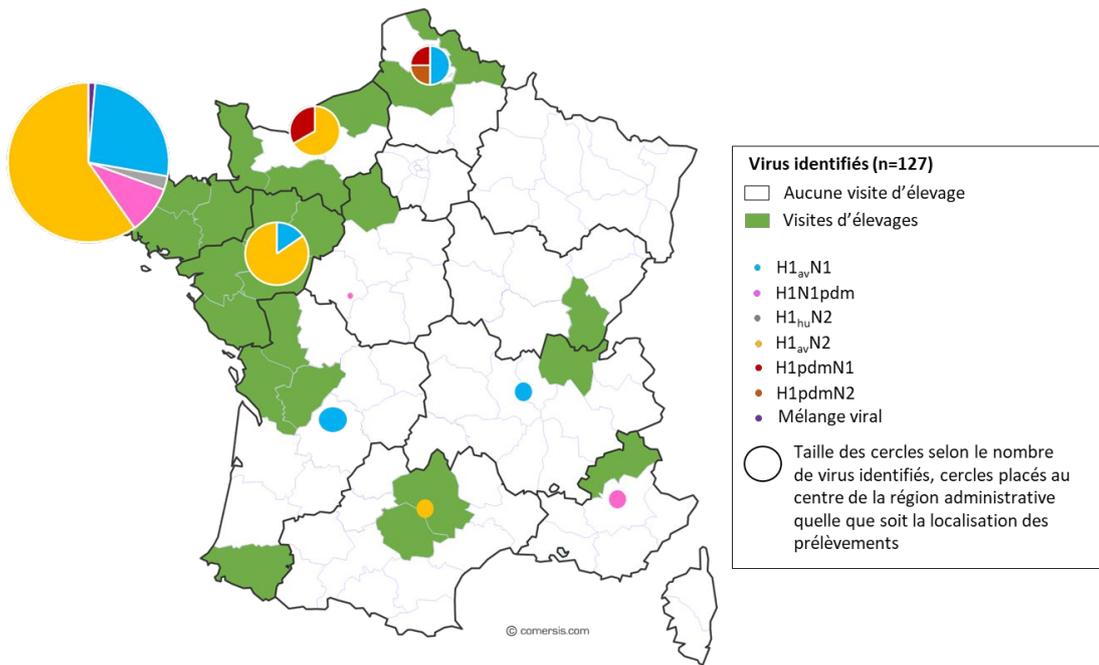


Figure 10 : Proportions des différents lignages par région en 2021. Les départements où des prélèvements ont été réalisés sont en vert.

C. Focus H1_{av}N2

En 2021 comme en 2020, le lignage majoritaire était H1_{av}N2, et il était détecté principalement dans l'Ouest de la France (Figure 11).

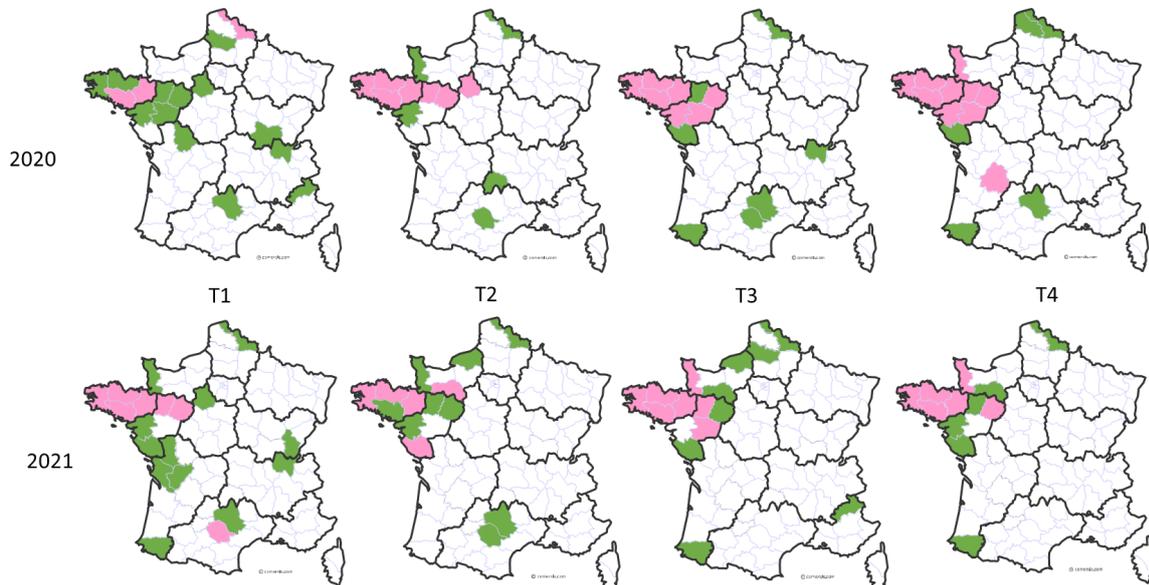


Figure 11 : Détection du lignage H1_{av}N2 par Résavip en 2020 et 2021. En vert les départements avec des prélèvements où H1_{av}N2 n'a pas été détecté au cours du trimestre, en rose, les départements où H1_{av}N2 a été détecté au cours du trimestre. T = trimestre.

Le LNR a effectué une analyse de sous-typage complémentaire sur tous les virus H1_{av}N2 détectés, afin de connaître leur génotype⁴. En 2021, les 59 virus étaient de génotype #E. En 2020, 95 virus sur 100 (95 %) étaient de génotype #E, 1 était de génotype #F (dans les Hauts de France), 1 de génotype #A (détecté dans le cadre d'un mélange viral en Bretagne) et 3 n'avaient pas été typés (2 issus de visites multiples déjà testées H1_{av}N2 #E et 1 cas indéterminé à cause de la faible charge virale).

En complément de ces résultats, l'Anses (unité EPISABE et LNR) étudie la diffusion de ce virus H1_{av}N2. Les deux hypothèses principales sont la contamination de proche en proche (voisinage géographique) et/ou la diffusion via des mouvements de porcs (à plus longue distance). Pour cela, l'Anses utilise des données issues de BDPorc et les IDM des élevages où ce lignage a été détecté. Les IDM des élevages concernés sont fournis au LNR par les animateurs régionaux de Résavip après réception des résultats d'analyses. L'étude aura pour objectif d'identifier les chaînes de transmission les plus probables en conservant l'anonymat des élevages qui ont fait l'objet de l'étude. Les résultats porteront in fine sur les facteurs contribuant aux chaînes de transmission observées (ou reconstituées).

VI. Activité du Groupe de suivi Virus Influenza Porcins (GS-VIP)

A. Vie du groupe

En 2021, le groupe de suivi s'est réuni quatre fois par visio-conférence et une fois en présentiel.

Deux membres du GS-VIP ont quitté le groupe du fait de changements dans leur carrière professionnelle. Ils n'ont pas été remplacés.

B. Réalisations du groupe

Sur proposition du GS-VIP et après accord du Copil ESA, une convention visant à évaluer l'intérêt de regrouper les données Résavip et Ceva a été signée entre La Coopération Agricole (LCA) et Ceva. LCA et Ceva ont créé un fichier avec leurs données compilées sur la période 2015-2020. L'analyse de ce fichier a commencé et fera l'objet d'un rapport spécifique corédigé par les deux parties courant 2022.

L'animatrice du GS-VIP a travaillé avec l'équipe en appui transversal de la plateforme ESA sur l'automatisation de la production des figures du BINT. Cela a été l'occasion de moderniser la forme de ces bulletins.

La nouvelle version de la note de service DGAL et une charte du réseau Résavip avaient été rédigées et transmises pour validation à la DGAL le 26/10/2020. Ces documents présentent le réseau Résavip et les rôles des différents acteurs mais n'ont pas encore fait l'objet d'une publication en 2021.

Une synthèse des activités du groupe est aussi présentée dans le rapport d'activité de la plateforme ESA.

C. Communication

Les quatre BINT de l'année 2021, le BINA 2021, et le rapport d'activité portant sur la période 2020 ont été mis en ligne sur le **site de la plateforme ESA** dans la partie « [Bilans et résultats](#) » de la page Résavip. Le lien vers une vidéo de présentation de Résavip, enregistrée dans le cadre d'une journée technique organisée par l'IFIP, est disponible dans la partie « Actualités » de la page Résavip. Ces documents sont en libre accès.

⁴ Voir la description des génotypes dans cet article : [Identification d'un nouveau virus influenza porcine H1_{av}N2 dans plusieurs élevages en Bretagne](#) (Hervé et al. 2020)

Un **article** intitulé « [diffusion en 2020, dans les élevages de porcs du Nord-Ouest de la France, d'un virus influenza porcin H1_{av}N2 d'un génotype nouvellement introduit en Bretagne](#) » a été publié dans le bulletin épidémiologique début 2021.

Le 16 juin 2021, le GS-VIP et LCA ont organisé la « **Journée annuelle Résavip** », en visio-conférence (Figure 12). Cette journée était « ouverte au public », c'est-à-dire que l'invitation n'était pas restreinte aux membres de Résavip (animateurs régionaux, laboratoires, vétérinaires volontaires, GS-VIP). Environ 90 personnes se sont connectées à l'évènement. Le programme des présentations est rappelé en [annexe](#).



Figure 12 : invitation à la journée Résavip

En septembre 2021, un **cas humain** de grippe causé par un virus porcin a été détecté. L'animatrice du GS-VIP a intégré la cellule de coordination professionnelle nationale qui a rédigé des éléments de langage sur la grippe porcine et organisé la réponse aux éventuelles sollicitations médiatiques. Le GS-VIP a rédigé un document d'information à destination des animateurs régionaux, vétérinaires et laboratoires membres du réseau (cf. [annexe](#)).

Deux présentations de Résavip ont été faites lors de réunions professionnelles.

VII. Conclusion

Le calcul des indicateurs montre que le fonctionnement de Résavip a été très satisfaisant en 2021. Les non-conformités relevées en 2020 qui concernaient la réactivité de la circulation des informations ont été levées. La population surveillée en 2021 était similaire aux années précédentes. Le taux de visites positives a diminué en 2021 par rapport à 2020 pour retrouver une valeur similaire à celle des années précédentes. L'évolution de la situation épidémiologique des différents lignages de VIP à la suite de l'émergence et la diffusion d'un nouveau virus en 2020 s'est confirmée en 2021.

La surveillance au travers du dispositif Résavip et le travail de recherche continu mené en aval sur l'évolution des souches à partir des données de surveillance ont permis au LNR IP de répondre très rapidement aux interrogations de leurs homologues du Centre National de Référence (CNR) des virus des infections respiratoires à l'institut Pasteur, lors de la détection d'un cas humain d'infection à un virus influenza d'origine porcine. Lorsque Résavip a été informé de la survenue d'un cas humain d'infection à un virus influenza A(H1N2)v clade 1C.2.4 d'origine porcine (virus H1_{av}N2 #E), le GS-VIP s'est rapidement mobilisé pour diffuser des éléments d'informations factuels aux membres du réseau.

La circulation d'un génotype viral supplémentaire dans les élevages augmente les risques d'infections simultanées par plusieurs virus influenza A différents, lesquelles peuvent elles-mêmes conduire à l'émergence de nouveaux virus réassortants, toujours plus nombreux et dont l'impact ne peut être prédit. De plus, en surveillant une maladie émergente et à potentiel zoonotique, Résavip s'inscrit dans une dynamique « One Health » de prévention et répond aux obligations de la Loi Santé Animale (article 3 du R2020-689). Ceci montre d'autant plus la plus-value de disposer d'un dispositif de surveillance tel que Résavip.

VIII. Annexes

A. Récapitulatif des indicateurs présentés

Tableau 3 : Références des indicateurs de fonctionnement calculés en 2021

Référence	Titre	Valeur en 2021	Conformité (cible)
ISSA-1	Nombre de visites d'élevages	302	Pas de cible
ISSA-1bis	Nombre de vétérinaires	76	Pas de cible
ISSA-15	Pourcentage de porcs > 40,5°C	39,5 %	Conforme (≥ 33 %)
IFR-4	Pourcentage de DAP bien remplis	95,4%	Conforme (≥ 90 %)
IFN-3	Pourcentage de BDD trimestrielles transmises	100%	Conforme (100 %)
IFN-11	Proportion de prélèvement arrivés au LDA sous 2 jours	88,6%	Conforme (≥ 75 %)
IFN-8	Proportion de résultats fournis par le LDA sous 10 jours	91,7%	Conforme (≥ 90 %)
IFN-6	Proportion de résultats fournis par le LNR dans les 15 jours qui suivent la fin du trimestre	84%	Conforme (≥ 75 %)
IFN-1	Nombre de réunions du GS-VIP	5	Conforme (≥ 4)
IFN-2	Nombre de BINT publiés sous 1 mois	4	Conforme (4)
IFN-2bis	RA publié dans le premier trimestre de l'année suivante	1	Conforme (1)

Tableau 4 : Références des indicateurs de population surveillée calculés en 2021

Référence	Titre
ISSA-4	Multiplicité des visites d'élevages
ISSA-3	Répartition départementale des visites d'élevages
ISSA-5	Motif d'intervention
ISSA-6	Types d'élevages prélevés
ISSA-13	Catégorie d'animaux prélevés

Tableau 5 : Références des indicateurs de situation sanitaire calculés en 2021

Référence	Titre
ISSA-30	Type de grippe et intensité des symptômes
ISSA-22	Proportion d'élevages positifs
ISSA-31	Sous-types viraux identifiés
ISSA-32	Répartition géographique des sous-types viraux

B. Programme de la journée Résavip 2021



PROGRAMME

Visio-Conférence Influenza 10h-13h
Mercredi 16 juin 2021

Accueil des personnes connectées à partir de 9h45

-  **10h : Ouverture de la visio-conférence/ Introduction**
par Laure Dommergues, Dr Vétérinaire épidémiologiste, La Coopération Agricole
-  **10h10 : Résavip en pratique**
par Ludovic Lecarpentier, Dr Vétérinaire, SNGTV
-  **10h40 : Bilan des surveillances et du fonctionnement du réseau**
par Laure Dommergues, Dr Vétérinaire épidémiologiste, La Coopération Agricole
-  **11h15 : Epizootie à virus H1_{av}N2 en 2020, que connaissons-nous de son étiologie ?**
par Séverine Hervé et Gaëlle Simon, LNR Influenza Porcin, Anses
-  **11h50 : Cas clinique**
par David Peroz et Nathalie Bouché, Dr Vétérinaires, Atlantic Veterinaires
-  **12h15 : Temps d'échanges**

Un temps d'échanges sera prévu à la fin de chaque présentation, la modération sera réalisée par : Céline Dupuy, Coordinatrice de la Plateforme ESA.

Sont membres de RESAVIP :

Adilva, Anses, DGAI, GDS France, La Coopération Agricole, Sngtv



C. Retour sur le cas d'infection d'un homme par le virus influenza A(H1N2)v clade 1C.2.4 d'origine porcine

Message d'information rédigé par le GS-VIP à destination des membres du réseau (animateurs régionaux, vétérinaires volontaires et laboratoires).



ESA **RESAVIP**
Réseau national de Surveillance des Virus Influenza chez le Porc

Réseau national de surveillance des virus influenza chez le porc Cas d'infection chez un homme par le virus influenza A(H1N2)v clade 1C.2.4 d'origine porcine

Le CNR (Centre National de référence) des virus des infections respiratoires a détecté chez un homme une infection par un virus influenza A(H1N2)v clade 1C.2.4 d'origine porcine. Ce virus est génétiquement proche du virus porcin de génotype « H1avN2 #E ». Ce génotype est celui qui a été détecté par Résavip pour la première fois en février 2020 en Bretagne et qui s'est propagé dans l'Ouest de la France. Il est surveillé par notre réseau depuis cette époque, ce qui permet à présent de connaître sa répartition géographique.

Les travaux menés par le LNR (laboratoire national de référence) Influenza Porcin (Anses) en aval de la surveillance conduite par Résavip ont permis d'identifier ce nouveau génotype parmi les virus H1avN2 et d'étudier plus finement certaines propriétés du virus. Un point d'avancement de ces travaux, toujours en cours, a été publié dans un article scientifique (https://be.anses.fr/sites/default/files/PER-012_2021-07-23_VIP-Herv%C3%A9_HD.pdf).



La journée annuelle de Résavip, organisée en juin 2021, portait aussi en partie sur ce génotype viral. De plus, le LNR avait pu partager les informations sur ce virus émergent au sein du réseau OFFLU (réseau OIE/FAO d'expertise pour les virus influenza animaux) lequel échange régulièrement avec l'OMS. Les connaissances accumulées au cours des 18 derniers mois ont permis au LNR IP de répondre très rapidement aux interrogations de leurs homologues du CNR au sujet de ce virus.





Tout cela montre que le réseau de surveillance Résavip a très bien fonctionné. De plus, en surveillant une maladie émergente et à potentiel zoonotique, Résavip s'inscrit dans une dynamique « One Health » de prévention et répond aux obligations de la Loi Santé Animale (article 3 du R2020-689).

Le groupe de suivi des virus influenza porcin, qui assure un appui méthodologique au réseau, tient donc à féliciter et à remercier les animateurs régionaux, qui font fonctionner le réseau au quotidien et transmettent les informations trimestrielles. Nous remercions également les éleveurs et les vétérinaires volontaires, premiers maillons de notre réseau pour leur participation à la surveillance, ainsi que les laboratoires agréés, qui assurent la détection rapide des VIP, la transmission des résultats et l'envoi des prélèvements positifs au LNR.

Ce réseau ne pourrait pas fonctionner sans l'appui du ministère en charge de l'agriculture qui assure le financement des analyses de première intention réalisées dans le cadre de Résavip.



Contact : ldommergues@lacoopagri.coop



Éléments de langage

Trois idées principales :

- Les virus de la grippe porcine sont surveillés en France
- Le risque d'être infecté par les virus de la grippe porcine en consommant du porc ou des produits alimentaires d'origine porcine est exclu.
- En cas de contact avec des porcs vivants infectés, si l'Homme est atteint, les symptômes sont généralement ceux de la grippe saisonnière

• Qu'est ce que la grippe porcine ?

La grippe porcine est provoquée par les virus de l'influenza de type A, qui sont subdivisés en plusieurs sous-types, dont les plus communs sont H1N1, H1N2 et H3N2.

• La grippe porcine est une zoonose, c'est-à-dire une maladie animale qui se transmet à l'Homme et inversement

Des cas d'infection humaine par les virus de la grippe porcine ont été occasionnellement rapportés dans le monde, généralement chez des personnes ayant des contacts directs avec des porcs infectés.

Chez l'homme, lorsque ce type d'infection a été rapporté, les symptômes généralement observés évoquaient une grippe saisonnière, avec notamment une atteinte des voies respiratoires supérieures, une maladie respiratoire aiguë ou une pneumonie. Comme pour la grippe saisonnière, des formes graves ont été constatées dans de rares cas, en particulier lorsque la personne atteinte présentait des comorbidités.

La transmission de virus de grippe humaine d'un éleveur malade à ses porcs est aussi possible.

• Les échanges de virus grippaux de l'Homme vers l'animal et inversement, ne sont pas nouveaux, ils font même partie de l'histoire ancestrale des virus grippaux

Du fait de ces échanges, très anciens, les virus grippaux peuvent contenir des gènes d'origine porcine, aviaire et humaine, comme par exemple celui de la grippe A (H1N1)pdm09 de la pandémie¹ de 2009.

• Il ne s'agit pas du 1er cas humain de transmission d'un virus de grippe porcine à l'Homme

Des cas de transmission à l'homme de virus influenza d'origine porcine se produisent sporadiquement dans le monde. Lorsqu'un virus de la grippe A(H1N2) d'origine porcine est détecté chez un homme, ce virus est appelé "variant H1N2" ou "H1N2v". Les cas humains de grippe porcine doivent être déclarés au niveau international, à l'OMS, depuis 2005.

Depuis janvier 2021, une dizaine de cas d'infection humaine par des virus A(H3N2)v, A(H1N1)v et A(H1N2)v d'origine porcine a été ainsi détectée aux Etats-Unis, au Canada, en Australie, à Taiwan, au Danemark et en Allemagne.

1. *Pandémie grippale : épidémie qui sévit à l'échelle d'une zone géographique très étendue, à l'occasion de l'émergence d'un nouveau virus grippal résultant généralement d'une modification génétique majeure.*



• **En France, le réseau Résavip effectue une surveillance continue de la Grippe du porc à l'initiative des professionnels et est financé par le ministère en charge de l'Agriculture depuis 2011**

Le Réseau National de Surveillance des Virus Influenza chez le Porc (Résavip) fonctionne depuis 2011 et réalise des analyses tout au long de l'année dans les élevages métropolitains où des porcs présentent des symptômes grippaux.

Depuis 2020, Résavip a détecté la présence et la diffusion en France d'un "nouveau" (pour la France) virus influenza porcine A/H1N2 de génotype dit « H1avN2 #E » (génogroupe « DK-EA2020 ») chez le porc, sans doute importé d'un autre pays européen. Un virus similaire avait émergé au Danemark en 2004 et s'était propagé dans d'autres pays européens ces dernières années. C'est aujourd'hui le virus influenza porcine qui est majoritairement détecté en France.

• **Quel est le risque pour le consommateur humain de denrées d'origine porcine ?**

La grippe porcine n'est pas une maladie d'origine alimentaire. Elle n'est pas transmissible à l'Homme par la consommation de viande, ni de tout autre produit à base de porc.

Les virus de la grippe porcine sont généralement limités au tractus respiratoire des porcs, et n'ont pas été détectés dans les muscles (la viande) des porcs, même au cours d'une maladie aiguë. La contamination des humains ne peut se faire que lors d'une exposition à des porcs vivants infectés.

• **Il faut renforcer la prévention des échanges de virus grippaux entre l'Homme et les animaux**

D'après l'OIE, les personnes travaillant en contact avec les porcs doivent suivre les mêmes conseils que ceux dispensés au public, et notamment rester chez eux s'ils présentent des symptômes pseudo-grippaux. Cela permet de limiter les transmissions dans le sens Homme – Porc.

A l'inverse, il n'existe pas encore de recommandation officielle des autorités sanitaires pour limiter la transmission de virus de grippe porcine dans le sens Porc – Homme. Depuis le mois de janvier 2021, plusieurs organisations professionnelles agricoles (OS Porc Bretagne, ANSP, LCA, SNGTV) ont adressé des courriers aux ministères en charge de la santé et en charge de l'agriculture pour demander que les mesures de prévention de la transmission de la grippe porcine aux hommes soient évaluées, qu'il s'agisse de mesures de biosécurité en élevage ou de vaccination des personnes.

• **Comment sont nommés les virus grippaux ?**

Les virus influenza de type A sont nommés en fonction de leur sous-type, ce qui prend la forme H...N...

Des subdivisions plus fines au sein de chaque sous-type existent. Le « génotype » est l'une de ces subdivisions. Le virus détecté récemment chez le patient en France est très proche du virus de génotype dit « H1avN2 #E » connu chez le porc. Chez l'Homme, certains virus circulent de manière saisonnière. Lorsqu'un virus est nouvellement détecté chez un humain, il est automatiquement nommé par son sous-type, auquel on ajoute un « v », par exemple (H1N2)v.





www.plateforme-esa.fr

Auteur contact : Laure Dommergues
(ldommergues@lacoopagri.coop),
animatrice du groupe de suivi Virus Influenza
Porcins (VIP)

Organismes membres de la Plateforme ESA

