



BINA

Bulletin d'Information National Annuel
2022



La population porcine surveillée en 2022 avait des caractéristiques similaires aux populations surveillées 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.

L'infection par un virus grippal a été détectée dans 46% des cas investigués tout au long de l'année. Comme en 2021, le sous-type H1_{av}N2 a été plus souvent détecté (56,8% des sous-types identifiés) que le sous-type H1_{av}N1 (37% des sous-types identifiés), mais l'écart entre leurs proportions s'est réduit. Toutes les souches H1_{av}N2 caractérisées en 2022 appartenaient au génotype #E ayant émergé en 2020. Le 3^{ème} lignage le plus fréquemment détecté sur le territoire était le H1N1pdm, identifié dans 4,9% des cas sous-typés. Après séquençage, des souches détectées dans le Nord et initialement partiellement identifiées H?N2 ont été caractérisées comme étant des virus H1_{pdm}N2 et H1_{hu}N2. Un mélange de deux virus influenza porcins a été rapporté une fois en 2022.

248 visites d'élevages en 2022 (302 en 2021) réalisées dans 24 départements



248 sites d'élevages différents

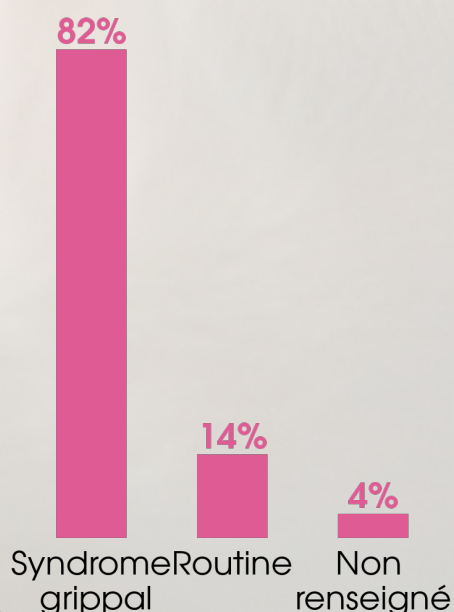
- 167 visités 1 fois
- 25 visités 2 fois
- 8 visités 3 à 5 fois

Les visites d'élevages concernent principalement des élevages de type NE (67,5% en 2021)

TYPE D'ELEVAGE

Naisseur-Engraisreur	66,5%
Post Sevrer-Engraisreur	19,4%
Naisseur- Post Sevrer	5,2%
Engraisreur	5,2%
Naisseur	2,8%
Post Sevrer	0,8%

Motif de la visite



Types de signes cliniques

Forme	Intensité normale	Intensité élevée
Classique	125 (53,9%)	32 (13,8%)
Récurrente	62 (26,7%)	13 (5,6%)

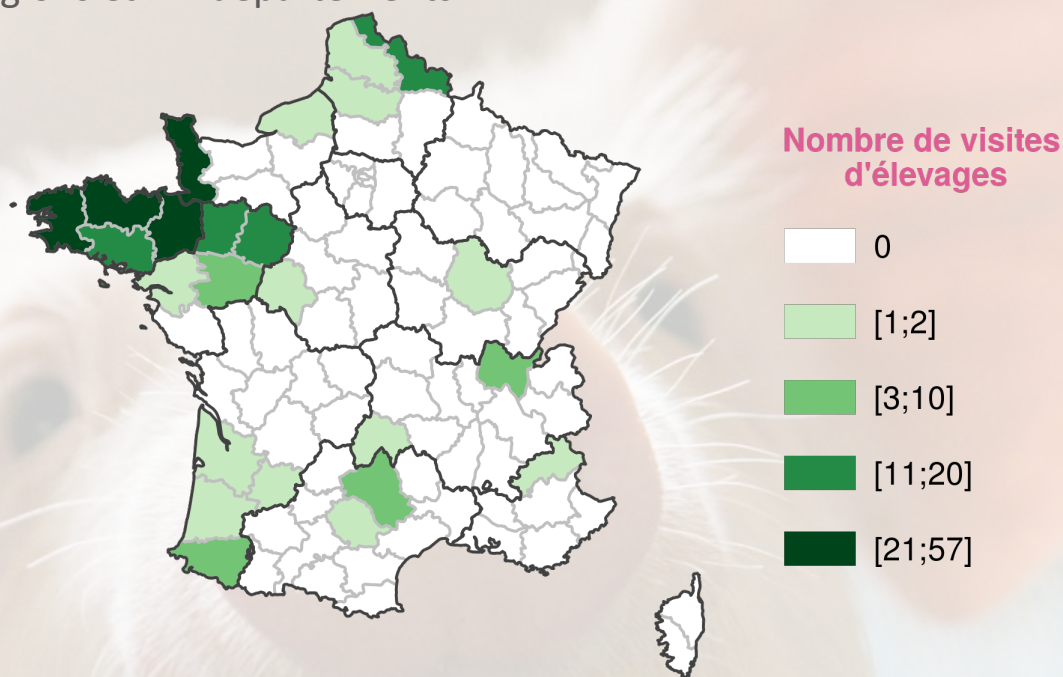


La surveillance événementielle proposée par Résavip ne garantit pas la détection des nouveaux variants dès leur apparition, ni d'avoir des informations représentatives pour estimer la prévalence ou l'incidence de la maladie et des virus. En revanche, **elle permet d'approcher la diversité et la dynamique des virus influenza A circulant chez le porc en France métropolitaine.**

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

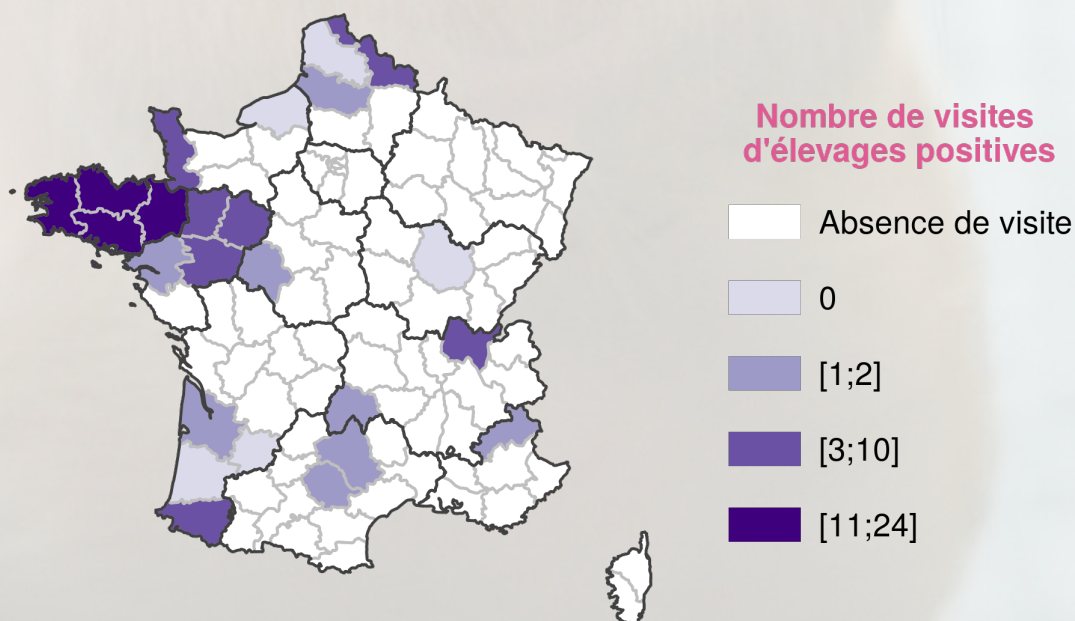
Répartition géographique des 248 visites d'élevages réalisées en 2022

→ 10 régions et 24 départements



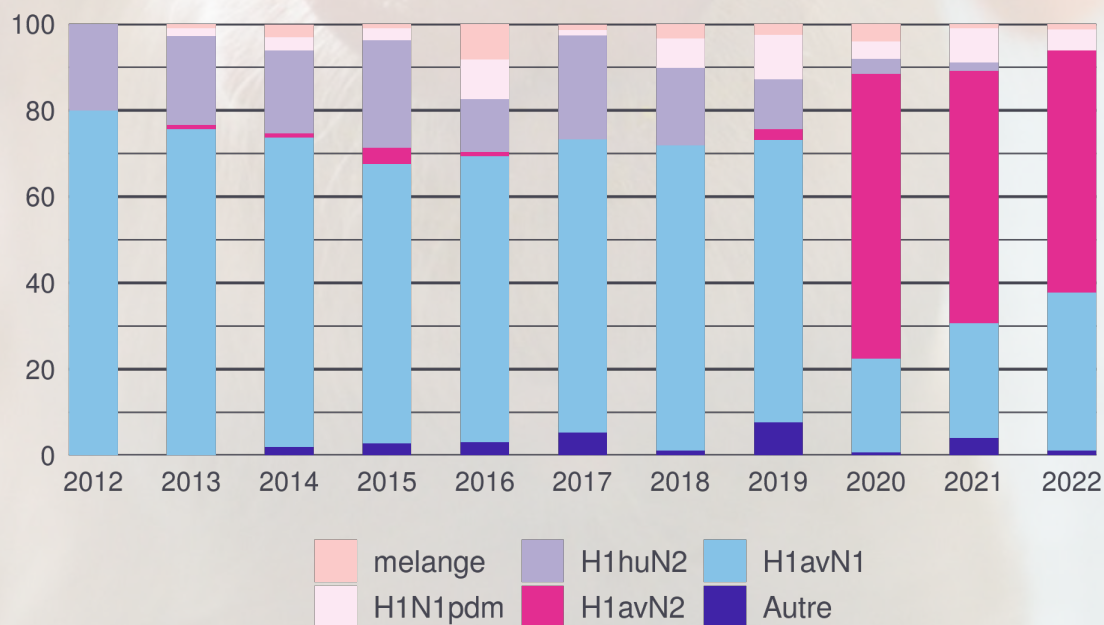
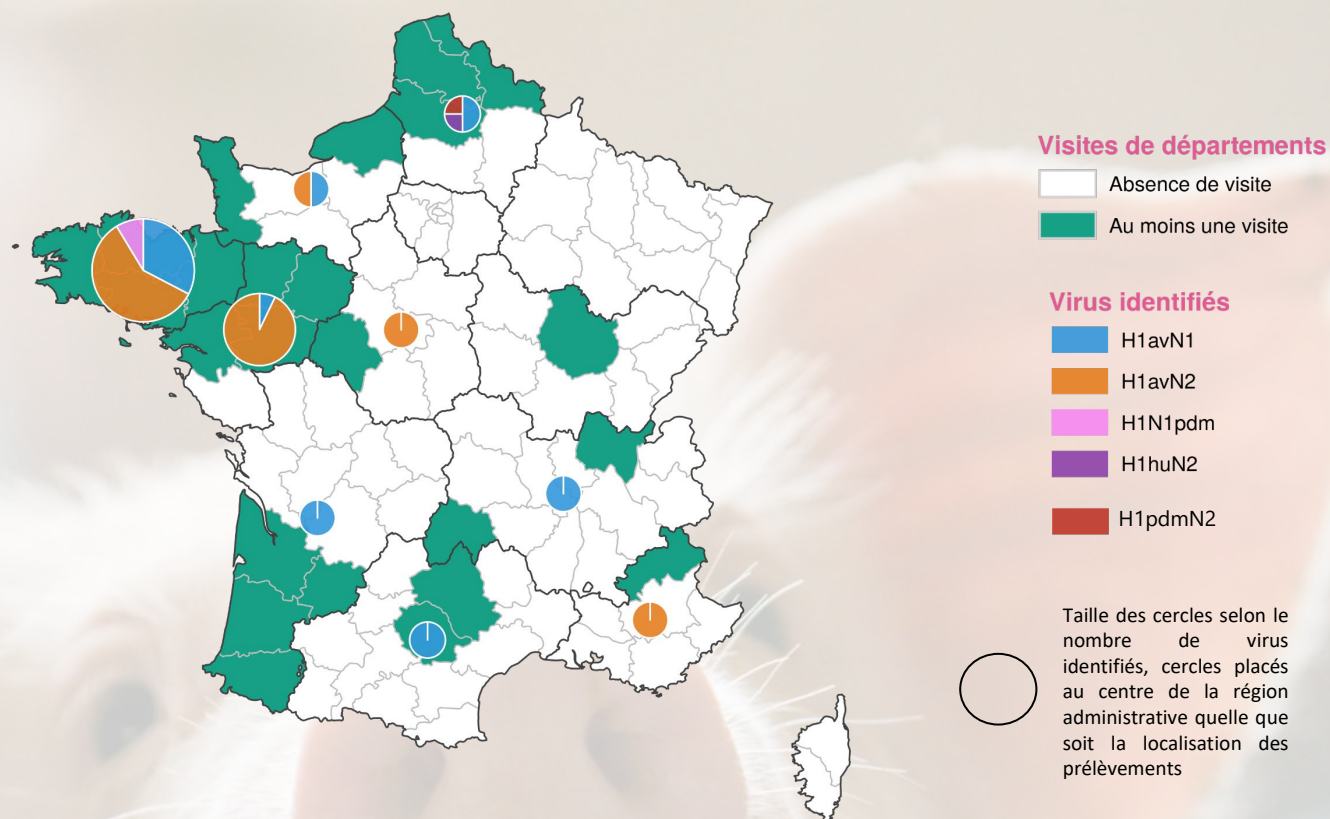
Répartition géographique des visites d'élevages ayant permis la détection de VIPs (= élevages positifs) en 2022

→ Des VIPs détectés lors de 46 % des visites (52 % en 2021) (n=114)



Répartition géographique des VIPs identifiés en 2022

71 % (81/114 des virus détectés ont pu être identifiés (**79,5 %** en 2021))

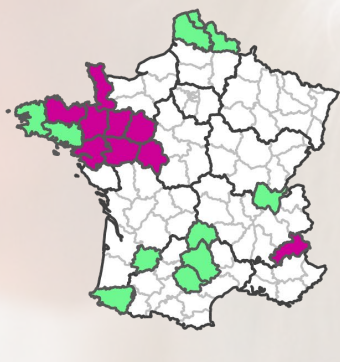


Proportions des principaux lignages de VIP identifiés par Résavip de 2012 à 2022

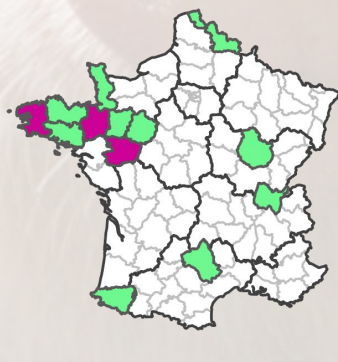
Résavip remercie les éleveurs, les vétérinaires volontaires, les animateurs régionaux, les LDAs et le personnel du LNR-IP pour leur implication et leur travail

Résultats régionaux 2022

Région	Nombre de visites d'élevages ^a	Nombre d'élevages	Nombre de visites d'élevages positives	H1 _{av} N1	H1 _{av} N2	H1N1pdm	plusieurs souches détectées simultanément	sous-type indéterminé ou partiellement déterminé
Auvergne-Rhône-Alpes	6	6	4	3	0	0	0	1
Bourgogne-Franche-Comté	2	2	0	0	0	0	0	0
Bretagne	150	124	68	15	27	4	0	22
Centre-Val de Loire	1	1	1	0	1	0	0	0
Hauts-de-France	13	12	4	2	0	0	0	2
Normandie	23	20	11	3	3	0	0	5
Nouvelle-Aquitaine	9	7	5	4	0	0	0	1
Occitanie	4	4	3	2	0	0	0	1
Pays de la Loire	38	25	16	1	13	0	1	1
Provence-Alpes-Côte-d'Azur	2	1	2	0	2	0	0	0
Total national	248	202	114 (46.2%)	30 (26.3%)	46 (40.4%)	4 (3.2%)	1	33 (28.9 %)



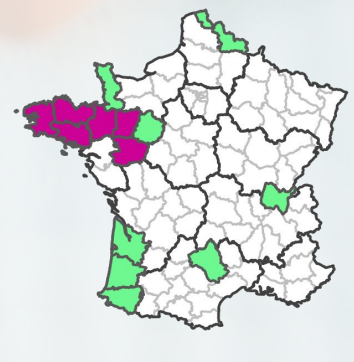
T1



T2



T3



T4

 Département avec des visites d'élevages où H1_{av}N2 **a été** détecté au cours du trimestre

 Département avec des visites d'élevages où H1_{av}N2 **n'a pas été** détecté au cours du trimestre

Résultats complémentaires :

En plus des lignages indiqués dans le tableau, des virus partiellement caractérisés H?N2 en Hauts-De-France ont été identifiés de lignages H1pdmN2 et H1huN2 suite au séquençage de leur génome.

Pour les cas H1avN2, 46 cas ont été caractérisés de génotype #E.

Contact : jmarchand@lacoopagri.coop