

# Transmission du virus **influenza pandémique A/H1N1 (2009)** à la population porcine de **Nouvelle-Calédonie**

Céline Marchal (1), Séverine Hervé (2), Nicolas Rose (3), Gaëlle Simon (2) (gaelle.simon@anses.fr)

(1) Direction des affaires vétérinaires alimentaires et rurales, Service des laboratoires officiels vétérinaires, agro-alimentaires et phytosanitaires (DAVAR, LNC), Païta, Nouvelle-Calédonie

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan - Plouzané, Laboratoire national de référence Influenza porcin, Unité Virologie immunologie porcines

(3) Anses, Laboratoire de Ploufragan - Plouzané, Unité Épidémiologie et bien-être du porc

## Résumé

Le porc étant très sensible au virus influenza pandémique A/H1N1(2009) (H1N1pdm), des actions de surveillance ont été menées dans les cheptels porcins de Nouvelle-Calédonie, région insulaire précédemment indemne de virus influenza porcins et ayant connu une vague épidémique importante chez l'Homme au cours de l'hiver austral 2009. Une enquête de séroprévalence portant sur des reproducteurs, réalisée fin 2009, a révélé la présence d'anticorps anti-H1N1pdm dans 84 % [IC95 % : 59-96] des 19 élevages testés (soit 86 % [IC95 % : 82-90] des 302 truies testées), ceci bien qu'aucun épisode clinique particulier de type syndrome grippal n'ait été signalé. Des investigations complémentaires ont été menées entre juin et août 2010 chez des porcs charcutiers nés après la phase épidémique chez l'Homme, afin i) de déterminer le statut sérologique de cette génération de porcs vis-à-vis du H1N1pdm et ii) de tenter, par des analyses virologiques sur surnageants d'écouvillons nasaux et sur échantillons de poumons, de détecter le virus en cas de circulation active. Les résultats obtenus suite à cette étude, ainsi que ceux obtenus dans le cadre d'un dépistage sérologique mené en 2010 sur des truies dépistées séropositives en 2009, soutiennent l'hypothèse d'un maintien, un an après l'épisode grippal chez l'Homme, de la circulation asymptomatique du H1N1pdm chez les porcins, illustrant la transmission du H1N1pdm de l'Homme au porc et son adaptation à l'espèce porcine dans cette région.

## Mots clés

Virus influenza porcin, grippe, surveillance, zoonose, Nouvelle-Calédonie

## Abstract

**Transmission of the pandemic influenza A/H1N1 virus (2009) to the pig population of New Caledonia**  
*Pigs being very susceptible to pandemic influenza virus A/H1N1(2009) (H1N1pdm), monitoring activities were conducted in pig herds in New Caledonia, island region previously free of swine influenza viruses and having experienced a major epidemic wave in humans during the austral winter 2009. Seroprevalence surveys on breeders, realized late 2009, revealed the presence of antibodies directed against H1N1pdm in 84 % [95 % CI: 59 -96] of the 19 tested farms (86 % [95 % CI: 82-90] of the 302 tested animals), although no clinical influenza-like syndrome was reported. Further investigations were carried out between June and August 2010 among pigs born after the epidemic phase in humans, to i) determine the serological status of this generation of fattening pigs towards H1N1pdm and ii) attempt, through virological analysis on nasal swabs and lung samples, to detect the virus in case of active circulation. The overall results of this study, as well as further serological analyses in 2010 on breeders tested positives in 2009, support the hypothesis of a sustain, a year after the epidemic in humans, of the asymptomatic circulation of H1N1pdm in pigs, illustrating the transmission of H1N1pdm from humans to pigs and its adaptation to swine in this region.*

## Keywords

Swine influenza, flu, surveillance, zoonosis, New Caledonia

## Introduction

Le virus influenza A/H1N1 responsable de la pandémie de 2009 (H1N1pdm), présente la caractéristique que tous ses gènes proviennent de virus influenza préalablement adaptés à l'espèce porcine [1, 2, 3]. Aussi, bien que n'ayant jamais été préalablement identifié chez le porc, il a été craint, dès l'émergence de ce virus H1N1pdm, qu'il ne puisse transgresser facilement la barrière d'espèce Homme/porc, et s'adapter à la population porcine.

Peu de temps après son identification chez l'Homme fin avril 2009, des élevages étaient d'ailleurs déclarés infectés en Amérique du Nord, puis dans différentes régions du monde (www.OIE.int). Dès mai 2009, la FAO et l'OIE encourageaient les états membres à renforcer la surveillance de leurs cheptels porcins au regard des virus influenza, tant d'un point de vue de la santé animale que de la santé publique. À l'issue de la phase pandémique en août 2010, des cas étaient rapportés dans une vingtaine de pays. L'Homme a été suspecté être à l'origine de l'infection dans la majorité d'entre eux.

Les porcs touchés ont généralement développé un syndrome grippal commun, sans mortalité [4]. Des inoculations expérimentales ont confirmé cette grande sensibilité des porcins [5]. Les animaux inoculés ont présenté de l'hyperthermie, de l'apathie, des difficultés respiratoires et des lésions pulmonaires caractéristiques des infections à virus influenza chez le porc. Du virus a été retrouvé dans les sécrétions nasales jusqu'à 10 jours post-infection et a été transmis à

des porcs sentinelles. Toutefois, certains cas ont été détectés chez des porcs asymptomatiques dans le cadre de programmes de surveillance active.

Considérant ces données témoignant de la réceptivité des porcins au virus, et la forte pression d'infection à laquelle la population porcine a dû être exposée (en lien avec la propagation du virus dans la population humaine), on peut légitimement craindre que le H1N1pdm s'installe dans l'espèce porcine. Le porc pourrait alors servir de réservoir pour ce virus zoonotique et constituerait un hôte chez lequel le H1N1pdm pourrait subir des réassortiments avec des virus influenza porcins (SIV pour *Swine Influenza Virus*) enzootiques, voire d'autres virus influenza d'origines humaine ou aviaire. De tels réassortiments pourraient conduire à l'émergence de souches de virulence et/ou de potentiel de transmission inter-espèces accrues.

Cet article rapporte les résultats issus d'une initiative de surveillance développée dans ce contexte en 2009-2010 en Nouvelle-Calédonie. Cette région insulaire précédemment indemne de grippe chez le porc a connu une vague épidémique importante à virus H1N1pdm chez l'Homme de juillet à septembre 2009. Les investigations ont été menées par la Direction des affaires vétérinaires alimentaires et rurales (DAVAR) en Nouvelle-Calédonie, en collaboration avec le Laboratoire national de référence (LNR) pour l'Influenza Porcin et l'Unité Épidémiologie et bien-être du porc, Anses, Laboratoire de Ploufragan - Plouzané en France.

**Tableau 1. Sérosurveillance des infections à virus influenza A chez les reproducteurs en 2005, 2007 et 2009 par ELISA ID-Screen® et/ou tests IHA 4 valences. N = effectif (nombre) - nt = non testé**

Test	Année	2005		2007		2009	
ELISA	N animaux (N élevages) testés	nt		312 (18)		334 (19)	
	N animaux (N élevage) positifs/douteux	nt		4 (3)		270 (17)	
	N animaux (N élevages) négatifs	nt		308 (15)		64 (2)	
	Proportion (%) d'animaux (d'élevages) positifs	nt		1,3 % (16,7 %)		80,8 % (89,5 %)	
IHA	N animaux (N élevages) testés	282 (22)		238 (18)		302 (19)	
	Valences analysées en tests IHA	SIV européens H1N1, H3N2, H1N2	virus H1N1pdm	SIV européens H1N1, H3N2, H1N2	virus H1N1pdm	SIV européens H1N1, H3N2, H1N2	virus H1N1pdm
	N animaux (N élevages) positifs	53 (16)	nt	30 (10)	1 (1)	42 (11)	260 (16)
	Titre IHA moyen	20	nt	21	20	31	166
	N animaux (N élevages) négatifs	229 (6)	nt	208 (8)	237 (18)	260 (8)	42 (3)
	Proportion (%) d'animaux (d'élevages) positifs	18,8 % (72,7 %)	nt	12,6 % (55,5 %)	0,4 % (5,5 %)	13,9 % (57,9 %)	86,1 % (84,2 %)

## Caractéristiques de l'élevage porcin en Nouvelle-Calédonie et statut sanitaire vis-à-vis des virus influenza avant 2009

En Nouvelle-Calédonie on dénombrait en 2009, 36 éleveurs possédant un cheptel reproducteur d'au moins 10 truies sur la Grande Terre. Les 2340 truies issues de ces 36 élevages familiaux ou semi-industriels sont réparties inégalement entre la province Sud, qui regroupe 84 % des effectifs de truies (1970 truies dans 28 élevages, soit 70 truies en moyenne/élevage), et la province Nord qui ne représente que 16 % des effectifs de truies (370 truies dans huit élevages, soit 46 truies en moyenne/élevage). Un croisement Large White x Landrace (truies)/Pietrain (verrats) est majoritairement utilisé pour la production de porcs charcutiers. En moyenne, 19,9 porcelets sont sevrés par truie et par an, ce qui porte à 42800 le nombre d'animaux produits chaque année (hors réformes). Aucune importation récente d'animaux vivants n'a eu lieu, les cochettes de renouvellement étant soit acquises auprès d'élevages naisseurs, soit produites en auto-renouvellement.

Il n'est pas signalé d'épisodes cliniques apparentés à des syndromes grippaux et la vaccination anti-grippale n'a jamais été pratiquée. Le territoire est considéré indemne de virus influenza depuis plus de 25 ans. Le statut sanitaire du cheptel porcin néo-calédonien vis-à-vis des maladies exotiques est vérifié tous les deux ans par la réalisation d'une enquête de séroprévalence portant sur les effectifs de reproducteurs.

Ainsi, en 2005, le Service des laboratoires officiels vétérinaires agroalimentaires et phytosanitaires de la Nouvelle-Calédonie (LNC) a prélevé 282 sérums de truies issues de 22 élevages (12 % des effectifs totaux de truies, issues de 61 % des élevages). Ces sérums ont été analysés au Laboratoire de développement et d'analyses des Côtes d'Armor par tests d'inhibition de l'hémagglutination (IHA) vis-à-vis de trois antigènes représentatifs des virus influenza porcins (SIV pour *swine influenza virus*) H1N1, H3N2 et H1N2 enzootiques en Europe (Tableau 1). 53 sérums (18,8 % [IC95 % : 14,5-23,9] des truies testées) se sont révélés positifs dans la valence H1N1, mais avec des titres IHA en limite de détection, égaux à 20. Les titres IHA très faibles et

l'absence de signes cliniques en élevage, ont étayé la déclaration de statut indemne de l'archipel vis-à-vis de la grippe chez le porc.

En 2007, ce sont 312 sérums de truies issues de 18 élevages (13 % des effectifs de truies totaux, issues de 50 % des élevages, répartis sur l'ensemble du territoire de la Grande Terre), qui ont été analysés au LNC par ELISA de compétition à l'aide du kit ID Screen® Antibody Influenza A (ID-Vet, Montpellier, France), kit permettant la détection des anticorps anti-nucléoprotéine des virus Influenza A (Tableau 1). Le dispositif d'échantillonnage mis en place permettait, au risque de 5 %, de s'assurer que la prévalence élevage n'était pas supérieure à 12 %, avec un seuil de prévalence intra-élevage de détection de 13 % pour une taille moyenne d'élevage de 70 truies reproductrices. Au niveau individuel, l'analyse des 312 sérums pour une population totale de 2340 truies permettait de s'assurer que la séroprévalence individuelle était inférieure à 0,9 %. Seuls quatre prélèvements ont été trouvés positifs (soit 1,3 % [IC95 % : 0,4-3,5] des sérums testés), vraisemblablement liés à des réactions non spécifiques, la valeur prédictive positive du test se dégradant en population indemne. 238 de ces sérums provenant des 18 élevages (soit 10 % des effectifs totaux de truies, issues de 50 % des élevages) ont rétrospectivement été analysés au LNR par tests IHA vis-à-vis des SIV européens des lignages enzootiques « avian-like swine » H1N1, « human-like reassortant swine » H1N2 et « human-like reassortant swine » H3N2 (souches A/Sw/Morbihan/0070/05, A/Sw/Scotland/410440/94 et A/Sw/Flandres/1/98, respectivement), ainsi que vis-à-vis de la valence pandémique H1N1pdm (souche A/California/04/09) [6,7]. Seul un sérum (0,4 % [IC95 % : 0,02-2,7] des truies testées) a obtenu un titre IHA au seuil de positivité (20) dans la valence pandémique, probablement dû à une réaction non spécifique dans le test IHA (Tableau 1). Trente sérums (12,6 % [IC95 % : 8,8-17,6] des sérums testés), répartis dans dix élevages (55 % [IC95 % : 31,3-77,6] des élevages dépistés, représentant 28 % des élevages de l'île) ont montré des titres IHA faibles (20 à 40), ceci dans les valences H1N2 et/ou H3N2. Ainsi, comme en 2005, il n'a pas été mis en évidence d'infection à virus Influenza A dans les élevages néo-calédoniens en 2007.

## Dynamique de l'épidémie à virus pH1N1 chez l'Homme en Nouvelle-Calédonie en 2009

La Nouvelle-Calédonie est un territoire du Pacifique Sud, de 18 575 km<sup>2</sup> et 250 000 habitants. La population néo-calédonienne a été touchée par le virus H1N1pdm durant l'hiver austral 2009 ([www.isee.nc](http://www.isee.nc)). Le foyer épidémique local a duré environ huit semaines, ayant atteint son pic en semaine 32. Il a concerné une population estimée à 40 000 cas, soit un taux d'attaque de 16-18 % [8].

## Évaluation du statut sanitaire des reproducteurs après la phase épidémique chez l'Homme

Ni les éleveurs, ni les vétérinaires n'ont fait état ou rapporté de signes cliniques particuliers pouvant être liés à un passage de virus grippal dans les élevages de porcs, ni pendant l'épidémie de grippe à virus pandémique A/H1N1 2009 chez l'Homme, ni au cours des semaines qui ont suivi.

De la même manière qu'en 2005 et 2007, une enquête sérologique a été réalisée sur les reproducteurs en décembre 2009, après cet épisode grippal d'envergure inhabituelle chez l'Homme. Dans ce contexte post-épidémique de grippe humaine au virus H1N1pdm, ce sont 334 sérums issus de 19 élevages (14 % des effectifs totaux considérés stables entre 2007 et 2009, et 53 % des élevages, avec une moyenne de 15 truies par élevage) qui ont été analysés au LNC, par ELISA dévolu à la recherche d'anticorps anti-nucléoprotéine des virus Influenza A (kit ID Screen® Antibody Influenza A, ID-Vet) (Tableau 1). 270 truies (81 % [IC95 % 76-85] des animaux dépistés) se sont révélées séropositives vis-à-vis d'un virus influenza A. Cette proportion est significativement plus élevée que celle trouvée en 2007 (test du chi-2, P < 0.0001).

Afin de déterminer la nature de la (des) souche(s) virales incriminées, 302 sérums issus de ces 19 élevages ont alors été analysés au LNR par tests IHA vis-à-vis des 4 valences antigéniques précédemment citées, H1N1pdm et SIV européens enzootiques H1N1, H1N2 et H3N2

(Tableau 1). 16 élevages (84 % [IC95 % : 59-96] des élevages testés) et 260 truies (86 % [IC95 % : 82-90] des animaux testés), ont été trouvés séropositifs vis-à-vis du virus H1N1pdm, soit une moyenne de 16 truies séropositives par élevage. Le titre IHA moyen était de 166, conduisant à l'hypothèse d'une infection récente (Figure 1). Dans les élevages trouvés positifs, les prévalences intra-troupeaux sont fortes, variant entre 60 et 100 % (Figure 2). À noter que 42 animaux (14 % [IC95 % : 10-18] des truies testées) répartis dans 11 élevages (soit 58 % [IC95 % : 34-79] des élevages testés) ont présenté des titres IHA faiblement positifs dans les valences SIV H1N1, H1N2 ou H3N2 (titre IHA moyen = 31), ce qui n'était pas significativement différent de ce qui avait été observé en 2007 (test du chi-2, p = 0.75).

Une situation épidémiologique nouvelle a ainsi été mise en évidence, vraisemblablement liée à une transmission du virus H1N1pdm de la population humaine au cheptel porcin au cours de l'épidémie humaine de mi-2009 et ce, toujours en l'absence de signes cliniques de type grippal.

## Étude du maintien de la circulation virale dans l'élevage néo-calédonien

Les analyses sérologiques menées sur les reproducteurs ayant mis en évidence l'infection probable de ces animaux à l'occasion de la vague épidémique chez l'Homme, des investigations complémentaires ont été menées afin de savoir si la présence de ces anticorps relevait d'infections ponctuelles, et/ou s'il s'en est suivi une circulation virale au sein de la population porcine.

Une deuxième étude, menée entre juin et août 2010, a porté sur des porcs charcutiers nés après l'épidémie de 2009 chez l'Homme, et n'ayant donc pas pu être infectés par l'Homme. L'objectif de cette enquête était i) de déterminer le statut sérologique de cette génération de porcs charcutiers vis-à-vis du H1N1pdm et ii) de tenter, par des analyses virologiques, de détecter le virus en cas de circulation active. Au vu des résultats des premières analyses sérologiques réalisées sur les reproducteurs, le plan d'échantillonnage a été élaboré selon l'hypothèse d'une prévalence supposée d'élevages positifs de 70 % et d'une prévalence d'animaux

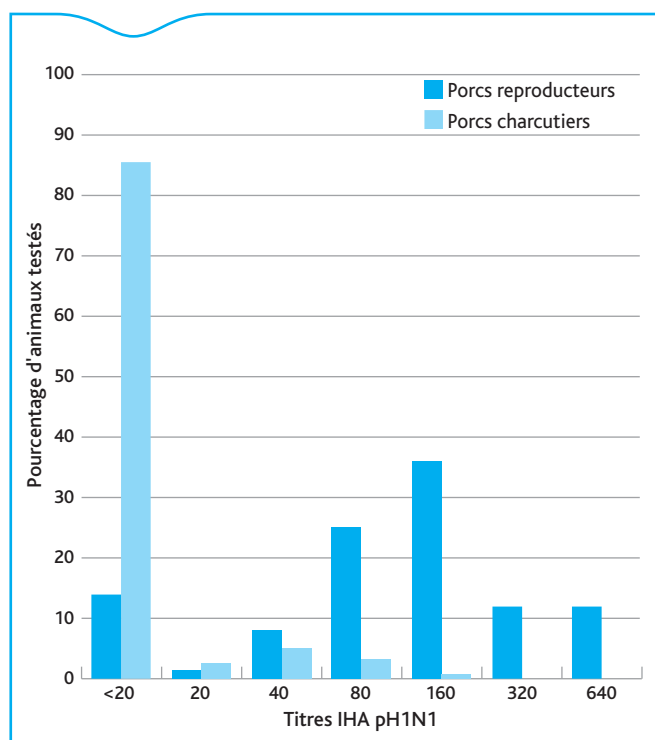


Figure 1. Distribution des titres en anticorps anti-H1N1pdm (titres IHA) des animaux reproducteurs (N = 302) prélevés en décembre 2009 et des porcs charcutiers (N = 161) prélevés entre juin et août 2010.

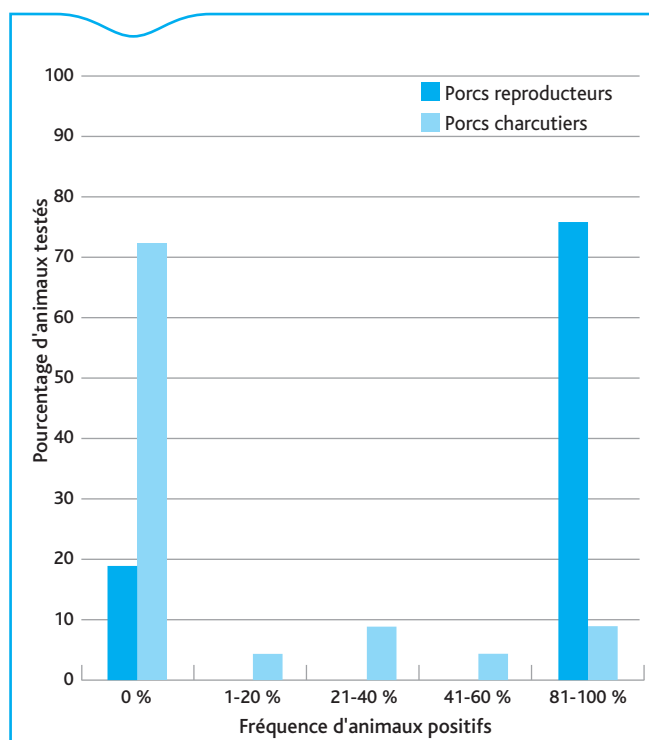


Figure 2. Fréquences d'animaux séropositifs vis-à-vis du H1N1pdm au sein des lots d'animaux reproducteurs (N = 19) prélevés en décembre 2009 et des lots de porcs charcutiers (N = 22) prélevés entre juin et août 2010.



excréteurs (au moment du prélèvement), dans les élevages infectés, de 5 %. Le dispositif ainsi mis en place devait permettre la détection d'au moins un animal excréteur au stade de l'abattage sur l'ensemble de l'échantillon, sous l'hypothèse d'une prévalence individuelle de porcs excréteurs de 3,5 %. D'un point de vue pratique, l'enquête a été menée à l'abattoir. Les lots sont définis comme étant un tirage aléatoire, sur la chaîne, d'un groupe d'animaux appartenant à un même élevage. Un minimum de 5 animaux par lot a été échantillonné (prise en compte de la taille des lots), permettant la détection d'au moins un animal positif par lot, sous l'hypothèse d'une séroprévalence intra-élevage minimale de 45 %, au risque de 5 %. Ainsi, 161 porcs charcutiers issus de 22 élevages ont été prélevés en vue d'analyses sérologiques et virologiques. Pour chaque animal, les prélèvements suivants ont été réalisés : récolte de sang sur plaie de saignée, double écouvillonnage nasal profond et prélèvement pulmonaire. Les échantillons ont été appariés par animal et identifiés par élevage.

Les tests IHA valence H1N1pdm, réalisés au LNR sur 161 sérums, ont révélé 18 animaux positifs (soit 11,2 % [IC95 % : 6,9-17,3] de l'échantillon), avec des titres IHA faibles à élevés, variant de 20 à 160 (Figure 1). Six élevages (27 % [IC95 % : 12-50] des élevages ayant fait l'objet d'un dépistage) ont été trouvés séropositifs, avec des prévalences intra-troupeau variant de 20 % à 100 % des effectifs de charcutiers (Figure 2). Compte tenu de l'âge des porcs à l'abattage (25 semaines en moyenne) et des cinétiques de décroissance des anticorps (disparition en 6 à 9 semaines) [9], ces résultats plaident en faveur d'une infection de ces animaux majoritairement durant le jeune âge et donc probablement au cours du deuxième trimestre 2010.

Les surnageants d'écouvillons nasaux et les échantillons de poumons ont été analysés au LNR par trois méthodes de RT-PCR en temps réel (technologie TaqMan) ciblant, respectivement, le gène M des virus Influenza A (dont le H1N1pdm) (Kit TaqVet Swine Influenza A, LSI), le gène H1 du H1N1pdm (Kit TaqVet Swine Influenza A/H1N12009, H1 detection, LSI) et le gène N1 du H1N1pdm (Kit TaqVet Swine

Influenza A/H1N12009, N1 detection, LSI), méthodes validées pour la détection de ces gènes dans des échantillons biologiques de porc [7]. Des traces de génome viral ont ainsi été détectées par RT-PCR gène M dans deux élevages (un seul animal positif dans chaque cas). Cependant, la mise en œuvre des RT-PCR temps réel gène H1 et gène N1 spécifiques du virus H1N1pdm n'ont pas permis de confirmer qu'il s'agissait de génome de virus de ce lignage et l'isolement viral en culture cellulaire est resté infructueux.

En août 2010, de nouvelles analyses sérologiques ont également été réalisées sur 34 truies reproductrices provenant de trois élevages, dont 18 ayant déjà fait l'objet de prélèvements en décembre 2009 et déclarées séropositives vis-à-vis du H1N1pdm. Ces 18 animaux issus de deux élevages ciblés ont ainsi été prélevés de nouveau afin d'évaluer l'évolution de leurs titres en anticorps au cours du temps. 100 % de ces truies ont de nouveau été trouvées séropositives, avec une tendance à la persistance voire à l'augmentation des titres IHA entre les deux séries de prélèvements (Tableau 2). Ces résultats laissent présumer une réinfection de ces animaux. Les 11 truies non prélevées en 2009 ainsi que 5 cochettes de renouvellement prélevées en août 2010 ont également été trouvées fortement séropositives (titre IHA moyen de 285).

L'ensemble de ces résultats soutient l'hypothèse d'un maintien, un an après l'épisode grippal chez l'Homme, de la circulation du virus H1N1pdm à bas bruit dans la population porcine, tant dans les troupeaux en engraissement qu'au sein de l'effectif de reproducteurs.

**Tableau 2.** Évolution des titres en anticorps anti-pH1N1 (titres IHA) des animaux reproducteurs prélevés en décembre 2009 puis en août 2010. nt = non testé

Élevages (nombre de reproducteurs testés)	Titre IHA moyen [Titre minimum – Titre maximum]	
	1 (n = 13)	124 [<20 – 160]
2 (n = 11)	124 [80 – 160]	189 [40 – 640]
3 (n = 10)	nt	296 [80 – 640]

## Conclusion

Au vu des résultats de ces investigations, il semble que le cheptel porcin de la Nouvelle-Calédonie soit désormais infecté par le H1N1pdm. Les données recueillies laissent ainsi penser qu'au-delà de la transmission et des infections ponctuelles, le H1N1pdm s'est adapté et circule désormais parmi les porcs néocalédoniens.

En toute vraisemblance, ce virus a été transmis aux porcs par l'Homme à l'occasion de la vague épidémique ayant eu lieu sur ce territoire entre juillet et septembre 2009. Le virus n'a apparemment pas été responsable chez le porc de syndromes grippaux suffisamment marqués pour être signalés, mais a continué de circuler de manière asymptomatique après l'épidémie humaine. La nature même du H1N1pdm (virus réassortant composé de gènes de virus influenza préalablement adaptés à l'espèce porcine), ainsi que la forte pression d'infection (le taux d'attaque de la population humaine étant plus élevé que lors des épidémies saisonnières) sont très certainement deux facteurs ayant favorisé la transmission de ce virus humain au porc. Par ailleurs, au-delà des conditions particulières d'élevage qui ont pu favoriser les contacts étroits entre espèces humaine et animale, il est émis l'hypothèse que le statut immunitaire naïf de ce cheptel vis-à-vis des virus influenza, notamment de sous-type H1N1, l'ont vraisemblablement rendu plus sensible à l'infection qu'un troupeau où circulent des SIV [10].

L'infection de porcins a été signalée dans de nombreux pays du monde. Il a également été isolé en octobre 2010 dans un élevage de France métropolitaine [6]. Par ailleurs, on notera que des investigations similaires à celles décrites ici ont été menées sur l'île de la Réunion, autre région insulaire précédemment indemne de grippe chez le porc, et ayant connu un pic épidémique important chez l'Homme au cours de l'hiver austral 2009 (collaboration avec le Cirad et le CRVOI). Les résultats des analyses menées à la Réunion ont également révélé l'infection quasi-asymptomatique des troupeaux par le virus H1N1pdm et le maintien de la circulation du virus en 2010 au sein du cheptel (données non montrées).

En Nouvelle-Calédonie, il importe désormais de poursuivre les actions de surveillance du virus H1N1pdm chez les porcins. Un des objectifs principaux des prochaines enquêtes sera d'isoler le virus en circulation et de suivre son évolution dans l'espèce afin de tenter d'évaluer le risque qu'il peut désormais représenter, tant en terme de santé animale, que de santé publique. En effet, même si ce virus semble généralement peu pathogène pour le porc, et que l'absence de circulation d'autres virus influenza A chez le porc limite le risque de génération de nouveaux virus réassortants, il est possible que le H1N1pdm acquière de nouveaux caractères de virulence à la faveur de modifications génomiques [2]. Des conditions sanitaires défavorables pourraient également exacerber ponctuellement sa virulence, notamment à l'occasion de co-infections avec d'autres pathogènes à tropisme respiratoire, ou sous l'influence de tout autre facteur de stress. Pourraient alors s'en suivre des épisodes cliniques ayant des conséquences économiques sérieuses, notamment en raison de la baisse des performances zootechniques. La persistance de cette souche en élevage porcin présente également un risque pour la santé publique, le porc pouvant servir de réservoir pour cette souche à potentiel zoonotique.

Un transfert de compétence du LNR vers le LNC est envisagé afin de pouvoir assurer localement les analyses de laboratoire de première intention et de pouvoir répondre aux demandes diagnostiques en cas d'émergence clinique.

## Remerciements

Les auteurs remercient I. Michel, T. Courtot, Y. Nowaczyk, D. Rantoen et A. Mortelecque pour la récolte et le pré-traitement des échantillons d'enquête en Nouvelle-Calédonie ainsi que N. Barbier, S. Gorin et S. Quéguiner pour la réalisation des analyses au LNR.

## Références bibliographiques

- [1] Kuntz-Simon G. (2009) Grippe porcine et virus influenza porcins. Bulletin épidémiologique, septembre, 33: 1-6.
- [2] Simon G. (2010) Le porc, hôte intermédiaire pour l'apparition de virus influenza réassortants à potentiel zoonotique. Virologie, 14: 407-422.
- [3] Smith GJ, Vijaykrishna D, Bahl J, Lycett SJ, Worobey M, Pybus OG, Ma SK, Cheung CL, Raghvani J, Bhatt S, Peiris JS, Guan Y, Rambaut A (2009) Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic. Nature, 459: 1122-1125.
- [4] Weingartl H.M., Berhane Y., Hisanaga T., Neufeld J., Kehler H., Embury-Hyatt C., Hooper-McGreevy K., Kasloff S., Dalman B., Bystrom J., Alexandersen S., Li Y., Pasick J. (2010) Genetic and Pathobiologic Characterization of pandemic H1N1 2009 Influenza viruses from a naturally infected swine herd. Journal of Virology, 84: 2245-2256.
- [5] Brookes S. M., Núñez A., Choudhury B., Matrosovich M., Essen S., Clifford D., Slomka M. J., Kuntz-Simon G., Garcon F., Nash B., Hanna A., Heegaard P. M. H., Quéguiner S., Chiapponi C., Bublot M., Maldonado Garcia J., Gardner R., Foni E., Loeffen W., Larsen L., Van Reeth K., Banks J., Irvine R. I., Brown I. H. (2010) Replication, pathogenesis and transmission of pandemic (H1N1) 2009 virus in non immune pigs. Plos ONE, 5: e9068.
- [6] Simon G., Hervé S., Saulnier A., Quéguiner S., Gorin S., Barbier N., Deblanc C., Pol F., Eveno E., Rose N., Madec F. (2011) Virus influenza pandémique H1N1 2009 chez le porc: problématique, développement de nouveaux outils de diagnostic et bilan de la surveillance menée en France en 2009-2010. Journées de la Recherche Porcine, 41, 273-280.
- [7] Pol F., Quéguiner S., Gorin S., Deblanc C., Simon G. (2011) Validation of commercial real-time RT-PCR kits for the detection of Influenza A viruses in porcine samples and differentiation of pandemic (H1N1) 2009 virus in pigs. Journal of Virological Methods, 171: 241-247.
- [8] Epidemiological Task Group for Overseas French Territories of the Pacific, French Institute for public Health Surveillance (2010) Influenza A(H1N1)2009 in the French Pacific Territories: assessment of the epidemic wave during the austral winter. Clinical Microbiology Infection, 16: 304-308.
- [9] Kuntz-Simon G., Fablet C., Quéguiner S., Gorin S., Jolly J.P., Dorenlor V., Eono F., Eveno E., Le Potier M.F., Madec F. (2007) Étude cinétique de la présence d'anticorps anti-virus influenza porcin dans le sérum de porcs en élevages naisseurs-engraisseurs. Journées Recherche Porcine, 39: 395-400.
- [10] Busquets N, Segalés J, Córdoba L, Mussá T, Crisci E, Martín-Valls GE, Simon-Grifé M, Pérez-Simó M, Pérez-Maíllo M, Núñez JI, Abad FX, Fraile L, Pina S, Majó N, Bensaïd A, Domingo M, Montoya M. (2010) Experimental infection with H1N1 European swine influenza virus protects pigs from an infection with the 2009 pandemic H1N1 human influenza virus. Veterinary Research 41:74.