

Réseau national de surveillance des virus influenza chez le porc (Résavip) – Résultats des trois premières années de fonctionnement

Séverine Hervé (1), Emmanuel Garin (2)*, Nicolas Rose (3), Clara Marcé (4)*, Gaëlle Simon (1) (gaelle.simon@anses.fr)

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Virologie immunologie porcines, Laboratoire national de référence Influenza porcine, Ploufragan, France

(2) Coop de France, Paris, France

(3) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Épidémiologie et bien-être porcine, Ploufragan, France

(4) Direction générale de l'alimentation, Bureau de la santé animale, Paris, France

* Membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme ESA

Résumé

De 2011 à 2013, le Réseau national de surveillance des virus influenza chez le porc (Résavip) a permis la réalisation, à l'occasion de syndromes grippaux, de 629 visites dans 476 élevages. Les prélèvements ont été réalisés dans quatorze régions même si près de 87 % ont concerné des élevages de Bretagne, région détenant 60 % du cheptel français. Les écouvillonnages nasaux ont conduit à la détection de virus Influenza A dans 53,6 % des cas et à l'identification de 257 souches virales. Cinquante-sept pour cent des virus détectés appartiennent au lignage européen « avian-like swine H1N1 » (H1_{av} N1) et circulent dans toutes les régions prélevées. Les virus « human-like reassortant swine H1N2 » (H1_{hu} N2) représentent 16,9 % des virus détectés, mais n'ont été identifiés que dans le Grand-Ouest, où l'on trouve également quelques virus reassortants entre H1_{av} N1 et H1_{hu} N2. Moins de 1 % des cas ont été trouvés infectés par le virus H1N1 pandémique, dans des régions de faible densité porcine. Les animaux prélevés étaient essentiellement des porcs à l'engrais, de tous âges, provenant majoritairement d'élevages de type naisseur-engraisseur. Les cas de grippe confirmés dans le cadre du dispositif ont été détectés tout au long de l'année et étaient généralement d'intensité normale. La forme épidémiologique classique a touché indifféremment tous les stades physiologiques, tandis que la grippe récurrente (près de 40 % des cas) a été rapportée préférentiellement sur des animaux en post-sevrage (âge médian de huit semaines).

Mots-clés

Porc, virus influenza de type A, virus influenza porcine, grippe récurrente, virus reassortant, Résavip

Abstract

French network for the surveillance of influenza viruses in pigs (Résavip) - Results of the first three years of operation
From 2011 to 2013, the French network for the surveillance of influenza viruses in pigs (Résavip) has made it possible to conduct 629 visits in 476 farms in the context of respiratory influenza-like syndromes. While nearly 87% of visits were conducted in Brittany, a region containing 60% of the French pig population, sampling was done in a total of 14 different regions. Nasal swabs enabled the detection of influenza A virus in 53.6% of cases and the identification of 257 viral strains. Fifty-seven percent of the detected viruses belonged to the European "avian-like swine H1N1" (H1_{av} N1) lineage and were circulating in all the regions sampled. "Human-like reassortant swine H1N2" (H1_{hu} N2) viruses represented 16.9% of the viruses detected but were identified only in the western part of the country, where some reassortant viruses between H1_{av} N1 and H1_{hu} N2 were also identified. Less than 1% of the cases were found to be infected by the pandemic H1N1 virus, in regions with low pig population density. The sampled animals were essentially fattening pigs of all ages, mostly from farrow-to-finish herds. Confirmed swine flu cases in the context of this surveillance programme were detected throughout the year and were usually of average intensity. The classical epidemiological form affected pigs in all physiological stages equally, while recurrent flu (nearly 40% of cases) was reported preferentially in animals during the post-weaning period (median age of 8 weeks).

Key words

Pig, Influenza Virus A, Swine Influenza Virus, Recurrent flu, Reassortant virus, Résavip

Les virus influenza de type A ont un impact sanitaire et économique majeur, tant en santé animale qu'en santé publique, en raison de leur potentiel zoonotique voire pandémique. Chez le porc, les virus influenza A peuvent être responsables d'infections sporadiques, ou d'épizooties en l'absence d'immunité de population, mais des virus influenza porcins (VIP) bien adaptés à l'espèce ont aussi acquis un caractère enzootique. De nouveaux virus influenza porcins peuvent émerger en France suite à des modifications génomiques (mutations, délétions, reassortiments de gènes...), à un passage inter-espèces ou à une introduction depuis un autre pays (Simon, 2010). Le porc peut d'ailleurs ainsi servir de réservoir à des virus influenza humains et d'hôte intermédiaire pour la transmission de virus aviaires à l'Homme. La grippe porcine est un danger sanitaire de troisième catégorie. Elle n'est donc pas soumise à une police sanitaire.

En France, suite à la pandémie de 2009, due à un virus H1N1 composé de gènes issus de plusieurs virus influenza porcins, les pouvoirs publics et les professionnels de la filière porcine ont jugé nécessaire de disposer d'un système de surveillance épidémiologique des virus influenza A circulant chez le porc. Un dispositif national de

surveillance des VIP en France métropolitaine, a ainsi été créé en février 2011 (Notes de service DGAL/SDSPA/N2011-8028, N2011-8050 et N2012-8273). Ce dispositif a démarré son activité en avril 2011 et a été nommé Résavip (Réseau national de surveillance des virus influenza chez le porc) en octobre 2013.

Cet article présente l'organisation de Résavip et ses principaux résultats depuis sa création jusqu'à fin 2013.

Objectifs et organisation de Résavip

L'objectif de Résavip est d'approcher la diversité et la dynamique des virus influenza A circulant chez le porc en France métropolitaine. Ainsi, une surveillance événementielle (passive) a été mise en place, basée sur la notification de suspicions cliniques de grippe et l'identification des virus par analyses de laboratoire. Ce type de surveillance ne permet pas de fournir des estimations de la prévalence ou de l'incidence des VIP, ni d'en détecter de nouveaux à coup sûr dès leur apparition. Cependant, Résavip doit permettre d'avoir une bonne connaissance des VIP présents en France métropolitaine et de leur répartition géographique.

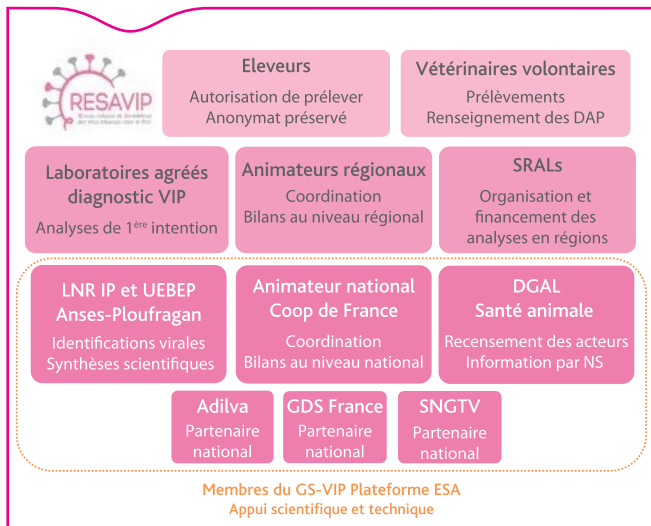


Figure 1. Acteurs et partenaires de Résavip aux niveaux local, régional et national.

DAP=Document d'accompagnement des prélèvements. VIP=Virus influenza porcine. SRAL=Service régional de l'alimentation. LNR-IP=Laboratoire national de référence Influenza Porcine. UEPEP=Unité Epidémiologie et bien-être porcine. Anses=Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail. Coop de France=Fédération nationale des coopératives agricoles et agroalimentaires. DGAL=Direction générale de l'alimentation. NS=Note de service. Adilva=Association française des directeurs et cadres des laboratoires vétérinaires publics d'analyses. GDS France=Fédération nationale des groupements de défense sanitaire. SNGTV=Société nationale des groupements techniques vétérinaires. GS-VIP=Groupe de suivi Virus influenza porcins. ESA=Epidémiosurveillance en santé animale

Dans un site d'élevage porcine⁽¹⁾, la suspicion clinique de grippe porcine se base sur l'observation d'un syndrome grippal (hyperthermie, abattement, prostration, apathie, dyspnée ou toux) dans un groupe d'animaux. Un écouvillonnage nasal individuel est réalisé sur trois porcs d'une même bande, présentant, si possible et de préférence, une température rectale égale ou supérieure à 40,5°C. Un site d'élevage, ci-après dénommé élevage, sera considéré comme atteint de grippe au moment de la visite si au moins un de ces trois écouvillons contient du génome de virus Influenza A⁽²⁾.

Le réseau est organisé et coordonné au niveau régional par un animateur régional, nommé par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) sur proposition de la filière (Figure 1). Celui-ci prépare et distribue, avec l'aide du Service régional de l'alimentation (SRAL) concerné et d'un laboratoire d'analyses vétérinaires agréé par la DGAL pour le diagnostic des virus Influenza A chez le porc, des kits de prélèvements à des vétérinaires volontaires ayant recueilli l'accord de l'éleveur pour investiguer des suspicions de grippe. L'anonymat des élevages est préservé. Les kits contiennent trois écouvillons, un document d'accompagnement des prélèvements (DAP) permettant de recueillir des données pour analyses épidémiologiques, et une enveloppe pour l'expédition des échantillons à l'un des douze laboratoires agréés intervenant dans le réseau (voir N2012-8273). La présence de génome de virus Influenza A est testée dans les trois surnageants d'écouvillons nasaux par RT-PCR en temps réel gène M (Pol *et al.*, 2011). Les prélèvements positifs sont alors envoyés au laboratoire national de référence Influenza porcine (LNR-IP), de l'Anses à Ploufragan, aux fins d'identification du sous-type et du lignage d'appartenance des virus détectés (Simon *et al.*, 2013). Le LNR-IP, en collaboration avec l'unité Epidémiologie et bien-être porcine (UEPEP) de l'Anses à Ploufragan, est également chargé de confronter, par des analyses statistiques, les résultats de virologie et les données récoltées en élevage, afin de décrire les différentes caractéristiques

(1) Une exploitation porcine est composée de plusieurs sites d'élevage distincts si les animaux sont élevés dans des bâtiments indépendants et séparés de plus de 500 mètres. L'unité épidémiologique retenue par Résavip est le site d'élevage. Il est identifié par un indicatif de marquage (IDM) unique.

(2) Une « visite », au cours de laquelle sont prélevés trois porcs du même âge, correspond à un « cas ».

épidémiologiques associées aux infections détectées. Le réseau est coordonné au niveau national par Coop de France. Les autres partenaires nationaux sont GDS-France, la SNGTV et l'Adilva. La Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA) assure un appui scientifique et technique par son groupe de suivi virus Influenza porcins (GS-VIP). Le coût des analyses de laboratoire est pris en charge par la DGAL, via les SRAL, et les autres frais inhérents au fonctionnement de Résavip sont couverts par les partenaires professionnels.

Fin 2013, Résavip était en place dans l'ensemble des régions de métropole, à l'exception de l'Île-de-France, et comptait vingt animateurs régionaux. Afin d'assurer un retour d'information vers les acteurs de terrain, certaines régions diffusent un bulletin trimestriel. Depuis le deuxième semestre 2013, ces bulletins régionaux sont complétés par un bulletin d'information national trimestriel diffusé dans l'ensemble des régions.

Résultats de la surveillance menée d'avril 2011 à décembre 2013

Au cours des trois premières années (33 mois) de fonctionnement de Résavip, 629 visites d'élevages ont été effectuées par 85 vétérinaires volontaires. Parmi ces visites, 372 (59,1 %) ont concerné des élevages différents, tandis que 257 (40,9 %) ont été réalisées dans des élevages prélevés plus d'une fois (de 2 à 8). Au total, des prélèvements ont ainsi été effectués dans 476 élevages distincts. Le nombre moyen de visites est passé de douze par mois en 2011, année de démarrage, à vingt et une et vingt-trois par mois en 2012 et 2013, respectivement. Les syndromes grippaux qui ont conduit à la réalisation de prélèvements pour diagnostic de grippe ont eu lieu tout au long de l'année (Figure 2). Les 629 visites ont conduit à la détection de virus Influenza A dans 337 cas (53,6 %) provenant de 321 élevages différents. La répartition mensuelle des élevages trouvés positifs confirme que les infections à virus Influenza A sévissent toute l'année chez le porc (Kyriakis *et al.*, 2013), tandis qu'elles sont saisonnières (novembre à avril dans l'hémisphère Nord) chez l'Homme. Les élevages visités étaient répartis dans quatorze régions et vingt-six départements (dont 13 et 20 ont respectivement présenté des cas positifs) (Figure 3A). Près de 87 % des 629 visites ont été effectuées en Bretagne, région détenant environ 33 % des élevages porcins mais 60 % du cheptel du pays⁽³⁾.

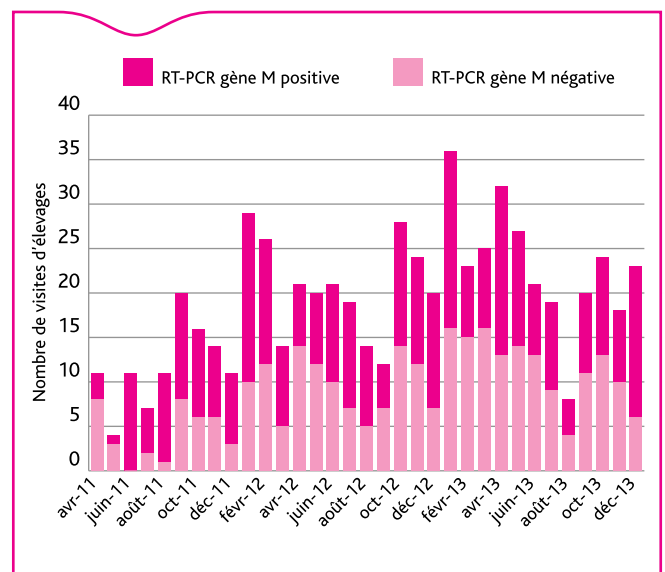


Figure 2. Distribution mensuelle des élevages trouvés négatifs et positifs en RT-PCR gène M entre début avril 2011 et fin décembre 2013 (n=629)

(3) Source: base de données BD-PORC

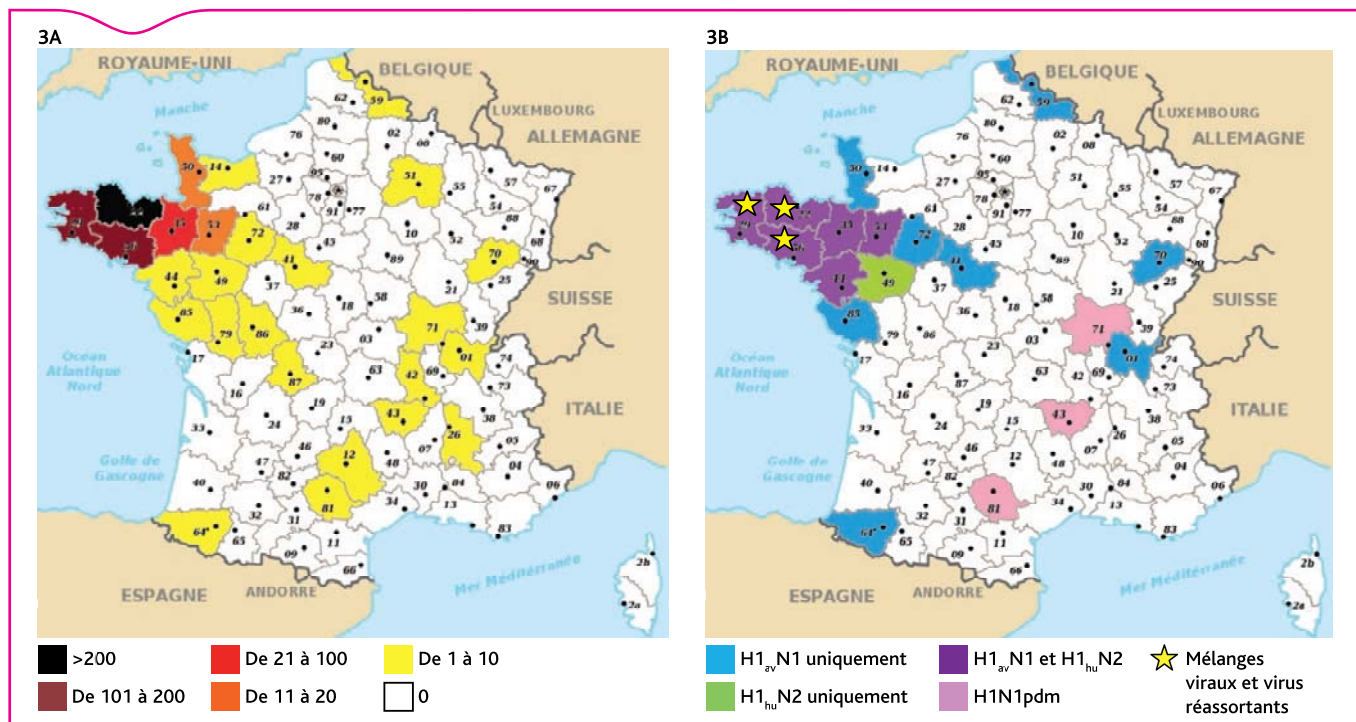


Figure 3. Répartition géographique, au niveau départemental, des visites d'élevages réalisées (n=629) (3A) et des virus identifiés (n=257) (3B) entre début avril 2011 et fin décembre 2013

Virus identifiés et répartition géographique

Des virus Influenza A de trois sous-types différents, H1N1, H3N2 et H1N2, co-circulent depuis de nombreuses années chez le porc dans toutes les régions du monde à forte densité porcine (Simon *et al.*, 2013). On distingue au sein de chaque sous-type des virus de différents lignages génétiques, lesquels varient selon les continents (Simon *et al.*, 2013). Le sous-typage moléculaire des VIP européens, par RT-PCR spécifiques des gènes codant les glycoprotéines de surface, l'hémagglutinine (HA) et la neuraminidase (NA), permet d'identifier le sous-type et le lignage des virus détectés en France.

Sur les 337 virus détectés *via* Résavip en 2011-2013, 257 (76,7 %) ont pu être sous-typés (Tableau 1). Parmi les virus détectés :

- 57,0 % appartiennent au lignage européen « avian-like swine H1N1 » (H1_{av}N1) ;
- 16,9 % appartiennent au lignage européen « human-like reassortant swine H1N2 » (H1_{hu}N2) ;
- trois isolats ont été identifiés comme étant des virus réassortants (rH1_{av}N2) entre ces deux virus enzootiques ;
- trois élevages (moins de 1 % des cas) ont été trouvés infectés par le virus « pandemic-like swine H1N1 » (H1N1pdm), virus transmis de l'Homme au porc à l'occasion de la pandémie de 2009 ;
- dans deux élevages, plusieurs types de HA et/ou de NA ont été amplifiés, laissant supposer la présence de plusieurs virus de lignages et/ou sous-types différents,
- dans 23,7 % des cas, le virus détecté n'a été que partiellement identifié ou bien son sous-type est resté totalement inconnu, essentiellement en raison des limites de sensibilité des RT-PCR de sous-typage moléculaire, méthodes moins sensibles que la RT-PCR gène M mise en œuvre pour la détection.

À noter que dans le cadre de Résavip, il n'a pas été identifié, pendant la période considérée, de virus du lignage européen « human-like reassortant swine H3N2 » (H3N2), ni de virus réassortant de sous-type rH1_{hu}N1.

Le virus H1_{av}N1 a été détecté dans toutes les régions prélevées, tandis que le virus H1_{hu}N2 n'a été identifié que dans le Grand-Ouest (Figure 3B). La co-circulation de ces deux virus en Bretagne explique

les détectations ponctuelles de virus réassortants et/ou de mélanges viraux dans cette partie du territoire. Plusieurs sous-types viraux ont par ailleurs été identifiés dans 41,3 % des élevages (12 sur 29) ayant bénéficié d'au moins deux visites positives, ce qui confirme que les élevages peuvent être successivement, voire simultanément, infectés par des virus grippaux de sous-types et/ou de lignages différents, ce qui prédispose à la génération de nouveaux virus réassortants. Le virus H1N1pdm n'a pas été détecté au cours de cette période dans le Grand-Ouest, mais dans des régions de plus faibles densités porcines, comme l'Auvergne, la Bourgogne et Midi-Pyrénées.

Tableau 1. Répartition des élevages détectés positifs entre avril 2011 et décembre 2013 en fonction de la nature du virus Influenza A incriminé (n=337)

		Nombre de cas				Proportion (% des virus détectés)
		2011 (9 mois)	2012	2013	Total 2011-2013	
Nombre total de virus détectés		68	133	136	337	
Sous-type viral	Lignage génétique					
	H1N1					
	H1N2					
H1N1						
H1 _{av} N1		30	81	81	192	57,0
rH1 _{hu} N1		0	0	0	0	0
H1N1pdm		1	0	2	3	0,9
H1N2						
H1 _{hu} N2		15	20	22	57	16,9
rH1 _{av} N2		2	0	1	3	0,9
H1 _{av} +H1 _{hu} N2		0	0	1	1	0,3
H3N2						
H3N2		0	0	0	0	0
Mélange de plusieurs sous-types (H1 _{av} +H1 _{hu} +N1+N2)		1	0	0	1	0,3
Nombre total de virus identifiés		49	101	107	257	76,3
Sous-type partiellement indéterminé (H1 _{av} N?, H1 _{hu} N?, H?N1, H?N2)		0	16	8	24	7,1
Sous-type totalement indéterminé (H?N?)		19	16	21	56	16,6

Analyses des données commémoratives recueillies dans les élevages prélevés

Les analyses des données fournies par les vétérinaires volontaires à travers les DAP permettent de mieux connaître l'épidémiologie de la grippe chez le porc. Il faut cependant considérer les résultats avec précaution, car :

- (i) ces analyses sont descriptives et ont été réalisées dans un contexte de surveillance événementielle sans plan d'échantillonnage ;
- (ii) les analyses statistiques réalisées résultent de tests de variables deux à deux et les éventuelles associations mises en évidence peuvent résulter de l'existence de facteurs de confusion non pris en considération ;
- (iii) une approche statistique multivariée n'a pas été entreprise car il s'agit essentiellement, dans le cadre de ce dispositif de surveillance événementielle, de décrire les caractéristiques épidémiologiques des cas de grippe détectés, sans objectif analytique de mise en évidence de facteurs de risque. Les variables identifiées sont donc au plus des hypothèses de facteurs de risque ouvrant de potentielles voies de recherche pour la mise en place d'études épidémiologiques analytiques dédiées ;
- (iv) les données commémoratives rapportées résultent des déclarations du vétérinaire. Elles sont guidées par les indications et définitions procurées dans le DAP (intensité des symptômes, type de grippe...) mais peuvent faire l'objet d'un certain degré de subjectivité.

Typologie des élevages

Les visites (n=629) ont majoritairement été réalisées dans des élevages de type naisseur-engraisseur (NE) (79,5 %), mais des cas de grippe ont également été confirmés dans des élevages post-sevreur-engraisseurs (PSE) (11,3 %), engraisseurs (E) (4,8 %), naisseurs (2,9 %) et post-sevreur (1,1 %). Les élevages NE constituent le deuxième type d'élevage le plus fréquent en France, représentant 30,2 % des sites d'élevages⁽⁴⁾. Comparativement, la proportion d'élevages de type E prélevés pour syndromes grippaux dans le cadre du Résavip apparaît donc faible sachant que ce type d'élevage représente 34,2 % des élevages en France. Des infections à virus Influenza A ont été confirmées dans les cinq types d'élevage. Les proportions de cas positifs n'apparaissent pas significativement différentes que les élevages aient ou n'aient pas de reproducteurs sur site (54,2 % et 50,9 % de cas positifs, respectivement) (P=0,53, χ^2 Pearson). Dans la majorité des épisodes grippaux étudiés, ce sont essentiellement des porcs en croissance qui ont été prélevés (83,3 % des visites), les prélèvements de truies et/ou de cochettes n'ayant représenté respectivement que 11,9 % et 1,4 % des cas investigués. Les porcs en croissance trouvés positifs ont été prélevés à tous les stades physiologiques, de la naissance au départ à l'abattoir.

(4) Source : base de données BD-PORC.

Tableau 2. Répartition des élevages détectés positifs entre avril 2011 et décembre 2013 en fonction du type de grippe (classique ou récurrente) et de différents paramètres. P=degré de signification du test statistique. ^a Test du χ^2 Pearson. ^b Test de Kruskal-Wallis. ^c Test exact de Fisher.

Paramètres	Nombre d'élevages positifs concernés	Type de grippe associée		P
		Classique	Récurrente	
Nombre de visites entre 2011 et 2013	1	188	121 (64,4 %)	0,15 ^a
	>1	134	75 (56,0 %)	
Intensité des symptômes	Normale	245	153 (62,4 %)	0,20 ^a
	Sévère	44	23 (52,3 %)	
Age médian (en semaines)		264	11,5 (n=154)	<0,0001 ^b
Virus	H1 _{av} N1	184	115 (62,5 %)	0,75 ^c
	H1 _{hu} N2	56	33 (58,9 %)	
	H1N1pdm	3	2 (66,7 %)	
	Mélanges H1 _{av} N1/H1 _{hu} N2 ou rH1 _{av} N2	5	2 (40,0 %)	
Vaccination antigrippale	Oui	128	66 (51,6 %)	0,31 ^a
	Non	57	34 (59,7 %)	

Formes épidémiologiques et caractéristiques associées aux infections grippales investiguées dans le cadre du Résavip

Dans les trois quarts (73,9 %) des cas renseignés en 2013 (n=203), les prélèvements ont fait suite à la déclaration d'un syndrome grippal par l'éleveur, et non à une visite de routine. La proportion de cas positifs n'a pas été significativement plus élevée lorsqu'il s'agissait de visites d'urgence que dans les visites de routine (53,3 % et 47,2 % respectivement, soit 80 et 25 cas respectivement) (P=0,44, χ^2 Pearson). Pour la majorité des visites (72,3 % des cas renseignés) les porcs prélevés étaient malades depuis moins de cinq jours. On relève que 60,7 % des cas positifs ont concerné des animaux dont la température rectale moyenne était $\geq 40,5^\circ\text{C}$, montrant qu'il y a significativement plus de probabilité de détecter du virus influenza A dans les surnageants d'écouillons nasaux lorsque les porcs prélevés ont une température rectale élevée (P<0,001, χ^2 Pearson).

Pour 124 visites réalisées en 2013 (64,2 % des cas renseignés), les vétérinaires ont suspecté qu'un autre agent pathogène soit associé au syndrome grippal. Le plus fréquemment rapporté est le virus du Syndrome dysgénésique et respiratoire porcin (SDRP) (58,9 %), puis viennent les mycoplasmes (12,1 %) et *Haemophilus parasuis* (10,5 %). Sont également cités, *Actinobacillus pleuropneumoniae* et *Streptococcus suis*, le circovirus porcin de type 2 (PCV2), les pasteurelles et *Escherichia coli* (dans moins de 10 % des cas chacun). Des informations quant aux prescriptions médicamenteuses qui ont concerné les animaux prélevés ont été recueillies pour 226 visites. Dans 27,9 % des cas (n=63), les animaux étaient sous anti-pyrétique, de l'aspirine dans la majorité des cas, avec une durée moyenne de traitement de 1,4 jour. Ces traitements peuvent expliquer pourquoi certains porcs ont été prélevés alors que leur température était inférieure à 40,5°C. Une antibiothérapie collective, essentiellement à base de cyclines, a été rapportée dans 22,6 % des cas.

La grippe peut s'exprimer chez le porc sous forme « classique », responsable d'un syndrome grippal aigu pouvant se propager dans différentes classes d'âge dans l'élevage touché mais de manière épisodique, ou sous forme « récurrente », se répétant sur chaque bande à un âge déterminé (Rose *et al.*, 2013a,b). Dans le cadre de Résavip, 60,9 % des cas trouvés positifs détectés entre 2011 et 2013 et pour lesquels le type de grippe a été qualifié (n=322), étaient déclarés à l'occasion de syndromes de grippe dite « classique » tandis que 39,1 % des cas étaient qualifiés de grippe « récurrente ». Ces deux formes de grippe sévissent toute l'année, indépendamment de la saison, et on ne dénombre pas plus de cas de grippe « récurrente » parmi les élevages prélevés plusieurs fois comparativement aux élevages n'ayant été visités qu'une fois au cours de la période (Tableau 2). Les manifestations cliniques des infections grippales chez le porc peuvent être plus ou moins marquées (Simon *et al.*, 2013). Ainsi, le syndrome grippal a été jugé d'intensité « normale » dans 77,1 % des cas et d'intensité « sévère » dans 11,9 % des cas confirmés positifs (n=489). Il n'a pas été mis en évidence d'association statistique significative entre l'intensité des symptômes et la forme de la grippe (Tableau 2).

La grippe « récurrente » a préférentiellement touché les jeunes au stade du post-sevrage, vers huit semaines d'âge, tandis que les infections observées dans un contexte de grippe « classique » sont survenues tout au long de la vie des animaux, avec un âge médian de onze semaines (Tableau 2). Cette différence significative concernant l'âge médian des animaux touchés par les deux formes de grippe ne résulte *a priori* pas d'un biais de surveillance qui aurait pu être lié au type d'élevage ou à l'expression clinique de la maladie en fonction de l'âge. En effet, les porcelets en post-sevrage sont présents dans la grande majorité des élevages investigués (NE, PSE). De plus les symptômes cliniques sont souvent moins marqués chez les jeunes porcelets par rapport aux porcs en engraissement. Si cette différence d'expression clinique liée à l'âge constituait un biais de surveillance, elle devrait impliquer des prélèvements plus fréquents chez les porcs en engraissement et donc conduire à une relation inverse de celle observée. En revanche, il n'a pas été mis en évidence d'association statistique significative entre la forme de la grippe et le lignage du virus responsable de l'infection (Tableau 2). Il n'a pas non plus été mis en évidence de relation statistique entre l'intensité des symptômes et l'âge des porcs infectés, ni entre l'intensité des symptômes et le virus impliqué (données non montrées).

Vaccination

Des informations quant à l'utilisation ou non de la vaccination contre la grippe n'ont été fournies que pour 60,3 % (n=379) des visites. Les données recueillies ont montré que la vaccination (vaccin trivalent Gripovac3®) était principalement réalisée à chaque bande, plutôt qu'en masse, et ne concernait que les reproducteurs. Les données relatives à la vaccination (protocole, fréquence, catégorie d'animaux vaccinés) ont été renseignées par les vétérinaires qui suivent ces élevages et donc prescripteurs des protocoles mis en place. Les biais d'observation concernant ce paramètre sont limités dans la mesure où les protocoles de vaccination en élevage porcin sont mécaniquement réalisés en lien avec le type de conduite. Un biais éventuel pourrait résulter d'une mauvaise efficacité du protocole de vaccination mis en place du fait de vaccinations mal réalisées ou d'une mauvaise conservation des vaccins. Cinquante-cinq pour cent des élevages déclarés vaccinés (n=242) ont été trouvés positifs, contre 46 % des élevages non vaccinés (n=137). Aucun lien statistique n'a été mis en évidence entre le fait qu'un élevage ait fait l'objet ou non d'une vaccination contre la grippe et le résultat de la RT-PCR gène M ($P=0,009$, χ^2 Pearson). Il n'a pas non plus été mis en évidence de relation statistique significative entre le fait qu'un élevage ait fait l'objet, ou non, d'une vaccination et la forme de grippe (classique ou récurrente) (Tableau 2), l'intensité du syndrome grippal (données non montrées), ou encore l'identité du virus détecté (données non montrées).

Conclusion

Depuis son démarrage en 2011, Résavip, dispositif de surveillance des VIP tout à fait inédit en Europe, a permis d'augmenter considérablement le nombre annuel d'identifications virales et de progresser dans la connaissance des éléments épidémiologiques liés aux infections grippales en élevage porcin. La diversité génétique toujours croissante des VIP ainsi que l'évolution actuelle de l'épidémiologie des infections (augmentation de la proportion des formes récurrentes) confirment la nécessité impérieuse de poursuivre la surveillance des VIP circulant sur le territoire. L'accumulation de données permettra de formuler des hypothèses relatives aux facteurs de risque de survenue de la grippe en élevage porcin afin d'orienter et/ou de compléter des études spécifiques menées par ailleurs (Fablet *et al.*, 2013). La fédération des acteurs de la filière porcine, des pouvoirs publics et des laboratoires d'analyses, de référence et de recherche autour d'un objectif commun a d'ores et déjà révélé l'intérêt d'un tel dispositif, même si des axes d'amélioration concernant le fonctionnement ont été relevés. Les résultats obtenus par Résavip en 2011-2013 n'illustrent encore pas la situation française métropolitaine dans sa globalité car huit régions n'ont pas fait l'objet de prélèvements pendant cette période. Il convient donc de poursuivre la dynamisation du réseau sur tout le territoire, par exemple dans les régions frontalières du Nord où le virus H3N2 a été détecté dans

d'autres circonstances ces dernières années (Hervé *et al.*, 2012; Simon *et al.*, 2013). Afin d'accompagner au mieux les animateurs régionaux, les vétérinaires et les SRALs, une proposition d'échantillonnage, à la fois basée sur la répartition géographique des élevages, les mouvements d'animaux et les risques d'introduction de VIP, est en cours réflexion. Les données d'élevage récoltées via les DAP sont très informatives mais ne peuvent être correctement exploitées que si elles sont obtenues pour la totalité des visites réalisées. L'amélioration des outils informatiques pour la saisie et l'analyse des données permettra un meilleur fonctionnement et la pérennité de l'approche.

Une diminution (de 65 % à 49 %) de la fréquence annuelle d'élevages positifs a été constatée au cours de ces trois premières années de fonctionnement. Il convient donc de rappeler que l'objectif de Résavip n'est pas le diagnostic d'exclusion d'une infection à virus influenza A en cas de phénomène pathologique respiratoire porcin. En effet, les VIP ne sont pas les seuls agents pathogènes responsables des syndromes grippaux chez le porc (Fablet *et al.*, 2012). En 2013, une suspicion d'infection par un autre agent pathogène a d'ailleurs été signalée dans 64,2 % des cas renseignés. L'absence de signe pathognomonique rend donc difficile la distinction clinique des infections à virus Influenza A, mais en revanche il a été confirmé que sélectionner les porcs à prélever en fonction de leur température rectale ($\geq 40,5^{\circ}\text{C}$) augmente la probabilité de détecter un virus influenza A.

Enfin, la définition d'indicateurs de fonctionnement par le GS-VIP de la Plateforme ESA permettra prochainement au réseau d'évaluer en continu la qualité de son fonctionnement et, le cas échéant, d'envisager d'autres axes d'amélioration.

Remerciements

Les auteurs remercient vivement tous les acteurs de Résavip pour leur investissement et leur contribution au fonctionnement du réseau : animateurs régionaux, vétérinaires volontaires, éleveurs, laboratoires d'analyses vétérinaires agréés, personnel technique du LNR *Influenza Porcin* et les SRAL. Ils remercient également les structures partenaires, Coop de France, Anses, DGAL, GDS France, SNGTV et Adilva, pour leur participation et leur soutien, ainsi que le Groupe de suivi Virus *influenza* porcins de la Plateforme ESA pour son appui scientifique et technique.

Références bibliographiques

- Fablet C., Marois C., Simon G., Grasland B., Kobisch M., Jestin A., Madec F., Rose N., 2012. Infectious agents associated with respiratory diseases in 125 farrow-to-finish pig herds: a cross sectional study. *Vet Microbiol* 157, 152-163
- Fablet C., Simon G., Dorenlor V., Eono F., Eveno E., Gorin S., Quéguiner S., Madec F., Rose N., 2013. Different herd level factors associated with H1N1 or H1N2 *influenza* virus infections in fattening pigs. *Prev Vet Med* 112, 257-265.
- Hervé S., Quéguiner S., Barbier N., Gorin S., Saulnier A., Simon G., 2012. Isolement d'un virus *influenza* porcin de sous-type H3N2 dans un élevage de porcs localisé dans le département du Nord. *Bull Epid Santé Anim Alim Anses-DGAL* 51, 22.
- Kyriakis C.S., Rose N., Foni E., Maldonado J., Loeffen W.L.A., Madec F., Simon G., Van Reeth K., 2013. *Influenza* A virus infection dynamics in swine farms in Belgium, France, Italy and Spain, 2006-2008. *Vet Microbiol* 162, 543-550.
- 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. *J Virol Meth* 171, 241-247.
- Rose N., Hervé S., Eveno E., Barbier N., Eono F., Dorenlor V., Andraud M., Camsusou C., Madec F., Simon G., 2013a. Dynamics of *influenza* A virus infections in permanently infected pig farms: evidence of recurrent infections, circulation of several swine *influenza* viruses and reassortment events. *Vet Res* 44, 72.
- Rose N., Hervé S., Eveno E., Barbier N., Eono F., Dorenlor V., Camsusou C., Madec F., Simon G., 2013b. Caractéristiques épidémiologiques des infections grippales récurrentes en élevage porcin. *Journées Recherche Porcine* 45, 261-266.
- Simon G., 2010. Le porc, hôte intermédiaire pour l'apparition de virus *influenza* réassortants à potentiel zoonotique. *Virologie* 14, 407-422.
- Simon G., Hervé S., Rose N., 2013. Epidémiologie de la grippe chez le porc en France entre 2005 et 2012: Dispositifs, virus détectés et données épidémiologiques associées. *Bull Epid Santé Anim Alim Anses-DGAL* 56, 17-22.