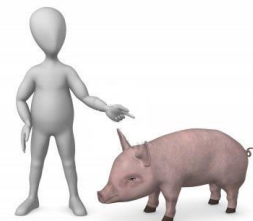
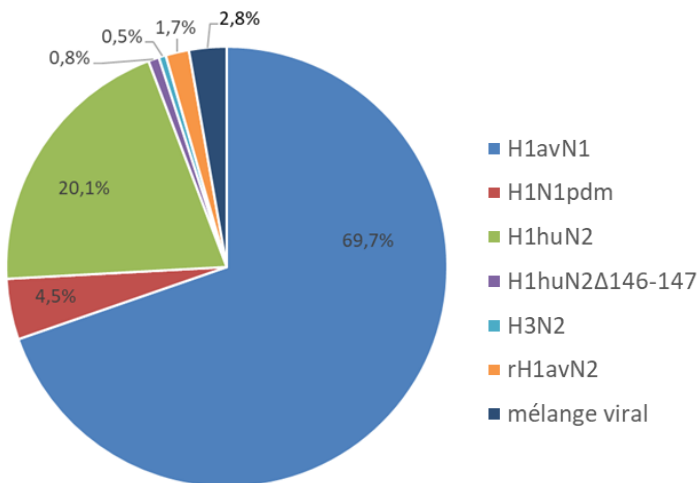
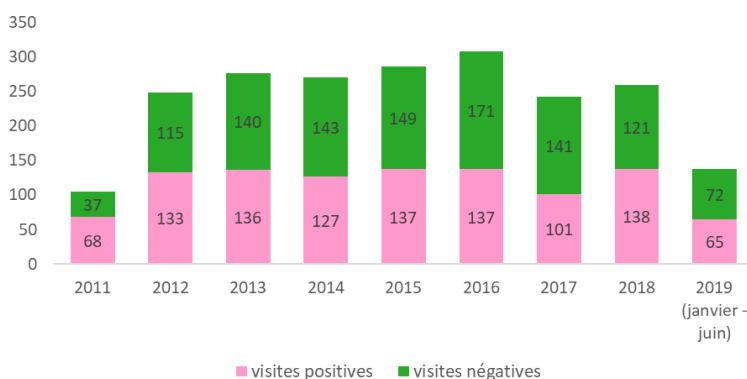


Résavip est le réseau national de surveillance des virus influenza A détectés chez le porc (VIP) en France métropolitaine. Son objectif est **d'approcher la diversité et la dynamique des VIP en France métropolitaine**.

Chaque trimestre et chaque année, Résavip publie un bulletin d'information national. Dorénavant ces bulletins sont publics et mis en ligne sur le site de la Plateforme ESA (<https://www.plateforme-esa.fr/>).



Plus de **2 000 visites d'élevages** ont été réalisées dans le cadre de Résavip depuis 2011, soit en moyenne 21 visites par mois. Environ la moitié des visites a permis de détecter un VIP (figure ci-contre).



Nombre de visites d'élevages réalisées par les vétérinaires volontaires de Résavip

Le LNR Influenza Porcin a pu **identifier trois quarts des VIP détectés** à l'échelle du lignage par la nature et l'origine de leur hémagglutinine et de leur neuraminidase. Le lignage le plus fréquemment rencontré est H1_{av}N1 (figure ci-contre).

Principaux lignages de VIP identifiés par Résavip de mars 2011 à juin 2019

Pour devenir **vétérinaire volontaire de Résavip**, inscrivez-vous auprès de **l'animateur régional** qui vous fournira les *kits de prélèvements* et le *document d'accompagnement des prélèvements*. Pour plus d'informations veuillez contacter la coordinatrice nationale (ldommergues@coopdefrance.coop).

Baisse du nombre de visites au 2^{ème} trimestre 2019

Au cours de ce trimestre, 61 visites ont eu lieu dans 4 régions, ce qui est proche de la moyenne du nombre de visites au 2^{ème} trimestre depuis 2011 (moyenne = 64) même si le nombre de régions est réduit. Trois élevages atteints de grippe récurrente ont fait l'objet de deux visites successives au cours du trimestre. Pour deux d'entre eux, un virus influenza a été détecté au cours de l'une des visites. Pour le troisième élevage, les résultats des deux visites ont été négatifs. Les porcs prélevés n'étaient pas toujours de même âge (écart de 15 semaines d'âge dans l'un des élevages).

Environ un tiers des visites ont permis de détecter des virus influenza A (24/61). Le virus H1_{av}N1 a été détecté dans 42% (10/24) des cas positifs. Le virus réassortant rH1_{av}N2 a été détecté une fois au premier trimestre (analyses toujours en cours au moment de la publication du BINT correspondant) et une fois au deuxième trimestre 2019. Sa précédente détection dans le cadre de Résavip datait de janvier 2016.

Aucun nouveau vétérinaire volontaire n'a intégré Résavip au cours de ce trimestre. Merci aux vétérinaires fidèles au réseau !



61 visites d'élevages réalisées dans 4 régions

- 62 % (38/61) suite à un appel pour syndrome grippal
- 35 % (21/61) en visite de routine
- 3 % (2/61) non renseigné

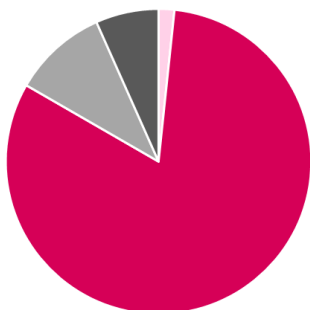
Répartition mensuelle des visites

- 23 en avril
- 27 en mai
- 11 en juin



Répartition des visites suivant le type d'élevage

- Elevages de type NE dans 80 % des cas



- Naisseur (N) (1/61)
- Naisseur-Post sevrer (NPS) (0/61)
- Naisseur-Engraisser (NE) (49/61)
- Post sevrer (PS) (0/61)
- Post sevrer-Engraisser (PSE) (6/61)
- Engraisser (E) (4/61)
- 1 type d'élevage non renseigné

Intensité des signes cliniques

- 48 gripes d'intensité normale
- 9 gripes d'intensité élevée

Précisions

Le nombre mensuel de visites varie d'une région à l'autre car il dépend de plusieurs facteurs parmi lesquels :

- La participation volontaire des éleveurs et des vétérinaires à Résavip
- L'organisation de la filière, la densité et la taille des élevages
- Le maillage vétérinaire

Résultats de la surveillance

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



39 % des visites d'élevage (24/61) ont permis de détecter la présence de VIP



Virus avian-like swine H1_{av}N1

- ✓ Dans 10 élevages parmi les 24 élevages où du génome de virus influenza A a été détecté
- ✓ Chez des porcs en croissance, dans des élevages de type NE, PSE et E en Bretagne, dans le Nord-Pas-de-Calais (Hauts-de-France), dans les Pays-de-la-Loire et en Normandie.

Virus human-like reassortant swine H1_{hu}N2

- ✓ Dans trois élevages
- ✓ Chez des porcs en croissance dans des élevages de type NE et E en Bretagne

Virus H1N1pdm

- ✓ Dans un élevage de type NE en Bretagne
- ✓ Chez des truies en maternité

Virus avian-like reassortant swine rH1_{av}N2

- ✓ Dans un élevage de type NE en Bretagne
- ✓ Chez des porcs en croissance

Mélange viral

- ✓ Détection de l'hémagglutinine H1_{av} et des neuraminidases N1 et N2 dans le même prélèvement
- ✓ Chez des porcs en croissance dans un élevage NE en Bretagne.

Absence (l'absence de détection ne signifie pas forcément une absence de circulation)

Virus H3N2 / H1_{hu}N2_{Δ146-147}

Les éleveurs, les vétérinaires volontaires, les animateurs régionaux, les LDAs, les Srals et le LNR-IP sont remerciés pour leur implication et leur travail



Tableau : résultats détaillés du 2^{ème} trimestre 2019

Région		Bretagne	Hauts de France	Normandie	Pays-de-la-Loire	TOTAL national
			NPC			
Nombre de visites d'élevages ^a		51	3	2	5	61
Nombre d'élevages négatifs		31	1	1	4	37 (60,7%)
Nombre d'élevages positifs		20	2	1	1	24 (39,3%)
VIP enzootiques	<i>Avian-like swine</i> H1 _{av} N1	7	1	1	1	10 (41,7%)
	<i>Human-like reassortant swine</i> H1 _{hu} N2	3	0	0	0	3
	<i>Variant Human-like reassortant swine</i> H1 _{hu} N2 _{Δ146-147}	0	0	0	0	0
	<i>Human-like reassortant swine</i> H3N2	0	0	0	0	0
	H1N1pdm	1	0	0	0	1
VIP réassortants (rH1 _{av} N2)		1	0	0	0	1
Virus non identifiés	Sous-types indéterminés (H?N?) et partiellement indéterminés (ex : H?N1, H?N2, H1 _{av} N?, H1 _{hu} N?)	7	1	0	0	8
Mélange viral		1	0	0	0	1
Caractérisation virale en cours		0	0	0	0	0

a : Une visite d'élevage correspond à une suspicion qui a amené le vétérinaire à l'utilisation d'un kit de prélèvement Résavip. Il peut arriver qu'un vétérinaire réalise plus de 3 prélèvements au cours d'un même déplacement dans un site d'élevage ou effectue plusieurs déplacements successifs. Dans ce cas, on compte autant de visites que de suspicions

Le test de laboratoire utilisé pour détecter le virus influenza A (RT-PCR gène M) est plus sensible que ceux utilisés pour le sous-typage moléculaire. Cette caractérisation est également dépendante de la qualité des prélèvements. Ainsi les virus détectés ne sont-ils pas tous identifiés (sous-typés).



Plateforme ESA
Epidémiologie santé animale