

PARUTION ANTICIPEE

Réseau national de surveillance des virus influenza A chez le Porc (Résavip) – Bilan de fonctionnement et résultats de la surveillance menée en 2016

Emmanuel Garin^{1*}, Séverine Hervé², Nicolas Rose³, Caroline Locatelli⁴, Ludovic Lecarpentier⁵,
David Ngwa-MBot⁶, Sébastien Wendling⁷, Laure Bournez^{8*}, Didier Calavas^{9*} et Gaëlle Simon²

Auteur correspondant : emmanuel.garin@coopdefrance.coop

- 1 Coop de France, Paris, France
- 2 Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Virologie immunologie porcines, Laboratoire national de référence Influenza porcine, Ploufragan, France
- 3 Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Epidémiologie et bien-être du porc, Ploufragan, France
- 4 Adilva, Paris, France
- 5 SNGTV, Paris, France
- 6 GDS-France, Paris, France
- 7 DGAL, Bureau de la santé animale, Paris, France
- 8 Anses, Direction des laboratoires, Unité de coordination et d'appui à la surveillance, Maisons-Alfort, France
- 9 Anses, Coordonnateur Plateforme ESA

* Membre de l'équipe opérationnelle de la Plateforme ESA

Résumé

En 2016, 309 visites d'élevage (267 élevages différents) ont été réalisées dans le cadre de Résavip dans douze (anciennes) régions et 28 départements. Ce nombre a augmenté d'environ 10 % par rapport aux trois dernières années. Le suivi des indicateurs de fonctionnement montre que les étapes clés du fonctionnement du réseau se sont améliorées depuis 2015. Cependant, il est à noter que dans certaines régions n'ayant toujours pas eu (ou très peu) de visites, aucune réunion annuelle avec les acteurs régionaux n'a eu lieu.

Les visites ont permis de détecter des virus influenza porcins de type A (VIP) dans presque la moitié des cas (44,7 %). Un peu moins des trois quarts (71 %, 98/138) des virus détectés ont pu être sous-typés. Comme les années précédentes, les VIPs majoritairement identifiés par Résavip étaient les virus enzootiques H1_{av}N1 (66,3 %, 65/98) et H1_{hu}N2 (12,2 %, 12/98). Le premier a été détecté sur une grande partie du territoire, tandis que le deuxième a été détecté dans des élevages de l'Ouest et pour la première fois dans le Nord. Les autres virus enzootiques à l'échelle européenne et/ou française (H1N1pdm, H1_{hu}N2_{Δ146-147} et H3N2), un virus réassortant rH1_{av}N2 et des mélanges viraux ont été détectés de façon sporadique (entre 1 et 7 % des virus identifiés). A noter qu'une grande diversité virale a été observée dans les Hauts-de-France en 2016.

Mots clés : Porc ; virus influenza de type A, virus influenza porcine, virus réassortant, grippe, Résavip, surveillance

Abstract : National network for surveillance of type A influenza virus in swine (Résavip) – Review of operations and surveillance results for 2016

In 2016, 309 farm visits were performed, covering 267 different farms, as part of Résavip in the twelve (former) regions of France and 28 departments. This number increased by about 10% compared to the previous three years. Assessment of the performance indicators shows that the key steps in the network's functioning have improved since 2015. However, we should mention that in certain regions with few or no visit, no annual meeting was held with the regional stakeholders.

The visits detected type A swine influenza viruses (SIVs) in almost half of the cases studied (44.7%). A little less than three quarters (71%, 98/138) of the detected viruses could be subtyped. Like in previous years, the SIVs most commonly identified by Résavip were enzootic H1_{av}N1 virus (66.3%, 65/98) and H1_{hu}N2 virus (12.2%, 12/98). H1_{av}N1 was detected in regions across mainland France, while H1_{hu}N2 was found on farms in the west of the country and for the first time in the north. The other enzootic viruses at the European and/or French level (H1N1pdm, H1_{hu}N2_{Δ146-147} and H3N2), a reassortant rH1_{av}N2 virus, and viral mixtures were detected sporadically (between 1% and 7% of identified viruses). Importantly, high viral diversity was observed in the Hauts-de-France region in 2016.

Key words: Swine; type A influenza virus, swine influenza virus, reassortant virus, flu, Résavip, surveillance

Le réseau national de surveillance des virus influenza circulant chez le Porc en France métropolitaine (Résavip) a été mis en place en avril 2011. Ce réseau permet d'avoir une bonne connaissance des virus influenza porcins (VIP) présents en France métropolitaine et de mieux connaître leur répartition géographique. Afin de suivre son activité et de cibler des actions visant à l'améliorer, des indicateurs de fonctionnement de Résavip, définis dans le cadre du groupe de suivi virus influenza porcins (GS-VIP) de la Plateforme ESA, ont été mis en place aux niveaux national et régional en 2015. Ces indicateurs prennent en compte les étapes clés du dispositif regroupées en différentes phases caractéristiques des réseaux de surveillance : la collecte des

données, le retour d'information vers les différents acteurs et le pilotage. Cet article présente le premier bilan de ces indicateurs et les principaux résultats de la surveillance menée par Résavip en 2016, en comparaison à ceux obtenus les années précédentes, de 2011 à 2015 (Hervé *et al.*, 2014 ; Garin *et al.*, 2015 ; Garin *et al.*, 2016).

Encadré : Objectifs et organisation générale de Résavip

Objectifs du réseau

Résavip poursuit trois objectifs : i) améliorer les connaissances virologiques et épidémiologiques sur les virus influenza porcins (VIP) affectant les élevages porcins, ii) assurer un suivi continu de ces VIP, pour être réactif et avoir une action ciblée en cas de besoin et iii) pouvoir communiquer de manière appropriée grâce à l'acquisition de connaissances fiables, notamment en cas de nouvel épisode sanitaire d'importance ou d'émergence de nouvelles souches virales. En effet, les VIP ont un impact sanitaire et économique important en santé animale (Fablet *et al.*, 2013) et peuvent aussi avoir un impact en santé humaine de par leur potentiel zoonotique (Simon, 2010).

Pour répondre à ces objectifs, la surveillance est de type événementiel (passif) et permet d'approcher la diversité et la dynamique des VIP sur le territoire métropolitain. Elle vise également à détecter, le plus rapidement possible, de nouveaux variants.

Organisation générale

Une suspicion clinique de grippe est établie suite à l'observation d'un syndrome grippal (hyperthermie, abattement, prostration, apathie, éternuements ou toux) dans un groupe d'animaux au cours d'une visite dans un site d'élevage porcin. Lors d'une telle suspicion, le vétérinaire participant au réseau effectue un écouvillonnage nasal individuel sur trois porcs d'une même bande, présentant si possible une température rectale égale ou supérieure à 40,5°C. Le site d'élevage, ci-après dénommé élevage, est identifié par un indicatif de marquage unique et est considéré comme un « cas » positif (atteint de grippe au moment de la visite) si au moins un des trois écouvillons contient du génome de virus influenza A. Les virus détectés sont ensuite soumis à d'autres analyses pour identification du sous-type et du lignage d'appartenance.

Le dispositif a la particularité d'être un réseau de surveillance d'un danger sanitaire non réglementé et d'être organisé au niveau national, avec un déploiement opérationnel en région. Chaque animateur régional (AR) gère une base de données et des kits de prélèvement en lien avec le service régional de l'alimentation (SRAL) et l'un des laboratoires départementaux d'analyses agréés (LDA) par la DGAL. Il distribue les kits à des vétérinaires volontaires (VV) ayant recueilli l'accord de l'éleveur pour investiguer des suspicions de grippe, tout en garantissant son anonymat (levé en cas de besoin).

Les prélèvements trouvés positifs en analyse de première intention (RT-PCR gène M) par le LDA sont ensuite adressés au laboratoire national de référence Influenza porcin (LNR-IP), aux fins d'identification du sous-type et du lignage d'appartenance des virus détectés. Le réseau est coordonné au niveau national par Coop de France.

L'implication des AR et VV est bénévole et le financement des kits de prélèvements et des analyses de laboratoires de 1^{ère} intention est supporté par la DGAL. Celui lié aux analyses de 2^{ème} intention est pris en charge par l'Anses. Les analyses de laboratoires sont donc gratuites pour l'éleveur et les actes liés à l'écouvillonnage ne lui sont pas facturés.

Les virus influenza porcins constituent une des thématiques de la Plateforme ESA. Le groupe de suivi dédié (GS-VIP) assure un appui scientifique et technique au réseau.

Pour plus de détails sur le fonctionnement de Résavip, consulter le *Bulletin Epidémiologique* 63 de septembre 2014 (<http://bulletinepidemiologique.mag.anses.fr/sites/default/files/BEP-mg-BE63-art3.pdf>).

BILAN DU FONCTIONNEMENT

La majorité des indicateurs ont un objectif chiffré (Figure 1) tandis que quelques autres, qui sont indépendants du réseau (délai postal ou qualité biologique des prélèvements), n'en ont pas. Pour ces derniers, c'est le suivi de leur évolution annuelle qui est pris en compte.

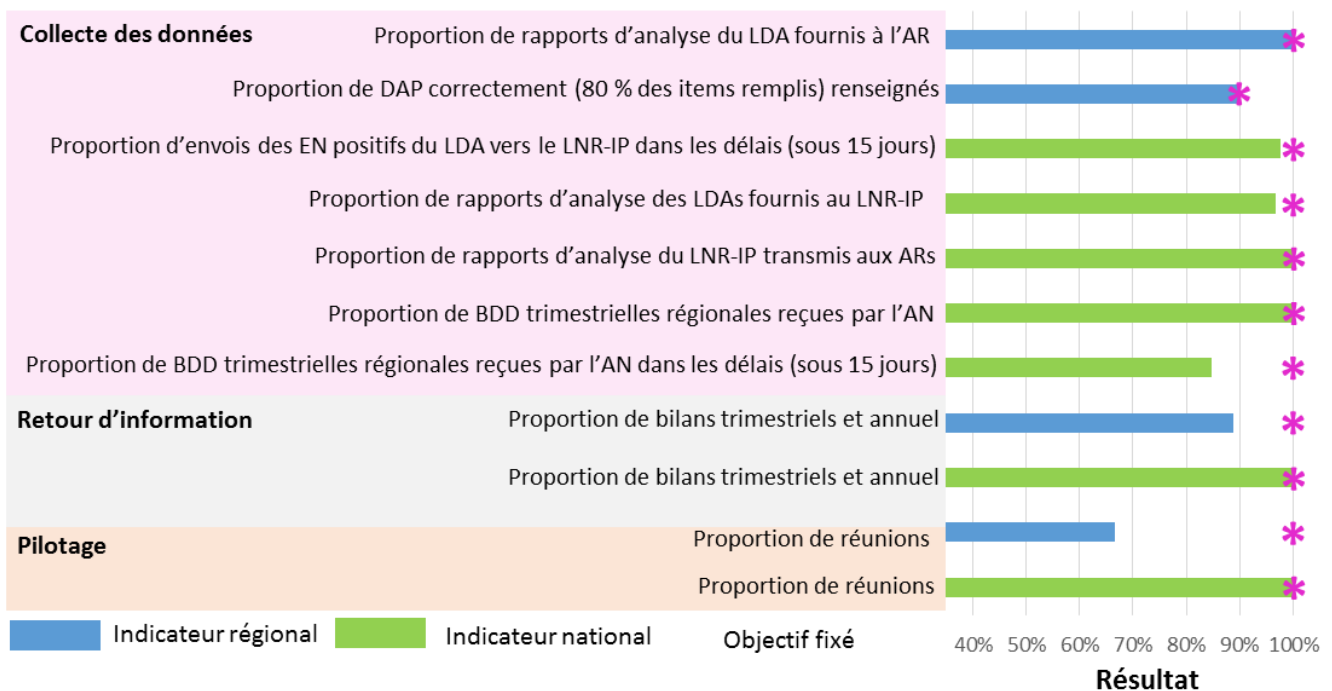


Figure 1. Indicateurs de fonctionnement de Résavip ayant un objectif défini. **LDA** : Laboratoire départemental d'analyses, **AR** : Animateur régional, **AN** : Animateur national, **EN** : Ecouvillons nasaux, **BDD** : Base de données, **LNR-IP** : Laboratoire national de référence Influenza porcine, **DAP** : Document d'accompagnement de prélèvement

Bien que certains indicateurs n'atteignent pas les objectifs fixés, ils en sont très proches. Par exemple, le retard observé dans la transmission trimestrielle des bases de données régionales à l'échelon national est peu important et n'a donc pas influencé le suivi des résultats ni la rédaction

des bilans trimestriels. Les indicateurs de suivi des délais d'envoi des prélèvements du vétérinaire volontaire au laboratoire départemental agréé et de réalisation des analyses de première et de deuxième intentions, respectivement par les LDA et le LNR-IP, très stables par rapport aux deux dernières années, sont jugés satisfaisants. Globalement, la situation s'est améliorée par rapport à 2014 et 2015, et les manques observés n'ont pas impacté le fonctionnement global du réseau. Il a fallu cependant maintenir la sensibilisation auprès de quelques animateurs régionaux.

Les indicateurs permettant de suivre la qualité du retour d'information des unités centrales régionales et nationale vers les différents acteurs sont tout à fait satisfaisants, puisque l'ensemble des bilans sont transmis par les animateurs régionaux et l'animateur national aux acteurs suivant les modalités prévues, à l'exception de deux régions pour lesquelles seul un bilan semestriel a été réalisé par les animateurs régionaux. Au niveau régional, cet indicateur s'est amélioré par rapport aux deux dernières années. S'agissant d'un réseau de surveillance événementielle, ce retour d'information est fondamental pour assurer le maintien de l'implication des acteurs, notamment celle des vétérinaires dont l'intervention est bénévole.

L'évaluation du pilotage du réseau se base sur la réalisation des réunions prévues. Ces réunions permettent également de faire un retour d'information et de sensibiliser les acteurs locaux. Bien que dans certaines régions plusieurs réunions ont eu lieu, il faut souligner que dans un tiers d'entre elles, notamment celles n'ayant pas eu de prélèvements (ou très peu), aucune n'a été organisée.

BILAN DE LA SURVEILLANCE

La réorganisation administrative des régions françaises de métropole, opérée par l'Etat fin 2015, n'a pas engendré de modification de l'organisation régionale de Résavip en 2016. Comme les années précédentes, cette organisation se basait donc sur vingt régions¹ (Basse et Haute Normandie regroupées en une seule région, la Normandie, et absence de réseau en Languedoc-Roussillon). Les résultats de la surveillance obtenus en 2016 sont donc présentés suivant cet agencement.

Elevages visités

En 2016, 309 visites ont été réalisées dans 267 élevages, situés dans douze régions et 28 départements, par 78 vétérinaires volontaires (Figure 2). Le nombre de régions investiguées est similaire aux trois années précédentes mais le nombre de départements concernés a légèrement augmenté. Le nombre de visites a augmenté d'environ 10 % (276 en 2013, 271 en 2014 et 286 en 2015), bien qu'une baisse de presque 10 % des visites réalisées en Bretagne ait également été enregistrée. Le nombre de visites a en effet plus que doublé en Aquitaine, dans le Nord-Pas-de-Calais et en Normandie. Vingt-quatre élevages ont été visités chaque mois en moyenne, comme

1

précédemment (23 visites par mois en moyenne en 2013, 2014 et 2015) (Hervé *et al.*, 2014 ; Garin *et al.*, 2015 ; Garin *et al.*, 2016).

Comme les années précédentes, la Bretagne, la Normandie et les Pays de la Loire sont les régions dans lesquelles il y a eu le plus de visites. Elles représentent respectivement 65,1 % (201/309), 11,7 % (36/309) et 7,4 % (23/309) des visites.

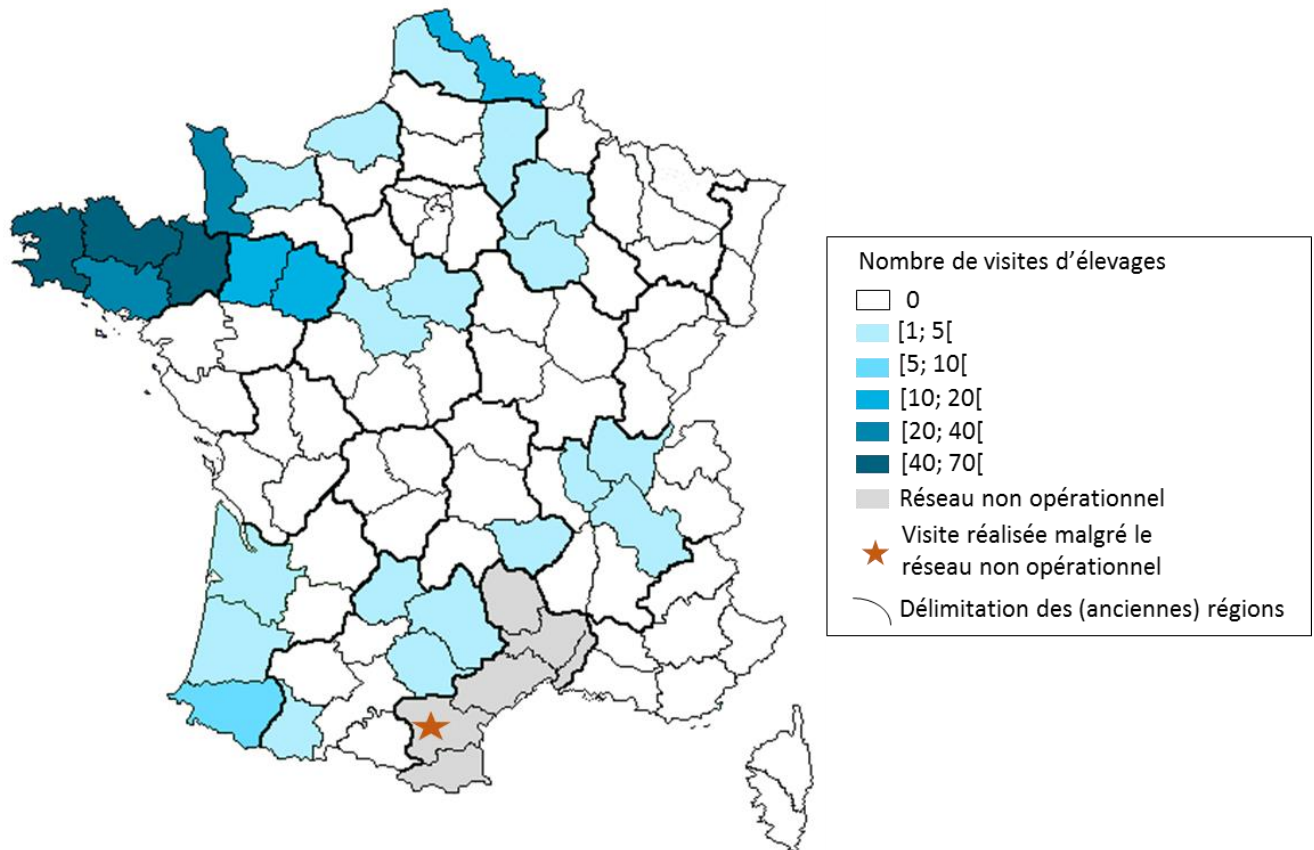


Figure 2. Répartition départementale des visites d'élevages réalisées dans le cadre de Résavip en 2016 (n=309)

Deux-cent-trente-cinq élevages (76,1 % des visites) ont été visités une seule fois, tandis que 24 élevages ont été visités deux fois et sept l'ont été trois fois. Ces derniers représentaient respectivement 15,5 et 6,8 % des visites. Cette répartition est très similaire à celle de 2015. A noter que, contrairement aux deux dernières années, un élevage a été visité plus de trois fois.

Parmi les 309 visites, environ les trois quarts (73,5 %, 227/309) faisaient suite à un appel de l'éleveur pour un syndrome grippal, environ 23 % (70/309) ont été réalisées lors d'une visite de routine et 4,5 % (12/309) ont eu lieu sans que le contexte ne soit précisé. Comme pour les années précédentes, ces visites ont été effectuées principalement dans des élevages de type naisseur-engraisseur (NE) (70 %) mais aucune visite n'a été effectuée en 2016 dans des élevages de type post-sevreur, contrairement aux années précédentes. Les quatre types d'animaux ciblés

(porcs en croissance, cochettes en quarantaine, truies gestantes et truies en maternité) ont été prélevés dans des proportions similaires aux années précédentes. Les prélèvements ont ainsi été principalement effectués sur des porcs en croissance (87,4 %). Dans moins de la moitié des cas (42 %), les animaux écouvillonnés avaient une température rectale supérieure à 40,5°C (spécification du protocole). Cette valeur est semblable à celles de 2013 (49 %) et 2014 (47 %) tandis qu'elle était de 53 % en 2015. Cependant, 91,8 % des animaux avaient une température supérieure à 40°C (89,5 % en 2013, 81,2 % en 2014 et 87,6 % en 2015). Environ un tiers (31,3 %) des élevages visités suivait un programme de vaccination contre la grippe appliqué aux cochettes et/ou aux reproducteurs.

Elevages positifs

Un peu moins de la moitié (44,7 %) des visites ont permis de détecter la présence de VIP. Cette valeur est légèrement inférieure à celles obtenues précédemment (48,4 % en moyenne). Ces 138 visites « positives » se sont réparties tout au long de l'année, dans 127 élevages de tous types (excepté de type post-sevreur) situés dans dix-neuf des 28 départements investigués (12 régions) (Figure 3). Parmi ces visites, 35 cas (25,4 %) correspondaient à des visites multiples (mêmes élevages visités plusieurs fois avec la répartition suivante : quatorze élevages ont été trouvés positifs une fois (14 cas), neuf élevages deux fois (18 cas), et un élevage trois fois (3 cas). La grippe était qualifiée de récurrente dans 48,1 % des cas (62/129). Cette proportion est légèrement supérieure aux trois années précédentes (42,2 %). C'est le même constat pour l'intensité des signes cliniques, jugée élevée dans 29,5 % des cas, contre 23,1 % en 2013, 21,7 % en 2014 et 23,7 % en 2015.

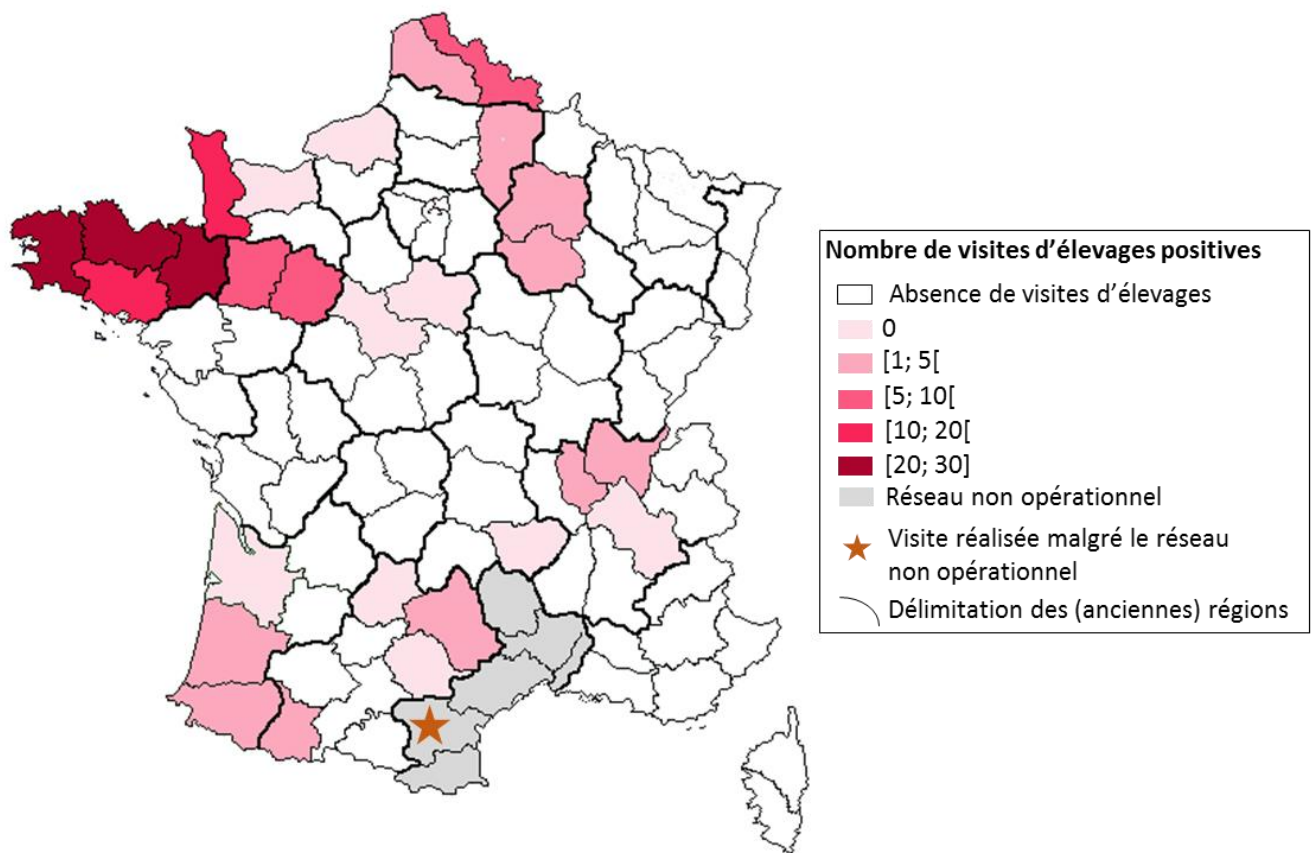


Figure 3. Répartition géographique des visites d'élevages ayant permis de détecter des VIPs dans le cadre de Résavip en 2016 (n=138)

Virus identifiés et répartition géographique

Les VIPs détectés ont été identifiés dans 71 % (98/138) des cas (Tableau 1). A l'inverse, 29 % (40/138) des virus n'ont été que partiellement ou pas sous-typés, ce qui représente une hausse de 5 à 7 % des sous-typages infructueux par rapport aux années précédentes. Le succès des analyses de seconde intention dépend notamment des sensibilités des diverses méthodes de détection et de caractérisation moléculaire, ainsi que des isollements viraux lorsque les génomes viraux sont présents en quantités limitantes dans les échantillons biologiques. En 2016, davantage de souches non typables directement à partir des surnageants d'écouvillons nasaux n'ont pas pu être amplifiées en culture cellulaire, comparativement aux années précédentes. Ceci pourrait être lié à la qualité des prélèvements réceptionnés par le LNR-IP. L'absence de viabilité des particules virales n'est pas liée à une quelconque dérive dans les délais d'acheminement entre les différents acteurs.

Tableau 1. Distribution des VIPs détectés en 2016 en fonction de leur nature (sous-type et lignage génétique) (n=138)

Sous-type viral	Lignage génétique	Nombre de cas	Proportions (%)
H1N1	H1 _{av} N1	65	47,1
	rH1 _{hu} N1	0	0
	H1N1pdm	8	5,8
H1N2	H1 _{hu} N2	12	8,7
	H1 _{hu} N2v	2	1,4
	rH1 _{av} N2	1	0,7
H3N2	H3N2	1	0,7
Mélanges	H1 _{av} /H1 _{hu} /N2	1	0,7
	H1 _{av} /H1 _{hu} /N1	2	1,4
	H1 _{av} /H1 _{hu} /N1/N1pdm	1	0,7
	H1 _{av} /H1pdm/N1/N1pdm	1	0,7
	H1 _{av} /H1pdm/N1pdm	1	0,7
	H1 _{av} /H1 _{hu} /N1/N2 (H1 _{av} N1+H1 _{hu} N2)	2	1,4
	H1pdm/H1 _{hu} /N1pdm/N2 (H1 _{hu} N2+H1N1pdm)	1	0,7
Sous-total		98	71
Virus non identifiés	Sous-types indéterminés (H?N?) et partiellement indéterminés (ex : H?N1, H?N2, H1 _{av} N?, H1 _{hu} N?)	40	29
Total		138	100

Parmi les virus identifiés, le virus *avian-like swine* H1_{av}N1 est celui qui, comme les années précédentes, a été le plus fréquemment détecté (66 %, 65/98) (Figure 4). Le virus *human-like reassortant swine* H1_{hu}N2 a été détecté dans 12 % (12/98) des cas, en Bretagne et dans le Nord-Pas-de-Calais. Les deux autres virus enzootiques européens ont été identifiés de façon sporadique : le virus *human-like reassortant swine* H3N2 a été détecté une seule fois en Nord-Pas-de-Calais (département du Nord), le virus H1N1pdm a été identifié dans huit cas situés dans le Sud-Ouest, le Grand-Ouest et l'Est du pays. Ces différents types de virus sont considérés comme enzootiques à l'échelle européenne dans la population porcine (Simon *et al.*, 2014). Le virus *human-like reassortant swine* H1_{hu}N2_{Δ146-147} a quant à lui été détecté une fois en Bretagne et en Normandie alors qu'il représentait 12 % (13/109) des cas en 2015.

En 2016, un seul virus rH1_{av}N2 a été identifié dans le Nord-Pas-de-Calais. Neuf mélanges viraux (9 %, 9/98) ont été détectés en Aquitaine, en Bretagne, en Normandie et dans le Nord-Pas-de-Calais. C'est la première fois qu'autant de mélanges viraux sont détectés par Résavip.

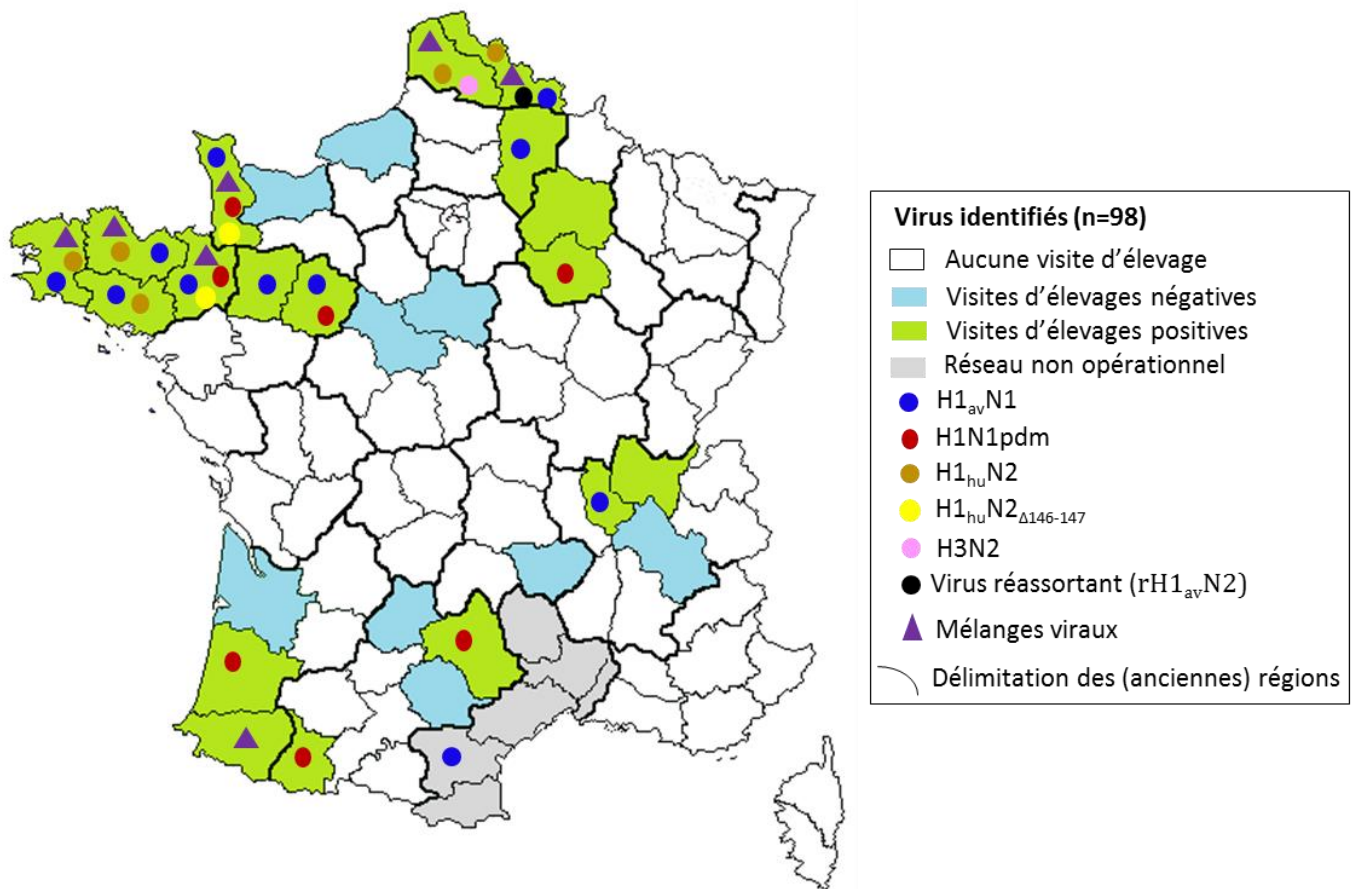


Figure 4. Répartition géographique des VIPs identifiés par Résavip en 2016

CONCLUSION

Comme les années précédentes, la surveillance événementielle menée par Résavip en 2016 montre que des syndromes grippaux ont lieu tout au long de l'année et touchent toutes les catégories d'animaux et les stades physiologiques. Les caractéristiques des animaux prélevés sont similaires depuis 2011. L'augmentation de 10 % du nombre de visites pourrait être liée à une meilleure réactivité du réseau et/ou à des syndromes grippaux plus intenses ou plus fréquents par rapport aux années précédentes. Cependant, il faut noter que la proportion d'élevages positifs a un peu diminué (par rapport à 2014 et 2015). Cela pourrait être lié à l'augmentation de la proportion de porcs prélevés avec une température inférieure à 40,5°C.

En 2016 comme depuis plusieurs années, le virus H1_{av}N1 est celui qui a été le plus fréquemment identifié, suivi du virus H1_{hu}N2. Les virus H3N2, H1N1pdm, H1_{hu}N2_{Δ146-147} ont été détectés de façon sporadique. Des situations nouvelles ont été observées dans le cadre du réseau.

En effet, les virus H1_{hu}N2 et rH1_{av}N2 ont été identifiés pour la première fois en Nord-Pas-de-Calais. Egalement, le virus H1N1pdm a été détecté en Champagne-Ardenne ainsi qu'en Bretagne en mélange avec le virus H1_{hu}N2. Plusieurs autres mélanges viraux ont été identifiés de façon occasionnelle dans diverses régions, mais de manière plus fréquente qu'au cours des années précédentes, illustrant une fois encore les co-circulations virales favorables à l'apparition de nouveaux virus réassortants. Depuis la mise en place du réseau, les souches virales détectées peuvent avoir un impact sanitaire et économique plus ou moins important dans les élevages où elles circulent, mais ne constituent pas un risque collectif significatif pour le cheptel français. A ce jour, ces souches ne présentent pas non plus, a priori, de risque plus élevé que d'ordinaire pour la santé humaine.

Après cinq ans d'activité, l'implication et la réactivité des acteurs de Résavip se sont encore améliorées et permettent d'assurer une activité dynamique. Cependant, certaines actions de sensibilisation collectives ou individuelles devront être mises en œuvre afin de continuer à améliorer le fonctionnement. En effet, les départements visités représentaient 55,7 % des élevages porcins métropolitains² et l'absence (ou le très faible nombre) de prélèvements dans certaines régions, depuis plus de cinq ans, limite toujours les connaissances produites par le réseau. Des améliorations fonctionnelles (identifiées grâce à une enquête auprès des acteurs locaux) liées en particulier à la gestion des kits de prélèvements, pourraient être mises en place courant 2017 afin d'améliorer l'activité notamment dans les régions n'ayant pas (ou peu) eu de prélèvements. Enfin jusqu'à présent, les indicateurs régionaux sont calculés de façon anonyme et globalisée. Un tableau de bord régional pourrait être mis en place ce qui permettrait à chaque acteur de mieux suivre son activité.

REMERCIEMENTS

Tous les acteurs de Résavip (animateurs régionaux, éleveurs, vétérinaires volontaires, laboratoires d'analyses vétérinaires agréés, SRAL et le personnel du LNR-IP) sont remerciés pour leur implication.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Fablet C., Simon G., Dorenlor V., Eono F., 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.

Garin E., Hervé S., Rose N., Locatelli C., Lecarpentier L., Ngwa-Mbot D., Wendling S., Bournez L., Calavas D., Simon G., 2016. Réseau national de surveillance des virus influenza chez le porc (Résavip) – Bilan de la surveillance menée en 2015. *Bull Epid Santé Anim Alim*, 75, 16-19.

Garin E., Hervé S., Rose N., Marcé C., Simon G., 2015. Réseau national de surveillance des virus influenza chez le porc (Résavip) – Bilan de la surveillance menée en 2014. *Bull Epid Santé Anim Alim*, 72, 31-34.

Hervé S., Garin E., Rose N., Marcé C., Simon G., 2014. Réseau national de surveillance des virus influenza chez le porc (Résavip) – Résultats des trois premières années de fonctionnement. *Bull Epid Santé Anim Alim*, 63, 10-14.

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. Epidémiosurveillance de la grippe chez le porc en France entre 2005 et 2012 : Dispositifs, virus détectés et données épidémiologiques associées. *Bull Epid Santé Anim Alim*, 56, 17-22.

Simon G., Larsen L.E., Dürrwald R., Foni E., Harder T., Van Reeth K., Markowska-Daniel I., Reid S.M., Dan A., Maldonado J., Huovilainen A., Billinis C., Davidson I., Agüero M., Vila T., Hervé S., Breum S.Ø., Chiapponi C., Urbaniak K., Kyriakis C.S., ESNIP3 consortium, Brown I.H., Loeffen W., 2014. European surveillance network for influenza in pigs: surveillance programs, diagnostic tools and swine influenza virus subtypes identified in 14 European countries from 2010 to 2013. *PLoS One*, 9(12):e115815.