

Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

XX 2020

Brève. Identification d'un nouveau virus influenza porcine H1_{av} N2 dans plusieurs élevages en Bretagne *Short item. Identification of a novel swine influenza virus H1_{av} N2 in several herds in Brittany*

Séverine Hervé⁽¹⁾, Amélie Chastagner⁽¹⁾, Stéphane Quéguiner⁽¹⁾, Nicolas Barbier⁽¹⁾, Stéphane Gorin⁽¹⁾, Yannick Blanchard⁽²⁾, Agnès Jardin⁽³⁾, Laure Dommergues^(4,5), Nicolas Rose⁽⁶⁾, Gaëlle Simon⁽¹⁾

Auteur correspondant : severine.herve@anses.fr

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

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Génétique virale et biosécurité, Ploufragan, France

(3) CEVA Santé Animale, Libourne, France

(4) La Coopération Agricole, Paris, France

(5) Plateforme d'épidémiosurveillance santé animale

(6) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Epidémiologie, Santé et Bien Etre, Ploufragan, France

Mots-clés : virus influenza A porcine, porc, infections récurrentes/Keywords : swine influenza A virus, pig, recurrent infections

Des virus influenza A porcins (swIAVs) de quatre lignages génétiques sont connus pour circuler de manière enzootique dans les élevages de porcs en Europe (Tableau 1). Les swIAVs enzootiques les plus fréquemment rencontrés en France appartiennent aux lignages H1_{av}N1 et H1_{av}N2 (Hervé *et al.* 2019). D'autres virus sont également détectés sporadiquement, notamment de lignage H1_{av}N2, issus de réassortiments générés à la faveur de co-infections, par des virus porcins enzootiques (Tableau 1, #A et #B), ou des virus porcins et humains (Tableau 1, #C et #D), ou introduits depuis un autre pays (Tableau 1, #E) (Bonin *et al.* 2016). Les analyses génétiques et antigéniques approfondies réalisées par l'Anses en aval des actions de surveillance des swIAVs qui circulent sur le territoire, actions menées parallèlement par le réseau national Résavip, CEVA et l'Anses, ont récemment permis d'identifier un virus H1_{av}N2 d'un nouveau génotype en Bretagne (Tableau 1, #F).

Ce virus H1_{av}N2 a été identifié à l'occasion de syndromes grippaux survenus chez des porcelets âgés de 6 à 8 semaines entre octobre 2018 et octobre 2019 dans six élevages situés dans le Morbihan et les Côtes d'Armor (Fig. 1). Les élevages étaient de type post-sevreur-engraisseur (PSE) pour deux d'entre eux (#1 et #5) et naisseur-engraisseur (NE) pour les quatre autres. Les syndromes grippaux ont été qualifiés d'intensité élevée dans deux cas (#3 et #4). Les vétérinaires ont déclaré une situation de grippe récurrente dans les six élevages. Dans tous les sites, sauf peut-être le cas #1 (PSE) pour lequel l'information n'a pas été obtenue, tous les porcelets touchés étaient nés de truies vaccinées.

Dans ces six élevages, le virus responsable des cas de grippe a en premier lieu été caractérisé comme étant un réassortant H1_{av}N2 par sous-typage moléculaire réalisé à l'aide de RT-qPCRs ciblant les gènes codant l'hémagglutinine (HA) et la neuraminidase (NA). Les séquençages des génomes complets ont permis de montrer que les gènes PB1, PB2, PA, NP, M et NS appartiennent au lignage H1N1 pandémique 2009 (H1N1pdm). Les reconstructions phylogénétiques

ont révélé que le segment HA appartient au clade 1C.2 comme celui des virus H1_{av}N2 (Tableau 1, #E) distingués dans le Sud-Ouest en 2015-2016, clade connu pour circuler dans le Nord de l'Europe (Bonin *et al.* 2016). Le segment NA se classe également dans le même clade que le gène N2 des souches H1_{av}N2 enzootiques au Danemark (Tableau 1, #E). Des analyses complémentaires effectuées en collaboration avec un laboratoire expert au Danemark ont confirmé une forte identité (97-98 % de similarité selon les gènes) avec un virus H1_{av}N2 multiréassortant isolé dans ce pays en 2018 (Pia Ryt-Hansen, communication personnelle).

Dans les cas #1 à #5, les souches virales ont pu être isolées sur cellules MDCK, puis confrontées à des sérums hyper immuns de référence lors d'un test d'inhibition de l'hémagglutination (IHA), afin d'évaluer leurs niveaux de réactions antigéniques vis-à-vis d'anticorps dirigés contre différents types de HA. Des titres IHA nuls (<10) à très faibles (10) ont été obtenus avec les anticorps anti-H1_{av}(Ny) du clade 1C.2.1 circulant en France. En revanche, ces virus ont nettement réagi avec des anticorps anti-H1_{av}N2 du clade 1C.2 et anti-H1N1pdm (titres IHA de 20 à 80), montrant une proximité antigénique avec le virus H1_{av}N2 identifié dans le Sud-Ouest en 2015-2016 et potentiellement avec le virus H1N1pdm, en lien avec le génotype identifié par ailleurs.

Ainsi, au vu de l'ensemble des résultats d'analyses, il est formulé l'hypothèse que ce nouveau virus H1_{av}N2 a été introduit *in toto* dans un ou plusieurs élevage(s) breton(s), à la faveur d'importation(s) d'animaux vivants contaminés en provenance d'un autre pays européen. Le virus introduit dans un élevage a ensuite pu diffuser vers un ou d'autre(s) élevage(s) de la région, mais à ce stade, seul un lien épidémiologique entre les sites #5 et #6 est connu.

Un suivi rapproché des futurs épisodes grippaux dans ces élevages, ainsi que la poursuite des actions de surveillance des swIAVs par l'ensemble des acteurs impliqués sont à encourager afin d'appréhender l'installation ou non de ce nouveau virus dans les élevages français.

	Lignage	Segments génomiques codant les protéines virales							
		HA (clade)	NA	PB2	PB1	PA	NP	M	NS
swIAVs enzootiques	H1 _{av} N1	1C.2.1							
	H1 _{hu} N2	1B.1.2.3							
	H1N1pdm	1A.3.3.2							
	H3N2								
swIAVs H1 _{av} N2 sporadiques	#A	1C.2.1							
	#B	1C.2.1							
	#C	1C.2.1							
	#D	1C.2.1							
	#E	1C.2							
	#F	1C.2							

Lignages HA

- H1_{av} (Eurasian avian-like)
- H1_{hu} (human-like Scotland/94)
- H1pdm (pandémique 2009)
- H3 (Gent/84)

Lignages NA

- N1 (Eurasian avian-like)
- N1pdm (pandémique 2009)
- N2 Scotland/94 (H1_{hu}N2)
- N2 Gent/84 (H3N2)
- N2 seasonal-like (H3N2 humain 2003)

Lignages autres gènes

- Eurasian avian-like
- pandémie 2009

Tableau 1. Génotypes des swIAV enzootiques et des virus sporadiques de lignage H1_{av}N2 identifiés en France.

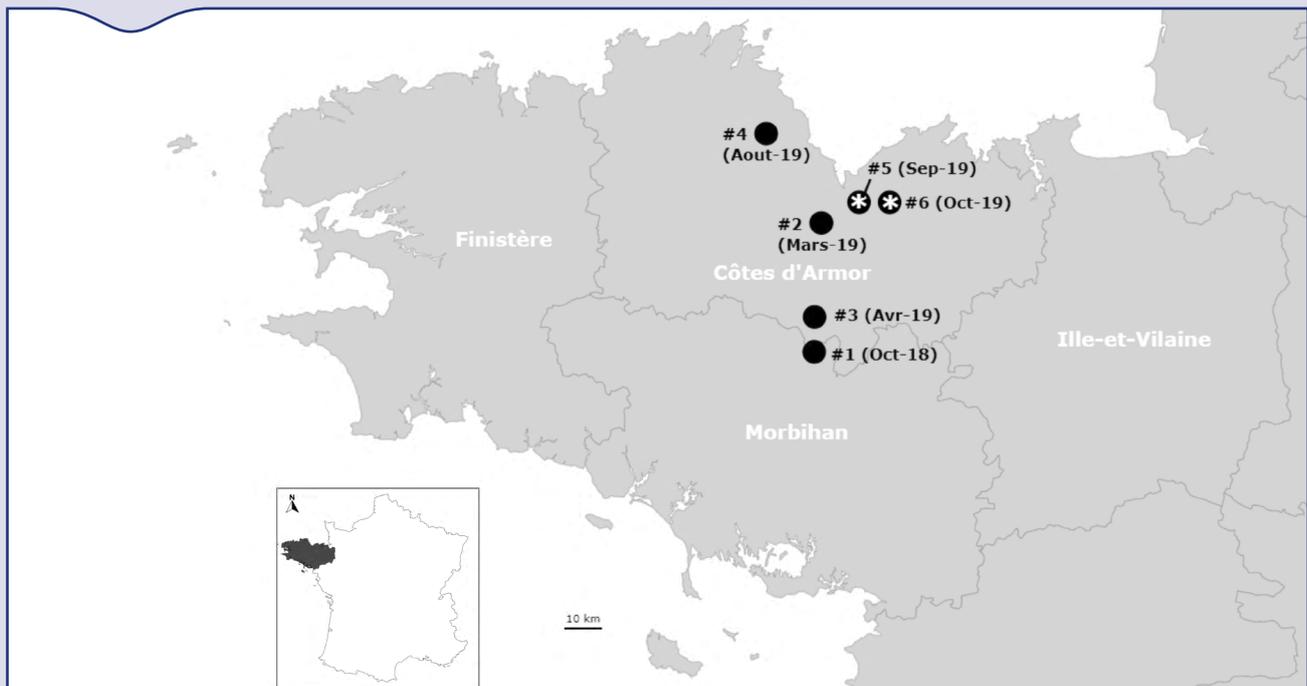


Figure 1. Localisation géographique des élevages où ont été identifiés le nouveau virus H1_{av}N2 en 2018-2019, numérotés dans l'ordre chronologique de détection. L'astérisque indique des sites d'élevage liés épidémiologiquement.

Remerciements

Les auteurs remercient l'ensemble des acteurs des dispositifs de surveillance des virus influenza A chez le porc, notamment les éleveurs, les vétérinaires, les membres du réseau national Résavip, la firme CEVA Santé Animale ainsi que le personnel de l'Unité EPISABE de l'Anses. Ils remercient également les collaborateurs de la plateforme NGS de l'Anses pour leur contribution.

Références bibliographiques

Bonin, Emilie, Séverine Hervé, Stéphane Quéguiner, Nicolas Barbier, Stéphane Gorin, Emmanuel Garin, Sébastien Wendling, and Gaëlle Simon. 2016. "Distinction of several subpopulations of H1_{av}N2 swine influenza viruses in France." *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 75:11. <https://be.anses.fr/fr/node/1366>

Hervé, Séverine, Emmanuel Garin, Didier Calavas, Ludovic Lecarpentier, David Ngwa-Mbot, Sylvie Poliak, Sébastien Wendling, Nicolas Rose, and Gaëlle Simon. 2019. "Virological and epidemiological patterns of swine influenza A virus infections in France: Cumulative data from the RESAVIP surveillance network, 2011-2018." *Veterinary Microbiology* 239:108477. doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108477>.