

Publication anticipée du numéro trimestriel de septembre 2016

Réseau national de surveillance des virus influenza A chez le Porc (Résavip) – Bilan de la surveillance menée en 2015

Emmanuel Garin (1)* (emmanuel.garin@coopdefrance.coop), Séverine Hervé (2), Nicolas Rose (3), Caroline Locatelli (4), Ludovic Lecarpentier (5), David Ngwa-MBot (6), Sébastien Wendling (7)*, Laure Bournez (8)*, Didier Calavas (9)* et Gaëlle Simon (2)

(1) Coop de France, Paris, France

(2) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, Unité Virologie immunologie porcines, Laboratoire national de référence Influenza porcin, 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) Direction générale de l'Alimentation, 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

Les résultats de la surveillance des virus influenza A chez le Porc (VIP) menée en 2015 montrent que des syndromes grippaux ont été observés dans tous les types d'élevage et que toutes les catégories d'animaux ont été affectées, quel que soit leur stade physiologique. Environ la moitié des 286 visites d'élevages, réalisées dans 250 élevages situés dans douze régions, ont permis de détecter la présence de VIP chaque mois de l'année. La grippe a été considérée comme récurrente dans environ un tiers des cas. Les trois quarts des syndromes grippaux ont été qualifiés d'intensité normale et la température rectale moyenne était supérieure à 40,5°C pour un peu plus de la moitié des porcs prélevés.

Comme les années précédentes, les VIP européens majoritairement présents en France sont les virus H1_{av}N1 (64,2 %, 70/109) et H1_{hu}N2 (26,6 %, 29/109). Ils représentaient à eux deux un peu plus de 90 % des virus identifiés en 2015. Le virus H1_{av}N1 a été détecté sur une grande partie du territoire, tandis que le virus H1_{hu}N2 n'a été détecté que dans des élevages de l'Ouest. Les autres virus enzootiques (H1N1pdm et H3N2), des virus réassortants rH1_{av}N2 et des mélanges viraux (H1_{av}N1+H1N1pdm, H1_{av}N1+H1_{hu}N2) ont été détectés de façon sporadique (entre 1 et 3 % des virus identifiés).

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

French network for the surveillance of influenza A viruses in pigs (Résavip) - Results of the surveillance carried out in 2015

Abstract

The results of the surveillance of swine influenza A viruses (SIVs) carried out in 2015 show that influenza syndromes have occurred in all types of farms and have affected all categories of animals, regardless of their physiological stage. About half of the 286 farm visits, realized in 250 different farms localized in twelve regions, allowed to detect SIVs each month of the year. Swine flu was considered as recurrent in one third of the cases. Three quarters of the influenza syndromes have been described with normal intensity and the average hyperthermia was upper 40.5°C for a little over half of the sampled pigs.

As in the previous years, the European SIVs mainly present in France are the viruses H1_{av}N1 (64,2%, 70/109) and H1_{hu}N2 (26,6%, 29/109). Both of them represent a little over 90% of the viruses identified in 2015. H1_{av}N1 has been detected on a large part of the continental territory, while H1_{hu}N2 has been detected only on west farms. The other viruses (H1N1pdm and H3N2), reassortant viruses rH1_{av}N2 and virus mixtures have been detected sporadically (between 1 and 3% of the identified viruses).

Key words: Pig Influenzavirus A, Swine Influenza Virus, Flu, Reassortant virus, Résavip, Surveillance

Le réseau national de surveillance des virus influenza A circulant chez le Porc en France métropolitaine (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, lequel permet d'être réactif et d'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 (Kuntz-Simon et Franck, 2007) et peuvent aussi avoir un impact en santé humaine de par leur potentiel zoonotique (Simon, 2010).

Pour répondre à ces objectifs, la surveillance nationale mise en place dans le cadre de Résavip (Encadré) depuis avril 2011 est de type événementiel (passif) et vise à approcher la diversité et la dynamique des VIP sur le territoire métropolitain (Dufour et Hendrikx, 2011). Même si ce type de surveillance ne permet pas d'avoir des informations quantitatives représentatives de la situation (sur les plans temporel et spatial), ni de garantir une détection de tout nouveau variant dès son apparition, elle permet d'obtenir une information qualitative sur les types de souches de VIP présents en France métropolitaine et sur leur répartition géographique (Toma *et al.*, 2010).

Une suspicion clinique de grippe se base sur 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 volontaire effectue un écouvillonnage nasal individuel sur trois porcs d'une même bande, si possible présentant une température rectale égale ou supérieure à 40,5°C. Un 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.

Cet article présente les principaux résultats de la surveillance menée par Résavip en 2015 et les compare à ceux obtenus les années précédentes (2011 à 2014) (Hervé *et al.*, 2014 ; Garin *et al.*, 2015).

Encadré : Le réseau Résavip

Ce 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 gère une base de données et des kits de prélèvement en lien avec le service régional de l'alimentation et l'un des laboratoires d'analyses vétérinaires agréés par la DGAL. Il distribue les kits à des vétérinaires volontaires ayant recueilli l'accord de l'éleveur pour investiguer des suspicions de grippe, tout en garantissant son anonymat.

Les prélèvements trouvés positifs en analyse de première intention (RT-PCR gène M) par le laboratoire départemental agréé sont ensuite adressés au laboratoire national de référence

Influenza porcine (LNR IP), aux fins d'identification du sous-type et du lignage d'appartenance des virus détectés. Le réseau est animé au niveau national par Coop de France. Les virus influenza porcins sont 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>).

Elevages visités

En 2015, 286 visites ont été réalisées dans 250 élevages, situés dans douze régions et vingt-cinq départements, par 75 vétérinaires volontaires (Figure 1). Le nombre de visites et le nombre de régions investiguées étaient similaires aux deux années précédentes. En effet, en 2012, il y a eu 248 visites réalisées dans six régions (onze départements), tandis qu'elles étaient au nombre de 276 en 2013 (11 régions, 22 départements), et 271 en 2014 (10 régions, 21 départements). Vingt-quatre élevages ont donc été visités chaque mois en moyenne, comme les deux années précédentes (23 visites par mois en moyenne en 2013 et 2014) (Hervé *et al.*, 2014 ; Garin *et al.*, 2015).

Tout comme les années précédentes, la Bretagne, les Pays de la Loire et la Normandie (Haute et Basse) sont les régions dans lesquelles il y a eu le plus de visites. Elles représentent respectivement 75,2 % (215/286), 7,3 % (21/286) et 5,6 % (16/286) des visites. Pour information, le réseau est structuré sur l'ensemble de la métropole à l'exception du Languedoc-Roussillon.

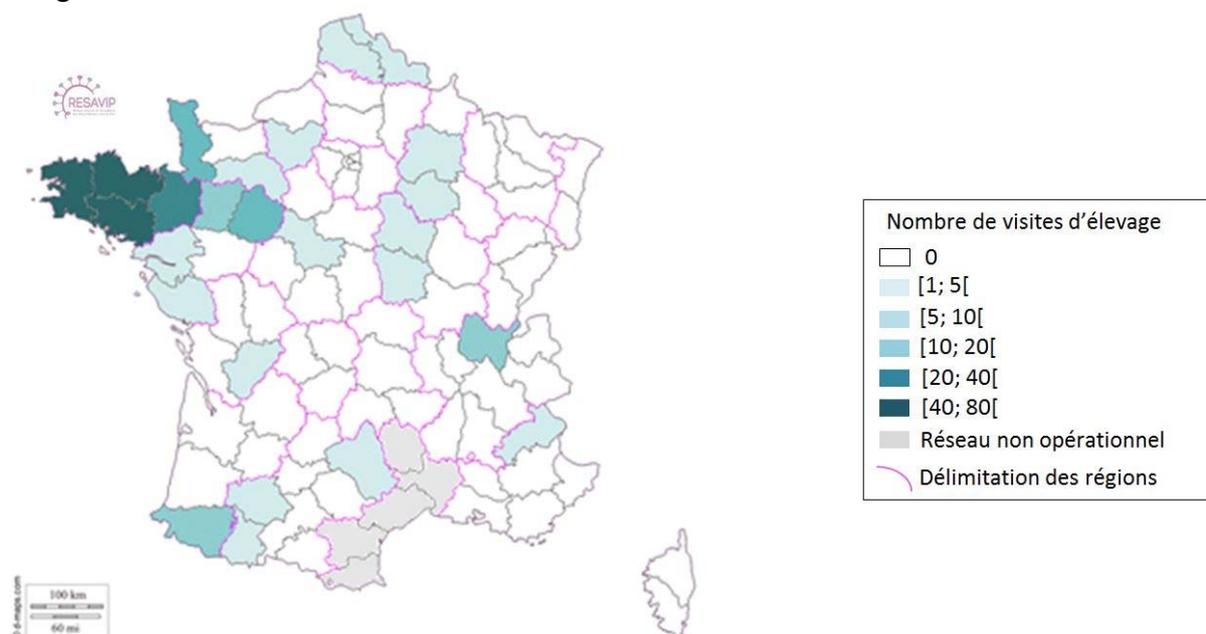


Figure 1 : Répartition départementale des visites d'élevage réalisées dans le cadre de Résavip en 2015 (n=286)

Il n'y a pas eu plus de trois visites dans un même site d'élevage comme en 2013 et 2014. Deux-cent-vingt élevages (76,9 % des visites) ont été visités une seule fois tandis que vingt-

quatre élevages ont été investigués deux fois et six l'ont été trois fois. Ces derniers représentaient respectivement 16,8 % et 6,3 % des visites.

Parmi les 286 visites, plus de 80 % (213/286) faisaient suite à une sollicitation de l'éleveur pour un syndrome grippal. Environ 15 % (42/286) ont été réalisées lors d'une visite de routine et 4,5 % (13/286) ont eu lieu sans que le contexte ne soit précisé. Comme en 2013 et 2014, ces visites ont été effectuées dans tous les types d'élevage mais principalement dans ceux de type naisseur-engraisseur (trois quarts des cas). En 2015, environ 90 % des élevages de ce type avaient moins de 500 truies, moins de 2 000 places en post-sevrage et moins de 2 500 en engraissement. 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 (84,6 %). Dans plus de la moitié des cas (53,6 %), les animaux écouvillonnés avaient une température rectale supérieure à 40,5°C (recommandation du protocole) alors qu'ils étaient un peu moins de la moitié en 2013 (49 %) et en 2014 (47 %). En outre, ils étaient 87,6 % à avoir une température supérieure à 40°C (89,5 % en 2013 et 81,2 % en 2014). Environ un tiers des élevages visités suivait un programme de vaccination grippe appliqué aux cochettes et/ou aux reproducteurs.

Elevages positifs

Comme en 2014 et en 2013, presque la moitié (48,6 %, 139/286) des visites ont permis de détecter la présence de VIP alors qu'en 2011 et en 2012, cette détection avait lieu dans plus de la moitié des cas (68 % (68/105) en 2011 et 53,6 % (133/248) en 2012). Ces 139 visites « positives » ont eu lieu au cours de tous les mois de l'année, dans 106 élevages de tous types situés dans dix-neuf des vingt-cinq départements investigués (10 régions) (Figure 2). Parmi ces visites, quinze élevages ont été visités deux fois et un seul élevage trois fois. La grippe était qualifiée de récurrente dans 38,3 % (51/133) des cas. Cette proportion est assez similaire aux trois années précédentes (43 % chaque année). L'intensité des signes cliniques a été jugée élevée dans environ un quart des cas ce qui est très similaire aux deux années précédentes (23,1 % en 2013 et 21,7 % en 2014).

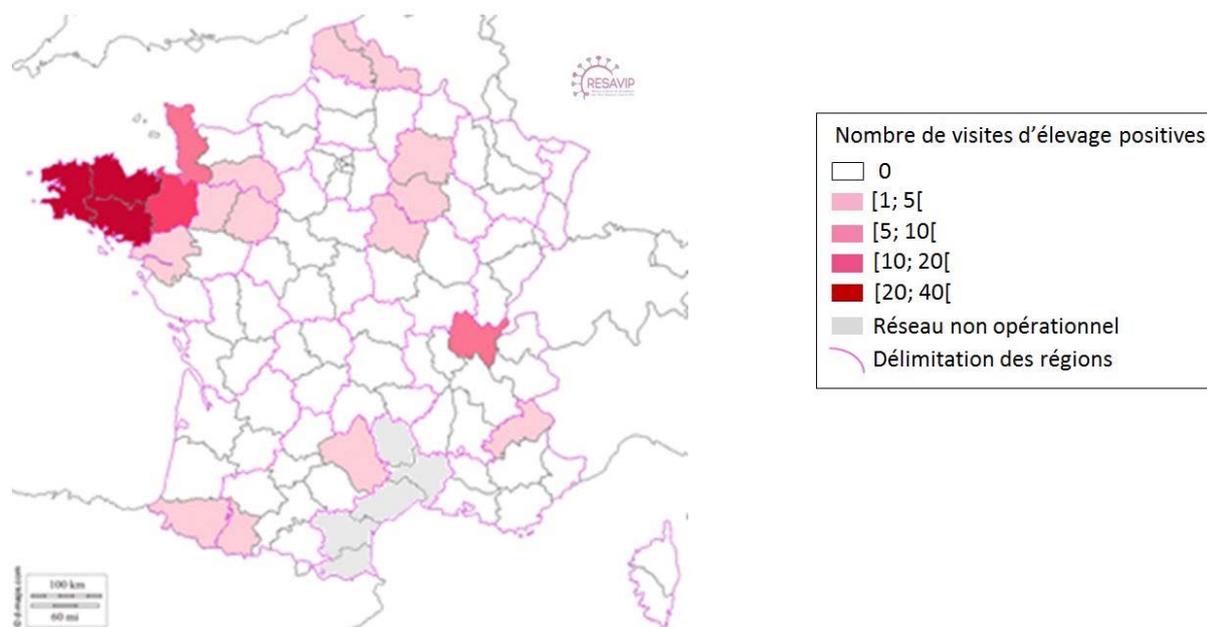


Figure 2 : Répartition géographique des visites d'élevage ayant permis de détecter des VIPs dans le cadre de Résavip en 2015 (n=139)

Virus identifiés et répartition géographique

Les virus ont pu être identifiés dans 78,4 % (109/139) des cas (Tableau 1) tandis que 21,6 % (30/139) des virus détectés n'ont pas ou partiellement été identifiés. Ces proportions, qui dépendent notamment de la sensibilité des diverses méthodes de caractérisation moléculaire comparativement à la méthode de détection, sont stables depuis 2013.

Sous-type viral	Lignage génétique	Nombre de cas	Proportion (%)
H1N1	<i>Avian-like swine</i> H1 _{av} N1	70	50,4
	rH1 _{hu} N1	0	0,0
	H1N1pdm	3	2,2
H1N2	<i>Human-like reassortant swine</i> H1 _{hu} N2	16	11,5
	Variant H1 _{hu} N2 _{Δ146-147}	13	9,4
H3N2	rH1 _{av} N2	4	2,9
	<i>Human-like reassortant swine</i> H3N2	1	0,7
Mélanges viraux	H1 _{av} N1+H1N1pdm	1	0,7
	H1 _{av} N1+H1 _{hu} N2	1	0,7
Total virus identifiés		109	78,5
Virus non identifiés : sous-types indéterminés (H?N?) et partiellement indéterminés (ex : H?N1, H?N2, H1 _{av} N?, H1 _{hu} N?)		30	21,5
Total virus détectés		139	100,0

Tableau 1. Distribution des VIPs détectés en 2015 en fonction de leur nature (sous-type et lignage génétique) (n=139)

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 (64,2 %, 70/109) (Figure 3). Le virus *human-like reassortant swine* H1_{hu}N2 a été détecté dans 26,6 % (29/109) des cas et uniquement dans le Grand-Ouest. 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) et le virus H1N1pdm a été identifié dans trois cas en Aquitaine (Landes) et en Midi-Pyrénées (Aveyron). Ces quatre types de virus sont considérés comme enzootiques à l'échelle européenne c'est-à-dire circulant régulièrement dans la population porcine (Simon *et al.*, 2014).

En 2015, des virus rH1_{av}N2, généralement issus d'un réassortiment entre le virus H1_{av}N1 et un virus enzootique de sous-type HXN2 (H1_{hu}N2 ou H3N2), ont été identifiés quatre fois au

total : en Aquitaine (Pyrénées-Atlantiques), en Midi-Pyrénées (Hautes-Pyrénées), en Normandie (Orne) et dans les Pays de la Loire (Sarthe). Les mélanges viraux H1_{av}N1+H1N1pdm et H1_{av}N1+H1_{hu}N2 ont chacun été détectés une seule fois en 2015, le premier en Rhône-Alpes (Ain) et le deuxième en Bretagne (Finistère).

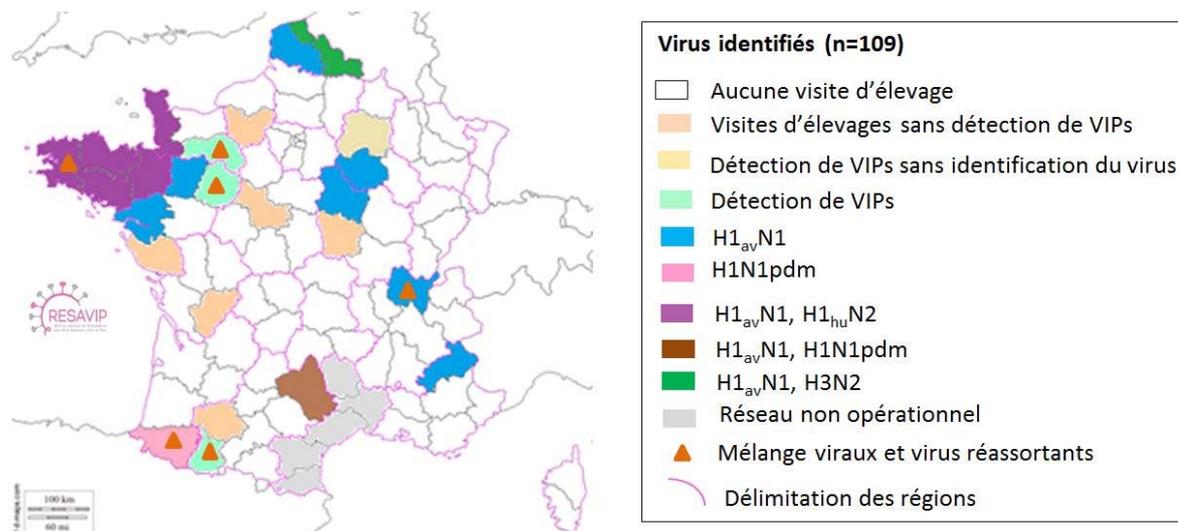


Figure 3 : Répartition géographique des VIPs détectés dans le cadre de Résavip en 2015

A noter enfin, que le nouveau variant dénommé H1_{hu}N2_{Δ146-147} a été caractérisé par le LNR IP suite à des analyses approfondies réalisées en aval de la surveillance, dans le cadre de travaux de recherche sur l'évolution des souches virales. Ce variant, issu d'un glissement antigénique du virus H1_{hu}N2, semble être apparu en France en 2012. Les analyses *a posteriori* ont montré que ce variant comptait pour 24 % des souches H1_{hu}N2 détectées en France en 2012, 54 % en 2013, 53 % en 2014 et 40 % en 2015 (données LNR IP). Suite au développement d'une nouvelle RT-PCR « H1_{hu}V » de sous-typage, ce variant est identifiable en routine dans le cadre de Résavip depuis le quatrième trimestre 2015. Au total, ce sont treize variants H1_{hu}N2_{Δ146-147} qui ont été identifiés parmi les 29 H1_{hu}N2 détectés par Résavip en 2015 (45 %).

Conclusion

La surveillance événementielle menée par Résavip en 2015 a montré, comme les années précédentes, que des syndromes grippaux ont lieu dans tous les types d'élevage et atteignent toutes les catégories d'animaux, quel que soit leur stade physiologique. Les 286 visites d'élevages se sont déroulées tout au long de l'année, et presque la moitié d'entre elles a permis de détecter des VIP. Les caractéristiques des syndromes grippaux investigués sont assez semblables à celles relevées les années passées, avec deux formes épidémiologiques de grippe, classique et récurrente, toujours observées, et des syndromes grippaux largement qualifiés d'intensité normale, avec une température moyenne supérieure à 40,5°C pour un peu plus de la moitié des porcs prélevés. En 2015, le virus H1_{av}N1 est, comme auparavant, celui qui a été le plus fréquemment identifié, suivi du virus H1_{hu}N2. Ce dernier est toujours détecté uniquement dans le Grand-Ouest. Des virus issus de réassortiments entre ces deux virus (réassortants rH1_{av}N2) ont été détectés dans cette même zone géographique. Des virus rH1_{av}N2 ont également été identifiés dans le Sud-Ouest, région où l'un des virus parentaux, le virus H1_{hu}N2 ou le virus H3N2, n'a en revanche pas été détecté précédemment. Les virus H3N2 et H1N1pdm ont été détectés de façon sporadique.

Les mélanges viraux, bien que détectés eux aussi de façon occasionnelle, illustrent les co-circulations virales, ce qui est favorable à l'apparition de nouveaux virus réassortants.

Le manque chronique de prélèvements issus d'élevages situés dans des régions à faible, voire très faible densité d'élevages limite toujours la connaissance des VIP circulant en France et notamment pour celles important des animaux (risque d'introduction éventuelle de nouveaux virus). Cependant, Résavip répond globalement à ses objectifs, puisque les régions visitées en 2015 représentaient plus de 80 % des élevages porcins recensés sur le territoire métropolitain¹.

Remerciements

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

Références bibliographiques

Dufour B., Hendrikx P., 2011. Surveillance épidémiologique en santé animale. 3^{ème} édition, Quae, Paris, 344pp.

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

Kuntz-Simon G., Franck N., 2007. Virus influenza porcine : implication en santé animale et en santé publique. Journées Recherche Porcine, 39, 383-394

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

¹ Source BD Porc 2015.

Toma B, Dufour B, Bénet JJ, Sanaa M, Shaw A, Moutou F., 2010. Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures. 3^{ème} édition, AEEMA, Paris, 600pp.