

Bulletin d'information national

Résultats de l'année 2020

Bilan Résavip 2020

La population porcine surveillée en 2020 avait des caractéristiques (motif de la visite, types d'élevage, catégories d'animaux...) semblables à celles surveillées chaque année depuis 2013. Des syndromes grippaux ont été observés dans tous les types d'élevage et tout au long de l'année. Ils ont atteint toutes les catégories d'animaux quel que soit leur stade physiologique.

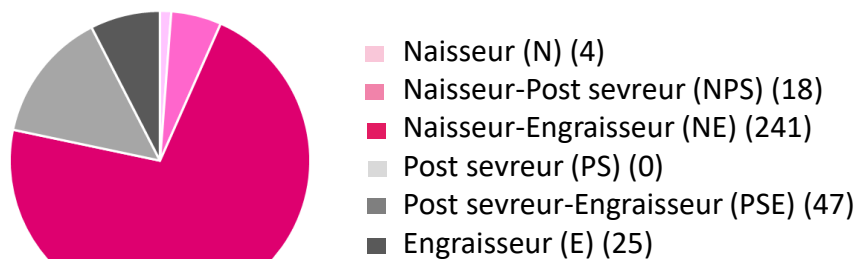
Le résultat marquant de la surveillance en 2020 est la forte proportion de virus de sous-type H1_{av}N2 parmi les virus détectés. Alors que les proportions des différents lignages de VIP étaient assez stables depuis la création de Résavip en 2011, un virage s'est produit en 2020 où la proportion du sous type H1_{av}N2 a augmenté pour représenter plus de la moitié des virus détectés (97/176). La proportion de H1_{av}N1, prédominant auparavant, a quant à elle diminué. Des virus influenza porcins (VIPs) ont été détectés lors de plus de la moitié des visites environ (52 %, 176/336). Cette valeur est supérieure à la proportion observée depuis le lancement du réseau (47 % en moyenne de 2012 à 2019).

336 visites d'élevages en 2020 (244 en 2019) réalisées dans 24 départements

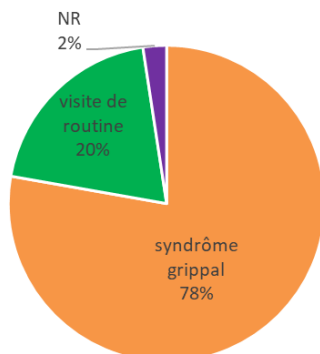
272 sites d'élevages différents
(206 en 2019) :

- ✓ 226 visités une fois
- ✓ 31 visités deux fois
- ✓ 15 visités trois à cinq fois

Les visites d'élevages concernent principalement des élevages de type NE (71,7 % en 2020, 74,9 % en 2019), l'information n'est pas disponible pour un élevage.



Motif de la visite



Types de signes cliniques (306 réponses)

	Intensité élevée	Intensité normale
Forme classique	55 (17,9 %)	142 (46,4 %)
Forme récurrente	15 (4,9 %)	94 (30,7 %)

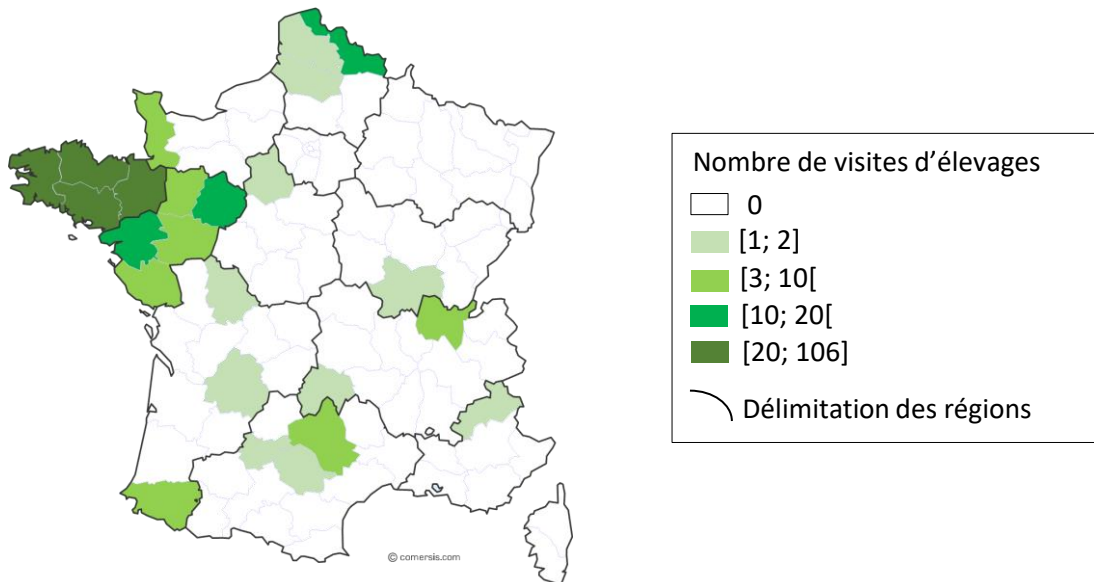


(Pour voir les résultats détaillés se reporter au tableau 1 en page 4)

Précision : même si cette surveillance ne garantit pas une détection très précoce des nouveaux variants dès leur apparition, ni d'avoir des informations représentatives de la prévalence ou de l'incidence de la maladie ou des virus, elle permet d'approcher la diversité et la dynamique des virus influenza A circulant chez le porc en France métropolitaine.

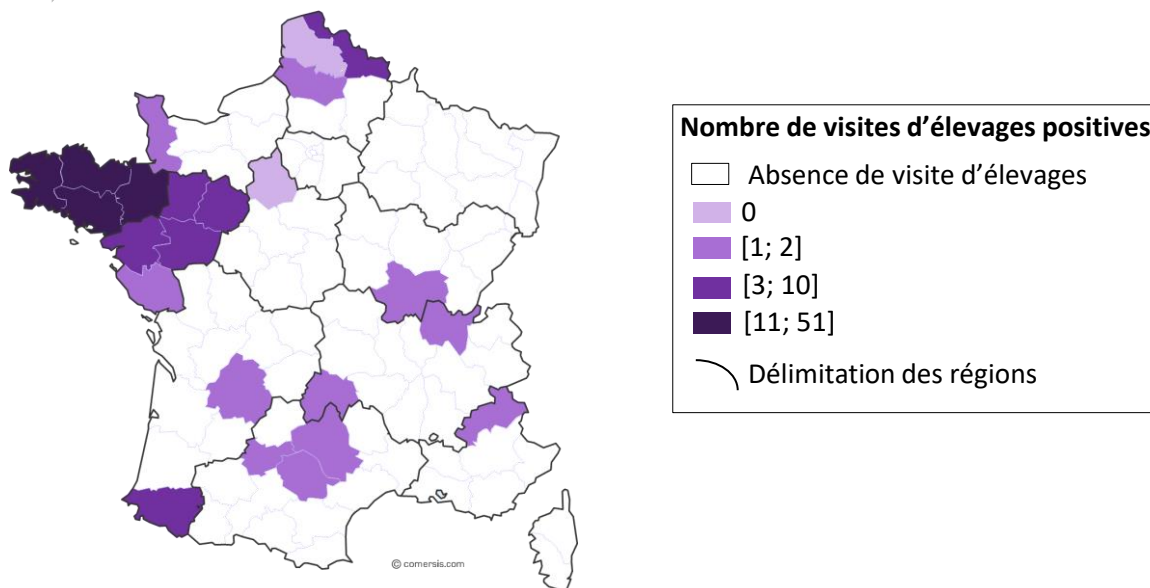
Répartition géographique des 336 visites d'élevages réalisées en 2020

➡ 10 régions et 24 départements



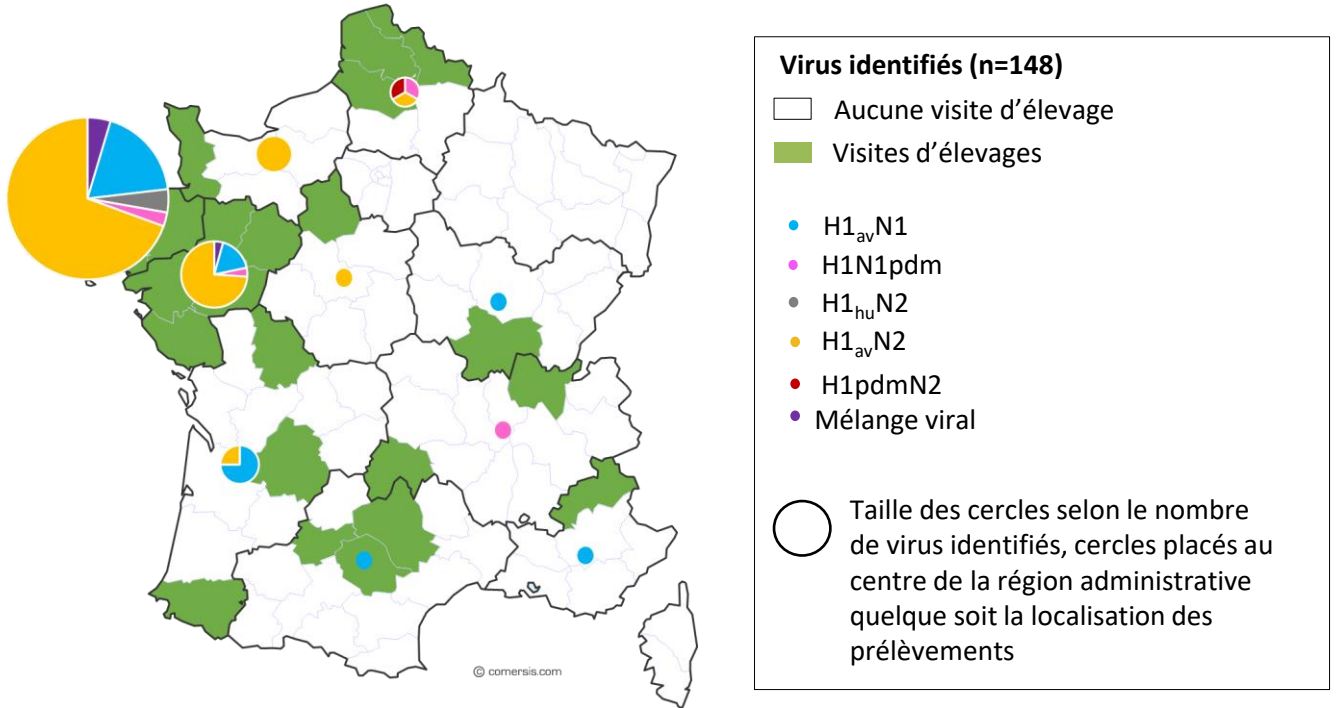
Répartition géographique des visites d'élevages ayant permis la détection de VIPs (= élevages positifs) en 2020

➡ Des VIPs détectés lors de 52 % des visites (44 % en 2019) (n=176)

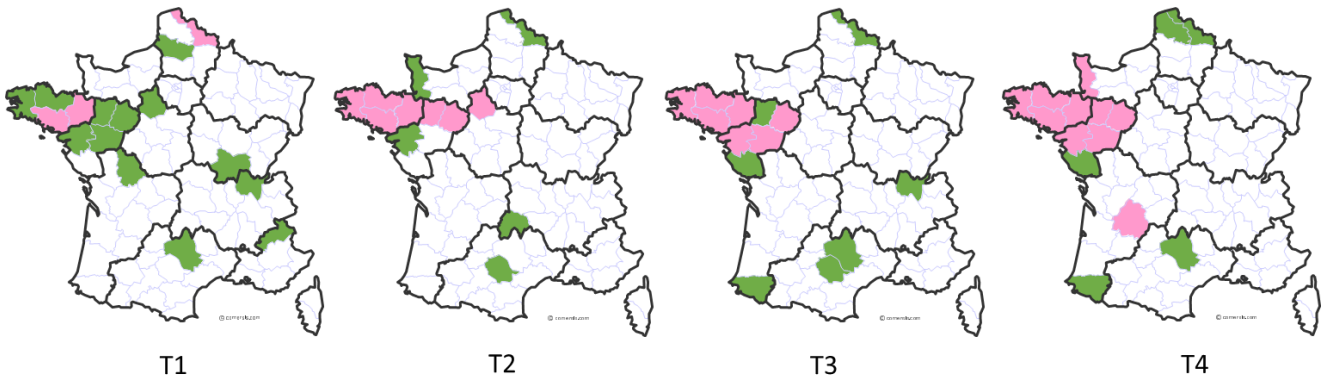


Répartition géographique des VIPs identifiés en 2020

84,1 % (148/176) des virus détectés ont pu être identifiés
(67,3 % en 2019)



Evolution trimestrielle des détections du lignage H1_{av}N2 en 2020




■ Département avec des visites d'élevages où H1_{av}N2 a été détecté au cours du trimestre
■ Département avec visites d'élevages où H1_{av}N2 n'a pas été détecté au cours du trimestre

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



Région	Nouvelle Aquitaine	Auvergne Rhône Alpes	Bourgogne Franche Comté	Bretagne	Centre Val de Loire	Hauts de France	Normandie	Occitanie	PACA	Pays de la Loire	Total National
Nombre de visites d'élevages ^a	8	4	1	244	2	14	6	7	2	48	336
Nombre de visites positives	4	2	1	128	1	6	2	3	2	27	176 (52 %)
<i>Avian-like swine H1_{av}N1</i>	3	0	1	19	0	0	0	3	2	4	32 (18 %)
<i>Human-like reassortant swine H1_{hu}N2</i>	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	5
<i>Human-like reassortant swine H3N2</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H1N1pdm	0	1	0	3	0	1	0	0	0	1	6
H1 _{av} N2	1	0	0	76	1	1	1	0	0	17	97 (55 %)
H1pdmN2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Sous-types indéterminés ou partiellement indéterminés	0	1	0	20	0	3	1	0	0	4	28
Nombre de visites d'élevages où plusieurs souches ont été détectées simultanément	0	0	0	5	0	0	0	0	0	1	5

^a Chaque kit de prélèvements Résavip comprend 3 écouvillons nasaux. On compte autant de visites d'élevages que de kits de prélèvements utilisés, même si le vétérinaire a utilisé plusieurs kits de prélèvements au cours du même déplacement.

 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 pas tous identifiés (sous-typés).