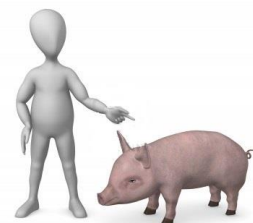
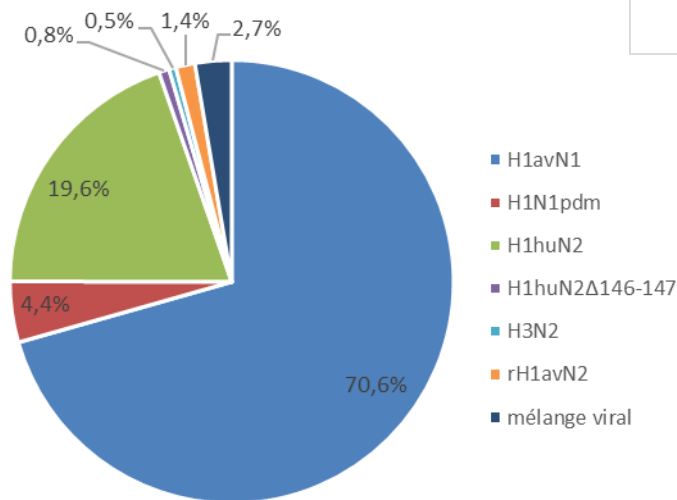


Résavip est le réseau national de surveillance des virus influenza A détectés chez le porc (VIP) en France métropolitaine. Son objectif est **d'approcher la diversité et la dynamique des VIP en France métropolitaine**.

Chaque trimestre et chaque année, Résavip publie un bulletin d'information national. 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).



Principaux lignages de VIP identifiés par Résavip d'avril 2011 à décembre 2019



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).

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).

Bilan du 2^{ème} trimestre 2020

Le confinement lié à la pandémie de Covid-19 a continué au 2^{ème} trimestre 2020 jusqu'au 11 mai. L'activité du réseau s'est ralentie, avec 54 visites d'élevages contre environ 68 en moyenne pour les deuxièmes trimestres entre 2012 et 2019. Cependant, 7 régions ont réalisé des prélèvements, montrant une bonne dynamique régionale.

Pour la première fois depuis la création du réseau, ce sont des souches de lignage H1_{av}N2 qui ont été majoritairement identifiées ce trimestre. Celles-ci comptent pour 52 % des virus identifiés, contre 15 % pour les souches H1_{av}N1. Les souches H1_{av}N2 ont été détectées en Bretagne et en Pays de la Loire, principalement dans des élevages naisseur engraisseur (n=10/14), chez des porcs en croissance (n=13/14) qui présentaient une grippe classique (n=8/12 ayant répondu à la question) d'intensité variable (6 d'intensité normale, 6 d'intensité élevée). Pour mémoire, l'article qui décrit la mise en évidence d'un virus d'un nouveau génotype parmi les souches H1_{av}N2 est disponible à partir de ce [lien](#).



54 visites d'élevages réalisées dans 7 régions

- 76 % (41/54) suite à un appel pour syndrome grippal
- 20 % (11/54) en visite de routine
- 4 % (2/54) non renseigné

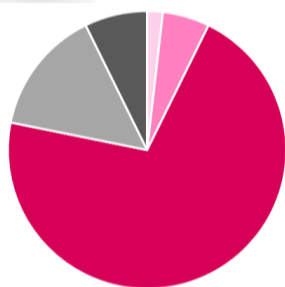
Répartition mensuelle des visites

- 17 en avril
- 14 en mai
- 23 en juin



Répartition des visites suivant le type d'élevage

- Elevages de type NE dans 70 % des cas



- Naisseur (N) (1/54)
- Naisseur-Post sevrer (NPS) (3/54)
- Naisseur-Engraisseur (NE) (38/54)
- Post sevrer (PS) (0/54)
- Post sevrer-Engraisseur (PSE) (8/54)
- Engraisseur (E) (4/54)

Types de gripes


- 30 gripes classiques¹
- 17 gripes récurrentes²
- 7 non renseigné

Intensité des signes cliniques

- 35 gripes d'intensité normale
- 14 gripes d'intensité élevée
- 5 non renseigné

¹Forme épisodique à l'échelle de l'élevage, pouvant se propager sur différentes classes d'âge au moment de l'épisode, sans caractère de récurrence à âge fixe.

²Forme persistante à l'échelle de l'élevage, se répétant sur chaque bande ou presque dans une gamme d'âge déterminée.

Tableau : résultats détaillés du 2^{ème} trimestre 2020


Région		Aura	Bretagne	Centre	Pays-de-la-Loire	Occitanie	Normandie	Hauts de France	TOTAL national
		Auvergne				Midi Pyrénées		Nord Pas de Calais	
Nombre de visites d'élevages ^a		1	43	1	5	1	1	2	54
Nombre d'élevages négatifs		0	20	1	2	1	1	2	27 (50,0%)
Nombre d'élevages positifs		1	23	0	3	0	0	0	27 (50,0%)
VIP enzootiques	Avian-like swine H1 _{av} N1	0	4	0	0	0	0	0	4 (14,8%)
	Human-like reassortant swine H1 _{hu} N2	0	0	0	0	0	0	0	0
	Variant Human-like reassortant swine H1 _{hu} N2 _{Δ146-147}	0	0	0	0	0	0	0	0
	Human-like reassortant swine H3N2	0	0	0	0	0	0	0	0
	H1N1pdm	1	1	0	0	0	0	0	2
VIP réassortants : H1 _{av} N2		0	12	0	2	0	0	0	14 (51,8%)
Virus non identifiés	Sous-types indéterminés (H?N?) et partiellement indéterminés (ex : H?N1, H?N2, H1 _{av} N?, H1 _{hu} N?)	0	5	0	0	0	0	0	5
Mélange viral		0	0	0	1	0	0	0	1
Caractérisation virale en cours		0	1	0	0	0	0	0	1

^a Chaque kit de prélèvement 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).



Plateforme ESA
Epidémiologie santé animale