

Avant-propos

Pour l'ensemble des analyses réalisées par les Laboratoires Nationaux de Référence (LNR) hébergés par l'Unité Virologie Immunologie Porcines (VIP), une interprétation des résultats obtenus avec les méthodes utilisées est définie dans les normes, notices de kit ou procédures correspondantes. Les avis et interprétations, conformes au paragraphe 7.8.7 de la norme NF EN ISO/CEI 17025 et basés sur la synthèse de l'ensemble des résultats concernant un prélèvement ou différents prélèvements d'un même animal ou d'un même élevage, sont émis par des scientifiques habilités et sont définis dans la procédure P.VIP.ESS.G5, consultable sur demande.

Influenza Porcin (IP)

L'Influenza porcine n'est pas une maladie à déclaration obligatoire. Cependant, les virus influenza porcins sont des agents pathogènes à potentiel zoonotique. Un réseau national de surveillance des virus influenza chez les porcins (Résavip), basé sur le volontariat, a toutefois été mis en place par la DGAI afin d'assurer un suivi des souches virales circulant dans la population des porcs domestiques, avec l'objectif de décrire leur diversité et leur dynamique, tant au regard de la santé animale que de la santé publique.

Dans le cadre de ce réseau, les analyses virologiques de première intention par RT-PCR gène M sont réalisées par les laboratoires vétérinaires départementaux agréés par la DGAI. Les prélèvements positifs sont adressés au LNR pour identification (sous-typage) de la souche incriminée.

Le LNR réalise lui-même les analyses virologiques de première intention par RT-PCR gène M dans le cadre d'actions d'épidémiologie initiées en interne (avec la collaboration de l'Unité Epidémiologie Santé Bien-Être) ou d'actions spécifiquement menées en collaboration avec des partenaires extérieurs. En fonction des commémoratifs accompagnant les prélèvements et/ou du contexte de réalisation des analyses, le responsable technique biologiste peut, au vu des résultats, préconiser la mise en œuvre d'analyses et/ou de prélèvements complémentaires, ou encore émettre une interprétation en relation avec d'autres résultats d'analyses réalisées par ailleurs.

Sachant que la très grande majorité des élevages de porcs français sont touchés par la grippe du porc, la transmission des résultats d'identification (sous-typage) des souches aux demandeurs (vétérinaires, laboratoires vétérinaires, DGAI, collaborateurs internes et externes ...) se fait sans mention particulière dans la plupart des cas, car généralement sont identifiés des virus influenza porcins déjà connus pour circuler en France (des travaux de surveillance sont menés depuis 2005) :

- Des virus influenza porcins du lignage « avian-like swine H1N1 » (H1_{av}N1 de clades HA 1C.2.1 ou 1C.2.2)
- Des virus influenza porcins du lignage « avian-like swine H1N2 » (H1_{av}N2 de clade HA 1C.2.4)
- Des virus influenza porcins du lignage « human-like reassortant swine H1N2 » (H1_{hu}N2 de clades HA 1B.1.2.x).
- Des virus influenza du lignage « pandemic-like swine H1N1 » (H1N1pdm09 de clade HA 1A.3.3.2)
- Des virus influenza porcins du lignage « human-like reassortant swine H3N2 » (H3N2 de clade 1970.1)
- Des virus issus de réassortiments entre les lignages cités ci-dessus, voire issus de réassortiments entre l'un des virus influenza porcins et un virus humain saisonnier, ou importés *in toto* mais connus pour circuler chez le porc dans d'autres pays européens.

Cependant, l'identification d'un virus « atypique », appartenant à un autre lignage que ceux indiqués ci-dessus, ou portant des marqueurs moléculaires particuliers, peut faire l'objet d'un signalement spécifique (par mail) au Chargé d'Etudes Bureau Santé Animale Filière porcine (cf. P.VIP.ESS.O1), afin que soient prises, si besoin, des mesures de gestion particulières (signalement aux autorités de santé publique, enquête dans l'élevage concerné, etc.). Une copie du rapport d'analyses lui est transmise accompagné de tout renseignement jugé utile par le responsable technique biologiste.