



**Matinée d'information Résavip  
21 11 2025**

# **Résultats de la surveillance menée par Résavip en 2024-2025**

**Séverine Hervé**

LNR Influenza Porcin, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort

**CONNAÎTRE, ÉVALUER, PROTÉGER**



# 1. Influenza porcin et swIAV

# L'influenza porcin : une maladie répandue

## ✓ Séroprévalence nationale de l'infection très élevée

Hervé et al. Porcine Health Management (2025)  
<https://doi.org/10.1186/s40813-025-00455-4>

## ✓ Signes cliniques

**Grippe d'intensité « normale »** : manifestations cliniques modérées (hyperthermie, signes respiratoires frustes ou modérés - éternuements, toux, quelques dyspnées - éventuellement apathie associée à de l'anorexie ne dépassant pas 2-3 jours)

**Grippe d'intensité « élevée »** : manifestations cliniques marquées (hyperthermie, signes respi. sévères - toux, toux quinteuses, dyspnée) sur une large proportion d'animaux, persistant plusieurs jours, éventuellement accompagnées de mortalité

+ Infections (quasi-)asymptomatiques

## ✓ Distinction de deux formes épidémiologiques de la maladie à l'échelle de l'élevage

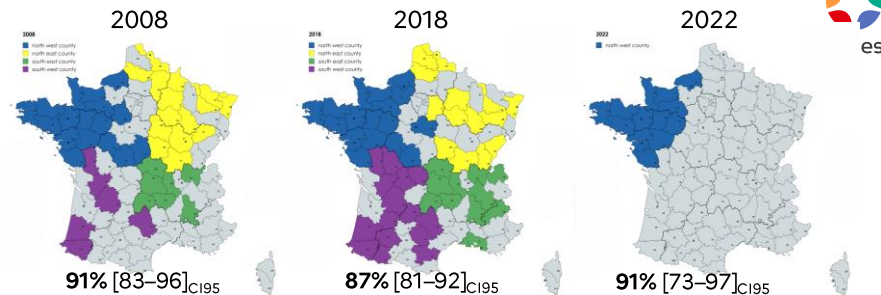
(Rose et al., Vet. Res., 2013)

### Grippe « classique » (GC) :

- Syndrome grippal aigu
- Maladie à caractère épizootique

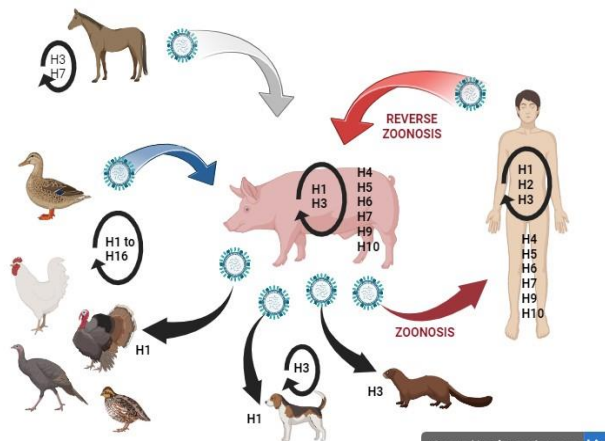
**Grippe « récurrente » (GR)** : persistante, se répétant sur des bandes d'animaux successives, à un âge déterminé.

- Syndrome grippal aigu au niveau de l'animal mais tendant à devenir « chronique » au niveau de l'élevage
- Maladie à caractère enzootique



# Place du porc dans l'écologie des IAV

Transmissions vers le porc et depuis le porc



Simon G. Anses

Created in BioRender.com

## Virus influenza A porcins (swIAV) :

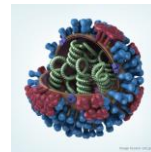
- excrétés pendant **5-7 jours** dans les **sécrétions nasales**
- transmis par **contact** et **voie aéroportée**
- **agents pathogènes très contagieux** -  $R_0 = 5,8$  à  $14,8$  selon niveau immunité passive (Cador et al., 2016)
- **zoonotiques** (transmission possible à l'Homme)
- Virus enveloppés à ARN segmentés > **variabilité importante** aux niveaux génétique (réassortiments) et antigénique



**Sous-types (HxNy) :** H1N1, H1N2, H3N2

**Lignages :** en fonction de l'origine des gènes HA et NA

**Génotypes :** en fonction de l'origine de tous les gènes



## Problématiques liées à l'influenza porcine

- **Enjeux en santé animale** (Bien-être animal / Pertes économiques / Intrants médicamenteux)
- **Enjeux de santé publique** > Porc = hôte intermédiaire pour :

- \* l'hébergement de souches humaines (anciennes)
- \* l'adaptation de virus aviaires à l'espèce mammifère
- \* la génération de virus réassortants à potentiel zoonotique

> Surveiller et étudier les virus en circulation dans les élevages

## 2. Protocole Résavip



## Surveillance événementielle des syndromes grippaux en élevages porcins :

- ✓ Sélection de **3 porcs du même âge** ou **stade** physiologique en **hyperthermie** et présentant un syndrome grippal
- ✓ Réalisation d'un **écouvillonnage nasal** sur chaque porc (**pas de pool**)
- ✓ Renseignement du document d'accompagnement des prélèvements (**DAP**) : nouveau DAP disponible depuis le 1<sup>er</sup> trimestre 2025
- ✓ Expédition des prélèvements au laboratoire agréé pour le **diagnostic Influenza A individuel** et transmission des informations à l'animateur régional
- ✓ Expédition des prélèvements au LNR Influenza Porcin pour **caractérisation des virus influenza A détectés**

# Nouveau DAP

**Région xxx**  
Document d'accompagnement des prélèvements (DAP)

RESAVIP Réseau national de surveillance des virus influenza chez le porc (VIP)

**VÉTÉRINAIRE** N° Ordre : ..... Signature : .....  
Nom : .....  
Motif d'intervention : ☐ Visite de routine ☐ Appel pour syndrome grippal ☒ Autre  
Date de la visite : ...../...../.....

**NOM de l'ÉLEVEUR et ADRESSE du site d'élevage**  
.....  
Signature de l'éleveur, donnant son accord pour participer à Résavip, les résultats des analyses étant communiqués de façon anonyme par le biais de bilans nationaux publiés tous les trimestres sur le site de la plateforme ESA

**SITE D'ÉLEVAGE CONCERNÉ PAR LA VISITE** IDM : FR  
N° Département : ..... Commune : .....  
Type d'élevage : ☐ N ☐ NPS ☐ NE ☐ PS ☐ PSE ☐ E  
élevage mixte : ☐ NON ☐ OUI, autre(s) espèce(s) présente(s) : .....  
Accès extérieur pour les truies ou les porcs (parcours plein air et/ou courrette) : ☐ OUI ☐ NON

**VACCINATION anti-grippale** ☐ OUI ☐ NON  
Groupe(s) d'animaux vaccinés : .....  
☐ Cochettes ☐ Reproducteurs ☐ Issus (Âge en semaines : .....)  
Nom commercial du ou des vaccin(s) : .....  
Fréquence de la vaccination (plusieurs réponses possibles) : ☐ A l'arrivée en quarantaine ☐ Bande à bande en station ☐ Irrégulièrement ☐ Tout le troupeau, fréquence ≤ 4 mois ☐ Tout le troupeau 2 fois/an ☐ Tout le troupeau 1 fois/an

**ANIMAUX PRÉLEVÉS** ☐ Cochettes ☐ Truies ☐ Porcs en croissance<sup>1</sup>  
en maternité, âge : ..... semaines  
en PS, âge : ..... semaines  
en engraissement, âge : ..... semaines  
Température rectale (en °C) : Porc (EN 1) : ..... Porc (EN 2) : ..... Porc (EN 3) : ..... (EN : écouvillon nasal)  
Sous traitement médicamenteux : Antipyrétique : ☐ OUI ☐ NON Antibiotique : ☐ OUI ☐ NON

**SYNDROME GRIPPAL** depuis : ☐ < 72h ☐ 72 h à 1 semaine ☐ > 1 semaine  
Type de grippe : ☐ Classique<sup>2</sup> ☐ Récurrente<sup>3</sup> Intensité des signes cliniques : ☐ Normale<sup>4</sup> ☐ Élevée<sup>5</sup>  
Autre(s) pathogène(s) suspecté(s) : ☐ NON ☐ OUI, le(s)quel(s) : .....

Commentaires : .....

<sup>1</sup> : Porcs en croissance : veuillez sélectionner le stade et indiquer l'âge en semaine.  
<sup>2</sup> : Forme épidémique à l'échelle de l'élevage, pouvant se propager dans différentes classes d'âge au moment de l'épisode, sans caractère de récurrence à l'âge fixe.  
<sup>3</sup> : Forme persistante à l'échelle de l'élevage, se répétant sur chaque bande ou presque dans une gamme d'âge déterminée.  
<sup>4</sup> : Manifestations cliniques modérées, associant de l'hyperthermie, des signes respiratoires frustes ou modérés (étournelements, toux, quelques dyspnées) et éventuellement une apathie associée à de l'anorexie ne dépassant pas 2 à 3 jours.  
<sup>5</sup> : Manifestations cliniques marquées, associant de l'hyperthermie, des signes respiratoires sévères (toux, toux quinteuse, dyspnée) sur une large proportion d'animaux et persistant plusieurs jours, éventuellement accompagnées de mortalité.  
En cas de besoin, coller les étiquettes de laboratoire sur cette zone grise



**Mode d'emploi**  
kit de prélèvements Résavip

**Contexte d'utilisation et composition du kit**  
Ce kit est utilisé dans le cadre de votre activité pour un diagnostic de la grippe dans un groupe de porcs suspect de grippe et dans lequel les signes cliniques (détails au recto du DAP) ont été possible depuis moins de 7 jours. Si au sein d'un même site d'élevage plusieurs groupes d'animaux, de stades physiologiques et/ou d'âges différents nécessitent un diagnostic de laboratoire, il conviendra d'utiliser 1 kit par groupe d'animaux.  
Le kit est composé de 3 écouvillons Virocult®, du DAP ayant un numéro unique et d'une enveloppe pré-timbree avec pochette pour un envoi au laboratoire concerné par la région de prélèvement.

**Protocole de réalisation, stockage et expédition des prélèvements**  
1- Prendre impérativement la température rectale des porcs malades et sélectionner 3 porcs de la même tranche d'âge ayant si possible une température ≥ 40,5°C et présentant un syndrome grippal : abattement, prostration, dyspnée, toux. Dans le cas de porcelets en post-sevrage, la toux est souvent la manifestation la plus claire. L'hyperthermie est alors le critère de sélection principal car les animaux ne sont pas forcément prostrés ou abattus.  
2- Réaliser un écouvillon nasal sur chacun des 3 porcs sélectionnés en sondant chacune des 2 narines d'un même animal avec le même écouvillon (bien replacer chaque écouvillon individuellement dans son contenant d'origine). Chaque écouvillon est à identifier avec «EN1» ou «EN2» ou «EN3» et le numéro unique de DAP correspondant. À défaut d'avoir des Virocult®, il est possible de prélever avec des écouvillons secs si le transfert au laboratoire est réalisé dans la journée.  
3- Disposer les prélèvements dans une glacière (pas de pose directe sur les plaques eutectiques ni sur la glace) avant envoi.  
4- Remplir le DAP et envoyer une copie par mail à l'animation régionale ayant fourni le kit : xxxxxxxx@xxxxxxxxxxxxxxxxxxxxxx  
5- Mettre les tubes dans la pochette « risque biologique » puis dans l'enveloppe pré-timbree avec l'original du DAP.  
6- Expédier les prélèvements avec le DAP le plus rapidement possible au laboratoire agréé référencé pour la région :  
Laboratoire XX : Adresse postale du (des) laboratoire(s) agréé(s) de la région XX  
Laboratoire XX : Adresse postale du (des) laboratoire(s) agréé(s) de la région XX  
Le délai de réception sera de 48h au maximum (sauf si week-end ou jour férié en vue : dans ce cas, conserver les prélèvements au froid positif (+4°C), ne pas congeler, et faire l'envoi le lundi matin ou le jour ouvré suivant).

ANADVA ANSES ANSA C OLYMPIA INTERCOMPTON GDS SNTV

# Workflow analytique du diagnostic virologique



Méthode de  
détection des swIAV  
Positif / Négatif

Méthodes de  
caractérisation des  
swIAV

Sous-type / Lignage

Génotype  
Distances  
antigéniques

Analyse de 1<sup>ère</sup> intention : labos agréés

RT-PCR gène M

Kits commerciaux validés lot par lot par le LNR  
*Pas de poolage des prélèvements*

Analyses de 2<sup>ème</sup>  
intention : LNR

RT-PCRs de sous-typage moléculaire



HxNy

si H? et/ou N? et si Ct<30

Amplification du virus en culture  
cellulaire (*isolement viral*)

Analyses de 3<sup>ème</sup>  
intention  
LNR hors Résavip

Génotypage (séquençage  
des 8 segments)

Caractérisation  
antigénique

ARNs pré-amplifiés par RT-PCRs > ADNc dosé  
Plateforme NGS > Bibliothèques et Séquençage en DNaseq  
Analyse bio informatique :  
Comparaison avec des séquences de référence  
Identification des lignages d'appartenance des 8 segments  
Etudes phylogénétiques et génomiques approfondies



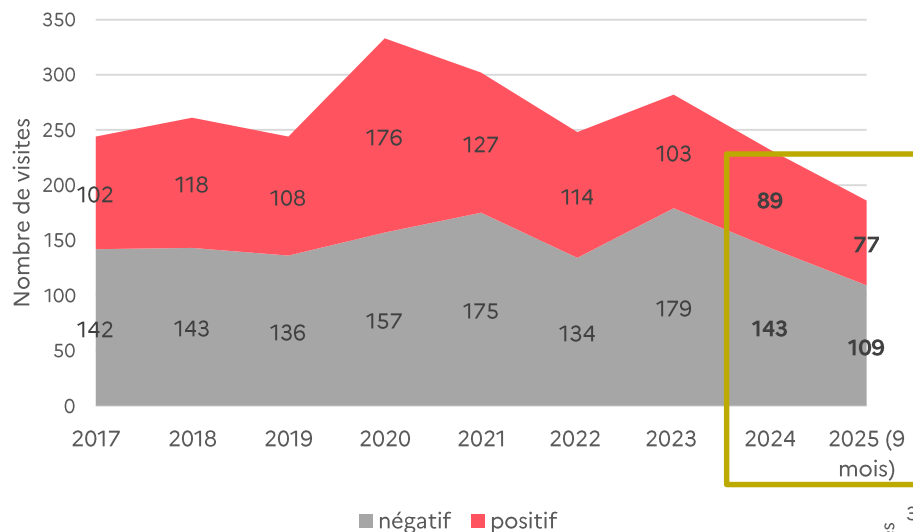
Caractérisation approfondie  
des réactions antigéniques  
vis-à-vis de sérums de  
référence par tests  
d'inhibition de  
l'hémagglutination (IHA)



# 3. Indicateurs de la population surveillée et indicateurs sanitaires

Several stylized orange leaf or petal shapes are scattered around the right side of the title text.

# Nombre annuel de visites d'élevages : répartition des cas négatifs et positifs



2022 : 248 cas, 46% de cas positifs

2023 : 282 cas, 36,5% de cas positifs

**2024 : 232 cas, 38,4% de cas positifs**

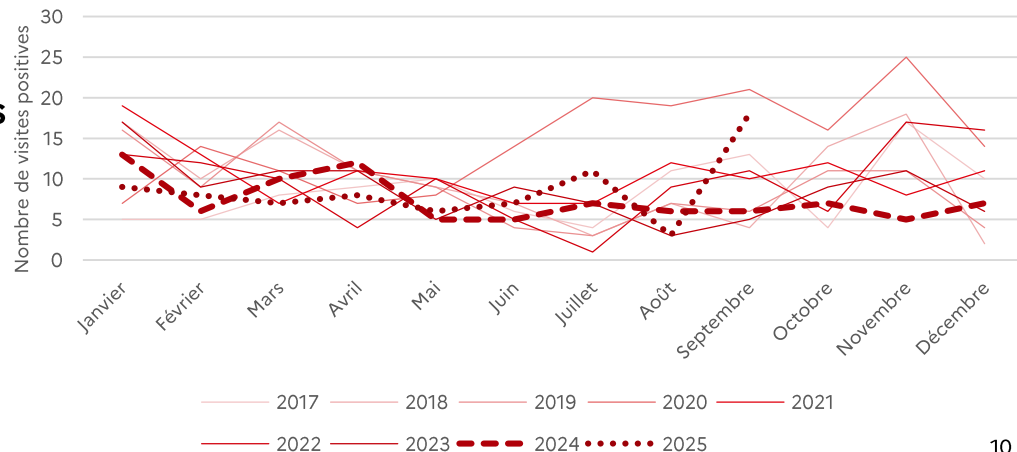
**2025 : 186 cas en 9 mois, 41,4% de cas positifs**

> Nombre de cas testés le plus faible sur la période 2017-2024

> Fréquence des cas positifs réaugmente en 2024 et 2025

## Répartition mensuelle des cas détectés positifs

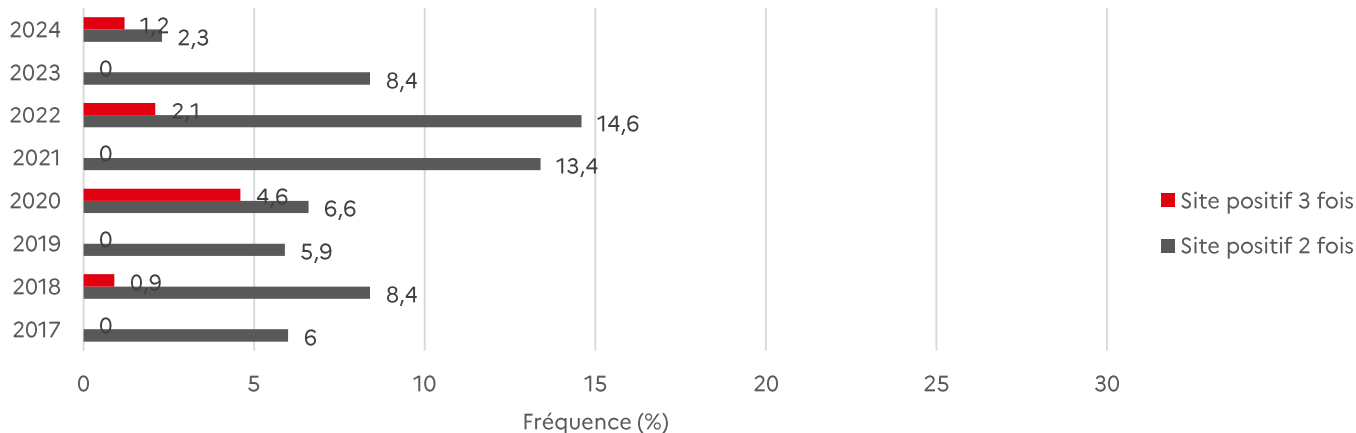
- Circulation des virus toute l'année
- Moyenne mensuelle 2017/2024 = 10 cas
- En 2024 : valeur haute en janvier (13 cas)
- En 2025 : valeur haute en septembre (18 cas)



## Motif d'intervention

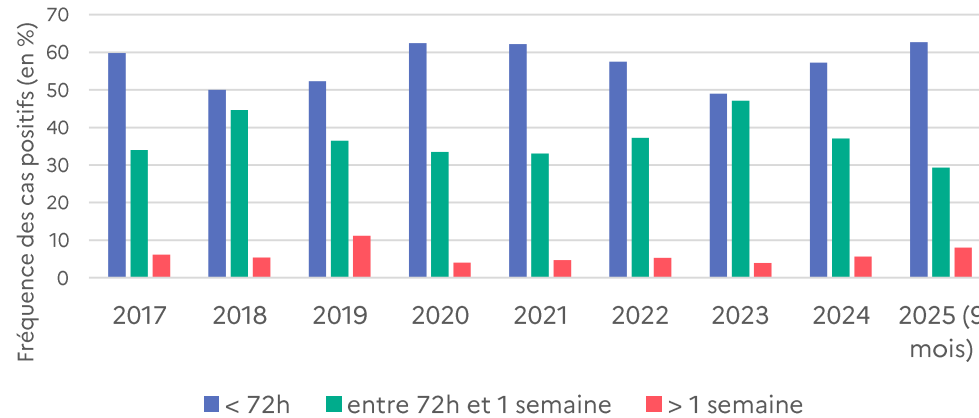
- **71,1%** d'appels pour syndrome grippal en 2024 ; **68,2%** en 2025 (nouvelle catégorie « autre » en 2025) (74,5% en moyenne [2017-2024])

## Multiplicité des sites détectés positifs



- Proportion de cas détectés positifs à plusieurs reprises en 2024 la plus faible (3,5%) depuis 2017
- Situations variables selon les cas :
  - 1 virus du même lignage détecté au même moment chez truies et PC ;
  - 2 virus du même lignage identifiés à 5 mois d'intervalle
  - 2 virus de lignages différents identifiés à 4 mois d'intervalle

# Temps écoulé entre le prélèvement et les premiers signes cliniques



Préconisé de prélever sous un délai de 7j

- Proportion d'élevages positifs plus élevée si animaux prélevés moins de 72h après le début des signes cliniques
- Taux de positivité <30% en 2025 si intervention entre 3j et 7j
- Peu de cas positifs si plus de 1 semaine

## Température rectale des animaux prélevés

Préconisé de prélever des animaux  $\geq 40.5^{\circ}\text{C}$

	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025 (9 mois)
Proportion (%) de porcs $\geq 40.5^{\circ}\text{C}$	36,5	39,4	42,6	46	45	41,8	34,6	31	37,6
Proportion (%) de porcs $> 40^{\circ}\text{C}$	67,9	64	70,8	76,4	72,7	70,1	60	60,9	64,1
Nombre de porcs prélevés	677	731	671	910	788	672	722	609	518

- Baisse notable de la sélection de porcs en hyperthermie en 2023 et 2024
- Proportion de porcs en hyperthermie augmente en 2025
- Proportions les plus fortes de porcs  $\geq 40.5^{\circ}\text{C}$  ou  $> 40^{\circ}\text{C}$  observées en 2020/2021 au moment de l'épizootie à virus H1<sub>av</sub>N2#E

## Traitements médicamenteux

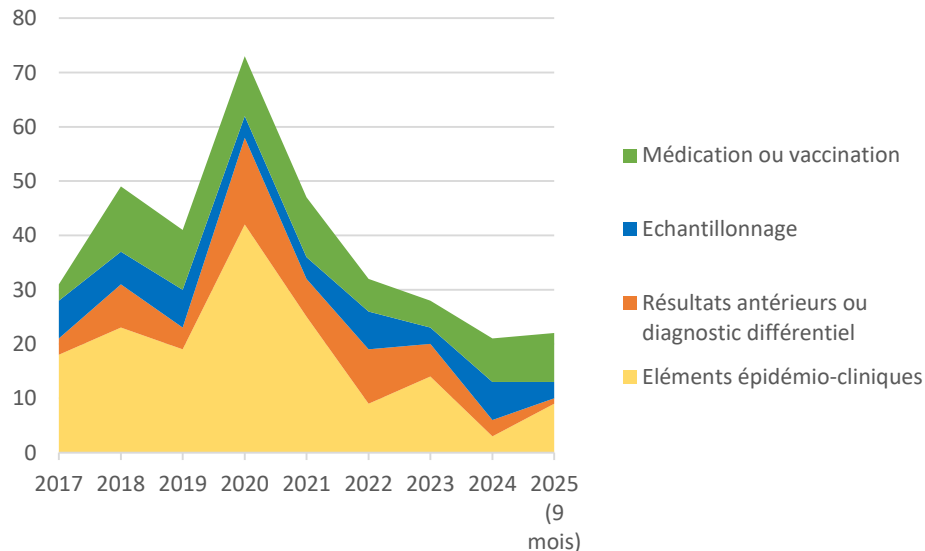
- Antipyrétiques prescrits dans **18%** des visites **en 2024** et **24% en 2025** (25% en moyenne depuis 2017)
- Traitement en place depuis 1 à 5 jours au moment du prélèvement
- Médication collective utilisée dans **6,9%** des visites **en 2024** et **9,6% en 2025** (11% en moyenne depuis 2017)
- Essentiellement des antibiotiques

## Suspensions vis-à-vis d'autres pathogènes que le swIAV

- Proportion des cas testés en **2024 (38,8%)** et en **2025 (36%)** (37% en moyenne depuis 2017)
- SDRP et Mycoplasmes majoritaires

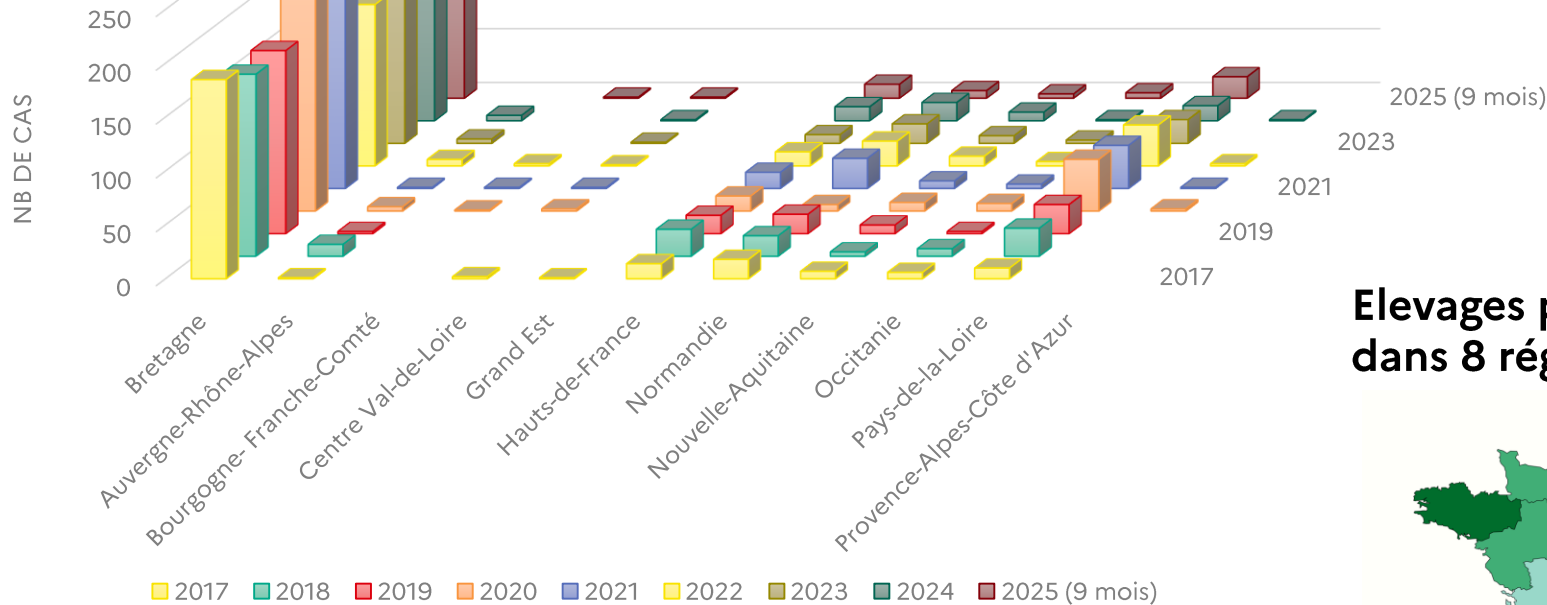
## Commentaires particuliers des vétérinaires

- Nombre en baisse, principales catégories liées à la médication/vaccination et éléments épidémio-cliniques

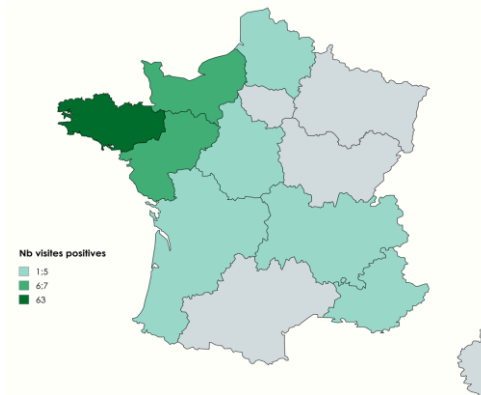


# Répartition régionale des visites

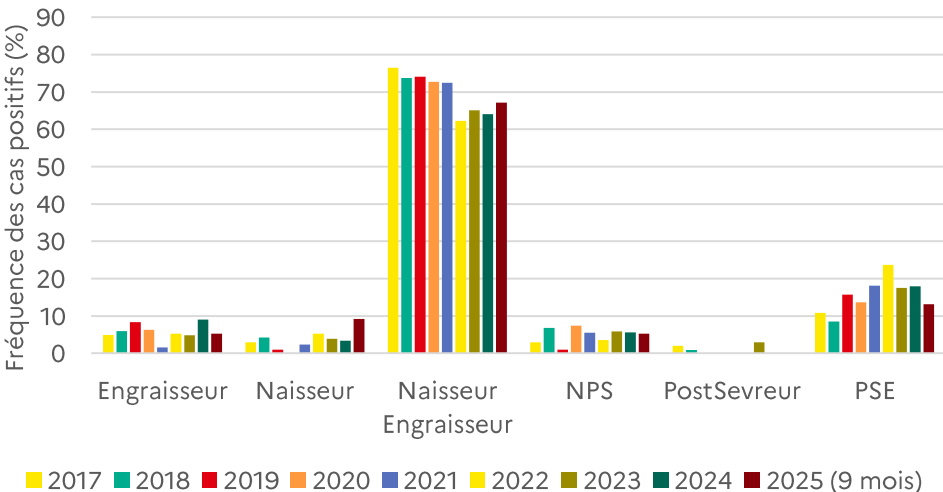
2024 : 9 régions investiguées  
2025 (9 mois) : 8 régions



## Elevages positifs détectés dans 8 régions en 2024



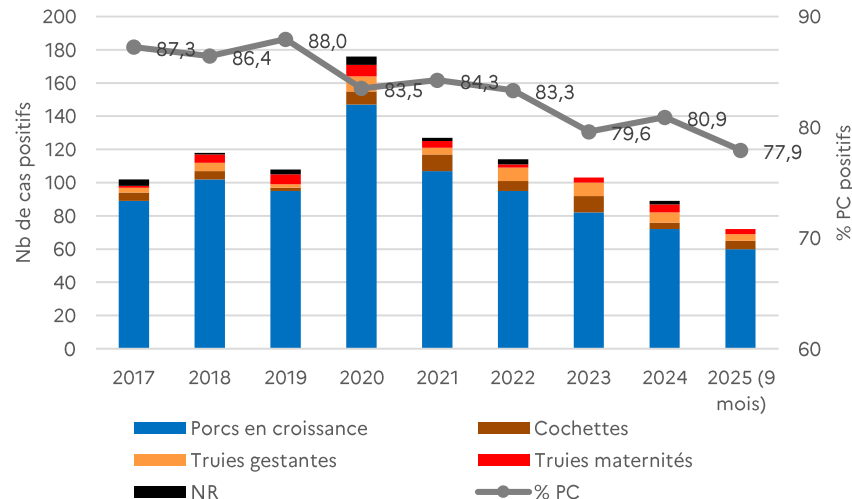
## Types d'élevages positifs



- Large majorité d'élevages **naisseurs-engraisseurs** (64% en 2024, 67% en 2025)
- Toutes les typologies touchées par la grippe

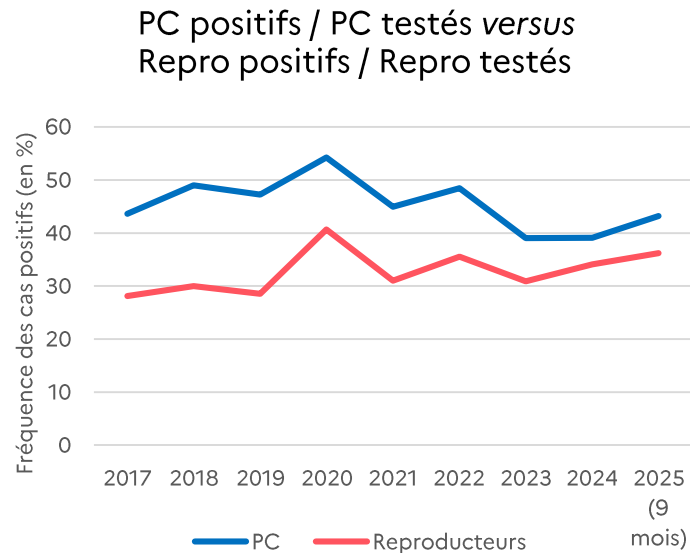
A noter : distribution similaire entre les populations testées et les populations détectées positives

## Types d'animaux positifs

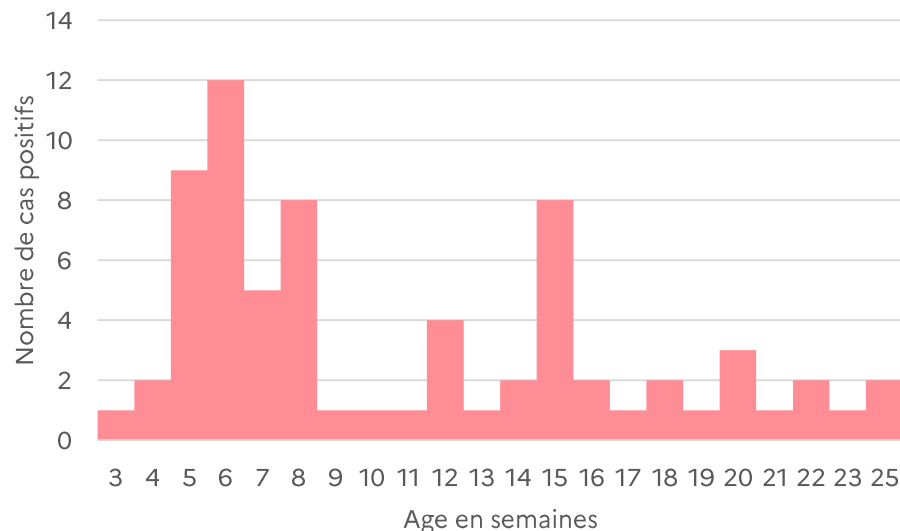


- PC et reproducteurs touchés par la grippe
- Proportion de **PC positifs** a tendance à diminuer

## Taux de positivité des animaux selon leur catégorie



## Distribution des âges des PC positifs en 2024

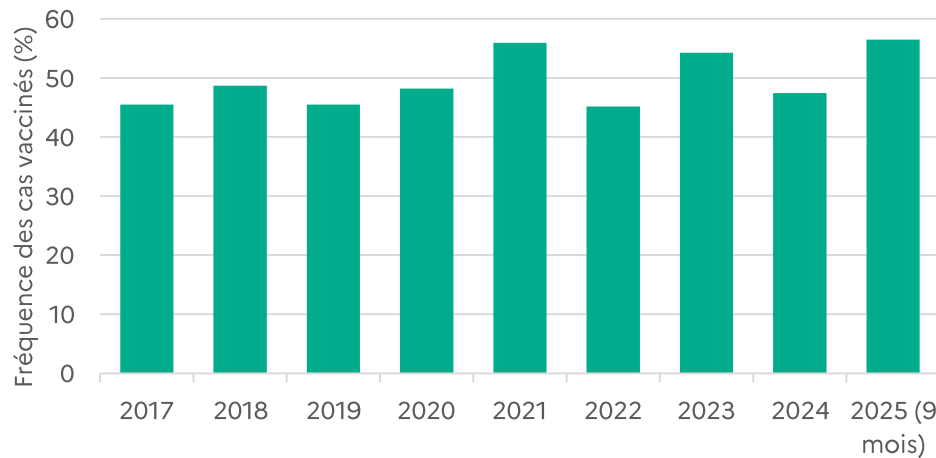


- Taux de positivité chez les PC plus élevé que celui des reproducteurs mais écart de plus en plus faible
- Augmentation de la proportion de reproducteurs trouvés infectés depuis 2023

- Nombreux cas au stade post-sevrage
- Age médian des PC positifs = 8 semaines en 2024
- Distribution stable depuis 2017

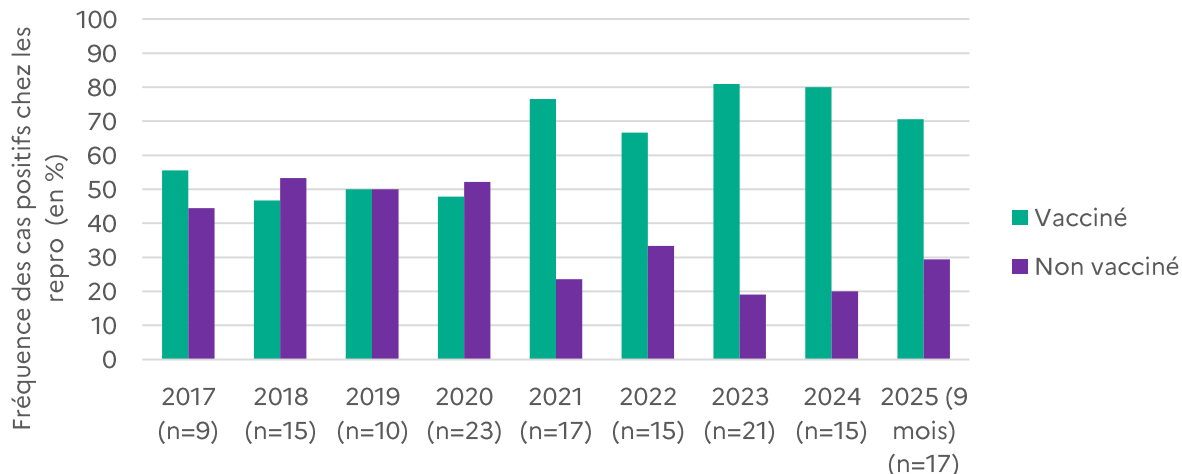


# Programme de vaccination des élevages



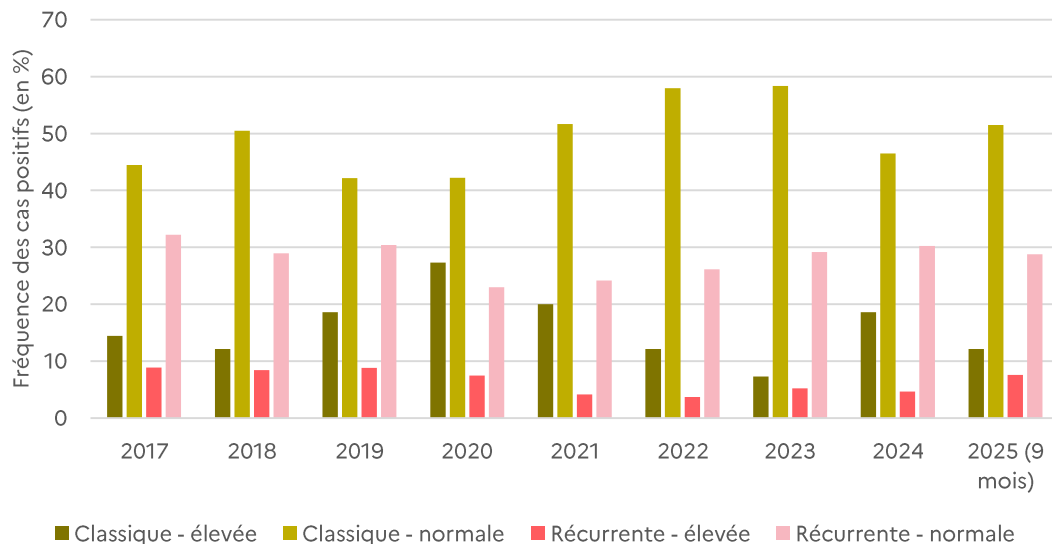
- De 45% à 56% des cas testés depuis 2017
- Vaccin Respiporc Flu3 © majoritaire (200 cas en 2024/2025)
- Vaccin Respiporc Flupan © : ponctuel (7 cas en 2024/2025)
- Population vaccinée = Reproducteurs
- Vaccination des issus : marginale (1 à 3 cas en 2017, 2020, 2021, 2022, 2024 et 2025)

## Taux de positivité chez les reproducteurs selon le programme de vaccination



- Depuis 2021, fréquence de cas positifs plus importante pour les reproducteurs vaccinés que non vaccinés
- Effectif trop faible pour comparer les populations selon les lignages viraux impliqués

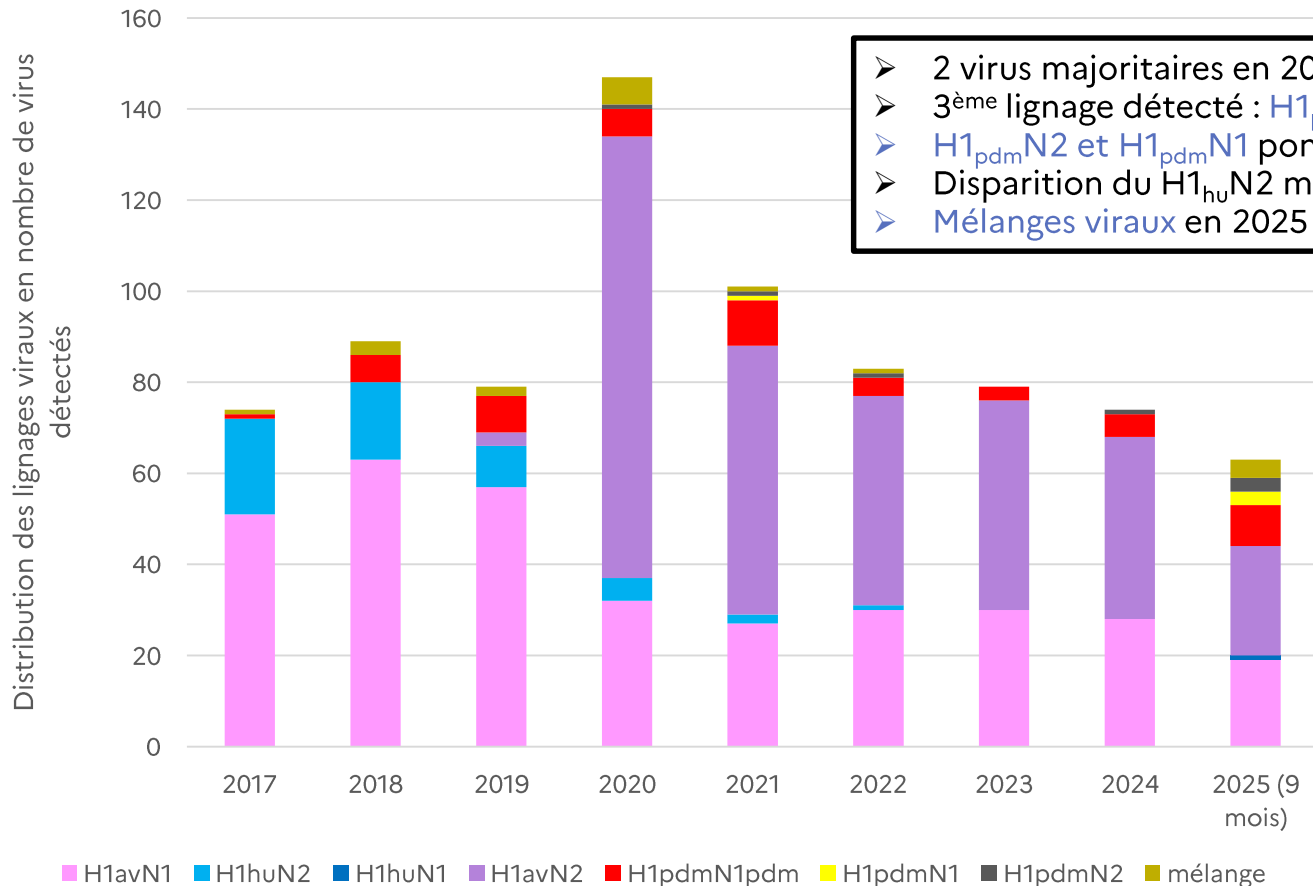
# Type de grippe et intensité des signes cliniques



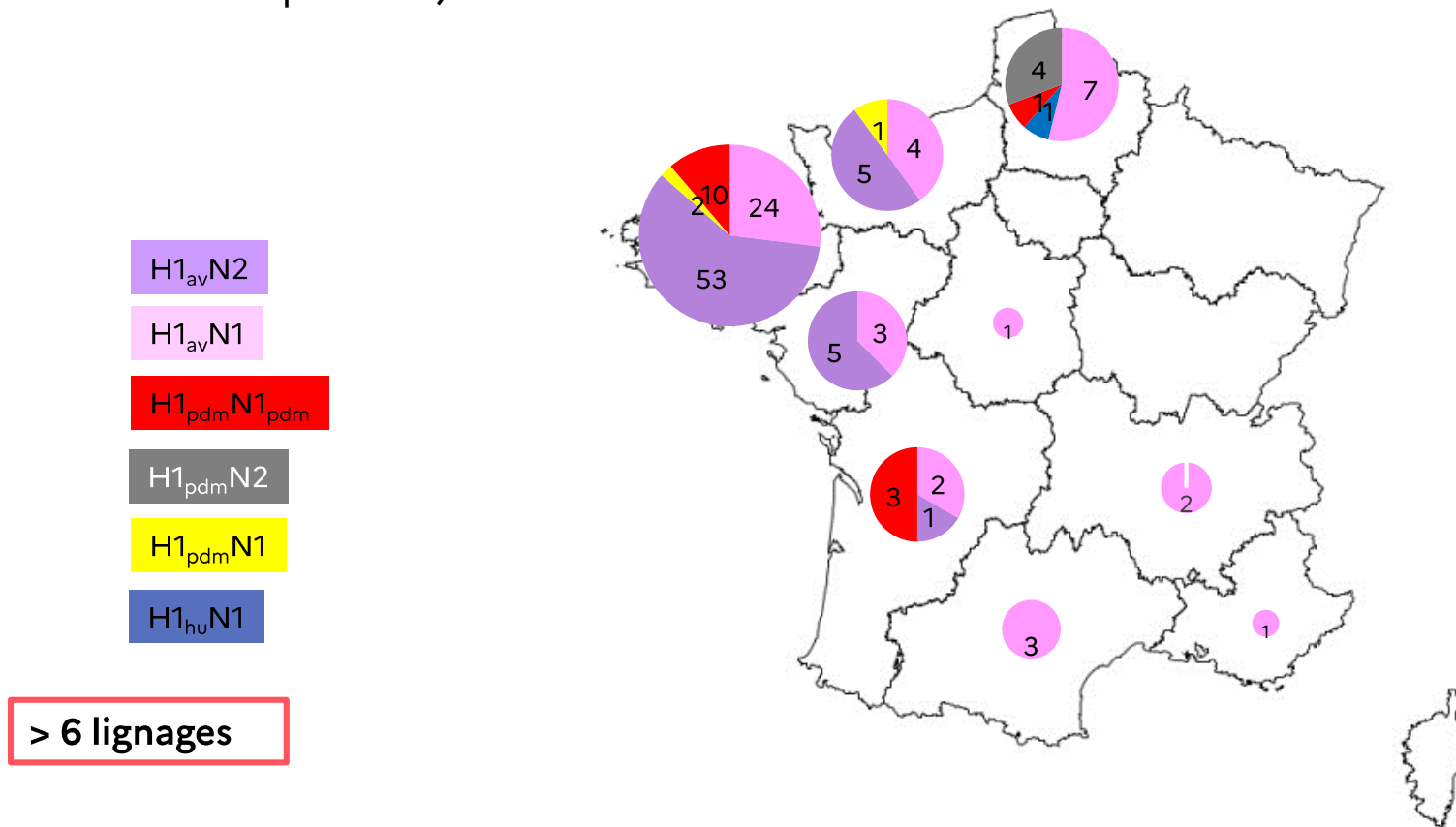
- **Forme classique normale majoritaire**
- Proportion de forme **classique sévère** élevée en 2024 (19% des cas dont 4/16 cas avec suspicion d'autres pathogènes impliqués, infections à H1avN2 (8), H1avN1 (4) et H1pdmN1pdm (2), H?N? (2 résultats à Ct tardifs))
- **Forme récurrente** de la grippe associée à des signes cliniques d'intensité normale ou élevée a **tendance à augmenter depuis 2023** (40% avant 2020, 30% [2020-2022], **35%** [2023-2025])

## 4. Caractérisation des virus détectés

# Distribution des lignages viraux



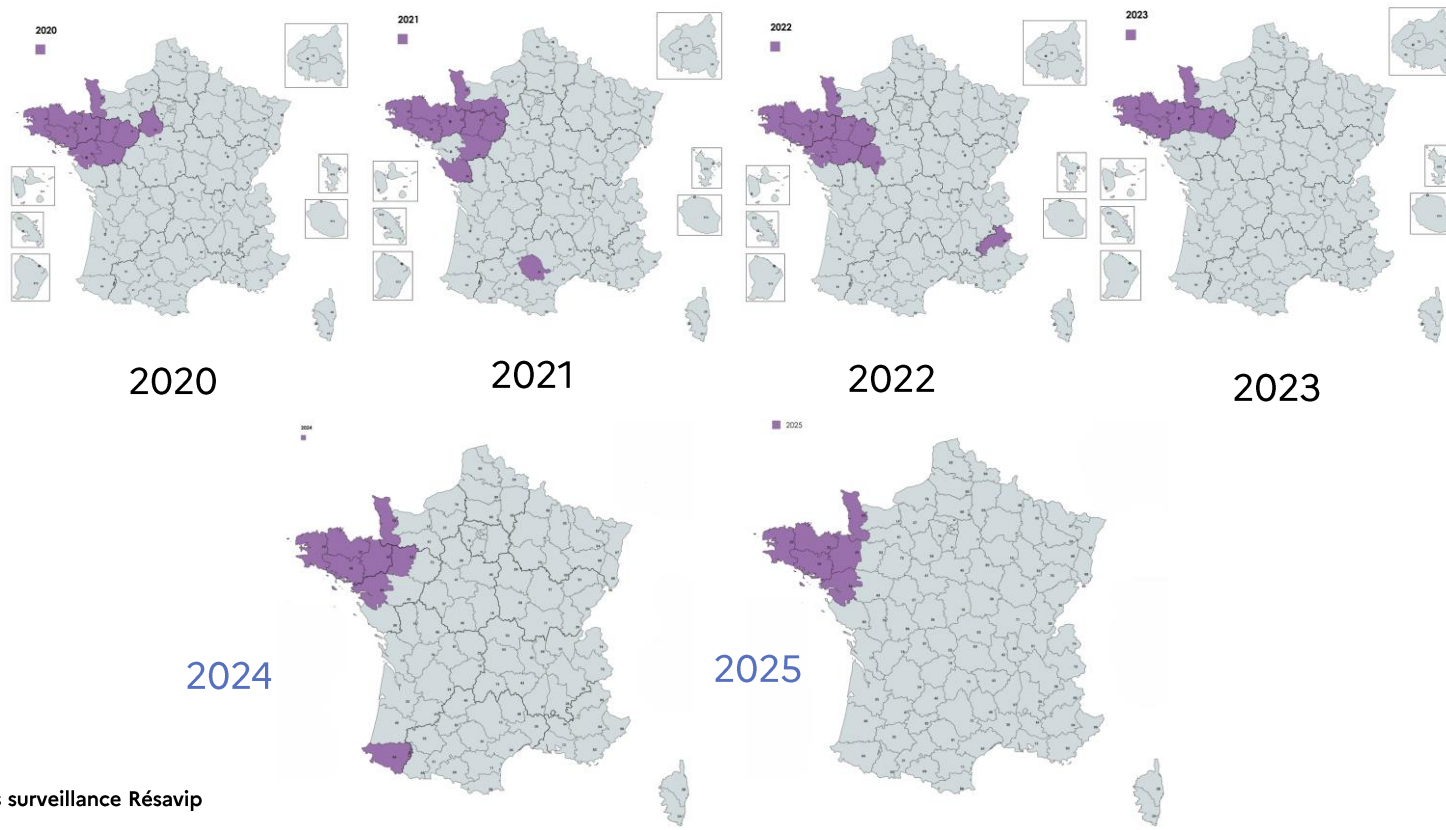
# Répartition géographique des différents lignages viraux (janvier 2024 à sept 2025)



# Détection des cas H1<sub>av</sub>N2 à l'échelle du département (Résavip 2020-2025)

**H1<sub>av</sub>N2 #E**

Génotype majoritaire depuis 2020 (*Hervé et al., BE 2021 ; Richard et al. 2025, Virus Evolution*)



# Diversité des génotypes

6 H1<sub>av</sub>N1

3 H1<sub>av</sub>N2

13 génotypes identifiés en 2024/2025

1 H1<sub>hu</sub>N1

1 H1<sub>pdm</sub>N1<sub>pdm</sub>

1 H1<sub>pdm</sub>N1

1 H1<sub>pdm</sub>N2

Genotype	International Genotype	HA	NA	PB2	PB1	PA	NP	M	NS
H1avN1#A	H1C.2.1/N1EA/EEEEEE	HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN1#B	H1C.2.1/N1EA/DDDDDD	HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK
H1avN1#C	H1C.2.2/N1EA/EEEEEE	HA_H1C.2.2	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN1#D	H1C.2.1/N1EA/EEEEDE	HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EADK	NS_EA
H1avN1#E	H1C.2.1/N1EA/EEPEEE	HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_pdm	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN1#F	H1C.2.1/N1EA/DDDDDED	HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EA	NS_EADK
H1avN1#H	H1C.2.7/N1EA/EEEEPE	HA_H1C.2.7	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_pdm	NS_EA
H1avN1#I	H1C.2.2/N1EA/EEEEPE	HA_H1C.2.2	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_pdm	NS_EA
H1avN2#A	H1C.2.1/N2S/EEEEEE	HA_H1C.2.1	NA_N2S	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN2#B	H1C.2.1/N2G.1/EEEEEE	HA_H1C.2.1	NA_N2G.1	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN2#B	H1C.2.1/N2G.2/EEEEEE	HA_H1C.2.1	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN2#C	H1C.2.1/N2HS/EEEEEE	HA_H1C.2.1	NA_N2HS	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN2#D	H1C.2.1/N2HS/EEEEEE	HA_H1C.2.1	NA_N2HS	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN2#E	H1C.2.4.2/N2G.2/DDDDDD	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK
H1avN2#F	H1C.2.4.3/N2G.2/PPPPPP	HA_H1C.2.4.3	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
H1avN2#G	H1C.2.7/N2G.2/PPPPPP	HA_H1C.2.7	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
H1avN2#H	H1C.2.4.1/N2G.2/DDDDDD	HA_H1C.2.4.1	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK
H1avN2#I	H1C.2.4.1/N2G.2/PDDDDD	HA_H1C.2.4.1	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK
H1avN2#J	H1C.2.4.2/N2G.2/EEEEEE	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1avN2#K	H1C.2.4.2/N2G.2/DDDDDE	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EA
H1avN2#L	H1C.2.4.2/N2G.2/DDDDEE	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EA	NS_EA
H1avN2#M	H1C.2.4.2/N2G.2/EEEEDD	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EADK	NS_EADK
H1avN2#N	H1C.2.4.2/N2G.2/PPPPPD	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_EADK
H1huN1#A	H1B.1.2.3/N1EA/EEEEEE	HA_H1B.1.2.3	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1huN1#B	H1B.1.2.1/N1EA/EEEEEE	HA_H1B.1.2.1	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1huN2#A	H1B.1.2.3/N2S/EEEEEE	HA_H1B.1.2.3	NA_N2S	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1huN2#C	H1B.1.2.1/N2G.2/EEEEEE	HA_H1B.1.2.1	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1N1pdm#A	H1A.3.3.2/N1P/PPPPPP	HA_H1A.3.3.2	NA_N1P	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
H1N1pdm#B	H1A.3.3.2/N1P/EEEEEE	HA_H1A.3.3.2	NA_N1P	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1pdmN1#A	H1A.3.3.2/N1EA/EEEEEE	HA_H1A.3.3.2	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H1pdmN1#B	H1A.3.3.2/N1EA/PPPPPE	HA_H1A.3.3.2	NA_N1EA	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_EA
H1pdmN1#C	H1A.3.3.2/N1EA/PPPPPP	HA_H1A.3.3.2	NA_N1EA	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
H1pdmN2	H1A.3.3.2/N2G.2/PPPPPP	HA_H1A.3.3.2	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
H3N2#A	H3.1970.1/N2G.1/EEEEEE	HA_H3.1970.1	NA_N2G.1	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
H3N2#B	H3.1970.1/N2G.1/PPPPPP	HA_H3.1970.1	NA_N2G.1	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
H3N2#C	H3.OH2020/N2HS/HHHHHH	HA_H3.Other Human 2020	NA_N2HS	PB2_HS	PB1_HS	PA_HS	NP_HS	M_HS	NS_HS





## 5. Bilan



## En résumé (janvier 2024 - septembre 2025)

- Nombre de cas investigués en 2024 le plus faible recensé depuis 2017 (232 cas)
- Couverture partielle du territoire
- Taux de positivité meilleur qu'en 2023, sans saisonnalité de l'infection
- Plus de porcs en hyperthermie sélectionnés en 2025
- Suspicion vis-à-vis d'un autre pathogène légèrement plus faible en 2025 que la moyenne 2017/2025
- Taux de positivité des PC au-dessus de celui des reproducteurs, mais différence de plus en plus faible
- Environ la ½ des élevages testés vaccinés contre la grippe, très peu de cas dble vaccination (Flu3/Flupan)
- Proportion des reproducteurs vaccinés positifs plus forte que les non vaccinés depuis 2021, possiblement en lien avec l'échappement du H1<sub>av</sub>N2#E à la protection vaccinale (*Deblanc et al., Vet. Research, 2024*)
- Cas de grippe classique avec clinique modérée toujours prédominants mais 19% de cas sévères en 2024
- Nombre de cas de grippe persistante augmente depuis 2023
- Circulation de 2 virus majoritairement : H1<sub>av</sub>N2 moitié Ouest et H1<sub>av</sub>N1 partout (Nord et Sud)
- Proportion du H1<sub>pdm</sub>N1<sub>pdm</sub> plus élevée que les 2 années précédentes, détecté au Nord, Nord-Ouest et Sud-Ouest
- Deux lignages pandémiques ponctuellement détectés : H1<sub>pdm</sub>N2 au Nord et H1<sub>pdm</sub>N1 au Nord-Ouest
- Diversité virale importante en 2025 : 1 nouveau virus H1<sub>hu</sub>N1 identifié au Nord
- Des mélanges viraux détectés à l'Ouest en 2025, pas observés sur la période 2023-2024
- 13 génotypes identifiés dont plusieurs inédits

# Remerciements

Merci pour votre attention

**Anses, Laboratoire de  
Ploufragan, Unité VIRPIG  
LNR Influenza Porcin**

Gaëlle Simon

Stéphane Quéguiner

Stéphane Gorin

Gautier Richard

Nicolas Barbier



Les vétérinaires, les éleveurs, les laboratoires  
agréés, les animateurs en région et l'animation  
nationale, les membres du GS-VIP