



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

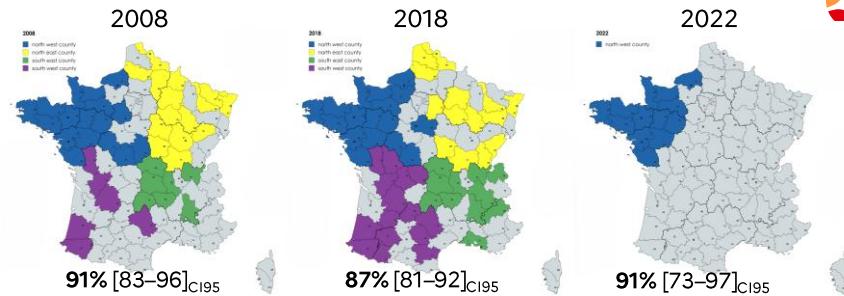
L'influenza porcin : une maladie répandue

- ✓ 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 frustres 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) :

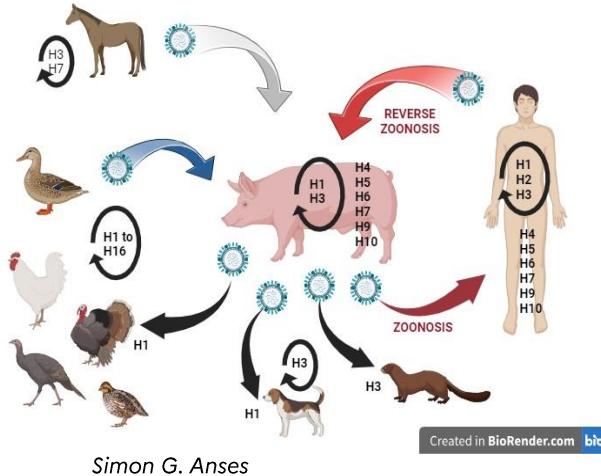
- Syndrome grippal aigu
- Maladie à caractère épizootique

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



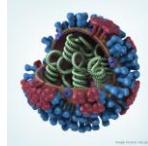
Virus influenza A porcins (swIAV) :

- excrétés pendant **5-7 jours** dans les **sécrétions nasales**
- transmis par **contact** et **voie aéroportée**
- **agents pathogènes très contagieux** - $R_0 = 5,8 \text{ à } 14,8$ 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

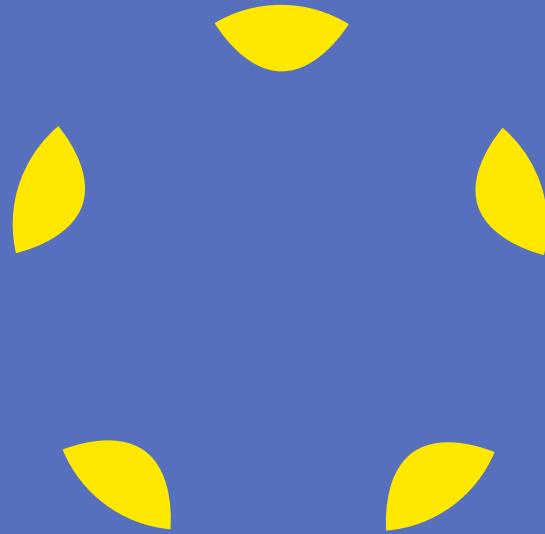


Problématiques liées à l'influenza porcin

- **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^{er} 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 prélevements (DAP)

DAP N°

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 Résvip, 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 ESAVIP

SITE D'ÉLEVAGE CONCERNÉ PAR LA VISITE

N° Département : _____ Commune : _____ IDM : FR

Type d'élevage : N NPS NE PS PSE E Nombre de places : _____

Elevage mixte : NON OUI, autre(s) espèce(s) présente(s) : _____ Post-sevrage : _____

Nombre de truies : _____

Accès extérieur pour les truies ou les porcs (parcours plein air et/ou courrette) : OUI NON Engrangement : _____

VACCINATION anti-grippale

Groupe(s) d'animaux vaccinés : OUI NON

Fréquence de la vaccination (plusieurs réponses possibles) : A l'arrivée en quarantaine Bande à bande en gestation Irégulièrement Bande à bande en lactation Tout le troupeau, fréquence > 4 mois Tout le troupeau 2 fois/an Tout le troupeau 1 fois/an

Groupes d'animaux vaccinés : Cochetteries Truies Porcs en croissance¹

en maternité, âge : _____ semaines en PS, âge : _____ semaines en engrangement, âge : _____ semaines

Température rectale (en °C) : Porc (EN 1) : _____ Porc (EN 2) : _____ Porc (EN 3) : _____ (EN: Écouvillon Nasal)

Sous traitement médicamenteux : Antipyrrétique : OUI NON Antibiotique : OUI NON

SYNDEME GRIPPAL depuis : <72h 72 h à 1 semaine > 1 semaine

Type de grippe : Classique² Récurrent³ Intensité des signes cliniques : Normale⁴ Elevée⁵

Autre(s) pathogène(s) suspecté(s) : NON OUI, le(s)quel(s) : _____

Commentaires

1: Porcs en croissance : veuillez sélectionner le stade et indiquer l'âge en semaines.
 2: Forme épizootique 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.
 3: Forme persistante à l'échelle de l'élevage, se répétant sur chaque bande ou prise dans une gamme d'âge déterminée.
 4: Manifestations cliniques modérées, associant de l'hypothermie, des signes respiratoires frustes ou modérés (éternuements, toux, quelques dyspnées) et éventuellement une apathie associée à l'anorexie ne dépassant pas 2 à 3 jours.
 5: Manifestations cliniques marquées, associant de l'hypothermie, des signes respiratoires sévères (toux, toux quintes, 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 prélevements Résvip

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 si possible débuté 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-timbrière avec pochette pour un envoi au laboratoire concerné par la région de prélevement.

Protocole de réalisation, stockage et expédition des prélevements

- 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'hypothermie est alors le critère de sélection principal car les animaux ne sont pas forcément prostrés ou abattus.
- Réaliser un écouvillon nasal sur chacun des 3 porcs sélectionnés en sondant chacune des 2 narines du même animal avec le même écouvillon (bien remplir 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. A défaut d'avoir des Virocult®, il est possible de prélever avec des écouvillons secs si le transfert au laboratoire est réalisé dans la journée.
- Disposer les prélevements dans une glacière (pas de pose directe sur les plaques eutectiques ni sur la glace) avant envoi.
- Remplir le DAP et envoyer une copie par mail à l'animation régionale ayant fourni le kit : [xxxxxxxx@xxxxxxxxxxxxxxxxxxxx](mailto:xxxxxx@xxxxxxxxxxxxxxxxxxxx)
- Mettre les tubes dans la pochette « risque biologique » puis dans l'enveloppe pré-timbrière avec l'original du DAP.
- Expédier les prélevements 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 prélevements au froid positif (+4°C), ne pas congeler, et faire l'envoi le lundi matin ou le jour suivant).



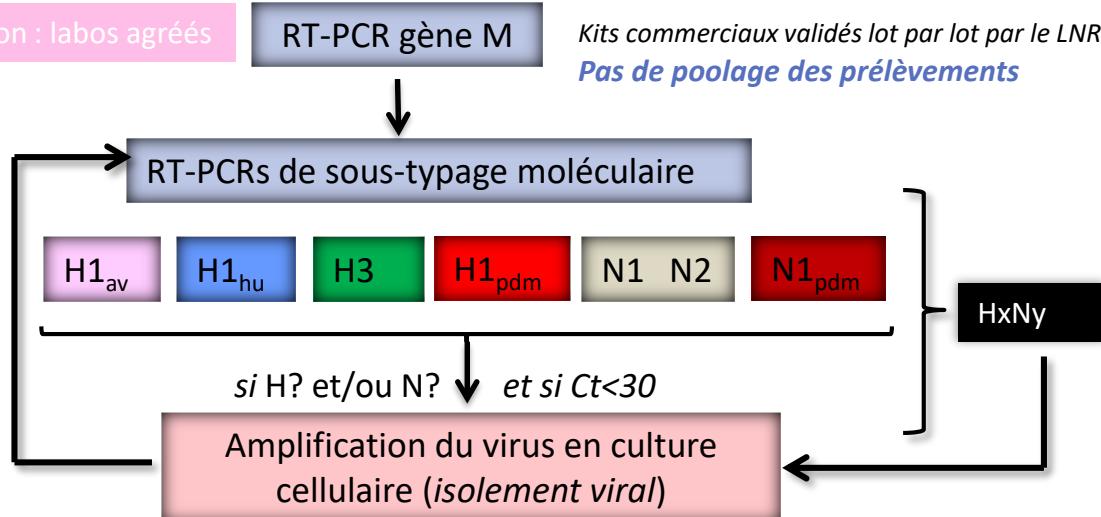
Workflow analytique du diagnostic virologique

Méthode de détection des swIAV
Positif / Négatif

Méthodes de caractérisation des swIAV

Sous-type / Lignage

Génotype
Distances
antigéniques



Analyses de 3^{ème} intention
LNR hors Résavip

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

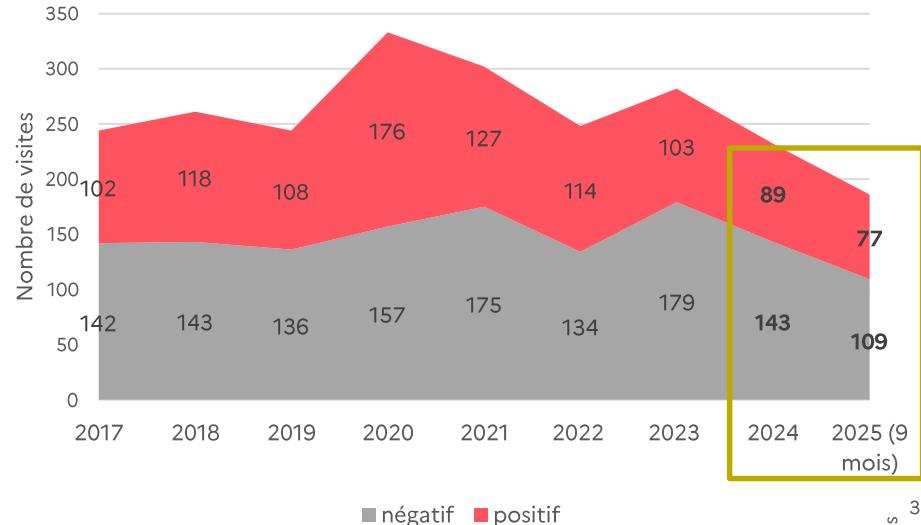


Caractérisation approfondie des réactions antigéniques vis-à-vis de sérum de référence par tests d'inhibition de l'hémagglutination (IHA)

3. Indicateurs de la population surveillée et indicateurs sanitaires



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

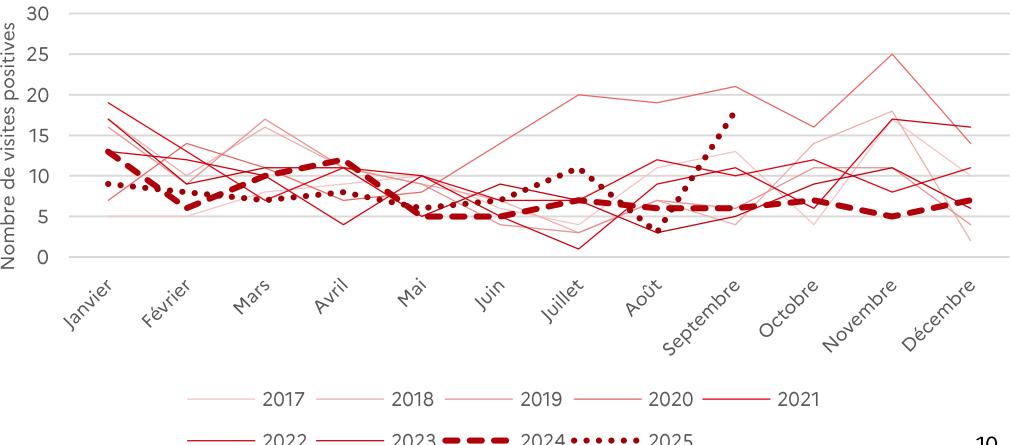
2025 : 186 cas en 9 mois, 41,4% de cas positifs

> 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

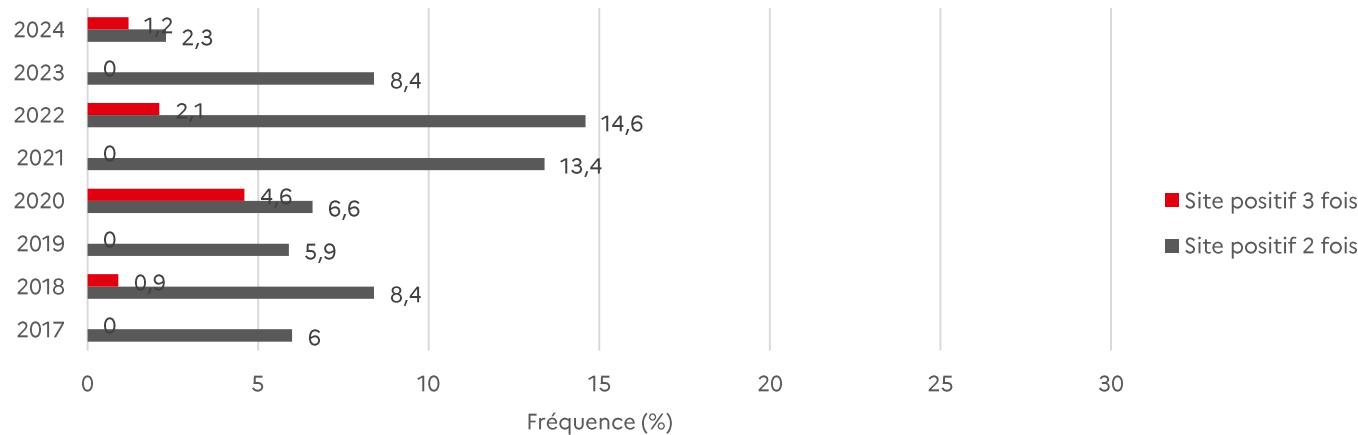
- Circulation des virus toute l'année
- Moyenne mensuelle 2017/2024 = 10 cas
- En 2024 : valeur haute en janvier (13 cas)
- En 2025 : valeur haute en septembre (18 cas)



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'épidémie à virus H1_{av}N2#E

Traitements médicamenteux

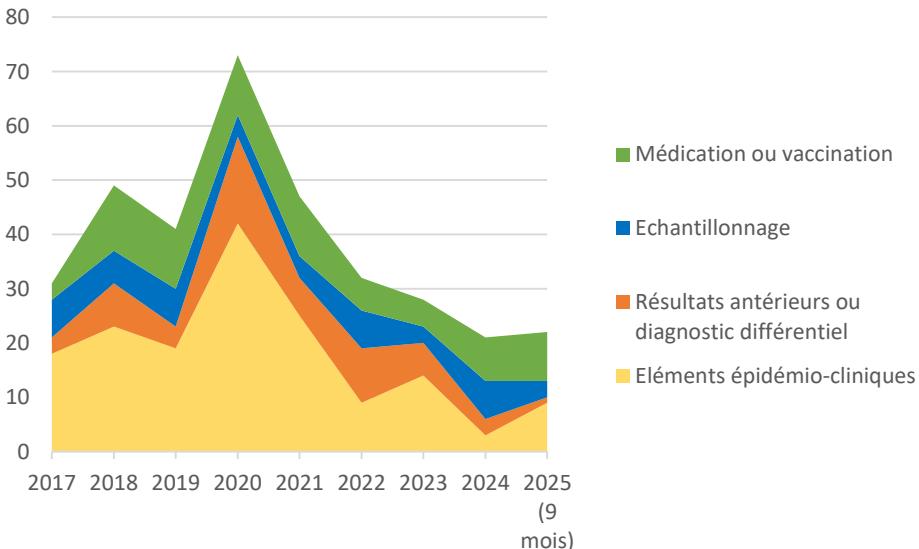
- Antipyrétiques prescrits dans **18%** des visites **en 2024** et **24% en 2025** (**25% en moyenne depuis 2017**)
- Traitement en place depuis 1 à 5 jours au moment du prélèvement
- Médication collective utilisée dans **6,9%** des visites **en 2024** et **9,6% en 2025** (**11% en moyenne depuis 2017**)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

Suspicions 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

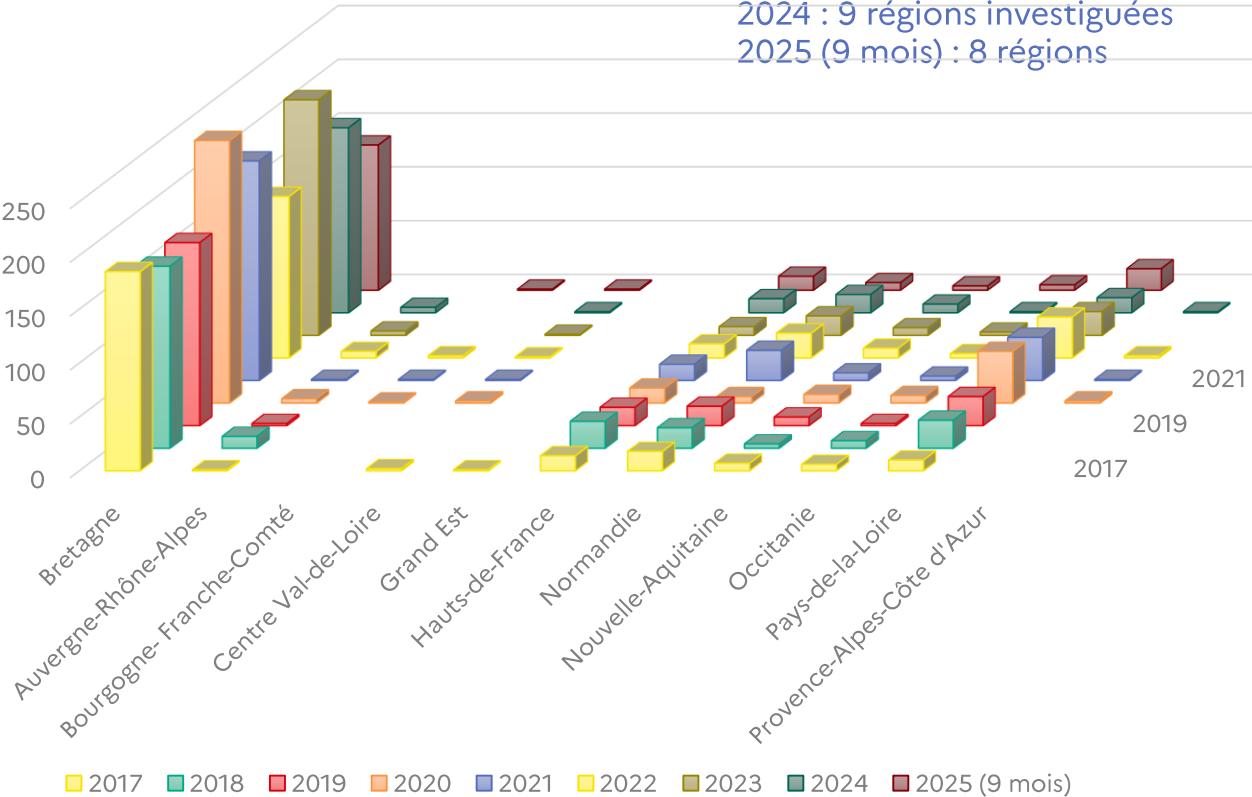
- Nombre en baisse, principales catégories liées à la médication/vaccination et éléments épidémio-cliniques



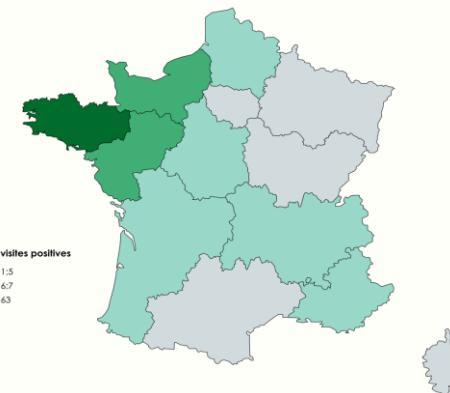
Répartition régionale des visites

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

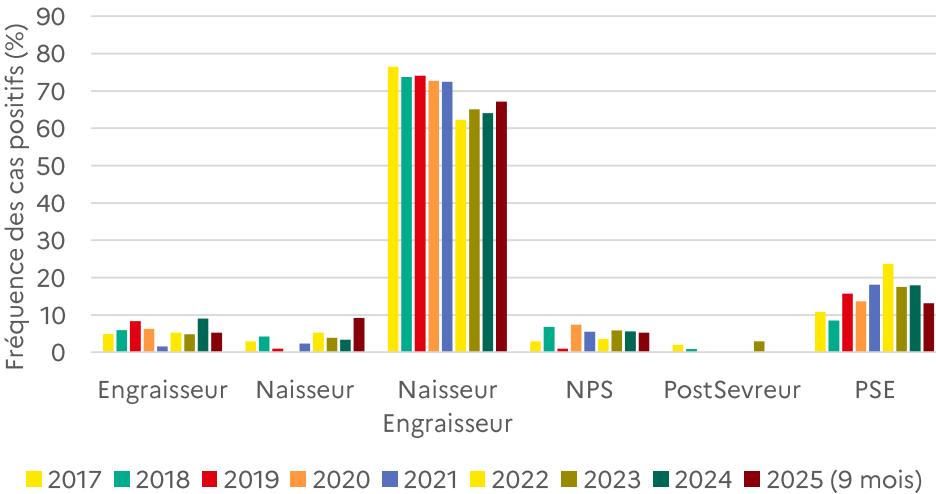
NB DE CAS



Elevages positifs détectés dans 8 régions en 2024



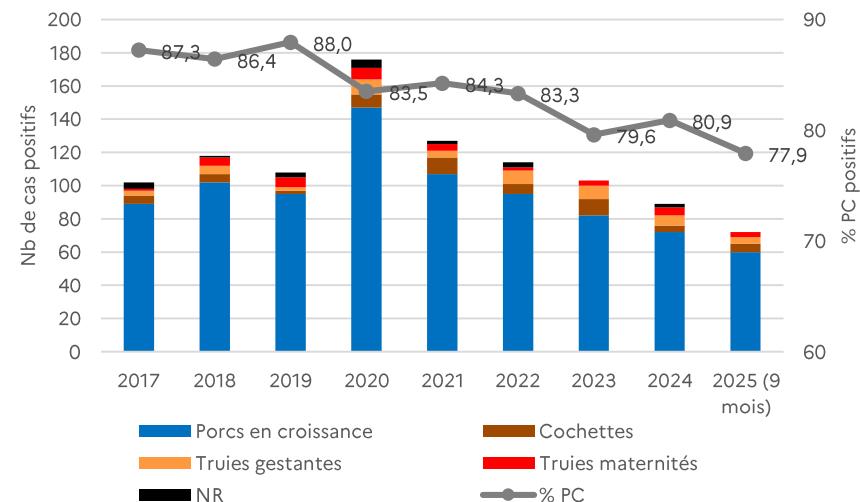
Types d'élevages positifs



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

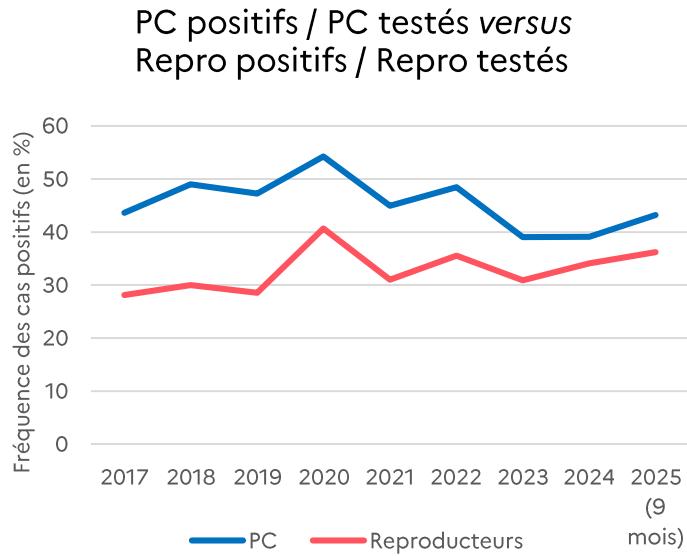
A noter : distribution similaire entre les populations testées et les populations détectées positives

Types d'animaux positifs

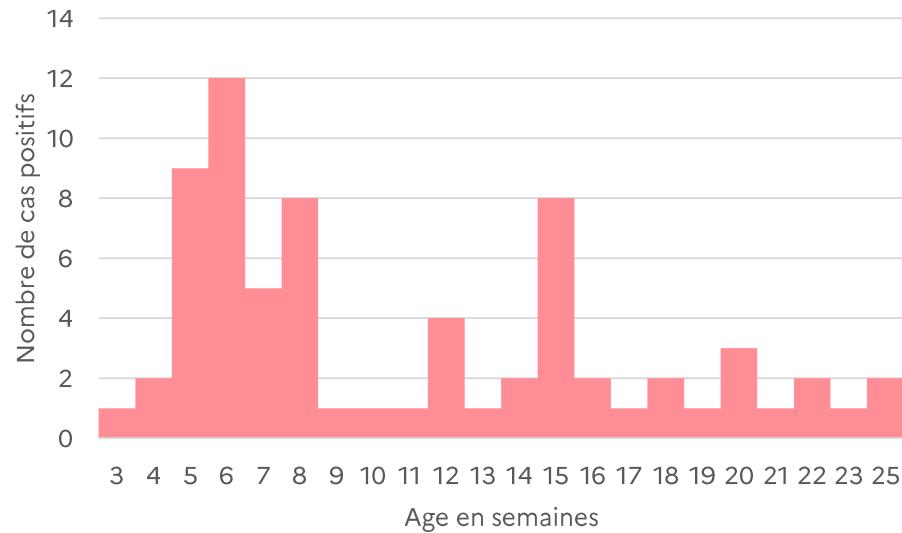


- PC et reproducteurs touchés par la grippe
- Proportion de PC positifs a tendance à diminuer

Taux de positivité des animaux selon leur catégorie



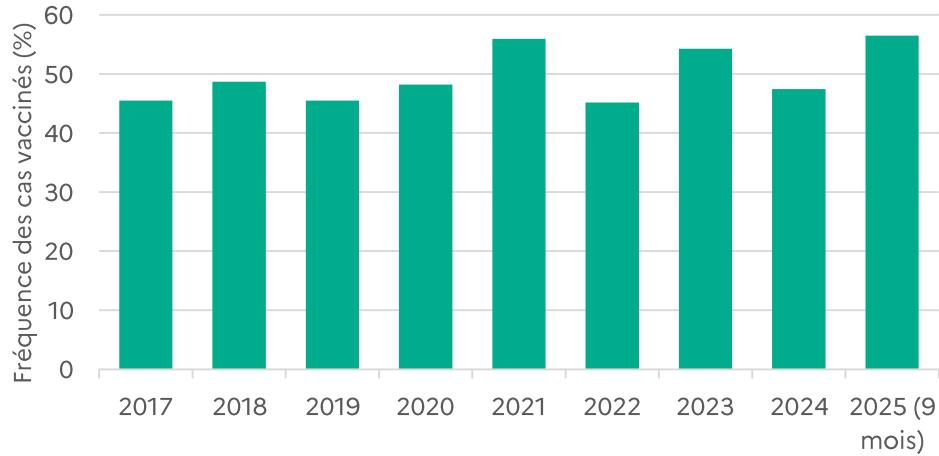
Distribution des âges des PC positifs en 2024



- 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

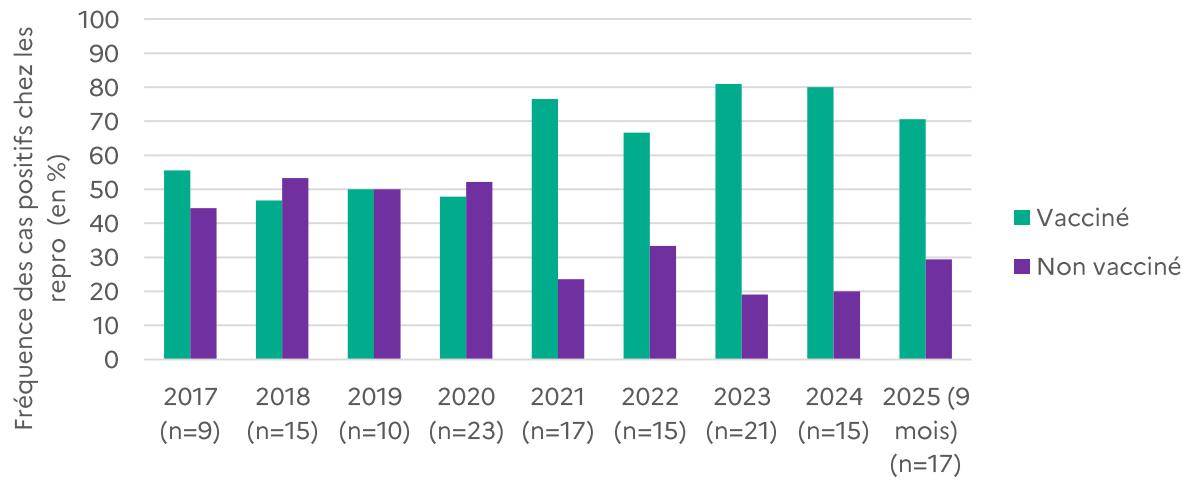
- Nombreux cas au stade post-sevrage
- Age médian des PC positifs = 8 semaines en 2024
- Distribution stable depuis 2017

Programme de vaccination des élevages



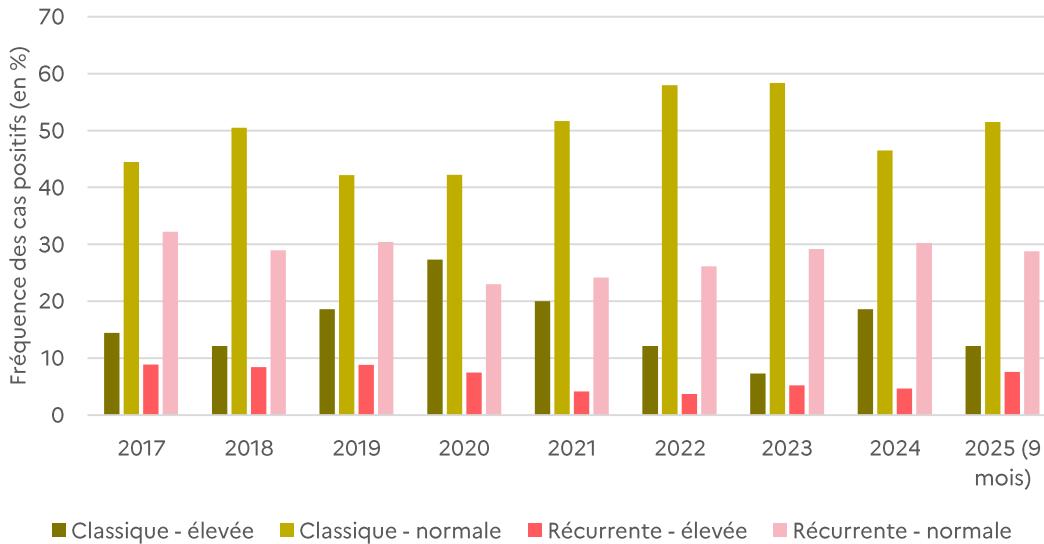
- De 45% à 56% des cas testés depuis 2017
- Vaccin **Respiporc Flu3 © majoritaire** (200 cas en 2024/2025)
- Vaccin Respiporc Flupan © : ponctuel (7 cas en 2024/2025)
- Population vaccinée = **Reproducteurs**
- Vaccination des issus : marginale (1 à 3 cas en 2017, 2020, 2021, 2022, 2024 et 2025)

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

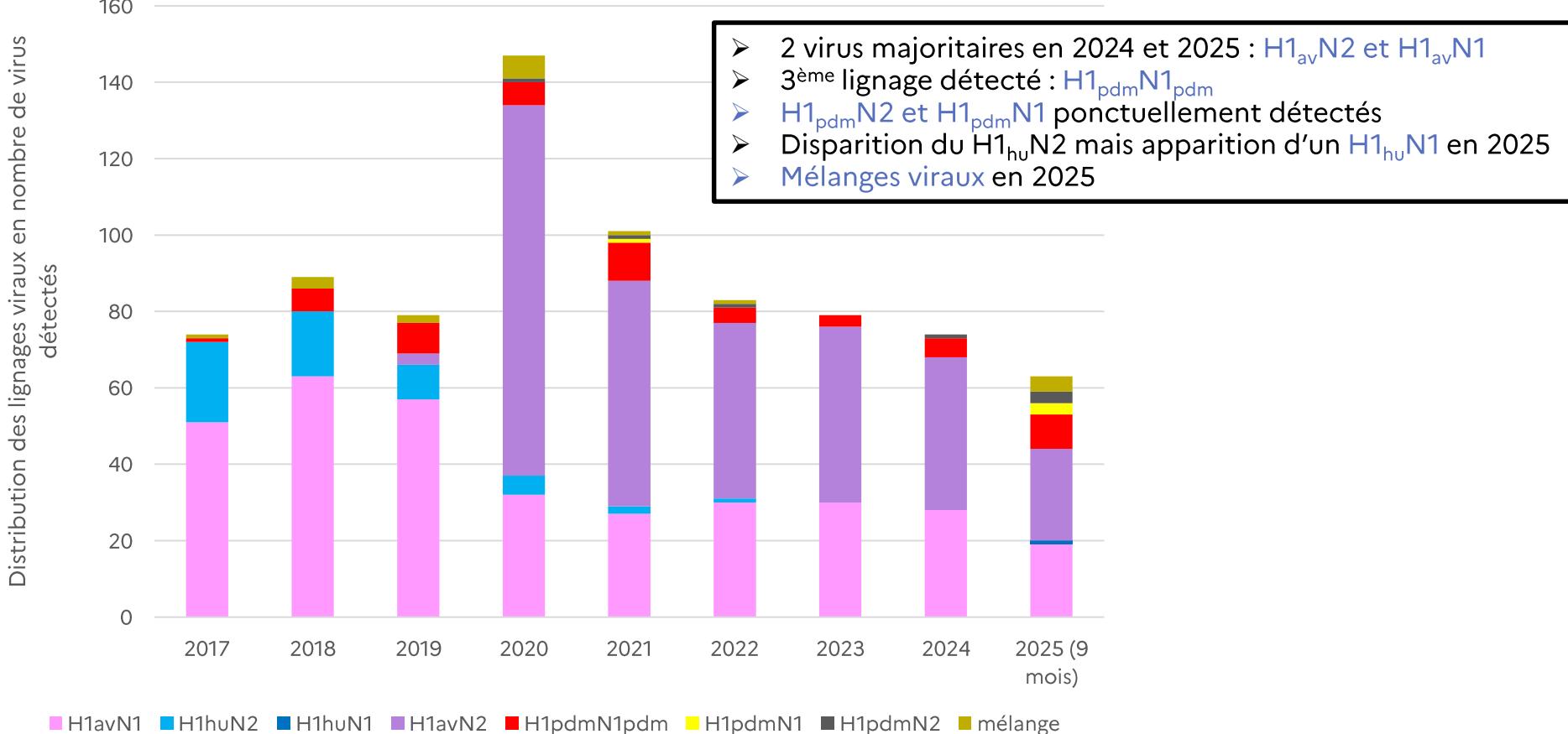
Type de grippe et intensité des signes cliniques



- 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

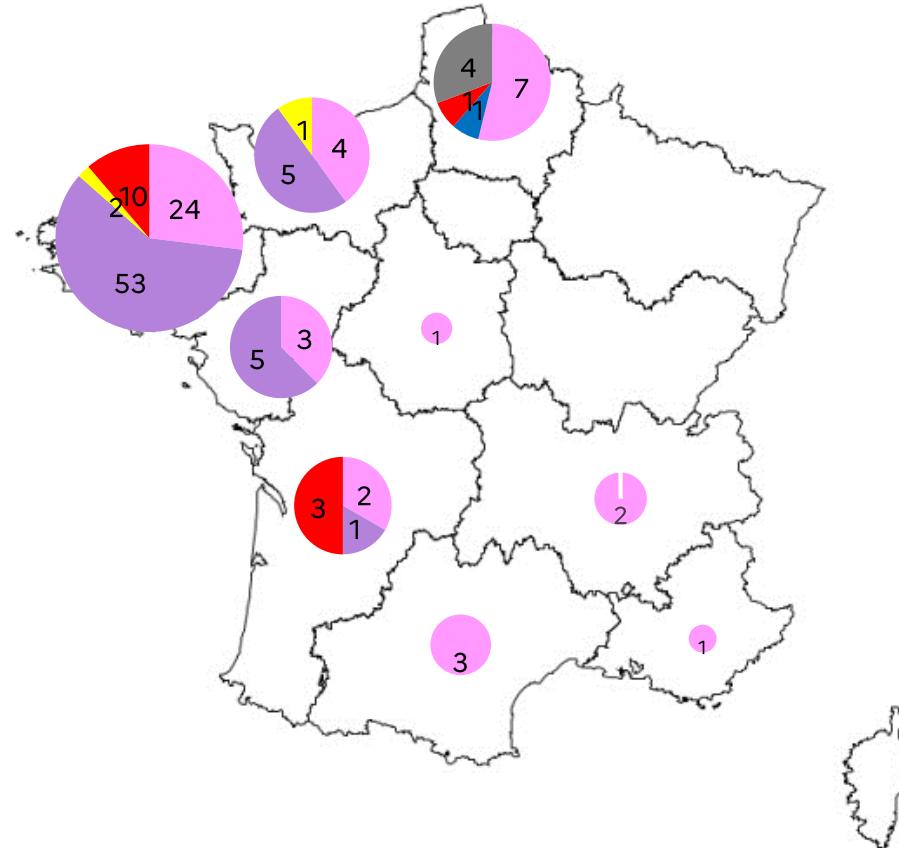
Distribution des lignages viraux



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

- H1_{av}N2
- H1_{av}N1
- H1_{pdm}N1
- H1_{pdm}N2
- H1_{pdm}N1
- H1_{hu}N1

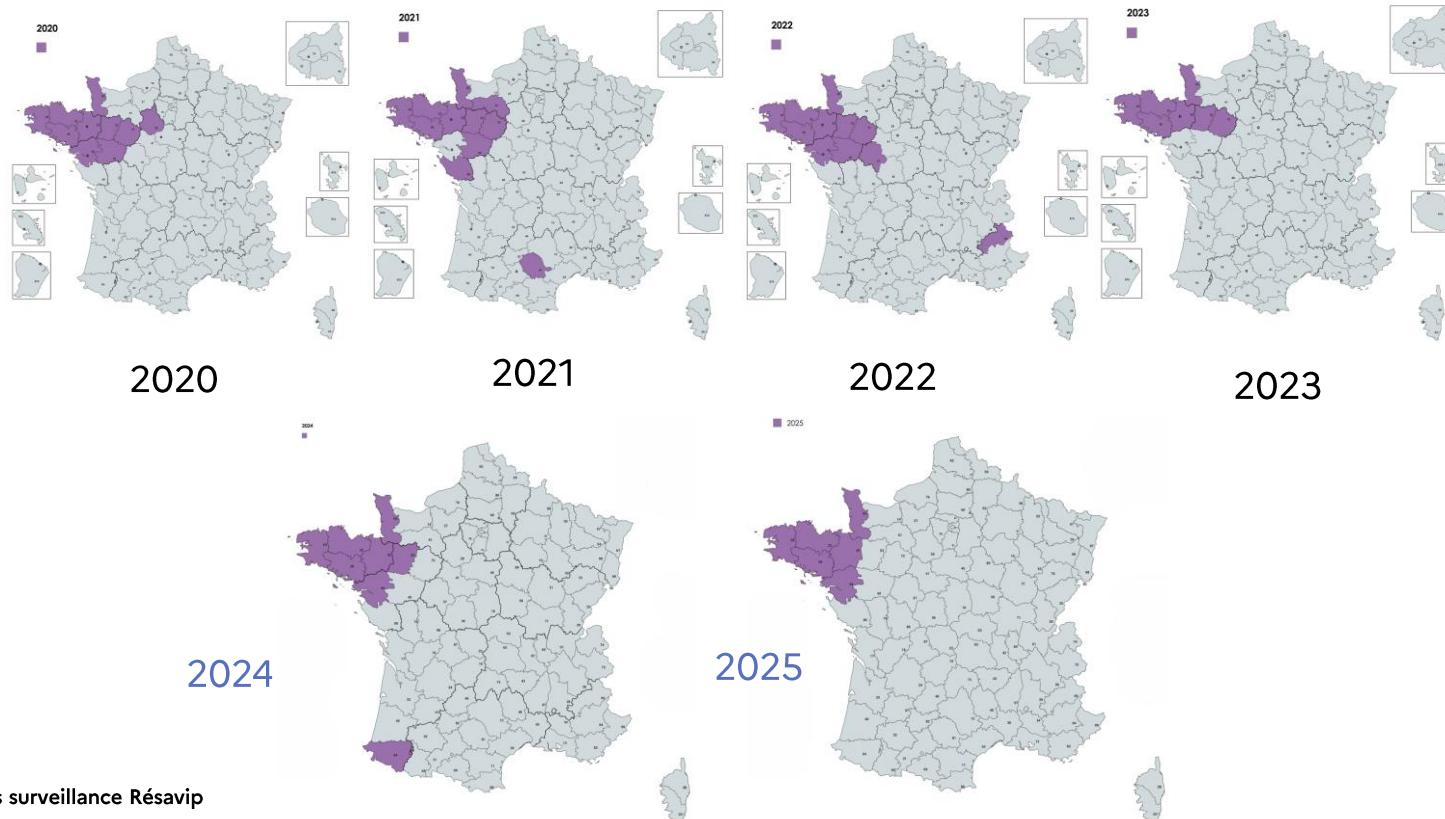
> 6 lignages



Détection des cas H1_{av}N2 à l'échelle du département (Résavip 2020-2025)

H1_{av}N2 #E

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



Diversité des génotypes

13 génotypes identifiés en 2024/2025

6 H1_{av}N1

3 H1_{av}N2

1 H1_{hu}N1

1 H1_{pdm}N1_{pdm}

1 H1_{pdm}N1

1 H1_{pdm}N2

Résultats surveillance Résavip

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/EEEEEDE	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/EEEEEPE	HA_H1C.2.7	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_pdm	NS_EA	
H1avN1#I	H1C.2.2/N1EA/EEEEEPE	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	
	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	
	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	
	H1C.2.1/N2HS/EEEEEE	HA_H1C.2.1	NA_N2HS	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA	
	H1C.2.1/N2HS/EEEEEE	HA_H1C.2.1	NA_N2HS	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA	
	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	
	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	
	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	
	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	
	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#F	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	
	H1C.2.4.2/N2G.2/EEEEEE	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK	
	H1C.2.4.2/N2G.2/PPPPDE	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK	
	H1C.2.4.2/N2G.2/PPDDDE	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK	
	H1C.2.4.2/N2G.2/PPDDDE	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK	
	H1C.2.4.2/N2G.2/EEEEEED	HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA	
	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	
	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	
	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	
	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	
	H1A.3.3.2/N1EA/PPPPPPE	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	
	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	
	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	
	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 double vaccination (Flu3/Flupan)
- Proportion des reproducteurs vaccinés positifs plus forte que les non vaccinés depuis 2021, possiblement en lien avec l'échappement du H1_{av}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_{av}N2 moitié Ouest et H1_{av}N1 partout (Nord et Sud)
- Proportion du H1_{pdm}N1_{pdm} plus élevée que les 2 années précédentes, détecté au Nord, Nord-Ouest et Sud-Ouest
- Deux lignages pandémiques ponctuellement détectés : H1_{pdm}N2 au Nord et H1_{pdm}N1 au Nord-Ouest
- Diversité virale importante en 2025 : 1 nouveau virus H1_{hu}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