



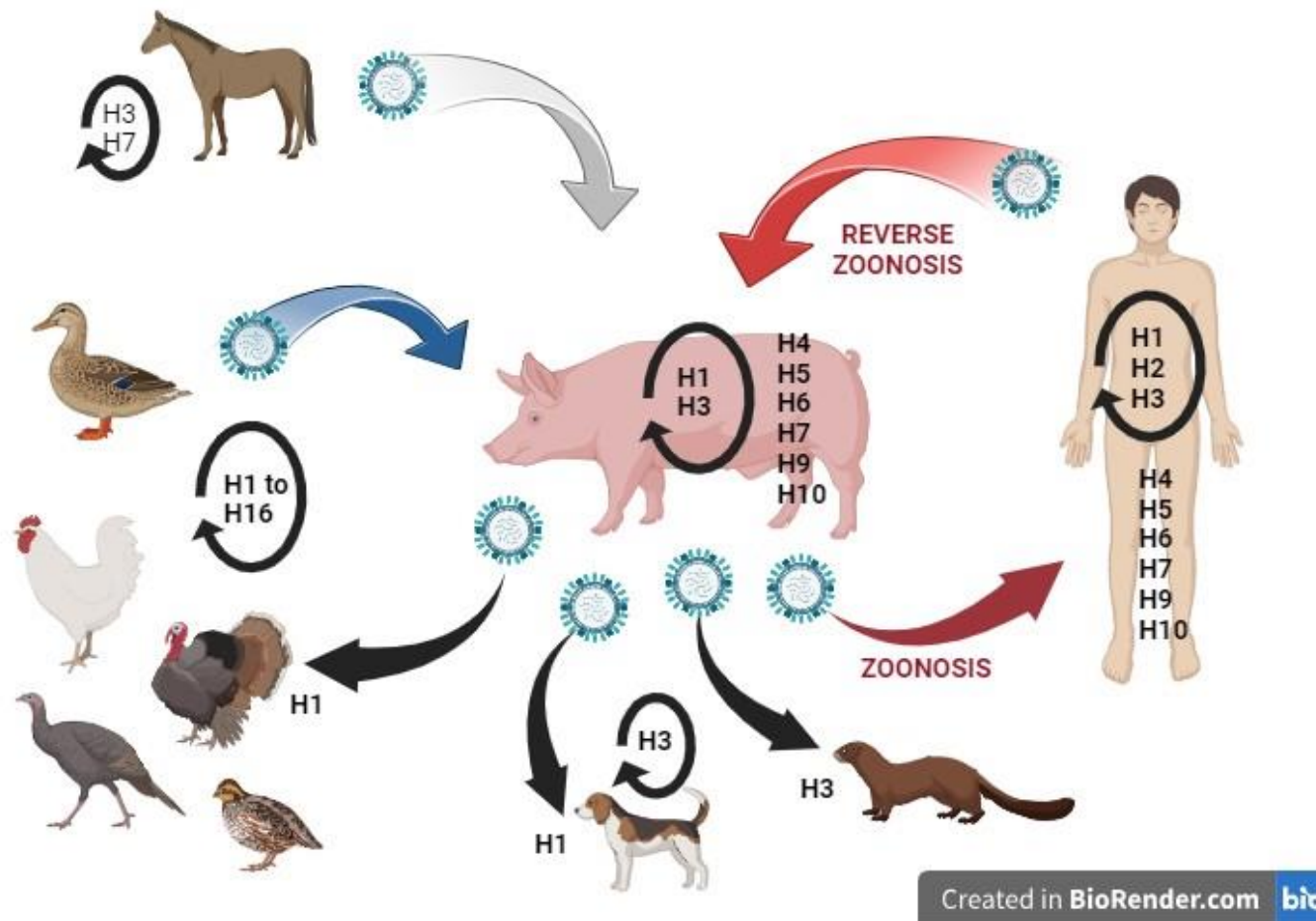
Infections zoonotiques à virus influenza porcins

Gaëlle Simon & Annabelle Gilg Soit Ilg

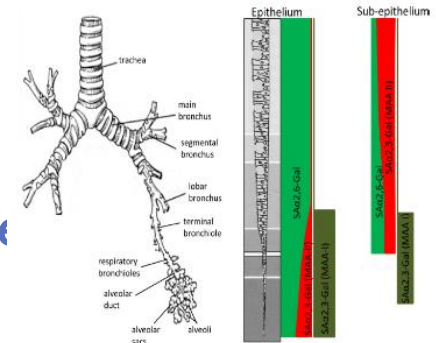
CONNAÎTRE, ÉVALUER, PROTÉGER



Transmissions d'IAV entre le porc et l'être humain



IAV porcins et humains partagent les mêmes récepteurs cellulaires



Le porc est plus réceptif et sensible aux IAV humains qu'aux IAV aviaires

Porc = hôte intermédiaire pour :

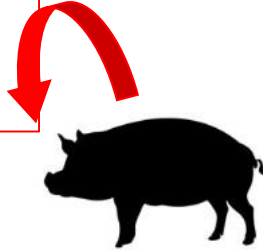
- l'hébergement d'anciennes souches humaines
- l'adaptation de virus aviaires à l'espèce mammifère
- la **génération de virus réassortants** à potentiel zoonotique

Problématiques liées aux transmissions d'IAV entre le porc et l'être humain

Enjeux en santé animale



H1N1
H1N2
H3N2



H1N1
H3N2

Enjeux en santé publique



- ✓ **Bien-être animal**
- ✓ **Pertes économiques importantes**
 - > Retards de croissance
 - > Récurrence et persistance en élevage
 - > CRP (Complexe respiratoire porcin)
- ✓ **Intrants médicamenteux** (dont antibiotiques)
- ✓ **Co-circulations virales** : émergences de nouveaux virus réassortants
- ✓ **Zoonose inverse** (anthropozoonose)
- ✓ **Risque accru pour les porcs élevés en élevages confinés ?**



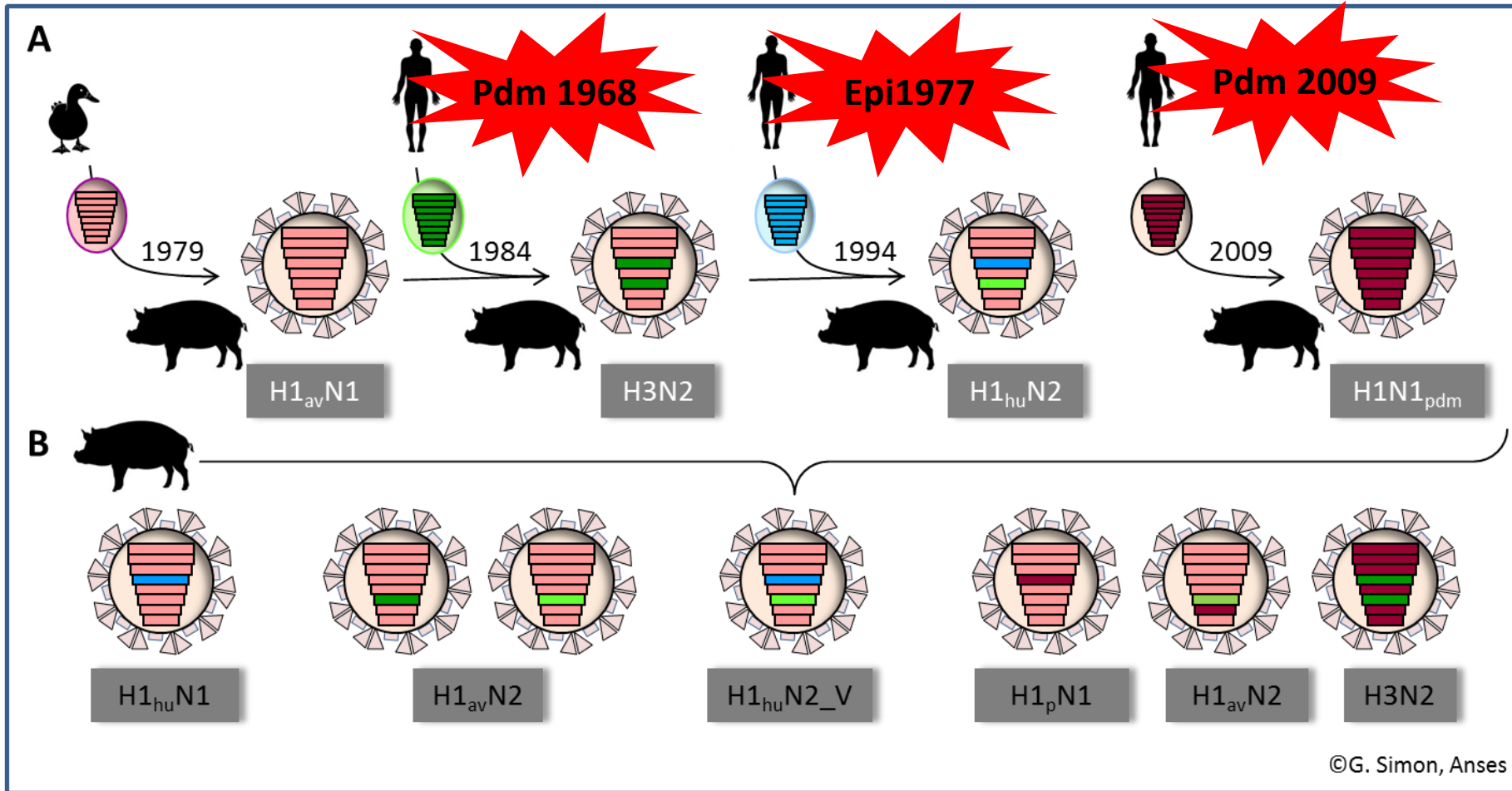
- ✓ **Zoonose**
- ✓ **Risque accru pour les personnes travaillant au contact des porcs**
- ✓ **Transmission à l'homme facilitée par des réassortiments successifs chez le porc ?**
- ✓ **Risque pandémique**

Pandémie 2009
Swine-Origin A/H1N1
= H1N1pdm09



Multi-réassortant
sw/hu/av

Risque d'émergence, en France, d'un swlAV au caractère zoonotique marqué



swlAVs enzootiques à l'échelle européenne en 2010

Exemples de nouveaux swlAVs réassortants ou variants



Co-circulations de **nombreux génotypes viraux** = possibilités de co-infections

➤ réassortiments génétiques très fréquents

➤ **émergences de nouveaux virus aux propriétés inconnues, y compris en France !**

Risque d'émergence, en France, d'un swlAV au caractère zoonotique marqué

ances

Gènes H1

1A (*classical swine*)

H1A.3.3.2 (pdm)

1B (*human-like*)

H1B.1.2.1-3

1C (*avian-like*)

H1C.2.1-7

Gènes H3

H3.1970.1

H3.other_hu_2010

H3.other_hu_2020

Gènes N1

N1EA

N1P

Gènes N2

N2S

N2G.1-2

N2HS

Gènes internes

EA

EADK

pdm

HA	NA	PB2	PB1	PA	NP	M	NS
HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK
HA_H1C.2.2	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EADK	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_pdm	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N1EA	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EA	NS_EADK
HA_H1C.2.7	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_pdm	NS_EA
HA_H1C.2.2	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_pdm	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N2S	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N2G.1	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N2HS	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.1	NA_N2HS	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK
HA_H1C.2.4.3	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
HA_H1C.2.7	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
HA_H1C.2.4.1	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK
HA_H1C.2.4.1	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EADK
HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EADK	NS_EA
HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EADK	PB1_EADK	PA_EADK	NP_EADK	M_EA	NS_EA
HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EADK	NS_EADK
HA_H1C.2.4.2	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_EADK
HA_H1B.1.2.3	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1B.1.2.1	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1B.1.2.3	NA_N2S	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1B.1.2.1	NA_N2G.2	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1A.3.3.2	NA_N1P	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
HA_H1A.3.3.2	NA_N1P	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1A.3.3.2	NA_N1EA	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H1A.3.3.2	NA_N1EA	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_EA
HA_H1A.3.3.2	NA_N1EA	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
HA_H1A.3.3.2	NA_N2G.2	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
HA_H3.1970.1	NA_N2G.1	PB2_EA	PB1_EA	PA_EA	NP_EA	M_EA	NS_EA
HA_H3.1970.1	NA_N2G.1	PB2_pdm	PB1_pdm	PA_pdm	NP_pdm	M_pdm	NS_pdm
HA_H3.Other_Human_2020	NA_N2HS	PB2_HS	PB1_HS	PA_HS	NP_HS	M_HS	NS_HS

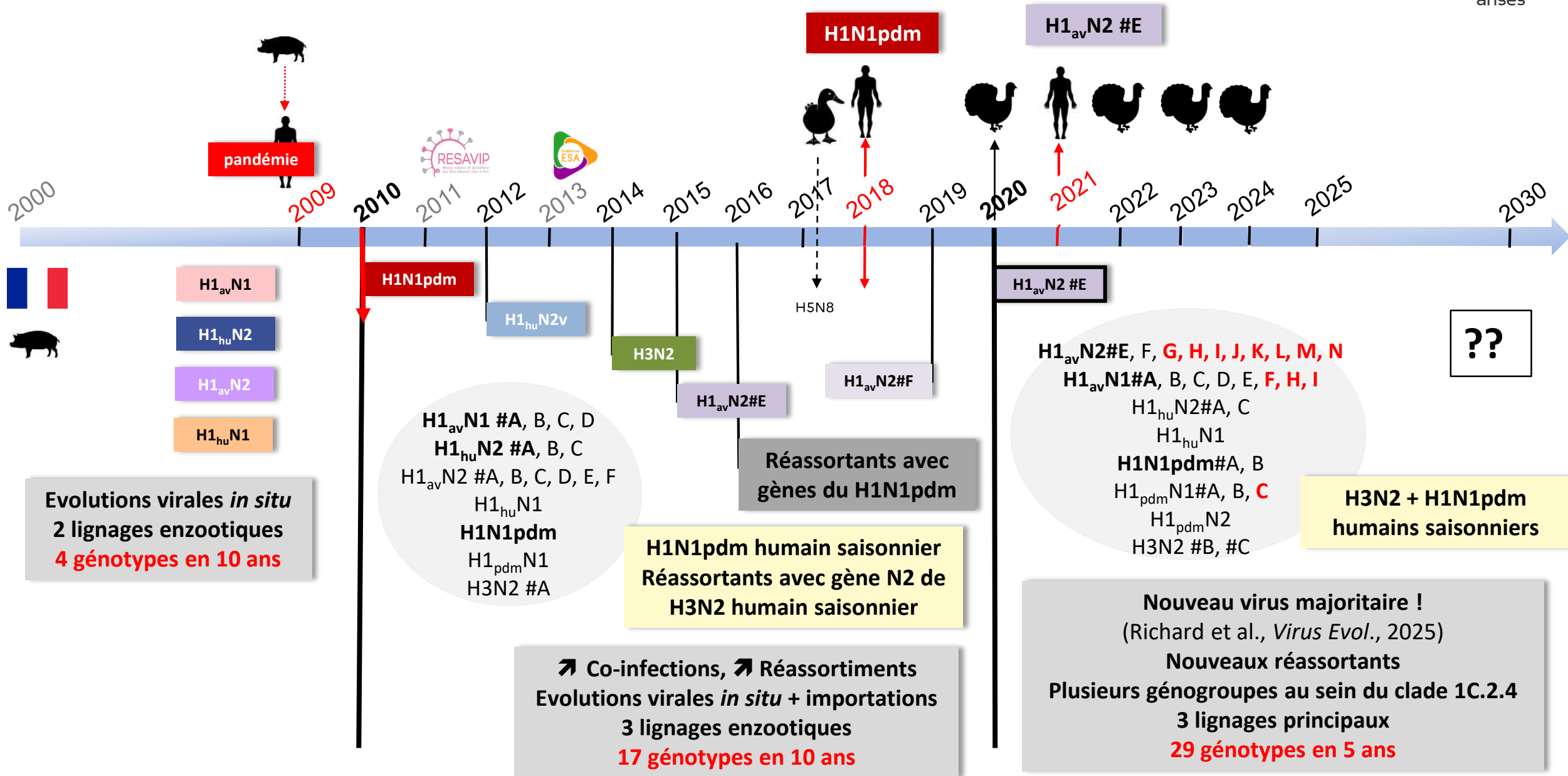
36
génotypes
de swlAV
identifiés en
France
depuis 2005

➤ **Panorama viral en constante évolution**

➤ **Diversité génétique de plus en plus marquée**

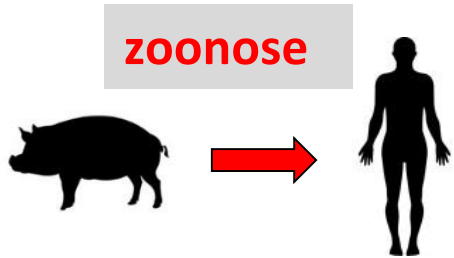
Risque d'émergence, en France, d'un swIAV au caractère zoonotique marqué

anses



Risque d'émergence, en France, d'un swIAV au caractère zoonotique marqué

anses



- Tous les swIAV ont un potentiel zootique
- Les personnes travaillant au contact des animaux sont les plus à risque
- Les transmissions d'IAV du porc vers l'être humain sont avérées, mais quelles sont leurs fréquences ?

Actuellement, probabilité faible que les swIAV détectés dans les élevages français soient responsables d'une épidémie, car données épidémiologiques et virologiques suggèrent qu'ils n'ont pas acquis la capacité d'une transmission interhumaine soutenue.

! Expertise à revoir si nouvelles données de nature à modifier cette évaluation.



Saisine n° 2021-SA-0195 (DGAI/DGS)
CES Santé et Bien-Etre des Animaux



**Virus influenza
en élevage de porc : risque
de transmission interspèces,
surveillance et prévention**

Avis révisé de l'Anses
Rapport révisé d'expertise collective

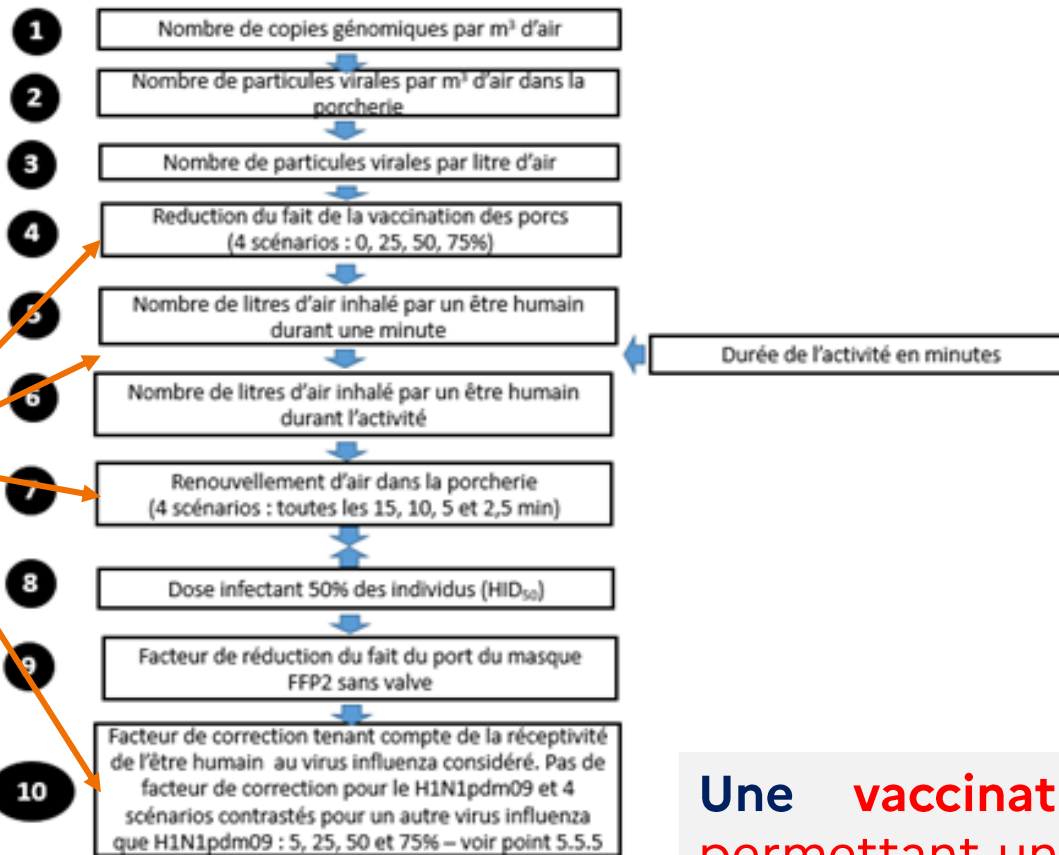
Novembre 2024



Risques et circonstances de transmission de swIAV à l'être humain

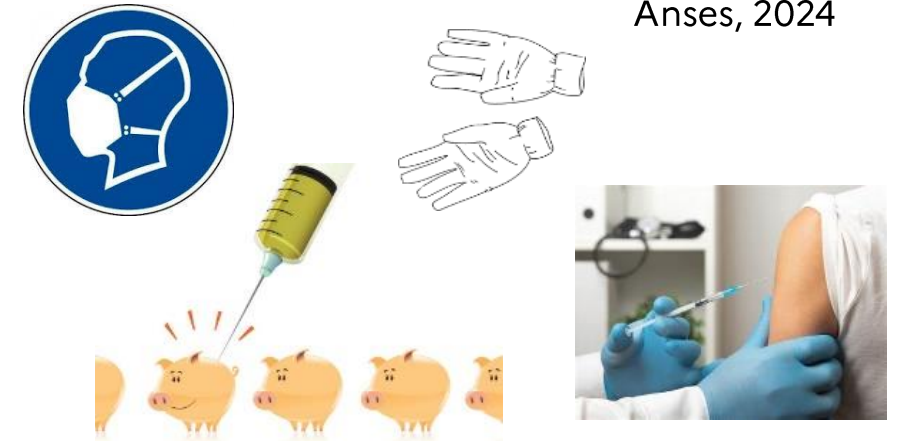


Scénarios



Probabilité de transmission maximale si aucune mesure de protection/prévention

Anses, 2024



Une vaccination des porcs avec un vaccin permettant un niveau de protection de 75% contre les swIAV en circulation, couplée au port d'un masque FFP2 correctement porté, permet de réduire la probabilité de transmission d'un facteur d'environ 2 à 4.