



anses

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

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

Novembre 2024



Connaître, évaluer, protéger

Le directeur général

Maisons-Alfort, le 13 novembre 2024

AVIS*
**de l'Agence nationale de sécurité sanitaire
de l'alimentation, de l'environnement et du travail**

**relatif à « l'évaluation des risques pour la santé publique et la santé animale
liés à la transmission inter espèces (être humain-animal et animal-être humain)
des virus influenza en élevage porcin et les mesures de surveillance et de
prévention à mettre en œuvre»**

L'Anses met en œuvre une expertise scientifique indépendante et pluraliste.

L'Anses contribue principalement à assurer la sécurité sanitaire dans les domaines de l'environnement, du travail et de l'alimentation et à évaluer les risques sanitaires qu'ils peuvent comporter.

Elle contribue également à assurer d'une part la protection de la santé et du bien-être des animaux et de la santé des végétaux et d'autre part à l'évaluation des propriétés nutritionnelles des aliments.

Elle fournit aux autorités compétentes toutes les informations sur ces risques ainsi que l'expertise et l'appui scientifique technique nécessaires à l'élaboration des dispositions législatives et réglementaires et à la mise en œuvre des mesures de gestion du risque (article L.1313-1 du code de la santé publique).

Ses avis sont publiés sur son site internet.

L'Anses a été saisie le 3 novembre 2021, par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) et la Direction générale de la santé (DGS), pour la réalisation de l'expertise suivante : demande d'avis sur l'évaluation des risques pour la santé publique et la santé animale liés à la transmission inter-espèces (être humain-animal et animal-être humain) des virus influenza en élevage porcin et les mesures de surveillance et de prévention à mettre en œuvre.

* Annule et remplace l'avis du 02/10/2024. Les révisions apparaissent en Annexe 2 du présent avis.

1. CONTEXTE ET OBJET DE LA SAISINE

D'après le texte de la saisine, « les virus influenza de type A (IAV) ont une propension importante à évoluer, notamment par mutations ou par réassortiments génomiques. Ces virus sont isolés chez de nombreuses espèces animales, sauvages comme domestiques, ainsi que chez l'être humain. Certaines souches sont hautement pathogènes pour leurs hôtes et/ou sont capables de passer la barrière d'espèces. Ces virus peuvent ainsi avoir un impact sanitaire et économique majeur tant en santé publique humaine que vétérinaire. Ils peuvent en effet être zoonotiques et présenter un potentiel pandémique et panzootique comme en témoignent les épidémies¹ et épizooties des dernières décennies.

Le porc peut être infecté par des IAV porcins mais également par des IAV humains ou aviaires. Il peut donc devenir un hôte intermédiaire pour la transmission de virus influenza aviaires à l'être humain, mais aussi servir de *mixing vessel*², dans lequel, à la faveur des co-infections, de nouveaux virus réassortants peuvent émerger.

Les lieux de détention (élevages, abattoirs, etc.) de suidés et de volailles sont des lieux de circulation de virus animaux dans des conditions de grande proximité avec l'être humain. Des cas de transmission de virus influenza d'origine porcine à l'être humain ont été mis en évidence à plusieurs reprises à l'étranger et récemment en France. Un risque de réassortiment, chez l'animal ou l'être humain co-infecté par des virus d'origine animale et/ou humaine existe et est possiblement accentué lors de la saison de circulation des virus grippaux humains ».

Au regard du risque pour la santé publique que représentent les virus influenza porcins, la DGAL a sollicité l'expertise de l'Anses le 8 septembre 2021 (demande d'appui scientifique et technique - AST du 8 septembre 2021) pour qu'une investigation épidémiologique soit conduite dans un élevage porcine présumé être à l'origine d'un cas humain d'infection par un virus influenza porcine survenu en août 2021, en lien avec les travaux d'investigation épidémiologique chez l'être humain qui ont été coordonnés par Santé Publique France (SPF) et conduits par l'Agence Régionale de Santé (ARS) Bretagne. La Haute Autorité de Santé (HAS)³ et le Haut Conseil de Santé Publique (HCSP)⁴ avaient été saisis concomitamment en septembre 2021 concernant les questions de la vaccination contre la grippe saisonnière des personnes exposées aux virus influenza porcins et des mesures de protection des intervenants dans les lieux de détention des porcins.

La formulation des questions a été discutée avec les demandeurs le 10 février 2021. Après ces discussions, les questions reformulées de la saisine sont les suivantes :

¹ Plusieurs définitions du terme épidémie existent. Dans le cadre de cette saisine, un virus influenza à potentiel épidémique est un virus influenza permettant l'émergence d'un nombre de cas inhabituel dans un contexte de transmission interhumaine. http://www.ssepts.uvsg.fr/IMG/pdf/revue_mal_emerg.pdf lien vérifié le 04/06/24.

² En français « creuset de mélange » : Espèce hôte qui possède des récepteurs de type AS- α 2,6-Gal et de type AS- α 2,3-Gal sur une partie au moins des cellules épithéliales de l'arbre respiratoire, ce qui permet des co-infections au sein d'une même cellule de l'épithélium respiratoire pouvant conduire à des réassortiments entre les swIAV, les IAV humains et les IAV aviaires.

³ [avis n2022.0022.sespev du 7 avril 2022 du college de la has relatif a l'edition 2022 du calendrier des vaccinations.pdf \(has-sante.fr\)](#) lien vérifié le 18/06/24

⁴ [Avis relatif à la prévention de la transmission à l'homme des virus influenza porcins et aviaires \(hcsp.fr\)](#), lien vérifié le 18/06/24.

« **Question 1** : évaluer le risque d'introduction des virus influenza dans la population porcine, ainsi que les risques associés à cette introduction à l'échelle d'un troupeau, dans un contexte d'observance des règles de biosécurité prévues par la réglementation.

Seront étudiées dans ce cadre les possibilités d'introduction en élevages porcins de virus influenza humains, de virus influenza porcins ou de virus influenza issus d'autres espèces animales. Pour chacune de ces modalités, les facteurs de risque d'introduction devront être présentés et évalués et des recommandations complémentaires devront être formulées pour atténuer ce risque.

Question 2 : présenter et évaluer les facteurs favorisant la persistance de la circulation d'un ou de plusieurs virus influenza A au sein d'un même élevage. Des recommandations visant à prévenir le maintien de la circulation virale en élevage devront être formulées (vaccination, aspects structurels en élevages, conduite d'élevage, etc.)

Il est attendu que les conditions permettant d'aboutir à un assainissement d'un élevage infecté par un ou des virus influenza porcins à l'origine de gripes récurrentes, hors contexte d'urgence, soient développées.

Question 3 : réaliser une évaluation du risque d'émergence dans le contexte de l'élevage porcine français d'un virus influenza porcine présentant un caractère zoonotique, panzootique et/ou pandémique marqué.

Question 4 : évaluer le risque de transmission à l'être humain de virus influenza porcins ainsi que les risques pour l'être humain associés à cette transmission tant à l'échelle individuelle que collective (anadémique⁵ et interhumaine). Les circonstances favorisant ces transmissions seront précisées (en élevage ou chez le détenteur, pendant le transport, à l'abattoir ou au cours de tout rassemblement d'animaux, etc.)

Question 5 : formuler des recommandations visant à renforcer la capacité de détection précoce (le plus rapidement possible au regard du risque) des souches à caractères zoonotique, panzootique et/ou pandémique marqués dans l'objectif d'émissions d'alertes précoces à destination des décideurs. Ces recommandations devront notamment s'appuyer sur les possibilités de synergies entre les différents dispositifs de surveillance existants. Les critères d'alerte devront être précisés. »

La saisine porte uniquement sur le territoire européen de la France, c'est à dire l'Hexagone incluant la Corse⁶.

Le terme « population porcine » correspond aux porcs et sangliers d'élevage y compris les animaux de basse-cour et les porcs d'agrément, ainsi que les suidés sauvages.

Le terme « virus influenza porcine » ou « swIAV » (pour *swine influenza A virus*) correspond à tout virus influenza de type A isolé à partir d'un prélèvement biologique de suidé *Sus scrofa*.

Enfin, à la date de rédaction de cet avis, quatre genres d'influenzavirus sont distingués au sein de la famille des *Orthomyxoviridae* : le genre *Alphainfluenzavirus* (virus influenza de type A ou IAV), le genre *Betainfluenzavirus* (virus influenza de type B ou IBV), le genre

⁵ Foyer infectieux affectant des êtres humains et contracté à partir d'une source commune.

⁶ Le 23 mai 2023, un amendement remplaçant le terme « métropole » par celui d'« hexagone » a été voté à l'unanimité à l'Assemblée nationale. Un projet de loi constitutionnel vise également à modifier l'article 74-1 de la constitution et remplacer le terme « métropole » par « France hexagonale ».

[CD60.pdf \(assemblee-nationale.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

[Proposition de loi constitutionnelle n°4155 - 15e législature - Assemblée nationale \(assemblee-nationale.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

Gammainfluenzavirus (virus influenza de type C ou ICV) et le genre *Deltainfluenzavirus* (IDV).
La présente évaluation a uniquement porté sur les IAV.

2. ORGANISATION DE L'EXPERTISE

2.1. Organisation de l'expertise

L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise – Prescriptions générales de compétence pour une expertise (Mai 2003) ».

L'expertise relève du domaine de compétences du comité d'experts spécialisé (CES) « Santé et Bien-être des animaux (SABA) »

L'Anses a confié l'expertise au groupe de travail « Grippe Porcine ». Les travaux ont été présentés au CES tant sur les aspects méthodologiques que scientifiques entre le 5 juillet 2022 et le 2 juillet 2024. Ils ont été adoptés par le CES « SABA » réuni le 2 juillet 2024.

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise.

Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet : <https://dpi.sante.gouv.fr/>.

2.2. Moyens mis en œuvre

2.2.1. Recherche bibliographique

Le périmètre de la saisine étant vaste, les experts ont réalisé plusieurs recherches bibliographiques dans le moteur de recherche Scopus® par domaine/question : biosécurité, mode de transmission des swIAV, transmission à d'autres espèces, persistance/récurrence, réassortiment, potentiel zoonotique, modélisation. Cette recherche approfondie n'avait pas pour objectif la rédaction d'un rapport exhaustif sur la grippe porcine ou sur les swIAV. Néanmoins le périmètre de la saisine et la nature des questions nécessitaient une recherche permettant de recenser les articles pouvant fournir des informations ou des données pour y répondre.

2.2.2. Auditions

Plusieurs auditions des parties prenantes ont été menées au cours de cette expertise. La liste des personnes auditionnées est présentée dans le rapport.

2.2.3. Collecte et traitement des données

Différentes données étaient nécessaires pour réaliser une évaluation de risque quantitative afin de répondre à certaines questions de la saisine (risque d'introduction et de persistance de virus influenza A en élevage de porcs et risque de transmission à l'être humain). Plusieurs sources de données ont été utilisées : BDPORC (base de données nationale d'identification

des porcins), TRACES-NT (*Trade Control and Expert System- New Technology*), données de l'audit de biosécurité Pig Connect Biosécurité, données de l'unité d'Epidémiologie Santé et Bien-être (EPISABE) du laboratoire Anses Ploufragan-Plouzané-Niort, données du LNR Influenza porcine (LNR-IP) et de l'unité Virologie Immunologie Porcines (VIP) du laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort de l'Anses, données du réseau national de surveillance Résavip.

2.2.4. Elicitation d'experts

Pour répondre à la question d'évaluation des risques d'introduction de swIAV en élevage de porcs, l'expertise a mobilisé une élicitation des connaissances d'experts (élicitation de 32 experts dont ceux du GT « Grippe Porcine »). L'objectif de cette élicitation était de permettre une hiérarchisation des différentes sources d'introduction listées par les experts. Ce travail de hiérarchisation ne pouvait ni s'appuyer uniquement sur la littérature scientifique, celle-ci n'étant pas exhaustive sur le sujet, ni sur les seules connaissances des experts.

L'élicitation a consisté à recueillir l'opinion d'experts reconnus comme ayant des connaissances scientifiques et/ou des connaissances de terrain avérées sur les sources d'introduction de virus influenza de type A en élevage porcine.

2.2.5. Sollicitation des points focaux de l'EFSA

En tant que point focal national de l'EFSA, l'Anses a interrogé les 27 points focaux de l'UE, ainsi que l'Albanie, la Bosnie Herzégovine, l'Islande, le Kosovo, le Monténégro, la Macédoine du Nord, la Norvège, la Serbie, la Suisse, la Turquie et le Royaume-Uni afin de savoir si d'autres pays avaient déjà réalisé des évaluations de risques similaires à celles réalisées dans le cadre de la présente saisine, ou si de telles évaluations étaient en cours. Au total, seize États Membres (EM) et la Suisse ont répondu au questionnaire, dont trois positivement. Au Pays Bas, il y a eu en 2020-2021 une brève évaluation des risques liés à la grippe dans les élevages porcins. En Suisse, le projet « Surveillance de l'influenza porcine chez le porc et chez l'homme » a été lancé en 2001. Enfin, en Italie, plusieurs études sont actuellement en cours.

2.2.6. Prise en compte des incertitudes

Un recensement des principales sources d'incertitudes auxquelles l'expertise a été confrontée a été réalisé, en se basant sur la typologie et les recommandations proposées par le groupe de travail de l'Anses « Méthodologie en évaluation des risques » (GT MER). Ces incertitudes sont documentées dans un chapitre dédié du rapport.

3. ANALYSE ET CONCLUSIONS DU CES « SABA » ET DU GT « GRIPPE PORCINE »

Le CES SABA rappelle que le présent avis est associé à un rapport d'expertise collective qui développe l'ensemble de l'argumentaire des réponses aux questions posées par la saisine de la DGAL et de la DGS.

Afin de répondre aux différentes questions de la saisine, divers aspects ont été abordés lors de l'expertise collective selon le plan suivant : l'élevage porcin en France, les mesures de biosécurité préconisées dans ces élevages, les virus influenza porcins de type A, la transmission inter-espèces des swIAV, les systèmes de surveillance de la grippe chez le porc et chez l'être humain.

3.1. L'élevage porcin en France

La France est le troisième pays producteur de porcs de l'Union européenne après l'Espagne et l'Allemagne. Le cheptel a été estimé en 2019 à 13,2 millions de têtes et plus de 80 % de la production française est assurée par les élevages situés dans le Grand Ouest : Bretagne (58 %), Pays de la Loire (11 %), Nouvelle-Aquitaine (7 %), Normandie (6 %).

Trois modes d'hébergement sont pratiqués : le bâtiment sur caillebotis (qui représente 90 % des élevages de porcs), le bâtiment en litière bio-maîtrisée (5 % des élevages de porcs) et l'élevage ayant un accès plein air (environ 5 % des élevages de porcs, dont les élevages en agriculture biologique). Parallèlement à ces modes d'hébergement, l'éleveur peut choisir une ou plusieurs spécialisations : naisseur, post-sevreur, engraisseur, naisseur/engraisreur (ce dernier représentant 42 % des sites en France).

L'élevage est conduit en bandes⁷, le choix du nombre de bandes se faisant selon les besoins de l'éleveur en termes d'organisation du travail, ainsi que selon la disponibilité de la main d'œuvre et selon la capacité d'accueil des bâtiments.

3.2. Les mesures de biosécurité préconisées dans les élevages porcins en France

La biosécurité englobe les mesures à mettre en place pour limiter l'introduction d'agents pathogènes dans un élevage (barrières physiques, statut sanitaire des animaux introduits, contrôles à l'entrée des êtres humains et des véhicules, etc.), leur dissémination au sein de l'élevage (contrôle des flux d'animaux et d'air, ordre de visite/soin, nettoyage/désinfection des locaux et du matériel) et leur diffusion à l'extérieur de l'élevage (vers d'autres animaux, l'être humain et l'environnement). Des audits ont été développés pour évaluer la mise en œuvre effective des mesures de biosécurité. En France, la biosécurité est inscrite dans la législation pour les élevages porcins ainsi que pour le transport des suidés, les mesures préconisées visent en premier lieu la maîtrise de la peste porcine africaine et dans une moindre mesure les maladies à transmission aéroportée (grippe, SDRP, etc.). L'observance des mesures de biosécurité, concept primordial pour la protection des élevages, fait l'objet de travaux de recherche qui contribuent à en comprendre les déterminants.

3.3. Les virus influenza porcins de type A

3.3.1. Origines et évolutions des virus influenza porcins de type A

Les virus influenza A porcins (swIAV) sont des virus enveloppés dont le génome est composé de huit segments d'ARN simple brin. Des virus de trois sous-types (H1N1, H1N2 et H3N2)

⁷ Conduite en bandes : consiste à conduire les animaux en synchronisés, selon les événements du cycle de reproduction (sevrage, insémination, mise bas) pour les truies par exemple. Les animaux du même stade physiologique, du même âge et de même poids sont élevés dans la même salle.

circulent chez le porc domestique, mais de multiples génotypes se distinguent au sein de chacun d'eux, en fonction des lignages génétiques d'appartenance des différents segments génomiques. L'émergence d'un nouveau swIAV peut résulter du transfert *in toto* d'un virus influenza A d'une autre espèce, de modifications génétiques introduites pendant la réplication du génome viral, ou du réassortiment génétique pouvant avoir lieu à l'occasion d'une co-infection par deux virus différents. L'incorporation de gènes de virus humains dans des swIAV est beaucoup plus fréquente que l'incorporation de gènes de virus aviaires.

3.3.2. Virus influenza porcins identifiés en France et en Europe depuis la pandémie de 2009

Quatre grands lignages de swIAV co-circulent à l'échelle européenne depuis 2009, à savoir H1_{av}N1 (HA clade 1C), H3N2, H1_{hu}N2 (HA clade 1B) et H1N1pdm09 (HA clade 1A), mais un nombre croissant de nouveaux génotypes issus de réassortiments entre ces virus ont été détectés au cours des dix dernières années. Dans certains pays, des réassortants ont supplanté les virus parentaux. Ainsi, les génotypes viraux aujourd'hui détectés et leurs fréquences relatives varient grandement d'un pays à l'autre. Du fait des glissements et des cassures antigéniques, une distance se creuse entre les swIAV en circulation et les antigènes contenus dans les préparations vaccinales. En France, le virus H1_{av}N1 (HA de clade 1C.2.1) était responsable des trois-quarts des cas de grippe porcine jusqu'à l'émergence, en 2020, d'un virus réassortant H1_{av}N2 d'origine danoise. D'abord détecté en Bretagne, ce nouveau virus portant une HA (hémagglutinine) de clade 1C.2.4 a été responsable d'une épizootie marquée dans le Nord-Ouest du pays avant de se propager sur le territoire et devenir le virus majoritairement identifié au moment de la rédaction du rapport.

3.3.3. Epidémiologie de la grippe chez le porc

Les swIAV circulent avec une prévalence élevée dans les élevages porcins français (> 80% des élevages touchés en 2018). Les infections par les swIAV touchent tous les types d'élevages au sein desquels sont affectés tous les types d'animaux, de tous âges et de tous stades physiologiques. Cependant, plus de la moitié des porcs confirmés infectés par les virus influenza ont moins de 10 semaines d'âge.

Le syndrome grippal est jugé d'intensité normale (signes cliniques modérés, associant de l'hyperthermie, des signes respiratoires frustes ou modérés et éventuellement une apathie associée à de l'anorexie ne dépassant pas deux à trois jours) dans trois quarts des cas environ et d'intensité sévère dans 25 % des cas confirmés positifs (la grippe d'intensité sévère est caractérisée par des 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). Inversement, certaines infections peuvent passer inaperçues, n'entraînant pas de syndrome grippal aisément identifiable au sein d'un troupeau, alors même que les animaux sont excréteurs.

Les swIAV circulent toute l'année, indiquant que la grippe du porc n'a pas de caractère saisonnier (tous sous-types viraux confondus).

La transmission des swIAV se fait principalement par l'inhalation d'aérosols ou de gouttelettes expulsées⁸ par un porc infectieux ou par un contact avec des surfaces contaminées par ces gouttelettes. La propagation efficace des swIAV repose donc sur la capacité de ces virus à survivre au sein des aérosols ou gouttelettes et à maintenir leur infectiosité pendant leur transit entre deux hôtes.

Sous sa forme dite classique, la grippe chez le porc a souvent été décrite comme une affection épisodique, touchant rapidement un grand nombre d'animaux, une à deux fois par an, mais ayant peu de conséquences à long terme sur la santé du troupeau. Mais ces virus sont susceptibles de persister de manière enzootique au sein des élevages et de donner lieu à des épisodes de type grippal qui se répètent régulièrement, de bande en bande, ce qui est dénommé la grippe récurrente (ou persistante).

3.4. Transmission inter espèces

Les swIAV excrétés par les porcs d'élevage peuvent se transmettre à d'autres suidés (sangliers sauvages par exemple), à d'autres mammifères, dont l'être humain, ainsi qu'à certaines espèces d'oiseaux domestiques.

Ce sont des détections de génome viral et/ou des isollements viraux réalisés à l'occasion de suspicions cliniques, voire d'actions de surveillance programmée, qui ont confirmé la capacité de certains swIAV à infecter d'autres espèces. Des études sérologiques et des inoculations expérimentales ont également confirmé cette capacité.

Les épizooties dues à des nouveaux swIAV émergents, ainsi que les formes de grippe devenues persistantes à l'échelle d'un élevage, constituent des situations à risque au regard de la transmission des swIAV vers l'être humain, voire d'autres espèces animales. En effet, les risques d'exposition dans les élevages et dans l'environnement augmentent quand la pression d'infection est forte, d'autant que les nouveaux virus peuvent posséder des propriétés particulières favorisant leur passage des barrières d'espèces.

3.4.1. Voies de transmission

Les swIAV se multiplient dans les cellules de l'arbre respiratoire du porc et sont excrétés dans les sécrétions oro-nasales. La transmission depuis le porc vers d'autres espèces animales ou vers l'être humain se fait donc préférentiellement par le biais des aérosols ou gouttelettes formés lors de la toux et des éternuements.

La transmission de swIAV à l'être humain par la voie aérienne est suspectée dans de nombreux cas d'infections zoonotiques. Cependant, la transmission peut aussi se faire par contact avec les sécrétions oro-nasales. Chez l'être humain, ceci implique le transfert du virus aux muqueuses faciales telles que les yeux, les narines et la bouche, directement par des gouttelettes (particules de plus de 10 µm de diamètre) ou indirectement par l'intermédiaire de supports inertes contaminés par des virus.

À la date de rédaction du rapport, la présence de particules virales dans le sang n'a jamais été décrite chez le porc au cours de l'infection par des swIAV connus, ni de multiplication de ces virus dans les muscles. Cela tend à exclure tout risque de transmission des swIAV par les produits carnés d'origine porcine qui entrent dans l'alimentation humaine.

⁸ L'Organisation Mondiale de la Santé utilise le terme « particules respiratoires infectieuses » (PRI), désignant à la fois les aérosols et les gouttelettes. <https://www.who.int/fr/news/item/18-04-2024-leading-health-agencies-outline-updated-terminology-for-pathogens-that-transmit-through-the-air> lien vérifié le 04/06/24.

Les swIAV ne se multiplient pas, ou de manière limitée pour quelques souches (notamment d'origine humaine), dans la sphère digestive du porc. L'excrétion virale par les fèces reste *a priori* très anecdotique même si des ARN génomiques et des particules infectieuses ont pu être détectés dans cette matrice, possiblement à la faveur de l'ingestion par l'animal de sécrétions oro-nasales contaminées.

3.4.2. Transmission des swIAV aux sangliers et autres porcs sauvages

Tous les suidés de l'espèce *Sus scrofa* peuvent *a priori* être infectés par des IAV d'origine porcine, humaine ou aviaire. Même si la sensibilité aux infections varie peut-être entre animaux sauvages et domestiques, les sangliers et cochons sauvages pourraient servir de réservoir ou d'hôte intermédiaire pour l'émergence de nouveaux génotypes viraux. Cependant, les quelques enquêtes sérologiques et les rares investigations virologiques menées jusqu'à présent n'indiquent pas que ces animaux jouent, à ce jour, un rôle notable dans l'écologie de ces virus.

3.4.3. Transmission des swIAV aux oiseaux domestiques

La dinde est une espèce connue pour être particulièrement sensible aux infections par des swIAV, voire par des IAV humains, parce qu'elle exprime davantage de récepteurs de type AS- α 2,6-Gal que d'autres oiseaux domestiques. Cette espèce peut potentiellement jouer le rôle de *mixing vessel* avec un risque d'émergence d'IAV réassortants zoonotiques.

3.4.4. Transmission des swIAV à d'autres espèces animales mammifères

Les swIAV peuvent être transmis à d'autres espèces de mammifères, comme le chien et le vison. De plus, des essais expérimentaux ont confirmé la réceptivité de diverses espèces aux swIAV (furet, cobaye, souris). En outre, le furet est naturellement très sensible aux virus humains et porcins et est utilisé notamment comme modèle de la capacité d'adaptation des swIAV aux humains et des facteurs sous tendant cette adaptation.

3.4.5. Transmission des swIAV à l'être humain

Les cas humains de grippe d'origine porcine décrits depuis les années 1950 ont été le plus souvent sporadiques, survenant chez des personnes exposées à des porcs vivants ou à un environnement contaminé, et sans transmission interhumaine identifiée autour de ces cas primaires.

Le virus H1N1pdm09 (virus responsable de la pandémie – pdm- de grippe de 2009⁹) est le seul virus pandémique connu de source porcine. Depuis son émergence en 2009, il s'est établi dans les populations humaines et il est maintenant considéré comme un virus influenza saisonnier. La combinaison de plusieurs facteurs (facteurs viraux, facteurs d'hôtes et facteurs de risque) semble avoir contribué à son émergence et sa propagation¹⁰ :

⁹ Lignage « pandemic-like swine H1N1 ».

¹⁰ L'émergence du virus H1N1pdm09 est décrite d'après les données disponibles qui ne sont pas exhaustives et qui comprennent des incertitudes notamment sur le contexte d'émergence du virus pré pandémique chez le porc et de sa transmission initiale aux êtres humains.

- des facteurs viraux : ce virus est en effet issu de trois virus porcins de lignages différents, américains (cH1N1¹¹ et TRsw-H3N2¹²) et européen (H1_{av}N1¹³). Le potentiel pandémique du H1N1pdm09 pourrait ainsi être au moins en partie lié : i) au fait d'être un réassortant particulier entre des virus porcins très différents, avec des segments susceptibles de produire des combinaisons synergiques, et ii) au fait de porter des mutations dont certaines sont considérées comme adaptatives pour les humains ;
- des facteurs d'hôte, notamment l'absence d'immunité des populations humaines jeunes¹⁴ vis-à-vis de la HA d'origine porcine du virus et l'échappement à la restriction antivirale ;
- des facteurs de risque : i) d'émergence : le commerce international des porcs, sans surveillance de leur statut infectieux, en favorisant l'introduction à diverses reprises des virus cH1N1, TRsw-H3N2 et H1_{av}N1, a permis chez des porcs coinfectés la rencontre entre des virus de différents lignages issus de continents différents sans que leur circulation soit détectée, ni celle des réassortants qui en ont résulté, et a probablement joué un rôle majeur dans l'émergence au Mexique du virus H1N1pdm09 ; ii) de diffusion : elle semble surtout s'être réalisée dans le Nord-Est des Etats-Unis et tout particulièrement à New York, ville très densément peuplée favorable à la transmission interhumaine, à l'évolution de variants plus adaptés à cette transmission et aussi à la diffusion mondiale du virus à partir des aéroports.

Depuis la pandémie grippale de 2009 due à ce virus d'origine porcine, il n'a plus été rapporté de chaînes de transmission impliquant plusieurs générations d'infections successives chez l'être humain. Au 25 août 2023, l'OMS recensait 559 cas de grippe d'origine porcine confirmés virologiquement, majoritairement aux Etats-Unis. En France, à la date de rédaction de ce rapport, un seul cas de grippe d'origine porcine a été notifié, en septembre 2021.

3.5. Description des systèmes de surveillance de la grippe chez le porc et chez l'être humain

3.5.1. Surveillance des swIAV chez le porc

En dépit de leur potentiel zoonotique, la surveillance des swIAV, danger sanitaire non réglementé, reste peu structurée à l'échelle mondiale, la grippe du porc n'étant généralement pas considérée comme une menace majeure pour la santé animale. Suite à la pandémie de 2009 due à un IAV d'origine porcine, des organismes internationaux ont appelé à un renforcement de la surveillance des swIAV. En France, dès 2009-2010, la DGAI, l'Anses et les représentants de la filière porcine ont œuvré conjointement pour la mise en place d'un dispositif national de surveillance. Le réseau Résavip¹⁵ a ainsi été créé en 2011 et depuis

¹¹ Virus porcine « Classical swine ».

¹² Virus triple réassortant ayant émergé aux USA en 1998 et comportant des gènes du virus cH1N1, d'un virus influenza aviaire nord-américain (sous-type H9N2) et d'un virus de grippe humaine saisonnière H3N2 (de type A/Sydney/5/97).

¹³ Lignage « Eurasian avian-like (EA) swine H1N1 ».

¹⁴ Les principaux groupes d'âge touchés par le H1N1pdm09 lors de la pandémie de 2009 ont été les enfants et les jeunes adultes de moins de 30 ans. La mortalité (même si elle n'a pas été très élevée par rapport à la pandémie de 1918) a surtout concerné les personnes âgées de 20 à 50 ans (ce qui tranche par rapport aux virus saisonniers qui sont surtout à risque pour les personnes de plus de 65 ans).

¹⁵ [Le réseau Résavip | Anses - Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail](#) lien vérifié le 16/07/24.

2012, la Plateforme d'épidémiologie en santé animale (ESA)¹⁶ offre un appui scientifique et technique à ce réseau.

Résavip repose sur une surveillance événementielle (ou passive), basée sur la notification de suspicions cliniques de grippe en élevage porcin et l'identification des virus. Des enquêtes sérologiques peuvent compléter ponctuellement la surveillance virologique. Un dispositif particulier de surveillance est mis en place dans les élevages mixtes porc-volaille en cas de foyer d'infection à virus IAHP confirmé chez des oiseaux.

Les résultats de la surveillance des swIAV détectés et circulant en France permettent d'informer les autorités françaises de toute nouvelle émergence à risque, tant pour la santé animale que la santé humaine.

Les résultats échangés aux niveaux européen et international permettent également d'informer l'OMS des virus circulant chez le porc et de sélectionner des souches pour le développement éventuel de nouveaux vaccins si nécessaire.

3.5.2. Surveillance des virus de la grippe chez l'être humain

La surveillance de la grippe chez l'être humain existe depuis plusieurs décennies et s'appuie sur de multiples dispositifs et réseaux de partenaires et Santé publique France est en charge de sa coordination.

La détection du premier cas humain de grippe d'origine porcine en France en 2021 a entraîné l'intégration des gripes humaines d'origine porcine à la définition de cas d'une grippe zoonotique, jusqu'alors plutôt centrée sur de potentiels cas de grippe d'origine aviaire.

Au moment de la rédaction du rapport, le principal dispositif de surveillance des gripes zoonotiques en France demeure la surveillance passive, qui repose sur le signalement aux autorités sanitaires compétentes par un professionnel de santé de toute suspicion de grippe d'origine aviaire ou porcine correspondant à la définition de cas établie par SpF. De multiples freins à cette surveillance subsistent encore à l'heure et il est probable que des cas sporadiques de grippe zoonotique se produisent en France sans qu'ils ne soient détectés.

Une collaboration existe entre les pays européens afin de constituer un réseau de surveillance de la grippe depuis la fin des années 1990, et depuis 2008 un réseau européen s'est structuré réunissant 53 pays¹⁷. Cette collaboration permet de collecter des informations épidémiologiques et virologiques sur les virus grippaux et d'autres virus à tropisme respiratoire en circulation.

3.6. Conclusions et réponses aux questions de la saisine

Cette saisine a été rédigée dans un contexte précis faisant suite au cas humain de grippe zoonotique de 2021 en France, et au moment de la mise en ligne de l'avis du HCSP sur les équipements de protection individuelle. Cependant, durant les deux ans et demi de travaux d'expertise, des actions de gestion et de prévention ont été mises en œuvre (plaquette de prévention élaborée par SpF, prise en charge de la vaccination des professionnels, etc.).

¹⁶ [Virus Influenza porcins | PLATEFORME ESA \(plateforme-esa.fr\)](https://www.plateforme-esa.fr/) lien vérifié le 04/06/24.

¹⁷ <https://doi.org/10.2807/esz2004.21020-en> lien vérifié le 18/06/24.

[https://doi.org/10.1016/S0264-410X\(03\)00066-5](https://doi.org/10.1016/S0264-410X(03)00066-5) lien vérifié le 18/06/24

Tous les modes d'hébergement des porcs sont inclus dans le périmètre de la saisine et donc dans les réponses aux questions (bâtiment sur caillebotis, bâtiment en litière bio maîtrisée, élevage avec accès plein-air).

3.6.1. Probabilité d'introduction des virus influenza dans la population porcine dans un contexte d'observance des règles de biosécurité prévues par la réglementation

L'introduction d'un agent pathogène dans un élevage porcin peut se faire en empruntant différentes voies de transmission, directes ou indirectes, à partir d'une source de contamination. Plus spécifiquement pour les IAV, les voies de transmission aéroportée et orale, ainsi que le contact avec un animal ou un être humain infecté ou avec un environnement contaminé sont à prendre en compte. Les experts ont identifié les sources possibles d'introduction d'IAV dans une exploitation porcine, un schéma évènementiel les listant est disponible en Annexe 1 du présent avis. Ces différentes sources ne revêtent pas la même importance¹⁸ en termes de risque d'introduction du virus dans une exploitation. C'est pourquoi une élicitation a été menée auprès de 32 experts (dont ceux du GT grippe porcine) afin de hiérarchiser les principales sources d'introduction. Les sources arrivant en tête de cette hiérarchisation (qualifiées de très haute et haute priorité) sont : les porcs vivants, les êtres humains intervenant en élevage, la proximité d'un élevage porcin et les camions transportant des animaux vivants.

Un travail de modélisation a été réalisé afin d'évaluer quantitativement le risque d'introduction d'un IAV dans un élevage par les deux principales sources considérées par les experts (porcs vivants et êtres humains). Des mesures de maîtrise ont été intégrées dans les modèles de façon à évaluer quantitativement la réduction du risque qui en découle.

■ Introduction d'un swIAV dans un élevage porcin par le biais de porcs vivants.

La probabilité d'introduction d'un swIAV par des porcs vivants est variable en fonction du stade physiologique et de la provenance des animaux.

En tenant compte de la situation épidémiologique des cinq dernières années en France, la probabilité pour un an que des lots introduits de cochettes transmettent un swIAV aux animaux de destination (porcs d'un élevage du nord-ouest) est estimée entre 6 et 7 sur l'échelle Afssa 2008 (qui s'étend de 0 à 9) ; pour des cochettes en provenance du nord-ouest (probabilité médiane annuelle de $2,52 \cdot 10^{-2}$) et entre 2 et 3 pour des cochettes en provenance du sud-ouest (probabilité médiane annuelle de $3,5 \cdot 10^{-5}$).

La probabilité annuelle que des lots introduits de porcelets de 8kg transmettent un swIAV aux animaux de destination est estimée entre 8 et 9 sur l'échelle Afssa 2008 pour des porcelets en provenance du nord-ouest (probabilité médiane de $99,78 \cdot 10^{-2}$) et entre 6 et 7 pour des porcelets en provenance du sud-ouest (probabilité médiane annuelle de $3,07 \cdot 10^{-2}$).

Enfin, la probabilité annuelle que des lots introduits de porcelets de 25kg transmettent un swIAV aux animaux de destination (porcs d'un élevage du nord-ouest) est estimée entre 8 et 9 sur l'échelle Afssa 2008 pour des porcelets en provenance du nord-ouest (probabilité annuelle médiane de $99,31 \cdot 10^{-2}$) et entre 6 et 7 pour des porcelets en provenance du sud-ouest (probabilité annuelle médiane de $2,74 \cdot 10^{-2}$).

Il est à noter que la zone d'origine des animaux introduits a un effet sur la probabilité d'introduction, notamment du fait de la prévalence de l'influenza porcine dans la région

¹⁸ Est entendu par importance la quantité de virus transmise par cette source par an, incluant la fréquence des contacts et la quantité de virus transmise par contact.

d'approvisionnement. Un changement de zone d'approvisionnement, i.e. sud-ouest, sud-est ou nord-est versus nord-ouest, diminue de manière significative la probabilité d'introduction d'un swIAV dans un élevage de porcs, mais ce changement de pratique n'est pas envisageable sur le terrain compte tenu des relations commerciales existantes et de la disponibilité numérique et qualitative (schéma génétique) des futurs reproducteurs.

Enfin, les experts soulignent que les cochettes nouvellement introduites ne sont jamais vaccinées contre la grippe avant leur départ, elles seront vaccinées dans l'élevage receveur. En effet, la vaccination des cochettes n'a pas pour objectif de limiter l'introduction de swIAV dans l'élevage receveur mais de les protéger cliniquement au moment où elles entrent dans le troupeau de truies. De la même façon, les truies sont vaccinées afin d'être protégées cliniquement des conséquences de l'infection grippale (qui a un impact sur la reproduction). La vaccination à l'aide des solutions commerciales disponibles sur le marché en 2024 ne permet pas de prévenir l'infection des animaux ni la transmission virale.

Par ailleurs, des porcs issus d'autres pays de l'Union Européenne sont introduits en France et sont donc susceptibles d'introduire des swIAV, comme en témoignent les résultats de la surveillance événementielle (par exemple, émergence d'un nouveau virus H1_{av}N2 en 2020, détections sporadiques de virus H3N2 et H1_{pdm}N2 dans le nord-est de la France où beaucoup de porcs destinés à l'engraissement proviennent de Belgique). Les experts soulignent également qu'à la faveur des mouvements de porcs intra-France, un virus introduit *in toto* depuis un autre pays dans une région donnée peut se propager dans une autre région. C'est ce qui a été observé suite à l'introduction du nouveau virus H1_{av}N2#E (HA clade 1C.2.4) qui a émergé dans le nord-ouest en 2020 et qui s'est propagé dans le sud-ouest et le sud-est.

Enfin, étant donné le faible nombre d'événements dans le contexte français pour lesquels des porcs sont déplacés pour être regroupés et exposés dans un lieu public, les experts estiment que la probabilité d'introduction d'un swIAV suite au retour de porcs dans un élevage après un rassemblement est extrêmement réduite.

La mise en place de mesures de biosécurité encadrant l'introduction d'animaux domestiques et le respect de leur observance visent à limiter l'introduction de swIAV dans un élevage de porcs.

Les experts préconisent le respect de la phase d'observation clinique des animaux. À cet effet, les reproducteurs introduits en élevage doivent être logés dans une quarantaine qui, dans l'idéal, doit être conduite en tout-plein/tout vide et indépendamment du reste de l'élevage.

De plus, les systèmes de filtration aux entrées d'air des bâtiments d'élevage diminuent la probabilité d'introduction d'IAV par voie aérienne avec une efficacité variable en fonction du type de filtre utilisé.

Pour réduire le risque d'introduction du virus dans un élevage, il convient d'éviter que des animaux infectés par un swIAV soient transportés et livrés. Cependant, l'influenza porcin ne faisant pas l'objet d'une surveillance épidémiologique programmée en France, le statut de l'élevage de provenance vis-à-vis des swIAV n'est pas connu, et aucun dépistage n'est réalisé chez les cochettes avant le départ de chez le multiplicateur. Aussi, les experts estiment qu'un dépistage avant mouvement pourrait réduire ce risque, bien que ce dépistage paraisse difficile à mettre en œuvre dans les conditions actuelles, compte-tenu des délais de rendu des résultats d'analyses par les laboratoires de diagnostic vétérinaire et de la non disponibilité de tests rapides fiables et suffisamment sensibles. De plus, de la même manière que le statut d'un élevage vis-à-vis de l'influenza porcin peut être demandé par certains pays tiers dans le cas des exportations, les experts recommandent fortement que les organisations professionnelles porcines élaborent un protocole visant à vérifier que les animaux qui vont être

importés ou introduits à partir d'un autre pays européen ne soient pas excréteurs de swIAV au moment de leur départ.

■ Introduction d'IAV dans un élevage porcin par le biais d'être vivant

Différents corps de métiers peuvent intervenir en élevage porcin et sont susceptibles de transmettre un IAV aux porcs. La réceptivité du porc aux virus influenza A humains dépend du virus considéré. Elle a été estimée à 100 % pour le virus H1N1pdm09, les experts n'ayant pas objectivé une potentielle baisse de réceptivité du porc au virus saisonnier circulant au moment de la rédaction du rapport. Pour le virus H3N2, deux scénarios ont été pris en compte par les experts, à savoir 30 % et 5 % de réceptivité.

Des scénarios envisagés, il ressort que ne prendre aucune mesure de protection maximalise la probabilité de transmission du virus de l'être humain au porc. Ainsi, pour le virus H1N1pdm09, si la valeur basse de la dose infectant 50 % des humains (HID₅₀) est prise en compte à défaut de connaître celle du porc, environ 17 % à 97 % des itérations correspondent à une transmission du virus H1N1pdm09 au porc en fonction du scénario envisagé. Ce pourcentage se situe entre 0 % et 39 % si on tient compte de la valeur haute de l'HID₅₀.

Les résultats des scénarios envisagés indiquent clairement que la conjonction des mesures suivantes permet de réduire drastiquement la probabilité de transmission des virus H1N1pdm09 et H3N2 de l'être humain au porc :

- **la non entrée du personnel présentant des signes cliniques évocateurs de grippe dans les élevages** (voir les recommandations précises dans l'avis du HCSP¹⁹). Dans tous les scénarios envisagés, la non entrée de l'être humain dans l'élevage en cas de signes cliniques grippaux permet de réduire à zéro la probabilité de transmission du virus influenza de l'être humain au porc. Dans les scénarios envisagés, la vaccination contre le virus de la grippe saisonnière couplée au port d'un masque FFP2 sans valve et correctement porté permet d'atteindre une réduction similaire de la probabilité de transmission du virus influenza de l'être humain au porc (1 % de transmission). Toutefois, les experts rappellent que l'excrétion du virus influenza est possible en l'absence de signes cliniques. À cet effet, les experts préconisent de renforcer le travail de sensibilisation sur la transmission inter-espèces des IAV, notamment entre l'être humain et le porc, et d'attirer l'attention sur le caractère fruste des symptômes pouvant survenir chez certaines personnes infectées ;
- **le port d'un masque**, idéalement le masque FFP2²⁰. À défaut, dans un souci d'observance, les experts recommandent le port d'un masque chirurgical (plus confortable) et *a minima* dans les circonstances où la personne concernée pourrait exposer les porcs aux virus de la grippe saisonnière (troubles respiratoires même peu intenses les concernant ou affectant leur entourage). Les experts insistent sur l'importance que tout masque doit être correctement porté pour être efficace. Chez un individu vacciné, le remplacement d'un masque FFP2 sans valve (le plus efficace) par un masque chirurgical (plus confortable) réduit la même probabilité de transmission à maximum 9 % en cas de ventilation minimale. Si on augmente la ventilation et/ou la distance d'activité entre l'être humain et les porcs (ce qui n'est pas toujours possible), on réduit davantage encore cette probabilité ;

¹⁹ [Avis relatif à la prévention de la transmission à l'homme des virus influenza porcins et aviaires \(hcsp.fr\)](#), lien vérifié le 18/06/24.

²⁰ Pièce faciale filtrante (*Filtering Face-piece Particals*, FFP). Pour la différence entre les masques chirurgicaux et les appareils de protection respiratoire (FFP1, FFP2 et FFP3) voir : <https://www.inrs.fr/risques/biologiques/faq-masque-protection-respiratoire.html>, lien vérifié le 18/06/24.

- **la vaccination** contre la grippe saisonnière de toute personne entrant en contact avec les porcs. Ainsi, les experts rappellent que la Haute Autorité de Santé (HAS) recommande la vaccination anti-grippale pour les personnes travaillant au contact des animaux, voire pour toute personne qui entre dans des salles où sont hébergés des porcs vivants, ceci afin de réduire le risque d'introduction d'un virus influenza humain dans l'élevage (voir avis de la HAS²¹). La vaccination contre la grippe saisonnière s'inscrit ici dans une démarche collective, afin de réduire le risque d'émergence de nouveaux virus réassortants entre swIAV et virus influenza humain, lesquels pourraient avoir des impacts importants tant en santé animale qu'en santé humaine. Idéalement, la prise en charge de cette vaccination devrait concerner toutes les personnes entrant en contact avec les animaux, ou à défaut, être priorisée en fonction du profil de risque des différents intervenants dans un élevage porcin.

Lorsque la situation en France le justifiera, la vaccination contre le virus « prépandémique » de clade 2.3.4.4b sera à envisager, si les éleveurs sont exposés à des volailles ou des mammifères infectés par ce virus - ou à risque de l'être - que ces souches aient ou pas des marqueurs adaptatifs aux mammifères. Il est à noter que la Commission européenne a déjà garanti l'accès à 665 000 doses de ce vaccin, avec une option pour 40 millions de doses supplémentaires²². Cette hypothèse vaccinale contre le clade 2.3.4.4b n'a pas été prise en compte par les experts car elle n'était pas envisagée au moment où la représentation des événements conduisant à la transmission a été élaborée. En outre, le fait que des doses soient disponibles par anticipation dans la perspective de vacciner les professionnels exposés permet d'escompter une couverture vaccinale comparable à celle de la vaccination humaine contre la grippe saisonnière ;

- **une ventilation optimale** des bâtiments d'élevage en particulier lors d'interventions longues (ex. vaccination) permettant un renouvellement de l'air suffisant (tout en évitant le stress thermique des porcs). L'augmentation de la ventilation (renouvellement d'air de la porcherie exprimé en minutes) diminue la probabilité de transmission du H1N1pdm09 de l'être humain au porc. Ce facteur de réduction est de l'ordre de 14 % à 69 % en fonction de la distance de l'activité entre l'être humain et le porc (plus basse quand la distance est plus grande) et en considérant la valeur basse de l'HID₅₀. Il est de 0 % à 39 % en considérant la valeur haute de l'HID₅₀.

Ces recommandations spécifiques s'ajoutent aux recommandations habituelles en termes de biosécurité.

■ Introduction d'IAV dans un élevage porcin par le biais de l'environnement

La transmission d'IAV au porc s'effectue notamment par le biais des aérosols. Ainsi, pour limiter la probabilité d'infection à partir du voisinage, qui est variable en fonction des situations d'élevages (densité d'élevages dans la zone, présence d'abattoirs ou de clos d'équarrissage, conditions atmosphériques), différents éléments sont à prendre en considération :

- la conception de l'élevage doit faire en sorte de minimiser les flux d'air potentiellement contaminants entre secteurs, entre ateliers dans le cas des élevages mixtes (volailles-porcs ou ruminants-porcs), et entre élevages ;

²¹[avis n2022.0022.sespev du 7 avril 2022 du college de la has relatif a l edition 2022 du calendrier des vaccinations.pdf \(has-sante.fr\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

²² communiqué de presse du 11 juin 2024 (https://europa.eu/newsroom/ecpc-failover/pdf/ip-24-3168_fr.pdf) lien vérifié le 18/06/24.

- en particulier, les entrées d'air des secteurs de l'élevage ne doivent pas être à proximité du quai d'embarquement ;
- en cas de restructuration d'un élevage, les experts recommandent de prendre en considération plusieurs facteurs : présence de barrières physiques comme des haies pouvant constituer un obstacle à la transmission aérienne d'agents pathogènes, mise en place de systèmes de filtration, positionnement des entrées et des sorties d'air. À ce titre, les experts indiquent que les normes environnementales appliquées par les éleveurs ont très vraisemblablement des retombées positives sur le plan sanitaire ;
- en cas d'élevage mixte plein air, les experts recommandent que les parcs et parcours soient séparés et les plus éloignés possible. Par manque de données sur la prévalence et la dynamique des virus influenza sur les porcs en plein air, des recommandations plus précises sur ce type d'élevage sont difficiles à formuler à ce stade.

Ces recommandations spécifiques s'ajoutent aux recommandations habituelles en termes de biosécurité.

■ Introduction d'IAV dans un élevage porcin par le biais de véhicules transportant des animaux vivants

Les véhicules transportant des animaux entre élevages ou vers l'abattoir ainsi que les chauffeurs de ces véhicules peuvent transmettre des agents pathogènes. En plus des mesures de nettoyage et désinfection prévues, il existe dans les élevages des installations destinées aux départs et aux arrivées des animaux afin de limiter l'introduction et la propagation des maladies. Les transports doivent être dédiés à chaque type d'animaux transportés (reproducteurs, porcelets, porcs charcutiers vers l'abattoir).

Les experts soulignent que la probabilité d'introduction de swIAV augmente lors de tournées multi-sites et notamment si des camions déjà chargés entrent dans un élevage pour y charger d'autres animaux avant leur conduite à l'abattoir. Il pourrait être intéressant de prendre en compte les élevages de porcs atteints de façon récurrente par la grippe pour prioriser les tournées de ramassage. Mais cela nécessiterait par exemple l'établissement de la définition d'une qualification du niveau d'infection des élevages (statut sanitaire) et la création d'une charte de protection pour organiser le ramassage logistique en fonction du niveau d'infection de l'élevage, ce qui semble complexe à mettre en œuvre d'après les expériences de terrain en Bretagne où une initiative de ce genre a été conduite pour le Syndrome Dysgénésique Respiratoire Porcin (SDRP).

Enfin les experts rappellent que les échanges de matériel agricoles peuvent représenter un facteur de risque d'introduction de virus influenza en élevage de porcs.

3.6.2.Persistance d'un ou plusieurs virus influenza A dans un élevage de porcs

Les travaux effectués dans le cadre de ce GT pour répondre à la question relative à la persistance résultent de la combinaison d'un modèle dédié aux problématiques des swIAV et de développements récents permettant une représentation fine de populations structurées à l'aide de systèmes multi-agents multi-niveaux. La contribution de la modélisation à la meilleure compréhension de la dynamique infectieuse a déjà été démontrée, au travers de l'étude de la co-circulation de virus influenza au sein d'un élevage. Ainsi, les réponses relatives à l'impact du type de conduite en bande sur la persistance, à l'efficacité de la vaccination et de ses protocoles sur la maîtrise de la persistance enzootique ainsi que les autres mesures possibles

envisagées pour l'assainissement (externalisation de bandes), reposent sur les travaux de modélisation réalisés en 2016.

L'approche développée plus récemment, fondée sur le système multi-agents multi-niveaux a permis de représenter plus spécifiquement et de manière explicite des configurations d'élevages telles que rencontrées dans les exploitations porcines, avec une structuration spatio-temporelle et une organisation sociale propres. Ainsi, différentes voies de transmission ont pu être intégrées dans le modèle épidémiologique permettant une représentation des structures de transmission par contact et par voie aéroportée, ou d'identifier des leviers d'action pour limiter la persistance du virus dans les élevages. Cette approche a été spécifiquement mise en œuvre dans le cadre du GT pour répondre aux points relatifs à l'impact de la structuration des élevages et des circuits d'air sur la persistance des virus influenza en élevage. Afin de répondre à cette question, trois typologies d'élevages ont été sélectionnées avec des structures spatiales et populationnelles définies à partir de plans de masse d'élevages réels et représentatifs de la diversité rencontrée sur le terrain.

La persistance des swIAV à l'échelle de la population de l'élevage est liée à des facteurs multiples de nature **virologique** (diversité de souches), **immunologique** (protection très partielle par l'immunité maternelle induite par la vaccination des mères ou consécutive à leur infection naturelle), mais aussi fortement conditionnée par la **conduite d'élevage** (intervalle inter-bandes court, population en perpétuel renouvellement en post-sevrage) et la **structure des bâtiments** (connectivité par les circuits d'air, transmission par voie aéroportée à la faveur des mouvements d'animaux).

Les moyens de lutte associent donc nécessairement un ensemble de mesures à adapter pour chaque type d'élevage concerné et la nature des virus présents (agencement des différents bâtiments et des différents blocs les uns par rapport aux autres, etc.), liées à la conduite d'élevage (e.g. privilégier les intervalles inter-bandes longs, limiter les mélanges d'animaux), à la biosécurité (marche en avant et sectorisation) et aux contrôles des flux d'air afin d'empêcher la recirculation des virus.

Parmi les mesures testées, l'externalisation de bandes entières au sevrage a été montrée comme la plus efficace. Cependant elle est très difficile à mettre en œuvre dans les élevages. La vaccination telle que pratiquée actuellement à l'aide des vaccins commercialisés disponibles sur le marché en 2024 permet une diminution des conséquences cliniques de l'infection notamment chez les truies mais ne permet pas de prévenir l'infection des animaux ni la transmission virale et par voie de conséquence la persistance à l'échelle de la population de l'élevage. La vaccination concerne essentiellement les truies avant mise bas, même si des essais de vaccination de porcs en croissance ont été expérimentés pour maîtriser l'infection en post-sevrage avec des résultats très variables selon la typologie de l'élevage et l'immunité de population chez les truies. La fraction de la population vaccinée d'un élevage naisseur-engraisseur est ainsi très faible (moins de 10 % de l'effectif total présent sur le site), ce qui compte-tenu du R_0^{23} des swIAV (environ 15) est totalement insuffisant pour espérer obtenir une immunité de population nécessaire pour un assainissement. Compte tenu du faible niveau d'efficacité des vaccins anti swIAV disponibles à la date de rédaction du rapport et du R_0 élevé, il est probable que même un taux de vaccination de 100 %, pour autant que sa mise en œuvre soit envisageable, ne permettrait pas d'enrayer la persistance du virus au sein de l'élevage. Une mesure à envisager serait de tester la vaccination des truies après mise bas (le protocole

²³ En épidémiologie, le nombre de reproduction de base (R_0) d'une infection peut être défini comme le nombre moyen attendu de cas directement générés par un cas dans une population où tous les individus sont sensibles à l'infection.

habituel étant réalisé avant mise bas) afin d'assurer une protection clinique des truies tout en limitant le transfert d'immunité passive aux porcelets laquelle peut contribuer à la persistance de l'infection dans l'élevage.

À l'échelle de la population de l'élevage, les dynamiques infectieuses des swIAV sont fortement conditionnées par **la structuration spatiale des élevages** dont vont dépendre (i) la possibilité d'**exposition continue** de certains secteurs de l'élevage (e.g. les reproducteurs) aux flux d'air sortant d'autres secteurs infectés (e.g. post-sevrage) favorisant ainsi des réinfections permanentes ; (ii) l'**exposition ponctuelle** mais fréquente des entrées d'air des bâtiments à des animaux infectieux lors de leurs déplacements entre les secteurs. Les dynamiques de population, et les flux d'animaux correspondants, apparaissent comme des points essentiels nécessitant une attention particulière, notamment vis-à-vis des flux d'air et des connexions épidémiologiques sous-jacentes. La persistance ou les relances des infections vers les différents secteurs de reproduction (verraterie/gestante) ont été identifiées comme des facteurs favorisant la circulation virale chez les porcs en croissance (post-sevrage, engraissement). La correction des expositions continues en modifiant les extractions d'air par exemple pour ne pas qu'elles exposent d'autres secteurs de l'élevage ne suffisent pas, notamment lorsque les bâtiments sont très imbriqués et que des mouvements très fréquents de porcs en croissance ont lieu et exposent les bâtiments des reproducteurs. L'organisation de flux d'animaux par les couloirs de circulation suivant le principe d'une marche en avant (maternité vers post-sevrage vers engraissement) sans retour dans le compartiment des reproducteurs doit être un élément majeur pris en compte dans la conception des élevages de type naisseur-engraisseur.

Des travaux récents reposant sur des suivis de cohortes détaillés et sur le long terme au sein d'élevages affectés par une circulation récurrente de virus influenza porcins ont permis d'obtenir des données montrant toute la complexité de la dynamique des swIAV en élevage. Le projet Européen PIGIE (*Understanding the dynamics and evolution of swine influenza viruses in Europe*) a notamment permis d'étudier dans le détail ces dynamiques infectieuses en suivant des cohortes de porcelets dans différents élevages et sur différentes bandes pendant près de deux ans. Grâce aux données de séquençage et de phylodynamie, il a notamment été montré la coexistence dans ces élevages de phénomènes de persistance des mêmes virus à l'échelle de la population de l'élevage mais aussi des réintroductions ponctuelles de nouveaux virus qui peuvent alors persister ou s'éteindre spontanément dans un délai relativement court. Ainsi la caractérisation approfondie des virus est nécessaire pour appréhender ce qui correspond à une réelle persistance enzootique à l'échelle de la population de l'élevage sur le long terme et ce qui correspond à des réintroductions multiples de virus à partir de sources externes.

3.6.3. Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un virus influenza porcin présentant un caractère panzootique, zoonotique et/ou pandémique marqué

■ Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un swIAV présentant un caractère panzootique marqué

Un swIAV panzootique est un virus responsable de cas d'influenza porcin dans les populations de porcs domestiques de plusieurs continents, voire de tous les continents de la planète. Au moment de la rédaction de ce rapport, seul le virus H1N1pdm09 responsable de la pandémie de 2009 a été clairement décrit comme responsable de cas d'infections chez des porcins simultanément sur tous les continents.

Les swIAV circulant en France peuvent se propager à d'autres populations porcines hors de France à la faveur de mouvements d'animaux. Etant donné que, au moment de la rédaction de ce rapport, les exportations françaises concernent surtout des porcs destinés à être abattus, les experts estiment qu'il est peu probable qu'un virus « typiquement français » (génotype régional) se propage rapidement sur l'ensemble des continents sans avoir acquis des propriétés particulières nouvelles (suite à modification génétique) qui lui confèreraient une capacité accrue à se propager chez le porc, ou à être introduit chez le porc par l'être humain.

Cependant, même si cette probabilité ne peut être estimée, il ne peut être exclu que l'infection d'un cheptel étranger par un virus français puisse être à l'origine, à la faveur d'une co-infection, de l'émergence d'un nouveau swIAV réassortant qui pourrait avoir un potentiel épizootique ou zoonotique accru et conduirait à une panzootie.

■ Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un swIAV présentant un caractère zoonotique marqué

Tous les swIAV sont naturellement potentiellement zoonotiques, notamment parce qu'ils possèdent une affinité pour les récepteurs AS- α 2,6-Gal présents à la surface des cellules épithéliales humaines situées au niveau de l'arbre respiratoire supérieur et inférieur.

Cependant, les caractéristiques qui permettent à un virus de franchir aisément la barrière de l'espèce humaine dépendent de multiples facteurs encore mal connus. Certains gènes ou combinaisons de gènes seraient plus ou moins favorables à ce passage de la barrière d'espèce. Par exemple, il a été émis l'hypothèse que des swIAV réassortants porteurs du gène M du virus H1N1pm09 pourraient avoir un potentiel zoonotique accru.

L'être humain possède des défenses intrinsèques pour se défendre contre les infections. Cependant, les IAV ont développé des stratégies d'échappement aux défenses de la cellule hôte. Ainsi, un swIAV sera plus ou moins capable de se répliquer dans une cellule humaine en fonction de la capacité des facteurs cellulaires de restriction à interagir à une étape de son cycle de réplication et/ou de la capacité des protéines virales à inhiber l'action de ces facteurs de restriction.

Ainsi, les experts considèrent que tous les swIAV, y compris ceux qui circulent, ou qui sont détectés sporadiquement, dans les élevages de porcs en France, sont des agents pathogènes à potentiel zoonotique, quel que soit leur génotype. Même la fréquence des transmissions zoonotiques n'est pas connue, la plupart des infections rapportées chez l'être humain n'a pas provoqué de maladie grave, et dans la très grande majorité des cas investigués il n'a pas été mis en évidence de transmission inter-humaine efficace. Les personnes travaillant dans les élevages de porcs, ou visitant des lieux où des porcs sont exposés, sont les plus à risque d'être contaminées.

L'émergence dans ce contexte du clade H5Nx 2.3.4.4b, son expansion chez de nombreuses espèces de mammifères et l'existence de cas humains (même s'ils restent sporadiques et majoritairement peu sévères à l'heure actuelle), rend redoutable le scénario de l'infection du porc par ce virus. En effet, des données récentes d'infections naturelle et expérimentale sont en faveur d'une transmission de l'infection entre porcs, faisant planer la menace de l'émergence de réassortants zoonotiques voire pré-pandémiques.

■ Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un swIAV présentant un caractère épidémique voire pandémique marqué

Pour estimer la probabilité qu'un swIAV circulant en France présente un caractère épidémique, il convient de prendre en compte :

- le danger, c'est-à-dire les caractéristiques virologiques des swIAV circulant en France ;
- la probabilité d'émission, un virus à forte prévalence dans les populations porcines en France étant plus susceptible d'être transmis de façon répétée à des humains ;
- la probabilité d'exposition et les éléments de contexte : les populations les plus exposées en France le sont dans un contexte professionnel, ce facteur pouvant se conjuguer à des facteurs individuels de comorbidité et/ou à l'émergence d'une souche épidémique.

Dans la majorité des cas décrits dans le monde, les cas de transmission de swIAV aux humains sont sporadiques et sont soit isolés soit anadémiques, sans transmission interhumaine identifiée. C'est ce qui s'est produit lors de l'épisode français de 2021, pour lequel un seul cas de transmission de swIAV à un être humain est survenu alors que plusieurs individus avaient été exposés au lot de porcs infectés, ceci sans transmission interhumaine par la suite.

Les données épidémiologiques et virologiques suggèrent que les swIAV n'ont pas acquis la capacité d'une transmission soutenue entre êtres humains. Ainsi, les experts estiment que la probabilité que les swIAV détectés dans les élevages français soient responsables d'une épidémie peut être qualifiée de faible (*low*) selon les critères de l'OMS²⁴. Cependant, ces évaluations de risque devront être revues si des données épidémiologiques ou virologiques deviennent disponibles et sont de nature à les modifier.

Une pandémie peut survenir lorsqu'un IAV, vis-à-vis duquel la plupart des êtres humains sont peu ou pas immunisés, acquiert la capacité d'induire une transmission interhumaine soutenue, lui permettant de diffuser à l'échelle de plusieurs continents. Le virus H1N1pdm09 est le seul virus pandémique connu de source porcine. La combinaison de plusieurs facteurs (facteurs viraux, facteurs d'hôtes et facteurs de risque) semble avoir contribué à son émergence et sa propagation.

Dans ce contexte, l'OMS procède à des évaluations du risque de pandémie de grippe pour des virus qui ont un gène HA, voire d'autres gènes, distinct(s) de ceux des virus de la grippe saisonnière. L'outil TIPRA²⁵ (*Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment*) a été mis au point pour fournir une approche normalisée et transparente en appui de l'évaluation du risque que des virus influenza sont susceptibles de provoquer une pandémie. Cet outil a pour objectif d'évaluer, d'une part la probabilité que le lignage viral considéré acquière la capacité de se transmettre durablement d'humain à humain, d'autre part l'impact sur la santé publique en cas de transmission inter-humaine. Les évaluations de risque sont effectuées par l'OMS par l'organisation de consultations associant des experts internationaux en santé publique, en santé animale et en recherche en virologie, en étroite collaboration avec le ou les États membres touchés par le virus considéré.

L'identification précise (génétique, phénotypique, fonctionnelle et épidémiologique) du virus qui va être concerné par l'évaluation de risque est un prérequis indispensable. Il n'est donc pas possible dans le cadre de cette saisine de répondre de façon générale à la question sur le risque pandémique associé aux swIAV, dans la mesure où il s'agit d'une analyse ciblée sur un virus qui a des caractéristiques particulières. Mais le TIPRA a le potentiel de permettre l'évaluation du risque pandémique à partir de swIAV à tout moment où cela pourra être jugé nécessaire. À cet égard, il convient de souligner que le TIPRA précise (sans prétention à l'exhaustivité) quels facteurs déclenchants (épidémiologiques ou liés au virus) peuvent conduire à un risque pandémique, et donc à envisager l'évaluation du risque pandémique d'un

²⁴ <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON524> lien vérifié le 16/07/24.

²⁵ [Global Influenza Programme \(who.int\)](https://www.who.int/global-influenza-programme) lien vérifié le 16/07/24.

virus. Il permet également d'évaluer le risque pandémique associé à un virus animal avant même qu'il ait été transmis à des humains.

Les évaluations TIPRA réalisées depuis 2016 ont surtout concerné des virus influenza aviaires, mais également le virus H1N1pdm09 (H1N1 TRIG) et quelques lignages de virus porcins (swine H1 1C, swine H3N2 1990.4, swine H3N2 2010.1). Globalement, les virus porcins ont des scores allant de 5 à 7 (sur une échelle de 0 à 10) en terme de probabilité de survenue d'une transmission inter-humaine soutenue (probabilité de niveau moyen selon les critères de l'OMS) et de 4 à 5 en terme d'impact sur la santé publique (impact de niveau faible à moyen selon les critères de l'OMS) (données OMS).

3.6.4. Probabilité de transmission des swIAV aux êtres humains

■ Contexte

Même si les cas de transmission de swIAV aux humains recensés dans le monde ont été peu fréquents, et si la transmission interhumaine a été très rarement observée, les populations humaines exposées à des porcs sont significativement plus à risque d'infection par un swIAV. La dernière pandémie grippale de 2009 est d'origine porcine et depuis 2009, la grande majorité des cas humains ont été recensés aux États-Unis, où une surveillance renforcée des cas de grippe humaine d'origine porcine est en place depuis 2007. C'est particulièrement le cas dans le contexte de foires agricoles, fréquentes dans certains États américains, durant lesquelles des cas humains d'origine porcine ont été détectés à maintes reprises, parfois sous la forme de regroupements de cas dans le temps et l'espace (cette pratique est peu fréquente en France).

Partout ailleurs, il est probable qu'une part notable des infections grippales humaines d'origine porcine passe inaperçue, car elles ne peuvent être distinguées cliniquement des autres infections respiratoires bénignes humaines.

Une exposition directe à des porcs ou à un environnement contaminé par des porcs est généralement rapportée pour les cas de grippe d'origine porcine recensés, que ce soit en élevage, en abattoir, ou encore dans des foires ou salons d'exposition. Toutefois, des cas d'infection par un swIAV sans exposition directe à des porcs dans les jours précédant les signes cliniques ont été décrits dans différents pays à plusieurs reprises, posant questions sur les sources et notamment sur de possibles contaminations par l'environnement.

■ Modélisation

Dans le cadre de cette saisine, un travail de modélisation a été réalisé afin d'évaluer la probabilité de transmission d'un swIAV à l'être humain.

La réceptivité de l'être humain à un swIAV dépend du virus considéré.

Pour le virus H1N1pdm09, la réceptivité a été considérée de 100 %. En effet, malgré le fait qu'il y ait une barrière d'espèces à franchir et même s'il est possible de distinguer des génogroupes de virus H1N1pdm09, les souches en circulation chez l'être humain et chez le porc restent proches d'un point de vue antigénique. Même si des différences en termes de capacité à se multiplier et se transmettre, ainsi qu'en terme de virulence ont pu être mises en évidence dans des études expérimentales menées parallèlement chez le porc et chez le furet. Les experts n'ont donc pas considéré une potentielle baisse de réceptivité du porc au virus H1N1pdm09 contemporain chez l'être humain.

Pour les swIAV autres que le virus H1N1pdm09, l'incertitude est grande. Les experts ont choisi de tester quatre scénarios contrastés reflétant les variations de réceptivité : 5, 25, 50 et 75 %.

En conclusion des différents scénarios envisagés, il ressort que :

➤ **pour le virus porcin H1N1pdm09 :**

- la probabilité de transmission aéroportée du virus du porc à l'être humain est maximale quand aucune mesure de protection n'est prise. Ainsi, pour une activité en élevage de 15 min., si on considère la valeur basse de la dose infectant 50 % des humains (HID₅₀), entre 91 % et 98 % des itérations correspondent à une transmission du virus H1N1pdm09 à l'être humain en fonction du scénario envisagé. Ce pourcentage se situe entre 50 % et 78 % si la valeur haute de la HID₅₀ est prise en compte ;
- une vaccination des porcs avec un vaccin permettant d'atteindre un niveau de protection de 75 % contre les swIAV en circulation (réduction de la réplication et de l'excrétion de particules virales dans l'air) **couplée** au port d'un masque FFP2 sans valve et correctement porté par le personnel en contact avec les porcs, permet de réduire la probabilité de transmission d'un facteur d'environ 2 à 4. Les experts recommandent de produire des vaccins efficaces permettant de réduire la circulation des swIAV et d'optimiser les protocoles de vaccination des porcs. Notons également que le port d'un masque FFP2 sans valve est efficace mais peu confortable. Il conviendrait de promouvoir des travaux de recherche et/ou d'innovation pour le développement de nouveaux masques qui soient adaptés pour prévenir au mieux le risque d'infection par des swIAV pour les personnes qui travaillent au contact des animaux dans les élevages porcins (masques efficaces et confortables que les gens porteront plus facilement) ;

➤ **pour les autres swIAV :**

- de manière générale, les résultats obtenus pour les différents scénarios envisagés par les experts vont dans le même sens que pour le virus H1N1pdm09. Toutefois, les pourcentages d'itérations se traduisant par une transmission du porc à l'être humain sont inférieurs à ceux obtenus en comparaison avec le virus H1N1pdm09 ;
- les mesures les plus efficaces envisagées pour réduire le risque de transmission sont identiques aux mesures concernant le virus H1N1pdm09.

Les experts rappellent que la vaccination de l'être humain contre la grippe concerne les souches humaines saisonnières et est recommandée par la Haute Autorité de Santé uniquement pour éviter que l'être humain ne transmette ses virus aux porcs (et éviter les réassortiments qui pourraient faire suite) et non pas pour protéger l'être humain des virus porcins (les vaccins humains ne contiennent que des antigènes humains). Les experts précisent que s'il n'y a pas de preuve scientifique que la vaccination de l'être humain protégerait des swIAV, il n'y a pas non plus de preuve contraire et qu'il n'est pas exclu qu'une personne vaccinée et qui serait exposée à des porcs infectés par le virus H1N1pdm09 humain puisse être protégée de la transmission du porc vers l'être humain du fait de sa vaccination saisonnière. Néanmoins, la vaccination de l'être humain contre la grippe saisonnière n'a pas été retenue par le GT comme facteur de réduction de la probabilité de transmission des virus porcins à l'être humain.

3.6.5.Recommandations visant à renforcer la capacité de détection précoce des souches à caractère panzootique, zoonotique et/ou pandémique marqués

Il existe une convergence dans la littérature scientifique sur le fait que des événements de transmission de swIAV vers l'être humain et de l'être humain vers le porc se produisent de façon régulière, même s'il demeure des déficits de connaissance majeurs sur la fréquence et

les caractéristiques de ces événements. Un seul cas humain a été détecté en France à ce jour, mais il est possible que des cas ne soient pas détectés en raison d'une insuffisance de la surveillance à l'interface animal/être humain.

Dans une approche intégrée, les experts recommandent en premier lieu que les dispositifs de surveillance évoluent en concertation avec tous les acteurs de la surveillance humaine et de la surveillance animale, et en impliquant les acteurs de terrain.

Les experts précisent qu'il existe des regroupements entre les différentes recommandations émises ci-dessous, mais que pour une question de lisibilité, elles ont été classées et organisées en axes.

■ Axe 1 : renforcer la surveillance événementielle/passive chez le porc et chez l'être humain

➤ Chez le porc :

- pérenniser et élargir les missions du réseau national public-privé de surveillance événementielle Résavip : lui permettre, notamment, de déléguer le sous-typage de routine des swIAV réalisé par le LNR IP (Influenza Porcin) à un ou des laboratoires de diagnostic vétérinaire, et de financer le génotypage (par séquençage des génomes complets) de toutes les souches de swIAV détectées dans les élevages, ainsi que le sous-typage antigénique (par tests d'inhibition de l'hémagglutination à l'aide de sérums de référence) d'une sélection de souches ;
- permettre au LNR IP d'accéder aux coordonnées GPS (Global Positioning System) des élevages de porcs prélevés dans le cadre de Résavip aux fins de réalisation d'études de phylodynamique, lesquelles conduiront à mieux comprendre la propagation et la dispersion des souches de swIAV sur le territoire ;
- encourager et organiser la mise en commun des données issues de divers dispositifs contribuant à la détection et l'identification des swIAV en France, afin de les cumuler avec les données du réseau national Résavip (analyses diagnostiques demandées hors Résavip, dans des laboratoires de diagnostic vétérinaire, au LNR IP, dans des laboratoires de recherche, etc.).

➤ Chez l'être humain :

- renforcer l'information sur le risque et la conduite à tenir en cas de symptômes. La plaquette réalisée par SpF²⁶, avec le concours de l'Anses, de l'Office Français de la Biodiversité et de la Mutualité sociale agricole, est à diffuser largement auprès des personnes exposées aux porcs en France (éleveurs, vétérinaires, techniciens d'élevage, techniciens des services vétérinaires, personnel en élevage, abattoir, équarrissage, etc.) ; travailler étroitement entre acteurs de la santé animale et de la santé humaine (y compris des acteurs de la santé au travail et des sociologues/anthropologues) pour mettre en place un/des réseau(x) collaboratif(s) visant à communiquer de façon régulière, à promouvoir des actions de sensibilisation et de prévention du risque à l'interface animal/être humain, à évaluer les dispositifs existants (surveillance, prévention) ;
- sensibiliser de façon large et régulière l'ensemble des professionnels de santé humaine à la nécessité de recueillir de façon systématique, lorsqu'un patient consulte et a fortiori lorsqu'un prélèvement est réalisé, l'information sur une éventuelle exposition à des animaux devant toute infection respiratoire aiguë, avec ou sans notion de gravité ;

²⁶ [Les bons réflexes face aux gripes aviaire et porcine \(santepubliquefrance.fr\)](https://www.santepubliquefrance.fr) lien vérifié le 18/06/24.

- prévoir la prise en charge par la collectivité des tests RT-PCR grippe avec sous-typage systématique à toute personne présentant une infection respiratoire aiguë et exposition à risque (contact direct ou indirect avec des porcs vivants), quelle que soit la période de l'année, y compris en médecine de ville ;
- travailler avec le secteur hospitalier pour viser à la réalisation systématique du sous-typage grippe chez tout cas grave de grippe A hospitalisé, quelle que soit la période de l'année et la notion d'exposition à risque à des porcs/oiseaux/animaux d'autres espèces animales.

Ces quatre étapes sont complémentaires et nécessaires pour être en capacité de renforcer la surveillance de la grippe zoonotique chez l'être humain.

Les experts recommandent de mettre en place une plateforme unique et commune pour le partage des données (avec des accès différents et sécurisés, par exemple accès à toutes les données pour les institutions et accès limité pour les éleveurs).

■ Axe 2 : renforcer la surveillance active chez le porc et chez l'être humain

➤ Chez le porc :

- promouvoir des enquêtes sérologiques nationales et/ou régionales chez le porc en croissance, afin de compléter la surveillance virologique événementielle qui ne détecte pas forcément tous les événements, notamment les cas d'infection paucio-ou asymptomatique, et pour pouvoir donner des indications sur la prévalence des infections à swIAV, ceci à intervalles de temps réguliers (sur une base pluriannuelle établie) et en cas d'événements particuliers détectés par le réseau de surveillance Résavip ;
- promouvoir le développement de tests rapides pour la détection des swIAV dans des prélèvements de suidés, pour tester des animaux avant leur départ de l'élevage, notamment lorsqu'il s'agit d'un mouvement vers un autre élevage.

➤ Chez l'être humain :

- mettre en place une surveillance active des personnes exposées à des porcs dans un contexte professionnel, en lien avec la médecine du travail ;
- équiper les professionnels exposés volontaires (et leur famille si elle réside sur le lieu de l'élevage) de kits d'auto-prélèvements non invasifs (écouvillons nasaux, écouvillons oro-pharyngés, prélèvement de salive, mouchoirs, etc.) afin qu'ils puissent se prélever en cas d'infection respiratoire aiguë, aux fins d'analyses virologiques par un laboratoire compétent (CNR, laboratoire hospitalier, laboratoire d'analyse médicale - à définir). Ces dépistages devront être organisés en lien avec tous les acteurs concernés par la surveillance de la grippe humaine, mais également en lien avec les acteurs de la surveillance des virus influenza chez les porcs ;
- augmenter les interactions et les synergies entre les différents acteurs, y compris de terrain, afin de renforcer la surveillance active chez l'être humain au niveau national ;
- mettre en œuvre des enquêtes sérologiques régulières dans la population professionnellement exposée aux porcs (comparativement à la population non exposée). Ces enquêtes sérologiques peuvent être réalisées selon différentes approches : études de séroprévalence, cohortes prospectives, etc. ;
- impliquer les laboratoires de diagnostic vétérinaire. Ceux-ci sont équipés de façon à pouvoir travailler sur des grandes quantités de prélèvements, ce qui n'est pas le

cas en médecine humaine. Il serait intéressant que, dans certains cas, les laboratoires vétérinaires puissent analyser des échantillons humains (en France, contrairement à d'autres pays, ce n'est actuellement pas possible d'un point de vue réglementaire). Les experts suggèrent la mutualisation des dispositifs d'analyses (dépistage et diagnostic) ;

- mettre en place une surveillance des virus influenza dans les eaux usées des villages/zones de forte densité porcine où il y a plus de risque que des êtres humains soient contaminés, et d'élargir la surveillance dans les stations d'épuration actuellement essentiellement centrée sur le SARS-CoV-2 aux autres virus respiratoires.

■ Axe 3 : renforcer la collaboration entre le CNR Virus des infections respiratoires et le LNR Influenza porcine sur l'identification des virus influenza humains et porcins et sur l'évaluation du risque posé par les swIAV pour la santé publique,

- mettre en place un dispositif de partage des séquences des souches virales détectées chez l'être humain et chez les animaux. Ce dispositif pourrait inclure le dépôt des séquences dans une base de données internationale, l'information réciproque sur les séquences soumises, l'interprétation conjointe des données à intervalles de temps réguliers et la diffusion commune des résultats d'analyses partagées ;
- mettre en œuvre des investigations concertées et coordonnées dans les deux types de populations (humaine et animale) dans différentes situations considérées à risque ou à l'occasion de la diffusion d'une nouvelle souche virale au sein de la population de porcs. Il conviendra de définir les paramètres qui devraient mobiliser systématiquement de telles investigations, y compris en dehors de situations d'alerte évoquées dans l'axe 4 (voir ci-dessous), de façon à anticiper de telles situations d'émergence d'un swIAV à potentiel épidémique/pandémique ;
- promouvoir des projets de recherche entre CNR et LNR sur la mise au point des méthodes analytiques (choix des réactifs, des antigènes, des globules rouges, etc.) de façon à estimer et optimiser leurs performances.

■ Axe 4 : identifier des critères d'alerte évoquant l'émergence et/ou la transmission sur le territoire national d'un swIAV à potentiel épidémique/pandémique

Les experts précisent qu'il est nécessaire de définir des seuils d'alerte pour les critères (notamment déterminer les unités de temps et de lieu, le nombre de cas, etc.).

Les critères d'alerte pourraient reposer sur :

- la multiplication de la détection de cas humains de grippe d'origine porcine avec une exposition avérée à des porcs, et dus à un même virus/sous-type/clade/sous-clade ;
- des détections rapprochées dans le temps et l'espace de cas humains de grippe d'origine porcine avec ou sans lien épidémiologique (contact étroit) apparent entre eux ni source apparente d'exposition commune ;
- la détection d'une ou plusieurs chaînes de transmission secondaire autour de cas humains de grippe d'origine porcine ;
- la prise en compte des critères évalués au niveau international. Les critères doivent être harmonisés (importance/ nécessité d'un consensus international pour appliquer les mêmes pratiques en terme de surveillance) ;

- les caractères génétiques et phénotypiques des swIAV (identification de certains marqueurs moléculaires, de certaines propriétés virales, tels que ceux évalués à l'aide de l'outil TIPRA).

■ Axe 5 : promouvoir des projets de recherche sur le risque d'émergence d'un swIAV à potentiel pandémique à l'interface animal/être humain en France

Les experts recommandent de :

- promouvoir des projets exploratoires ou des études pilotes en surveillance active (par exemple : tester la sensibilité et la validité des auto-prélèvements, écouvillons nasaux, prélèvement salivaire) ;
- développer de nouveaux tests sérologiques pour la détection spécifique d'anticorps anti-swIAV chez l'être humain ;
- mener des enquêtes sérologiques comparées, dans la population humaine à risque exposée et dans la population citadine pour évaluer les prévalences des infections par les différents swIAV en circulation sur le territoire. Ces enquêtes permettraient de mieux comprendre la dynamique d'infection dans l'espace et dans le temps et de confirmer qu'il s'agit d'un indicateur pertinent pour les populations à risque ainsi qu'un indicateur d'un accroissement de la circulation virale dans la population générale ou l'apparition d'un nouveau clade ;
- conduire des projets de recherche sur la viabilité et la persistance des virus influenza (humains et porcins) dans l'air et leur transmission par la voie aéroportée (choix du matériel, savoir si le virus est viable ou non) ;
- promouvoir des projets de recherche portant sur le passage des barrières d'espèces, visant à déterminer si certains virus ont un potentiel plus élevé de transmission à l'être humain, notamment en testant la capacité des swIAV circulant en France (et notamment des nouveaux réassortants qui émergeraient chez cette espèce) à infecter le furet et à se transmettre de furet à furet. L'évaluation de risque TIPRA nécessite un certain nombre de données, dont des données sur le modèle furet, qui sont indispensables pour réaliser cet exercice sur les virus porcins (cette espèce étant considérée comme le meilleur modèle animal actuel pour évaluer le risque zoonotique associé aux virus influenza animaux). De même, compte tenu du rôle pouvant être joué par d'autres espèces dans la circulation, la genèse de réassortants et dans la transmission des virus influenza de source au moins partiellement porcine à l'être humain, l'exploration d'autres barrières d'espèces (telles que porc/canard, porc/dinde) pourrait s'avérer judicieuse ;
- encourager des projets de recherche visant à évaluer la capacité de modèles d'organoïdes humains ou de systèmes cellulaires humains à l'interface air/liquide à évaluer le risque zoonotique associé aux swIAV ;
- encourager des projets collaboratifs entre les acteurs de la santé animale et de la santé humaine, y compris à l'échelle européenne et internationale ;
- encourager les projets de modélisations transversaux « Une Seule Santé » (One Health) ;
- financer des projets de recherche sur la phylodynamique et la phylogéographie, en incitant à la collaboration entre épidémiologistes, modélisateurs, phylogénéticiens, scientifiques et professionnels de la filière porcine ;
- encourager les autorités françaises à soutenir et à faire remonter auprès de la Commission européenne le besoin de coordonner la surveillance au niveau européen, même si l'influenza porcine n'est pas une maladie réglementée (*ring test*

- test de l'anneau, standardisation, etc.). Pour le moment, une action COST (ESFLU²⁷) (2022 - 2026) a été mise en place pour permettre de formaliser un cadre d'échange de compétences et d'informations au niveau européen ;
- mener des projets de développement et de validation d'outils et de tests rapides chez le porc (avec une sensibilité suffisante) pour tester les animaux et limiter les mouvements à risque (les tests rapides aviaires ne fonctionnent pas pour effectuer de la détection chez le porc) ;
- promouvoir des projets de développement de nouveaux vaccins pour les porcs et pour l'être humain avec des souches adaptées aux souches circulantes ;
- considérer l'intérêt d'une vaccination « pré pandémique » anti-virus aviaire (clade 2.3.4.4b) pour les êtres humains qui seront au contact des volailles, voire des porcs ;
- promouvoir des recherches sur les marqueurs potentiels des virus porcins à potentiel épidémique/pandémique, ce qui pourrait conduire à une surveillance en amont de l'infection humaine, ou du moins plus précoce.

4. CONCLUSIONS ET RECOMMANDATIONS DE L'AGENCE

L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail endosse les conclusions et recommandations du CES SABA et du GT Grippe Porcine relatives à l'évaluation des risques pour la santé publique et la santé animale liés à la transmission inter espèces (être humain-animal et animal-être humain) des virus influenza en élevage porcin et les mesures de surveillance et de prévention à mettre en œuvre.

Les porcs vivants constituent la source de plus forte probabilité pour l'introduction des *swine influenza A virus* (swIAV) en élevage. L'Agence souligne que les mouvements d'animaux entre élevages, régions, pays sont des contributeurs majeurs à la diffusion de ces virus. À cet effet, établir, ce qui n'est pas le cas actuellement, le statut des animaux introduits dans un élevage par un dépistage avant mouvement contribuerait à diminuer ce risque. L'Agence rappelle que la mise en place de mesures de biosécurité ainsi que leur observance au quotidien sont primordiales car, une fois les swIAV introduits en élevage, leur persistance dépend de plusieurs facteurs : conduite d'élevage, immunité des animaux, etc. Cependant, une caractérisation approfondie des virus s'avère nécessaire pour distinguer ce qui correspond à une persistance enzootique à l'échelle de l'élevage sur le long terme et ce qui correspond à des réintroductions multiples de virus à partir de sources externes.

Les êtres humains sont également une source de forte probabilité d'introduction d'IAV dans les élevages porcins. Ces IAV peuvent être d'origine porcine, les êtres humains étant eux-mêmes sensibles aux swIAV. Il convient donc de mettre en œuvre des mesures pour éviter la transmission de ces virus entre porcs et êtres humains, dans les deux sens. Les mesures prioritaires à préconiser sont notamment la non-entrée en élevage de personnes avec des signes cliniques de grippe, le port du masque en cas de doute sur leur statut ou si leur entourage est infecté, ainsi que la vaccination – recommandée par la HAS (HAS, 2022)²⁸ - contre la grippe saisonnière des personnes intervenant en élevages porcins. Bien que ces mesures contribuent à la fois à la protection de l'animal et de l'être humain, et dans la mesure où elles concernent des expositions en situation de travail, l'agence souligne l'intérêt qu'il y aurait à les inclure dans

²⁷ <https://www.cost.eu/actions/CA21132/>

²⁸ Cf. note de bas de page n°21 en p. 15 ; la HAS précise, pour mémoire, que la visée première de cette vaccination est la protection animale, compte tenu de la cible des vaccins utilisés

les dispositifs de protection de la santé-travail. Les données épidémiologiques et virologiques au moment de la rédaction de cet avis suggèrent que les swIAV n'ont pas acquis, à date, la capacité d'une transmission soutenue entre êtres humains. Cependant, les évaluations du risque conduites par l'Anses, et également d'autres organismes d'expertise, devront être revues si des données épidémiologiques ou virologiques nouvelles sont de nature à les modifier. L'Agence recommande donc de renforcer les surveillances passive (événementielle) et active (programmée) chez le porc et l'être humain ainsi que la collaboration et les échanges permanents d'information entre scientifiques et acteurs professionnels des deux secteurs (aux niveaux local, national, et également à l'échelle européenne et internationale). Au niveau local, cela permettra d'accroître la réactivité de détection des situations nouvelles, par exemple et sous réserve de ressources suffisantes, par une extension ciblée du protocole SAGA pour la grippe aviaire défini conjointement par Santé publique France, l'Anses, la DGS et la DGAL et mis en œuvre par Santé publique France avec le concours des Agences régionales de santé, du CNR Virus respiratoires, de la DGAL et des DDPP concernées. Au niveau national et international, cela permettra d'étudier de concert les souches virales pour identifier l'apparition de réassortants, et d'actualiser le risque représenté par les swIAV pour la santé publique humaine et animale.

En particulier, des travaux de recherche restent nécessaires afin d'identifier des critères pour évaluer le potentiel épidémique et/ou pandémique de ces virus et acquérir des connaissances sur les conditions de passage des barrières d'espèces. En effet, ces virus ont la possibilité d'infecter de nombreuses espèces animales de mammifères mais également d'oiseaux dont la dinde, particulièrement sensible. La plus grande vigilance reste donc nécessaire pour identifier au plus tôt une émergence de virus influenza de type A (IAV) issu de réassortiments le rendant zoonotique et capable de transmission inter-humaine.

Pr Benoît Vallet

MOTS-CLÉS

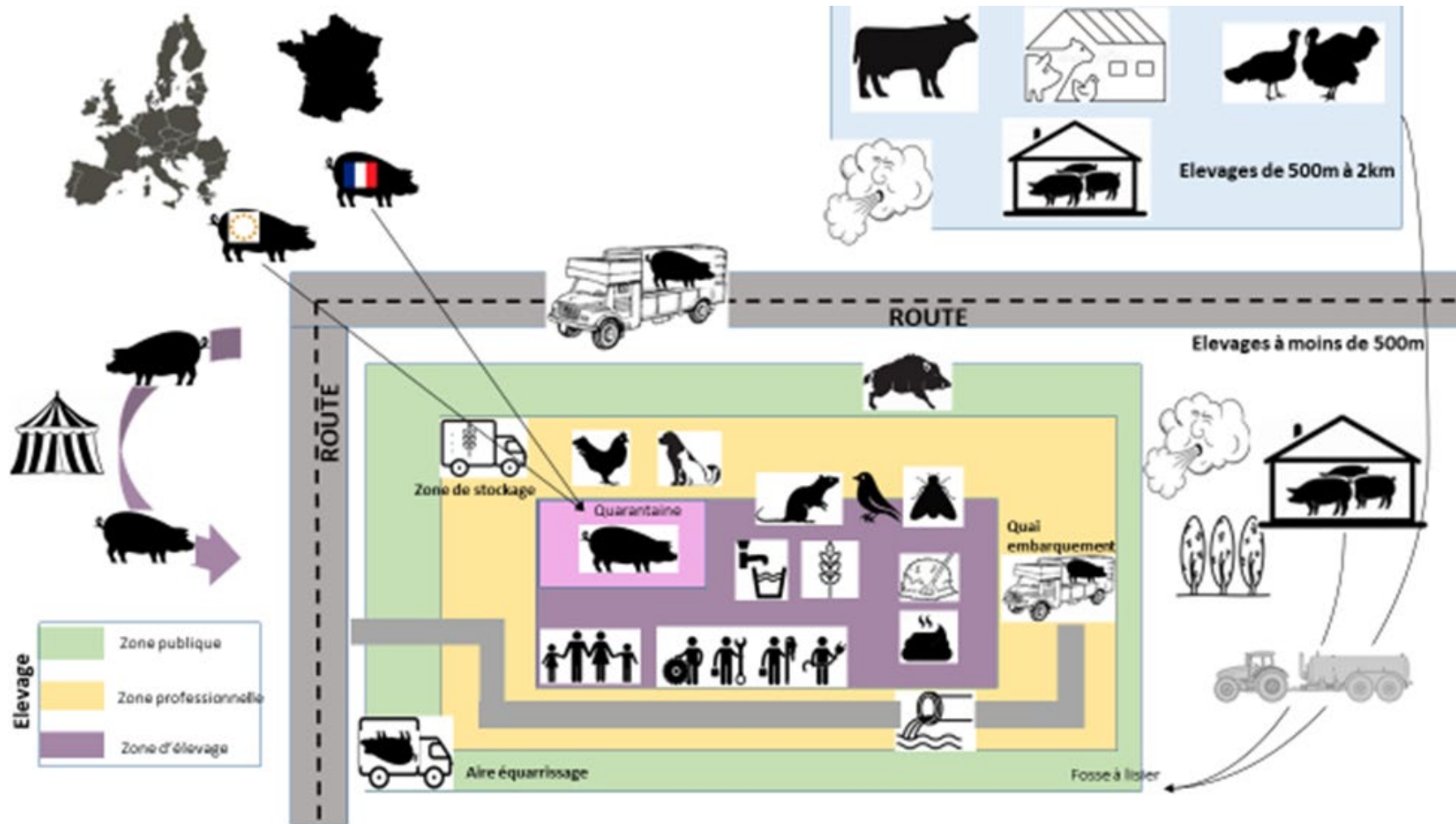
Grippe porcine, grippe zoonotique, virus influenza porcine de type A, persistance, transmission aéroportée, transmission inter espèces, réassortiment

Swine flu, zoonotic influenza, swIAV, persistance, airborne transmission, inter-species transmission, reassortment

CITATION SUGGÉRÉE

Anses. (2024). Demande d'avis relatif à l'évaluation des risques pour la santé publique et la santé animale liés à la transmission inter-espèces (être humain-animal et animal/être humain) des virus influenza en élevage porcine et les mesures de surveillance et de prévention à mettre en œuvre. (Saisine 2021-SA-0195). Maisons-Alfort : Anses, 31 p.

ANNEXE 1 SCHEMA EVENEMENTIEL LISTANT LES PRINCIPALES SOURCES D'INTRODUCTION D'IAV EN ELEVAGE DE PORCS



ANNEXE 2 ELEMENTS REVISES

Les éléments surlignés en gris ont été ajoutés/modifiés.

4 Conclusion et recommandations de l'Agence.

Page 27

Les êtres humains sont également une source de forte probabilité d'introduction d'I^{AV} dans les élevages porcins. Ces I^{AV} peuvent être d'origine porcine, les êtres humains étant eux-mêmes sensibles aux swI^{AV}.

Demande d'avis relatif à l'évaluation des risques pour la santé publique et la santé animale liés à la transmission inter-espèces (être humain-animal et animal-être humain) des virus influenza en élevage porcin et les mesures de surveillance et de prévention à mettre en œuvre

Saisine « n° 2021-SA-0195 Grippe Porcine »

**RAPPORT
d'expertise collective***

« CES Santé et Bien-Etre des animaux »

« GT Grippe Porcine »

Novembre 2024

***Annule et remplace le rapport de juillet 2024.
Les révisions apparaissent en Annexe 27 du présent rapport.**

Citation suggérée

Anses. (2024). Demande d'avis relatif à l'évaluation des risques pour la santé publique et la santé animale liés à la transmission inter-espèces (être humain-animal et animal/être humain) des virus influenza en élevage porcin et les mesures de surveillance et de prévention à mettre en œuvre. (Saisine 2021-SA-0195). Maisons-Alfort : Anses, 306 p.

Mots clés

Grippe porcine, grippe zoonotique, virus influenza porcin de type A, persistance, transmission aéroportée, transmission inter espèces, réassortiment

Swine flu, zoonotic influenza, swlAV, persistence, airborne transmission, inter-species transmission, reassortment

Présentation des intervenants

PRÉAMBULE : Les experts membres de comités d'experts spécialisés, de groupes de travail ou désignés rapporteurs sont tous nommés à titre personnel, intuitu personae, et ne représentent pas leur organisme d'appartenance.

GROUPE DE TRAVAIL (GT GRIPPE PORCINE)

Président

Mme Catherine BELLOC – Professeure, VetAgroBio Oniris Nantes – infectiologie, approche intégrée, porc, médecine vétérinaire

Membres

Mme Sibylle BERNARD-STOECKLIN – Epidémiologiste, Santé Publique France – épidémiologie, surveillance grippe

Mme Nadia HADDAD – Professeure, ENVA – infectiologie, zoonoses, évaluation du risque

Mme Fanny RENOIS – Maître de conférences, VetAgroBio Oniris Nantes, GREMIP FMV Université Montréal Canada – virologie, maladies respiratoires du porc, zoonoses

M. Nicolas ROSE – Chef d'unité et directeur adjoint du laboratoire Anses Ploufragan Plouzané Niort, Anses Ploufragan Plouzané Niort – virologie influenza, épidémiologie quantitative, modélisation

M. Claude SAEGERMAN – Professeur, Université de Liège – épidémiologie, évaluation quantitative des risques, modélisation, biosécurité

Mme Gaëlle SIMON – Cheffe d'unité et responsable du LNR Influenza Porcin, Anses Ploufragan-Plouzané-Niort – virologie influenza, épidémiologie, transmission inter-espèces virus influenza

M. Claudio TROMBANI – Vétérinaire – vétérinaire praticien, spécialiste de la filière porcine

RAPPORTEURS

M. Mathieu ANDRAUD – Unité EPISABE, Laboratoire Anses Ploufragan-Plouzané-Niort + épidémiologie quantitative, modélisation

Mme Séverine BOULLIER – Professeur, École Nationale Vétérinaire de Toulouse – Immunologie, vaccinologie

COMITÉ D'EXPERTS SPÉCIALISÉ

Les travaux, objets du présent rapport ont été suivis et adoptés par le CES suivant :

- CES Santé et Bien-Etre des Animaux – 2 juillet 2024

Président

M. Gilles MEYER – Professeur, ENVN + virologie, immunologie, vaccinologie

Membres

M. Xavier BAILLY – Ingénieur de Recherche, INRAE Saint Genes Champanelle - Épidémiologie moléculaire, écologie de la santé, épidémiologie-surveillance, modélisation, bactériologie

Mme Catherine BELLOC – Professeur, Oniris - École Vétérinaire de Nantes - Infectiologie, approche intégrée de la santé animale, maladies des monogastriques

M. Stéphane BERTAGNOLI – Professeur, École Nationale Vétérinaire de Toulouse - Virologie, immunologie, vaccination, maladies des lagomorphes

M. Alain BOISSY – Directeur de Recherche INRAE Clermont-Ferrand – Theix - Bien-être animal

Mme Séverine BOULLIER – Professeur, École Nationale Vétérinaire de Toulouse – Immunologie, vaccinologie

M. Henri-Jean BOULOUIS – Retraité, École Nationale Vétérinaire d'Alfort - Bactériologie, diagnostic de laboratoire, immunologie, vaccinologie

M. Eric CARDINALE – Directeur Adjoint UMR Astre, CIRAD Montpellier - Épidémiologie, Microbiologie, zoonoses, maladies infectieuses, AMR, *One Health*

Mme Aurélie COURCOUL – Directrice de la Recherche et des Etudes Doctorales, Oniris - École Nationale Vétérinaire de Nantes - Épidémiologie, appréciation des risques (modélisation), réglementation

Mme Alice DE BOYER DES ROCHES – Professeur, VetAgro Sup - Bien-être animal, animaux de rente, douleur, comportement, zootechnie

Mme Barbara DUFOUR – Professeur émérite, École Nationale Vétérinaire d'Alfort - Épidémiologie, maladies infectieuses, analyse du risque, zoonoses, lutte collective

M. Veasna DUONG – Chef d'unité de virologie, Institut Pasteur du Cambodge - Virus émergents, zoonoses, diagnostic moléculaire et sérologique, enquête épidémiologique, maladies vectorielles, *One Health*, Asie

Mme Emmanuelle GILOT-FROMONT – Professeur, VetAgro Sup – Épidémiologie quantitative, évaluation de risque, interface faune sauvage-animaux domestiques, maladies réglementées

M. Etienne GIRAUD – Chargé de recherche, INRAE Toulouse – Microbiologie, antibiotiques, antibiorésistance, environnement, écologie microbienne

M. Lionel GRISOT – Vétérinaire praticien - Médecine vétérinaire, médicament vétérinaire, maladies des ruminants

Mme Claire GUINAT – Chargée de Recherche, INRAE Toulouse - Épidémiologie, génétique (analyses phylodynamiques), maladies infectieuses

Mme Nadia HADDAD – Professeur, École Nationale Vétérinaire d'Alfort - Infectiologie, maladies réglementées, zoonoses

Mme Elsa JOURDAIN – Chargée de recherche, INRAE Clermont-Auvergne-Rhône-Alpes-Zoonoses, épidémiologie, interface faune sauvage-animaux domestiques

M. Hervé JUIN – Ingénieur de recherches, INRAE Centre Poitou-Charentes – Bien-être animal, physiologie et nutrition des volailles

Mme Sophie LE BOUQUIN – LE NEVEU – Cheffe d'Unité Adjointe, Unité Épidémiologie, Santé et Bien-Etre, Anses Ploufragan-Plouzané-Niort - Épidémiologie, évaluation de risque, approche intégrée de la santé animale

Mme Caroline LE MARÉCHAL – Chargée de projet - Responsable LNR Botulisme aviaire, Unité HQPAP, Anses Ploufragan-Plouzané-Niort - Bactériologie, diagnostic de laboratoire, zoonose, botulisme aviaire, clostridies

Mme Sophie LE PODER – Maître de conférences, École Nationale Vétérinaire d'Alfort - virologie, immunologie, vaccinologie

M. Yves MILLEMANN – Professeur, École Nationale Vétérinaire d'Alfort – Pathologie des ruminants, infectiologie, antibiorésistance, médicament vétérinaire

M. Pierre MORMÈDE – Directeur de recherche émérite INRAE - Bien-être animal, stress

Mme Carole PEROZ – Maître de conférences, VetAgro Sup – Infectiologie, maladies réglementées, approche intégrée de la santé animale

Mme Claire PONSART – Chef de l'unité des zoonoses bactériennes, Laboratoire de Santé Animale, Anses Maisons-Alfort - Bactériologie, zoonoses, diagnostic de laboratoire

Mme Céline RICHOMME – Chargée de projets scientifiques, Anses-Laboratoire de la rage et la faune sauvage de Nancy – Épidémiologie, faune sauvage, interface faune sauvage-animaux domestiques, écologie

M. Claude SAEGERMAN – Professeur, Faculté de Médecine vétérinaire de l'Université de Liège - Épidémiologie, évaluation de risque et biosécurité

M. Jean-François VALARCHER – Professeur, Swedish university of agricultural sciences (SLU) – Pathologie des ruminants, infectiologie, Immunologie, épidémiologie

Mme Isabelle VALLÉE – Chef de l'unité BIPAR, Responsable LNR Parasites transmis par les aliments, Anses Maisons-Alfort – Parasitologie, zoonoses, immunologie, diagnostic

Mme Agnès WARET-SZKUTA – Maître de conférences, École Nationale Vétérinaire de Toulouse – Pathologie porcine, épidémiologie

Mme Natacha WORONOFF-REHN – Directrice, laboratoire vétérinaire départemental du Doubs – Infectiologie, parasitologie immunologie, biologie moléculaire, diagnostic

PARTICIPATION ANSES

Coordination scientifique

Mme Justine CORRE – Coordinatrice scientifique – Anses, DER Unité d'évaluation des risques liés au bien-être, à la santé et à l'alimentation des animaux, et aux vecteurs

Mme Florence ÉTORÉ – Cheffe d'unité – Anses, DER Unité d'évaluation des risques liés au bien-être, à la santé et à l'alimentation des animaux, et aux vecteurs

Secrétariat administratif

M. Régis MOLINET – Anses

AUDITION DE PERSONNALITÉS EXTÉRIEURES

Direction Générale de l'Alimentation (DGAL)

Mme Marie-Bénédicte PEYRAT – Cheffe du bureau de la santé animale, DGAL

M Sébastien WENDLING – Chargé d'études, bureau de la santé animale, DGAL

M. Guillaume GERBIER – Personne ressource nationale police sanitaire/plan d'urgence. En charge du suivi de la peste porcine africaine depuis 2018, DGAL

Direction Générale de la Santé (DGS)

M. Bruno VION – sous-direction veille et sécurité sanitaire, bureau des risques infectieux émergents et des vigilances

Institut Technique du Porc (IFIP)

M. Patrick CHEVILLON – Chef de projet, spécialiste sur la thématique du transport et le l'abattage-découpe, IFIP

Mme Gwendoline HERVE – Vétérinaire, référente en santé animale, biosécurité et bien-être animal en élevage de porcs, IFIP

M. Johan THOMAS – Ingénieur d'étude, expert en conception de bâtiments d'élevage porcins, IFIP

Chambres d'agriculture de Bretagne

Mme Caroline DEPOUDENT – Chargée d'études, Chambres d'agriculture de Bretagne

Interprofession Nationale Porcine (INAPORC) / Association Nationale Sanitaire Porcine (ANSP)

Mme Mylène PETIT – Responsable sanitaire filière porcine/Responsable ANSP, INAPORC

Agence Nationale de Sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses)

Mme Céline DUPUY – Coordinatrice Plateforme Epidémiologie santé animale (ESA), Anses

Clinique Vet Flandres

M. Olivier TOULOUSE – Docteur vétérinaire, Clinique Vet Flandres - Hazebrouck

Centre National de Référence Virus des infections respiratoires (dont la grippe et le SARS-CoV-2), Hospices Civils de Lyon

M. Bruno LINA – Virologue, Responsable du CNR

Institut Pierre Louis de Santé Publique (IPLESP), Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale (INSERM) Sorbonne Université, Faculté de médecine Sorbonne Université

M. Thierry BLANCHON – Co responsable du réseau Sentinelles, IPLEPS-INSERM

Centre Hospitalier Universitaire (CHU) de RENNES – Service de maladies infectieuses et réanimations médicales

M. Jean-Marc CHAPPLAIN – Infectiologue, membre de la Coordination Opérationnelle Risque Epidémique et Biologique (COREB), CHU Rennes

CONTRIBUTIONS EXTÉRIEURES AU COLLECTIF

Mise à disposition de données

M. Thomas LEMOINE – BDPORC

Mme Mylène PETIT – INAPORC / ANSP

Mme Axelle SCOIZEC – Anses, Unité EPISABE, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort

Mme Agnès GIRAUD – TRACES

Mme Gwenael PERON – TRACES

Elicitation d'experts

Voir Annexe 5.....

SOMMAIRE

Présentation des intervenants	3
Sigles et abréviations	13
Liste des tableaux	15
Liste des figures	18
1 Contexte, objet et modalités de réalisation de l'expertise	21
1.1 Contexte	21
1.2 Objet de la saisine	22
1.3 Modalités de réalisation de l'expertise	24
1.3.1 Organisation de l'expertise	24
1.3.2 Moyens mis en œuvre	24
1.4 Prévention des risques de conflits d'intérêts	28
2 L'élevage porcin en France	29
2.1 La filière porcine en France	29
2.2 La conduite en élevage de porcs	31
2.2.1 Conduite de l'élevage	32
2.2.2 Principes de la conduite en bandes	33
2.3 La gestion des conditions bioclimatiques en élevage de porcs	36
2.3.1 Gestion de la ventilation.....	36
2.3.2 Gestion du chauffage.....	38
3 Les mesures de biosécurité préconisées dans les élevages porcins en France 40	
3.1 Le concept de biosécurité	40
3.2 Les mesures de biosécurité applicables en élevage vis-à-vis d'une maladie infectieuse.....	40
3.2.1 Biosécurité externe	40
3.2.2 Biosécurité interne	42
3.3 Évaluation de la biosécurité en élevage.....	43
3.4 Mise en place de plans de biosécurité	44
3.4.1 Le contexte réglementaire	44
3.4.2 Observance	44
4 Les virus influenza porcins de type A	46
4.1 Origines et évolutions des virus influenza porcins de type A.....	46
4.2 Virus influenza porcins identifiés en Europe et en France depuis la pandémie de 2009 49	
4.2.1 SwIAV en Europe	49
4.2.2 SwIAV en France.....	51

4.3	Epidémiologie de la grippe chez le porc.....	52
4.3.1	Epidémiologie descriptive de l'infection par les virus influenza porcins dans la population porcine	52
4.3.2	Expression clinique et voies de transmission	53
4.3.3	Les formes épidémiologiques de la grippe en élevage porcin : la grippe dite « classique » et la forme dite « récurrente » à l'échelle du troupeau.....	56
4.3.4	Facteurs de risque d'infection des élevages et de persistance des virus influenza porcins	57
4.3.5	Les outils disponibles pour la maîtrise de la persistance enzootique des virus influenza en élevage	57
4.4	Risque que les swIAV circulant en France deviennent panzootiques.....	61
5	Transmission inter-espèces des swIAV	62
5.1	Voies de transmission des swIAV du porc vers les autres espèces animales dont l'être humain	62
5.2	Transmission des swIAV aux sangliers et autres porcs sauvages	63
5.3	Transmission des swIAV aux oiseaux domestiques.....	66
5.4	Transmission des swIAV à d'autres espèces animales mammifères.....	67
5.5	Transmission des swIAV à l'être humain	68
5.5.1	Etat des connaissances sur la transmission des swIAV à l'être humain avant la pandémie grippale de 2009	68
5.5.2	Emergence d'un virus influenza pandémique d'origine porcine en 2009	69
5.5.3	Description des cas de transmission de swIAV à l'être humain depuis la pandémie de 2009	70
5.5.4	Fréquence de survenue des cas de grippe humaine d'origine porcine.....	73
5.5.5	Facteurs conduisant à l'émergence d'un swIAV zoonotique voire pandémique	74
6	Description des systèmes de surveillance de la grippe chez le porc et chez l'être humain	83
6.1	Surveillance des swIAV chez le porc	83
6.1.1	Surveillance en France	83
6.1.2	Surveillance en Europe.....	85
6.2	Surveillance des virus de la grippe chez l'être humain	86
6.2.1	Surveillance en France	86
6.2.2	Surveillance en Europe.....	90
7	Introduction d'un virus influenza de type A dans un élevage porcin.....	92
7.1	Sources d'introduction de virus influenza A dans une exploitation porcine.....	92
7.2	Les mesures de biosécurité externe mobilisables pour prévenir ou limiter l'introduction d'un IAV98	
7.3	Modèles développés pour évaluer la probabilité d'introduction d'un IAV dans un élevage porcin.....	102

7.3.1	Introduction d'un virus influenza A dans un élevage porcin par le biais de porcs vivants infectés	103
7.3.2	Introduction d'un virus influenza A dans un élevage porcin par le biais d'êtres humains	129
7.3.3	Introduction d'un virus influenza A dans un élevage porcin par le biais des autres sources classées prioritaires	134
8	Persistance d'un virus influenza A dans un élevage porcin.....	136
8.1	Schéma évènementiel	136
8.2	Modèle développé	138
8.2.1	Éléments de contexte	138
8.2.2	Matériel et méthodes	138
8.3	Conclusion.....	144
9	Transmission à l'être humain d'un virus influenza circulant chez le porc en France	145
9.1	Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un virus influenza porcin présentant un caractère zoonotique et/ou pandémique marqué.....	145
9.1.1	Probabilité que les virus porcins français deviennent zoonotiques.....	145
9.1.2	Probabilité que les virus porcins français ou qui viennent d'être introduits en France deviennent épidémiques voire pandémiques.....	146
9.2	Evaluation de la probabilité de transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain	148
9.3	Conclusion.....	152
10	Incertitudes	154
11	Réponses aux questions de la saisine.....	162
11.1	Probabilité d'introduction de virus influenza dans les élevages porcins.....	162
11.2	Persistance d'un ou plusieurs virus influenza A dans un élevage de porcs.....	166
11.3	Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un virus influenza porcin présentant un caractère panzootique, zoonotique et/ou pandémique marqué.	167
11.4	Probabilité de transmission de swIAV aux êtres humains	169
11.5	Recommandations visant à renforcer la capacité de détection précoce des souches à caractère panzootique, zoonotique et/ou pandémique marqué.....	171
12	Conclusion	176
13	Bibliographie.....	177
13.1	Publications	177
13.2	Normes.....	198
13.3	Législation et réglementation	199
Annexe 1 : Lettre de saisine		201
Annexe 2 : Recherches Scopus®.....		204

Annexe 3 : Grille de lecture analyse bibliographique	206
Annexe 4 : Diagramme Prisma	208
Annexe 5 : Méthodologie de l'élicitation d'experts	209
Annexe 6 : Enquêtes relatives à l'infection de sangliers ou de cochons sauvages par des virus influenza de type A (IAV), publiées depuis 2009.....	212
Annexe 7 : Logigramme des principaux marqueurs des IAV aviaires identifiés comme (potentiellement) associés à une adaptation aux mammifères.....	217
Annexe 8 : Description des systèmes de surveillance de la grippe chez le porc sur le continent américain	219
Annexe 9 : Description des systèmes de surveillance de la grippe chez les humains sur le continent américain.....	221
Annexe 10 : Niveau d'incertitude attribué par les 32 experts concernant la contribution de chaque source d'introduction du virus influenza A dans un élevage porcin en France	223
Annexe 11 : Arbre de régression.....	224
Annexe 12 : Liste des mesures de biosécurité mobilisables en regard des principales sources d'introduction d'un virus influenza de type A (source : audit Pig Connect)..	225
Annexe 13 : Outil biosécurité	230
Annexe 14 : Découpage de la France en quatre grandes régions géographiques	232
Annexe 15 : Qualificatifs des probabilités pour l'estimation qualitative du risque	233
Annexe 16 : Analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de cochettes	234
Annexe 17 : Analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de porcelets de 8kg	236
Annexe 18 : Analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de porcelets de 25kg	238
Annexe 19 : Echanges de porcs avec les pays de l'Union Européenne (données TRACES 2017-2021)	240
Annexe 20 : Profils de risque des différents intervenants en élevage porcin.....	241
Annexe 21 : Renouvellement d'air des bâtiments en élevage de porcs	244
Annexe 22 : Résultats de la modélisation pour la transmission d'IAV de l'être humain au porc	245
Annexe 23 : Exemples de simulations pour le modèle des swIAV en élevage	285
Annexe 24 : Exercice TIPRA	287
Annexe 25 : Méthode d'estimation du nombre de copies de gène M de virus influenza porcin présentes dans des prélèvements d'air	289
Annexe 26 : Nombres d'itérations aboutissant à l'infection d'un être humain et pourcentages correspondants selon les différents scénarios envisagés par les experts	292

Sigles et abréviations

Adilva : Association française des Directeurs et cadres de Laboratoires Vétérinaires publics d'Analyses

AMM : autorisation de mise sur le marché

Anses : Agence Nationale de Sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail

ANSP : Association nationale sanitaire porcine

AS : acides sialiques

AST : appui scientifique et technique

CDC : *Centers for Diseases Control and Prevention*

CES : comité d'experts spécialisés

CHU : centre hospitalier universitaire

CNR : Centre national de référence

COREB : Coordination Opérationnelle Risque Epidémique et Biologique

DGAL : Direction Générale de l'Alimentation

DGS : Direction Générale de la Santé

EFSA : *European food safety authority* - Autorité européenne de sécurité des aliments

ENVA : École Nationale Vétérinaire d'Alfort

ENVT : École Nationale Vétérinaire de Toulouse

EPI : équipements de protection individuelle

EPISABE : Epidémiologie Santé et Bien-être

ESA : épidémiologie en santé animale

FAO: *Food and Agriculture Organisation* – organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture

GDS : groupement de défense sanitaire

GSVIP : groupe de suivi virus influenza porcins

GT : groupe de travail

HA : hémagglutinine

HAS : Haute Autorité de Santé

HCSP : Haut Conseil de Santé Publique

HID₅₀ : dose infectant 50 % des humains – *Human infectious dose*

IAHP : influenza aviaire hautement pathogène

IAV : influenza A virus – *Alphainfluenzavirus*

IFIP : Institut technique du porc

INAPORC : Interprofession Nationale Porcine

INSERM : Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale

IPLESP : Institut Pierre Louis de Santé Publique

IRA : infection respiratoire aiguë

IRAT : *Influenza risk assessment too*

LCA : La Coopération Agricole

LNR : Laboratoire National de Référence

LNR-IP : Laboratoire National de Référence influenza porcin

NA : neuraminidase

OFFLU : réseau OMSA/FAO pour les virus influenza animaux

OMS : Organisation Mondiale de la Santé

OMSA : Organisation Mondiale de la Santé Animale

PIRM : *Pandemic Influenza Risk Management*

RCP : résumé des caractéristiques du produit

Résavip : Réseau national de surveillance des virus influenza porcins

SABA : santé et bien-être des animaux

SNGTV : Société nationale des groupements techniques vétérinaires

SPF : Santé Publique France

swIAV : *swine influenza A virus* – virus influenza A porcin

TEC : tonne équivalent carcasse

TIPRA : *Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment*

TRACE - NT : *TRAdE Control and Expert System New Technology* - Système expert de contrôle des échanges

USDA : *United States Department of Agriculture* - Département de l'Agriculture des États-Unis

VIP : Virologie Immunologie Porcines

Liste des tableaux

Tableau 1 : exemple des différentes modalités de conduite en bande.....	34
Tableau 2 : durée des différentes phases du cycle reproductif des truies en fonction de l'âge du sevrage	34
Tableau 3 : exemple d'occupation des différentes salles de l'élevage dans le cas d'une conduite 7 bandes sur 28 jours (Chambre régionale d'agriculture de Bretagne 2010)	36
Tableau 4 : Origines des différents segments génomiques du virus H1N1pdm09	78
Tableau 5 : Liste des sources d'introduction possibles d'un virus influenza de type A dans une exploitation porcine	94
Tableau 6 : Sélection et hiérarchisation des douze sources de très haute et haute priorité d'introduction d'IAV dans un élevage porcin en France	97
Tableau 7 : Probabilités prises en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de cochettes infectées en provenance du NO.....	104
Tableau 8 : Paramètres initiaux pris en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de cochettes infectées en provenance du NO	105
Tableau 9 : Estimation des probabilités P6 et P7 dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de cochettes infectées en provenance du NO	105
Tableau 10 : Argumentation pour l'estimation des probabilités P1 à P5 pour les cochettes	106
Tableau 11 : Paramètres d'entrée du modèle d'analyse de la probabilité d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de cochettes en provenance du NO.....	108
Tableau 12 : Estimation des probabilités P1 et P2 pour les cochettes, en fonction de leur provenance	110
Tableau 13 : Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P6 et P7 (probabilité moyenne, écart type et médiane).....	112
Tableau 14 : Résultats des simulations permettant d'estimer la probabilité P7 lors de changement de provenance des animaux introduits.....	113
Tableau 15 Probabilités prises en compte dans le risque d'introduction d'un virus influenza en élevage porcin par le biais de porcelets de 8kg infectés en provenance du NO	114
Tableau 16: Paramètres initiaux pris en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de porcelets de 8kg infectés en provenance du NO	114
Tableau 17 : Estimation des probabilités P6 et P7 dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de porcelets de 8 kg infectées en provenance du NO.....	115
Tableau 18: Argumentation ayant permis d'estimer les probabilités P1 à P5 pour les porcelets de 8 kg	115
Tableau 19: Paramètres d'entrée du modèle d'analyse du risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de porcelets de 8 kg en provenance du NO.....	117
Tableau 20 : Estimation des probabilités P1 et P2 pour les porcelets de 8kg en fonction de leur provenance	118
Tableau 21 : Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P6 et P7 relative aux porcelets de 8 kg (probabilité moyenne, écart type et médiane)	119

Tableau 22 : Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P7 relatives aux porcelets de 8kg, avec changement de provenance.....	120
Tableau 23 Probabilités prises en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de porcelets de 25 kg infectés en provenance du NO.....	121
Tableau 24: Paramètres initiaux pris en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de porcelets de 25 kg infectés en provenance du NO.....	121
Tableau 25. Probabilité que des animaux/lots contagieux introduits en provenant du NO transmettent un swIAV aux animaux de destination	122
Tableau 26: Argumentation ayant permis d'estimer les probabilités P1 à P5 concernant des porcelets de 25 kg.....	122
Tableau 27: Paramètres d'entrée du modèle d'analyse du risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de porcelets de 25 kg en provenance du NO.....	124
Tableau 28 : Estimation des probabilités P1 et P2 pour les porcelets de 25kg en fonction de leur provenance.....	125
Tableau 29: Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P6 et P7 relative aux porcelets de 25 kg (probabilité moyenne, écart type et médiane)	126
Tableau 30 : Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P7 relatives aux changements de provenance des animaux	127
Tableau 31 : Paramètres utilisés dans le modèle épidémiologique.....	141
Tableau 32 : Principales incertitudes recensées dans le travail d'expertise	155
Tableau 33 : grille de lecture	206
Tableau 34 Résultats des enquêtes relatives à l'infection de sangliers ou de cochons sauvages par des IAV depuis 2009	212
Tableau 35 : Liste des mesures de biosécurité.....	225
Tableau 36 : Valeurs chiffrées proposées par chaque qualificatif de probabilité et correspondance avec les valeurs ordinales (Afssa 2008).....	233
Tableau 37 : scores attribués aux différents intervenants en élevage porcin en fonction des facteurs pouvant influencer la transmission d'un IAV de l'être humain.....	243
Tableau 38 : Estimation du temps nécessaires pour renouveler l'air des bâtiments d'un élevage de porcs (d'après EVEL'UP)	244
Tableau 39 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H1N1pdm09 de l'être humain au porc et exprimés en nombre d'infections pour 1000 itérations et en pourcentage d'itérations correspondant à une infection	245
Tableau 40 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H3N2 (souches proches de la souche vaccinale de référence) de l'être humain au porc et exprimés en nombre d'infections pour 1000 itérations	253
Tableau 41 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H3N2 (souches proches de la souche vaccinale de référence) de l'être humain au porc et exprimés en pourcentage d'infection réussie	261

Tableau 42 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H3N2 (souches distantes de la souche vaccinale de référence) de l'être humain au porc et exprimés en nombre d'infections pour 1000 itérations	269
Tableau 43 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H3N2 (souches distantes de la souche vaccinale de référence) de l'être humain au porc et exprimés en pourcentage d'infection réussie	277
Tableau 44 : Nombres d'itérations (sur un total de 1000) aboutissant à l'infection d'un être humain et pourcentages correspondants selon les différents scénarios envisagés par les experts	292

Liste des figures

Figure 1 : carte de France du cheptel porcin (source : Agreste - statistique agricole annuelle 2019).....	29
Figure 2 : structure de l'élevage porcin en France.....	31
Figure 3 : représentation schématique du flux des animaux dans un élevage de porcs de type naisseur-engraisseur.....	32
Figure 4: Schéma résumant la conduite du naissage (source IFIP).....	33
Figure 5 : répartition des conduites en bandes selon la taille de l'élevage (source Terra, 2015).....	34
Figure 6 : schéma de la conduite du naissage en sept bandes (B) avec un sevrage à 28 jours, avec le cycle de chaque bande en semaines avec la mise-bas (MB), le sevrage (Se) et l'insémination (IA) ; dans le carré rouge : l'organisation du travail, basée sur une rotation de trois semaines. En ligne les numéros de bande et en colonne les numéros des semaines calendaires.....	35
Figure 7 : schéma de la conduite du post-sevrage (PS) et de l'engraissement (ENG) en conduite sept bandes (b) avec sevrage (sev) 28 jours, avec en bande de couleur la durée d'occupation des salles par chaque bande d'animaux en semaines. Les ronds rouges représentent l'exemple de la durée de présence en post-sevrage et engraissement de la bande 1 (jaune), d'abord dans la salle PS 1 puis en dans la salle ENG 1. En ligne les numéros des salles et en colonne les numéros des semaines calendaires.....	35
Figure 8: schéma de circulation de l'air (flèches rouges) en salle d'élevage (source : CLIMABAT).....	36
Figure 9 : la température ressentie par le porc dépend du type de sol (conduction), de la vitesse de l'air (convection) et de la température des parois (rayonnement) (source : porcisanté IFIP 2019).....	37
Figure 10 : zone de confort thermique (entre les lignes bleues) et recommandations de températures de consigne du boîtier de ventilation (source : porcisanté IFIP 2019).....	37
Figure 11 : sectorisation de l'élevage (source : fiche biosécurité IFIP).....	42
Figure 12 : origine et diversité génétique des virus influenza A identifiés chez le porc en Europe depuis 2009. A. Virus influenza A porcins enzootiques. B. Exemples de virus influenza A porcins réassortants ou variants sporadiques (Simon, 2021 <i>Recueil Journées Nationales des Groupements techniques Vétérinaires</i> , pp453-460).....	50
Figure 13 Schéma évènementiel des sources d'introduction d'IAV dans un élevage porcin .	93
Figure 14 : Importance relative des différentes sources d'introduction d'un IAV dans un élevage porcin, classées par ordre décroissant (moyenne des estimations des experts)	96
Figure 15 : Distribution du niveau médian d'incertitude attribué par les experts pour les 40 sources d'introduction d'IAV dans une exploitation porcine.	98
Figure 16 : Mesures de biosécurité mobilisables pour limiter/éviter l'introduction d'IAV en élevage porcin (source audit Pig Connect)	101
Figure 17. Succession d'évènements à prendre en compte dans le cadre du modèle pour la transmission aéroportée du IAV H1N1pdm09 ou du IAV H3N2 de l'être humain au porc ...	130

Figure 18 : Schéma évènementiel des différents facteurs favorisant la persistance d'IAV au sein d'un élevage de porcs.....	137
Figure 19 : Représentation des trois configurations d'élevage naisseur-engraisseur utilisées dans le modèle de persistance (représentation des mouvements d'animaux et du positionnement des entrées). Dans les configurations B et C, les sorties d'air ne sont pas représentées car la problématique n'est pas liée aux sorties d'air du bâtiment qui sont en toiture donc non exposantes mais à la présence de couloirs partagés entre plusieurs compartiments au sein d'un même bloc.	140
Figure 20 : Représentation schématique du modèle épidémiologique à compartiments utilisé pour étudier la persistance intra-troupeau des swIAV.....	140
Figure 21 : Dynamiques d'infection observées selon les configurations représentées et les hypothèses de transmission par voie aéroportée (n=100 simulations par scénarios).....	143
Figure 22 : Schéma illustrant la chaîne des différents événements à prendre en compte dans le cadre du modèle pouvant conduire à la transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain	149
Figure 23 : mots clés utilisés pour les différentes recherches bibliographiques	204
Figure 24 : Gedda M. (2015). Traduction française des lignes directrices PRISMA pour l'écriture et la lecture des revues systématiques et des méta-analyses. <i>Kinésithérapie</i> 15(208)	
Figure 25 : Logigramme des principaux marqueurs des IAV aviaires identifiés comme (potentiellement) associés à une adaptation aux mammifères.....	217
Figure 26 : Niveau d'incertitude attribué par les 32 experts concernant la contribution de chaque source d'introduction du virus influenza A dans un élevage porcin en France.....	223
Figure 27 : Arbre de régression	224
Figure 28 : Exemples de sorties/résultats du modèle	230
Figure 29 : Mode d'emploi pour compléter le fichier Excel®	231
Figure 30 : Découpage de la France hexagonale en quatre grandes régions géographiques. NO = Nord-Ouest, NE = Nord-Est ; SO = Sud-Ouest, SE = Sud-Est	232
Figure 31 : Distribution de probabilité et analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de cochettes non vaccinées en provenance du NO de la France dans un élevage NE breton en bâtiment fermé contenant environ 200 truies vaccinées	235
Figure 32 Distribution de probabilité et analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de porcelet de 8 kg en provenance du quart NO de la France dans un élevage naisseur engraisseur breton en bâtiment fermé contenant environ 200 truies vaccinées.....	237
Figure 33 Distribution de probabilité et analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de porcelet de 25 kg en provenance du Nord-Ouest de la France dans un élevage naisseur engraisseur breton en bâtiment fermé contenant environ 200 truies vaccinées.....	239
Figure 34 Nombre d'animaux et de lots de reproducteurs introduits sur le territoire national en provenance de pays membres de l'UE, par région (Exploitation données TRACES - Fichier 2017-2021 (hors Nov-Dec 2021), onglet « Elevage » : fourniture de porcs reproducteurs ou de porcs non destinés à l'abattage ou à l'engraissement)	240

Figure 35 Nombre d'animaux et de lots de porcs destinés à l'engraissement introduits sur le territoire national en provenance de pays membres de l'UE, par région (Exploitation données TRACES - Fichier 2017-2021 (hors Nov-Dec 2021), onglet « Production » : fourniture d'animaux pour engraissement.....	240
Figure 36 : Exemple de simulations illustrant les nombres d'animaux infectés dans les différents secteurs de l'élevage (gestante, maternité, post-sevrage, engraissement) selon l'hypothèse de transmission aéroportée continue.....	285
Figure 37 Exemple de simulations illustrant les nombres d'animaux infectés dans les différents secteurs de l'élevage (gestante, maternité, post-sevrage, engraissement) selon l'hypothèse de transmission aéroportée ponctuelle.....	286

1 Contexte, objet et modalités de réalisation de l'expertise

1.1 Contexte

Préambule:

À la date de rédaction de ce rapport, quatre genres d'influenzavirus sont distingués au sein de la famille des *Orthomyxoviridae* : le genre *Alphainfluenzavirus* (virus influenza de type A ou IAV), le genre *Betainfluenzavirus* (virus influenza de type B ou IBV), le genre *Gammainfluenzavirus* (virus influenza de type C ou ICV) et le genre *Deltainfluenzavirus* (IDV)¹. Les IAV sont les virus influenza qui ont la plus grande diversité d'espèces hôtes (oiseaux et mammifères) et sont les seuls à avoir été responsables de pandémies² de grippe. Le porc héberge des IAV, lesquels sont responsables de l'influenza porcine. Le porc peut être infecté par des ICV, mais, comme chez l'être humain, ceux-ci ne provoquent pas d'infections symptomatiques. Il peut également être infecté par des IDV (transmis par les bovins), qui pourraient jouer un rôle dans le complexe respiratoire porcine mais dont la circulation au sein de l'espèce porcine n'est pas démontrée. Ainsi, les risques (pour la santé publique et la santé animale) liés à la transmission inter-espèces des virus influenza en élevage porcine concernent très majoritairement les IAV. **La présente évaluation a donc uniquement porté sur les IAV.**

D'après le texte de la saisine, « les IAV ont une propension importante à évoluer, notamment par mutations ou par réassortiments génomiques. Ces virus sont isolés chez de nombreuses espèces animales, sauvages comme domestiques, ainsi que chez l'être humain. Certaines souches sont hautement pathogènes pour leurs hôtes et/ou sont capables de passer la barrière d'espèces. Ces virus peuvent ainsi avoir un impact sanitaire et économique majeur tant en santé publique humaine que vétérinaire. Ils peuvent en effet être zoonotiques et présenter un potentiel pandémique et panzootique comme en témoignent les épidémies³ et épizooties des dernières décennies.

L'influenza porcine ou la grippe du porc, causée par un IAV, est une maladie respiratoire virale fréquente dans les élevages de porcs français, et tous les virus influenza porcins sont à potentiel zoonotique. Le porc peut être infecté par des IAV porcins mais également par des IAV humains ou aviaires. Il peut donc devenir un hôte intermédiaire⁴ pour la transmission de

¹ [Home | ICTV](#) lien vérifié le 04/06/24.

² D'après l'OMS, la pandémie concerne la propagation du virus dans la population dans au moins deux continents, le virus d'origine animale étant bien adapté à l'être humain.

³ Plusieurs définitions du terme épidémie existent. Dans le cadre de cette saisine, un virus influenza à potentiel épidémique est un virus influenza permettant l'émergence d'un nombre de cas inhabituels dans un contexte de transmission interhumaine. http://www.ssentis.uvsq.fr/IMG/pdf/revue_mal_emerg.pdf lien vérifié le 04/06/24.

⁴ Un hôte intermédiaire, au sens virologique du terme, est un hôte indispensable pour qu'un agent pathogène non zoonotique au stade de sa circulation chez le(s) espèce(s) réservoir(s) puisse acquérir la capacité d'être zoonotique (ex. des virus SARS-CoV et SARS-CoV-2, avec comme réservoirs avérés ou probables des chiroptères rhinolophes et comme hôtes intermédiaires des petits mammifères sauvages, comme la civette masquée, le blaireau-furet ou le chien viverrin). Par extension, le porc est à considérer comme un hôte intermédiaire vis-à-vis des virus influenza aviaires, lorsqu'il permet à tout ou partie des segments génomiques d'un virus aviaire (donc à tout ou partie du patrimoine génétique d'un virus aviaire) d'être transmis à des humains sous forme de virus porcine réassortant.

virus influenza aviaires à l'être humain, mais aussi servir de « mixing vessel⁵ », où, à la faveur des co-infections, de nouveaux virus réassortants peuvent émerger. Les souches circulant chez le porc en France font l'objet d'une surveillance événementielle par le Réseau national de surveillance des virus influenza porcins (Résavip). Le Laboratoire National de Référence pour l'influenza porcine (LNR-IP) (Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort) mène également des activités de recherche sur ces virus.

Les lieux de détention (élevages, abattoirs, etc.) de suidés et de volailles sont des lieux de circulation de virus animaux dans des conditions de grande proximité avec l'être humain. Des cas de transmission de virus influenza d'origine porcine à l'être humain ont été mis en évidence à plusieurs reprises à l'étranger et récemment en France. Un risque de réassortiment, chez l'animal ou l'être humain co-infecté par des virus d'origine animale et/ou humaine existe et est possiblement accentué lors de la saison de circulation des virus grippaux humains ».

Au regard du risque pour la santé publique que représentent les virus influenza porcins, la DGAL a sollicité l'expertise de l'Anses le 8 septembre 2021 (demande d'appui scientifique et technique - AST du 8 septembre 2021) pour qu'une investigation épidémiologique soit conduite dans un élevage porcine présumé être à l'origine d'un cas humain d'infection par un virus influenza porcine survenu en août 2021, en lien avec les travaux d'investigation épidémiologique chez l'être humain qui ont été coordonnés par Santé Publique France (SPF) et conduits par l'Agence Régionale de Santé (ARS) Bretagne.

La Haute Autorité de Santé (HAS) et le Haut Conseil de Santé Publique (HCSP) avaient été saisis concomitamment en septembre 2021 concernant les questions de la vaccination contre la grippe saisonnière des personnes exposées aux virus influenza porcins et des mesures de protection des intervenants dans les lieux de détention des porcins.

1.2 Objet de la saisine

L'Anses a été saisie, en date du 3 novembre 2021, par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) et la Direction générale de la santé (DGS), d'une demande d'avis sur l'évaluation des risques pour la santé publique et la santé animale liés à la transmission inter-espèces (être humain-animal et animal-être humain) des virus influenza en élevage porcine et les mesures de surveillance et de prévention à mettre en œuvre (saisine 2021-SA-0195, cf. Annexe 1).

Préambule

La saisine porte uniquement sur le territoire européen de la France, c'est à dire l'Hexagone incluant la Corse⁶.

⁵ En français « creuset de mélange » : Espèce hôte qui possède des récepteurs de type AS- α 2,6-Gal et de type AS- α 2,3-Gal sur une partie au moins des cellules épithéliales de l'arbre respiratoire, ce qui permet des co-infections au sein d'une même cellule de l'épithélium respiratoire pouvant conduire à des réassortiments entre les swIAV, les IAV humains et les IAV aviaires.

⁶ Le 23 mai 2023, un amendement remplaçant le terme « métropole » par celui d'« hexagone » a été voté à l'unanimité à l'Assemblée nationale. Un projet de loi constitutionnel vise également à modifier l'article 74-1 de la constitution et remplacer le terme « métropole » par « France hexagonale ».

[CD60.pdf \(assemblee-nationale.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

Dans le rapport, le terme « population porcine » correspond aux porcs et sangliers d'élevage y compris les animaux de basse-cour et les porcs d'agrément, ainsi que les suidés sauvages. Le terme « virus influenza porcine » ou « swIAV » (pour *swine influenza A virus*) ou « IAV-S » (pour *Influenza A viruses of swine*⁷) correspond à tout virus influenza de type A isolé à partir d'un prélèvement biologique de suidé *Sus scrofa*. Dans le rapport, le terme swIAV est employé.

La formulation des questions a été discutée avec les demandeurs le 10 février 2021. Après ces discussions, les questions reformulées de la saisine sont les suivantes :

« **Question 1** : évaluer le risque d'introduction des virus influenza dans la population porcine, ainsi que les risques associés à cette introduction à l'échelle d'un troupeau, dans un contexte d'observance des règles de biosécurité prévues par la réglementation.

Seront étudiées dans ce cadre les possibilités d'introduction en élevages porcins de virus influenza humains, de virus influenza porcins ou de virus influenza issus d'autres espèces animales. Pour chacune de ces modalités, les facteurs de risque d'introduction devront être présentés et évalués et des recommandations complémentaires devront être formulées pour atténuer ce risque.

Question 2 : présenter et évaluer les facteurs favorisant la persistance de la circulation d'un ou de plusieurs virus influenza A au sein d'un même élevage. Des recommandations visant à prévenir le maintien de la circulation virale en élevage devront être formulées (vaccination, aspects structurels en élevages, conduite d'élevage, etc.)

Il est attendu que les conditions permettant d'aboutir à un assainissement d'un élevage infecté par un ou des virus influenza porcins à l'origine de gripes récurrentes, hors contexte d'urgence, soient développées.

Question 3 : réaliser une évaluation du risque d'émergence dans le contexte de l'élevage porcine français d'un virus influenza porcine présentant un caractère zoonotique, panzootique et/ou pandémique marqué.

Question 4 : évaluer le risque de transmission à l'être humain de virus influenza porcins ainsi que les risques pour l'être humain associés à cette transmission tant à l'échelle individuelle que collective (anadémique⁸ et interhumaine). Les circonstances favorisant ces transmissions seront précisées (en élevage ou chez le détenteur, pendant le transport, à l'abattoir ou au cours de tout rassemblement d'animaux, etc.)

Question 5 : formuler des recommandations visant à renforcer la capacité de détection précoce (le plus rapidement possible au regard du risque) des souches à caractères zoonotique, panzootique et/ou pandémique marqués dans l'objectif d'émissions d'alertes précoces à destination des décideurs. Ces recommandations devront notamment s'appuyer sur les possibilités de synergies entre les différents dispositifs de surveillance existants. Les critères d'alerte devront être précisés. »

[Proposition de loi constitutionnelle n°4155 - 15e législature - Assemblée nationale \(assemblee-nationale.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

⁷ https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/3.09.07_INF_A_SWINE.pdf lien vérifié le 04/06/24.

⁸ Foyer infectieux affectant des êtres humains et contracté à partir d'une source commune.

1.3 Modalités de réalisation de l'expertise

1.3.1 Organisation de l'expertise

L'Anses a confié au groupe de travail (GT) « Grippe Porcine », rattaché au Comité d'Experts Spécialisé (CES) « Santé et bien-être des animaux » (SABA), l'instruction de cette saisine.

Ces travaux sont ainsi issus d'un collectif d'experts aux compétences complémentaires (élevage de porcs, infectiologie, médecine vétérinaire, virologie influenza, épidémiologie, évaluation des risques, modélisation, surveillance). La mise en commun des contributions et les échanges se sont tenus en réunion de GT, à raison d'une réunion par mois de janvier 2021 à juin 2024.

Les travaux d'expertise du GT ont été soumis au CES SABA tant sur les aspects méthodologiques que scientifiques au cours des réunions des 5 juillet et 13 décembre 2022 ; 11 mai, 12 septembre, 10 octobre et 12 décembre 2023 ; 20 février, 19 mars, 23 avril et 28 mai 2024. Le rapport produit par le GT tient compte des observations et éléments complémentaires transmis par les membres du CES SABA.

Les travaux du GT « Grippe Porcine » ont été adoptés par le CES SABA le 2 juillet 2024.

L'expertise a été réalisée dans le respect de la norme NF X 50-110 « Qualité en expertise – prescriptions générales de compétence pour une expertise (mai 2003) ».

1.3.2 Moyens mis en œuvre

1.3.2.1 Recherche bibliographique

Le périmètre de la saisine étant vaste, les experts ont réalisé plusieurs recherches bibliographiques par domaine/question : biosécurité, mode de transmission des swIAV, transmission à d'autres espèces, persistance/récurrence, réassortiment, potentiel zoonotique, modélisation. Cette recherche approfondie n'avait pas pour objectif la rédaction d'un rapport très détaillé et exhaustif sur la grippe porcine ou sur les swIAV. Néanmoins le périmètre de la saisine et la teneur des questions nécessitaient une recherche permettant de recenser les articles pouvant potentiellement fournir des informations ou des données pour répondre à ces questions.

Pour chaque domaine, des mots clés ont été définis par le GT. Les ensembles de mots clés ont été croisés avec une requête commune à tous les domaines, associant les mots clés *swine* et *influenza*.

Une fois les mots-clés définis par les experts, les recherches ont été réalisées en mai 2022 dans la base de données Scopus®.

Après réflexion et au vu du grand nombre de publications, les experts ont décidé limiter les recherches aux articles publiés après les années 2000.

Après retraits des doublons, **l'ensemble de ces requêtes a totalisé 5 716 articles.**

Ces références ont été gérées par le logiciel EndNote®.

Les différents ensembles de mots clés et les différentes requêtes sont indiqués en Annexe 2.

Plusieurs étapes de sélection ont permis d'éliminer les articles sans lien avec les questions de la saisine, tout en assurant l'exhaustivité et la pertinence des études retenues.

➤ Dans un premier temps, les experts et la coordination, en binôme, se sont répartis les 5 716 articles. L'objectif de ce premier tri était d'éliminer sur la base du titre (+/- le résumé) les articles qui n'étaient pas pertinent pour la saisine. Pour cela, les critères d'inclusion et d'exclusion listés ci-dessous ont été définis en GT.

Les critères d'inclusions étaient les suivants, les articles devant avoir pour objet :

- la surveillance des swIAV chez le porc ;
- la vaccination chez le porc ;
- l'épidémiologie de la grippe chez le porc ;
- la transmission zoonotique ;
- des essais de transmission virale (pour voir si le porc est réceptif à tel ou tel virus influenza).

A contrario, il a été décidé d'exclure les articles traitant :

- des traitements des affections grippales *in vitro* (activité antivirale) chez l'être humain,
- des essais vaccinaux ne concernant pas le porc ;
- de virologie fondamentale (mode de fonctionnement des virus par exemple),
- de biologie moléculaire très spécifique.

En cas de doute sur une référence, les experts avaient comme consigne de la conserver avant discussion avec leur binôme puis en GT si besoin. Ainsi, les experts et la coordination, toujours en binôme, se sont répartis ces articles classés « Peut-être ».

De manière générale, les binômes ont :

- conservé les articles évoquant d'autres espèces que le porc avec une transmission de virus influenza aux porcs, traitant de la surveillance chez le porc ou chez les autres espèces animales, les articles d'auteurs jugés majeurs par rapport à la thématique de la saisine ;
- éliminé la plupart des articles méthodologiques, les articles sur les antiviraux et/ou la vaccination humaine, les articles décrivant des tests sur de nouveaux vaccins qui ne seront pas disponibles en France (vaccins vivants, autovaccins, etc.).

Les études chez la souris n'ont pas été retenues par les experts car ce modèle d'infection n'est pas représentatif de l'infection chez les espèces naturellement sensibles.

Ce premier tri a permis de conserver 1 157 articles.

➤ Dans un second temps, les experts ont réalisé un second tri sur la base des résumés. Pour cela, ils ont construit en GT une grille d'analyse (sous Excel®) afin de trier les articles en fonction des thématiques de la saisine (grille disponible en Annexe 3). Les experts avaient décidé au préalable de ne pas garder les articles antérieurs à la pandémie de 2009 (les experts ont considéré que les éléments importants sur la pandémie de 2009 seraient soit repris dans les revues plus récentes soit apportés par la bibliographie personnelle des experts).

Ce deuxième tri a permis de conserver 662 articles.

Les experts se sont répartis la rédaction des différentes parties du rapport d'expertise en fonction de leurs domaines de compétences et des questions de la saisine. Pour leurs contributions écrites, les experts ont retenu après lecture intégrale 111 références parmi les 662 sélectionnées (voir schéma PRISMA, en annexe 4).

Les recherches bibliographiques dans Scopus® ont été actualisées et mises à jour en janvier 2024. Parmi les nouvelles références, 12 ont été conservées par le GT.

Les experts ont également identifié des articles dans leur *corpus* bibliographique personnel qui ont été ajoutés à la base de donnée. Des références clés sur les risques zoonotiques, antérieures à 2009, ont notamment été ajoutées (épisode de Fort Dix en 1976, émergence des triples réassortants aux États-Unis en 1998, étude d'inoculation expérimentale d'un swIAV à des êtres humains, etc.).

Des recherches plus générales ont été réalisées dans des revues et des sites Web jugés pertinents pour les questions de la saisine (bulletins épidémiologiques santé animale-alimentation de l'Anses, présentations aux Journées de la Recherche Porcine, site de Santé Publique France, etc.).

Afin de garantir la traçabilité de cette recherche bibliographique, le nombre de publications triées et examinées en vue de leur éligibilité et le nombre d'articles exclus sont résumés et représentés sous la forme d'un diagramme de flux PRISMA (Annexe 4).

1.3.2.2 Auditions

Plusieurs auditions des parties prenantes ont été menées au cours de cette expertise. La liste des personnes auditionnées est présentée en début de rapport.

1.3.2.3 Collecte et traitement de données

Différentes données étaient nécessaires pour réaliser une évaluation de risque quantitative afin de répondre à certaines questions de la saisine (risque d'introduction et de persistance de virus influenza A en élevage de porcs et risque de transmission à l'être humain).

Les sources de données sont les suivantes :

- données provenant de la base de données BDPORC (base de données nationale d'identification des porcins) ;
- données provenant de la base de données TRACES-NT (*Trade Control and Expert System-New Technology*)⁹ ;
- données de l'audit de biosécurité Pig Connect Biosécurité (application mise en place par BDPORC) ;
- données de l'unité d'Epidémiologie Santé et Bien-être (EPISABE) du laboratoire Anses Ploufragan-Plouzané-Niort ;
- données du LNR Influenza porcine (LNR-IP) et de l'unité Virologie Immunologie Porcines (VIP) du laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort de l'Anses ;
- données du réseau national de surveillance Résavip.

⁹ TRACES-NT est un système d'information de la Commission européenne. Ce système assure la traçabilité de l'ensemble des produits d'origine animale, des animaux vivants, de l'alimentation animale et des végétaux lors de leurs mouvements et importations en Europe. En particulier, ce système offre des fonctionnalités de certification, de prénotification des envois avant arrivée en poste de contrôle frontalier et de saisie des résultats des contrôles sanitaires et phytosanitaires aux frontières.

1.3.2.4 Élicitation d'experts

Pour répondre à la question d'évaluation des risques d'introduction de swIAV en élevage de porcs, le GT a eu recours à une élicitation des connaissances d'experts. L'objectif de cette élicitation était de permettre une hiérarchisation des différentes sources d'introduction listées par les experts du GT. Ce travail de hiérarchisation ne pouvait ni s'appuyer uniquement sur la littérature scientifique, celle-ci n'étant pas exhaustive sur le sujet, ni sur les seules connaissances des experts du GT.

L'élicitation a consisté à recueillir l'opinion d'experts reconnus (32 experts dont les experts du GT « Grippe Porcine ») comme ayant des connaissances scientifiques et/ou des connaissances de terrain avérées sur les sources d'introduction de virus influenza de type A en élevage porcin.

La méthode et le déroulement de l'élicitation sont décrits dans l'Annexe 5 et les résultats de l'élicitation dans le paragraphe 7.1.

1.3.2.5 Sollicitation des points focaux de l'EFSA

En tant que point focal national de l'EFSA¹⁰, l'Anses a interrogé les 27 points focaux de l'UE, plus l'Albanie, la Bosnie Herzégovine, l'Islande, le Kosovo, le Monténégro, la Macédoine du Nord, la Norvège, la Serbie, la Suisse, la Turquie et le Royaume-Uni afin de savoir si d'autres pays avaient déjà réalisé des évaluations de risques similaires à celles réalisées dans le cadre de la présente saisine, ou si de telles évaluations étaient en cours.

Au total, seize États Membres (EM) et la Suisse ont répondu au questionnaire, dont trois positivement.

En Italie, plusieurs études sont en cours.

Certaines d'entre elles ont pour but de suivre la circulation des différents sous types de swIAV lors d'épidémies de maladies respiratoires, d'effectuer une surveillance passive dans des élevages sélectionnés pendant une période de deux ans, d'étudier les caractéristiques des souches de swIAV circulant de manière récurrente dans les élevages porcins, d'évaluer le niveau de biosécurité au sein des élevages, d'identifier les facteurs de risque et les points d'amélioration des mesures de gestion qui influencent la circulation des swIAV en élevage.

D'autres études ont pour objectif la caractérisation génétique et la génération de données antigéniques sur les souches en circulation à des fins vaccinales. Elles visent également à coupler les aspects génétiques et antigéniques avec les données anamnestiques (mise en place d'un questionnaire destiné aux vétérinaires de terrain pour obtenir des informations sur les catégories d'animaux à risque, les mesures de prévention et de surveillance utilisées dans chaque élevage et le recours à la vaccination contre la grippe pour le personnel).

De plus, l'Institut expérimental de zooprophylaxie de Lombardie et d'Emilie-Romagne (IZLER) fait partie du réseau national des laboratoires italiens du Plan National de préparation et de

¹⁰ <http://www.efsa.europa.eu/fr/partnersnetworks/eumembers> Lien vérifié le 04/06/24. (L'EFSA a traduit sur son site le terme « point focal » en « point de contact », lien consulté le 04/06/24). Les points focaux servent d'interface entre l'EFSA et les autorités nationales en charge de la sécurité des aliments dans les États membres de l'UE. Le réseau des points focaux est composé de membres issus des 27 États membres de l'UE, plus l'Islande et la Norvège, ainsi que d'observateurs représentant la Suisse, le Royaume Uni et les pays candidats à l'UE. Les points de contact sont chargés de promouvoir l'échange d'informations, la mise en réseau et la participation, et ils jouent également un rôle important pour renforcer les capacités de l'UE en matière d'évaluation des risques et pour améliorer la visibilité et la portée des travaux scientifiques menés par l'EFSA et les États membres. Les points focaux agissent en tant qu'ambassadeurs dans les États membres de l'UE et gèrent un réseau actif de collaboration transfrontalière.

réponse à une pandémie de grippe, afin de soutenir les laboratoires de surveillance du réseau de grippe humaine dans la mise en œuvre d'un système de caractérisation et d'alerte rapide des infections grippales zoonotiques d'origine porcine.

En Suisse, il n'y a pas d'évaluation de risque en cours, mais depuis 2001, l'Office fédéral de la sécurité alimentaire et des affaires vétérinaires (OSAV) a lancé le projet « Surveillance de l'influenza porcine chez le porc et chez l'homme » en collaboration avec l'Office fédéral de la santé publique (OFSP), l'Institut de virologie de la Faculté Vetsuisse de l'Université de Zurich et le Service sanitaire porcine (SSP) de la SUISAG¹¹. Une attention particulière est accordée aux apparitions inhabituellement fréquentes de la maladie, aux nouveaux variants et aux transmissions éventuelles entre l'animal et l'être humain.

Enfin, au Pays Bas, il y a eu en 2020-2021 une brève évaluation¹² des risques liés à la grippe dans les élevages porcins et le groupe de travail *ad hoc* a recommandé de mettre en place une surveillance de la grippe dans les élevages porcins.

1.4 Prévention des risques de conflits d'intérêts

L'Anses analyse les liens d'intérêts déclarés par les experts avant leur nomination et tout au long des travaux, afin d'éviter les risques de conflits d'intérêts au regard des points traités dans le cadre de l'expertise.

Les déclarations d'intérêts des experts sont publiées sur le site internet <https://dpi.sante.gouv.fr/>.

¹¹ [Grippe porcine chez le porc et chez l'homme \(admin.ch\)](#) lien vérifié le 06/04/24.

¹² <https://www.rijksoverheid.nl/documenten/rapporten/2021/06/01/rapport-expertgroep-zoonosen>
Lien vérifié le 06/04/24 (rapport en néerlandais)

2 L'élevage porcin en France

2.1 La filière porcine en France

La France est le troisième pays producteur de porcs de l'Union européenne après l'Espagne et l'Allemagne. Le cheptel a été estimé en 2019 à 13,2 millions de têtes (source Agreste, statistique agricole annuelle 2019), dont 0,95 millions de truies et 7 millions de porcs à l'engraissement. Plus de 80 % de la production française est assurée par les élevages situés dans le Grand Ouest : Bretagne (58 %), Pays de la Loire (11 %), Nouvelle-Aquitaine (7 %), Normandie (6 %) (Figure 1). En 2019 environ 23,5 millions de porcs ont été abattus pour un volume de 2,2 millions de tec (tonnes équivalent carcasse), soit 9 % de la production européenne (Liber et Ridremont 2022).

Le nombre de truies a diminué de 24.000 animaux en 2022, soit 2,5 % de son cheptel reproducteur, désormais établi à 907 000 têtes (FranceAgriMer 2021a). C'est une tendance de long terme qui se poursuit (moins 210 000 truies depuis 2010, soit - 18,6 %) (FranceAgriMer 2021b).

En 2021, la France comptait environ 9 300 élevages produisant plus de 300 porcs (99% de la production de porcs charcutiers) (IFIP 2023).

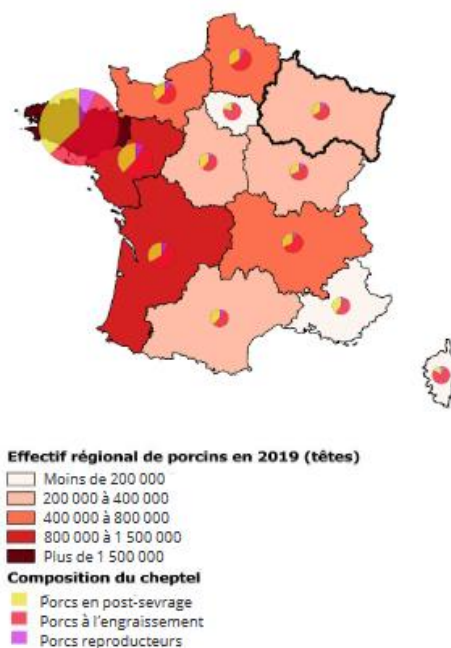


Figure 1 : carte de France du cheptel porcin (source : Agreste - statistique agricole annuelle 2019)

En France, trois modes d'hébergement sont distingués :

- le bâtiment sur caillebotis qui représente 90 % des élevages de porcs (élevages dits conventionnels). Ce type d'élevage est le plus répandu en Europe et dans le monde. Le caillebotis (ou sol ajouré) permet l'évacuation des excréments et de l'urine des animaux, et de l'eau de lavage ;
- le bâtiment en litière bio-maîtrisée qui représente 5 % des élevages de porcs. Le sol est bétonné et recouvert d'une litière en sciure, paille, etc., qui absorbe excréments et urine. De la paille fraîche est apportée tous les jours ;

- l'élevage ayant un accès plein air qui représente environ 5 % des élevages de porcs (dont les élevages biologiques). Certains animaux sont élevés en extérieur et disposent d'abris paillés à l'intérieur, d'autres ont un accès au plein air pendant certains stades de leur vie (courette par exemple).

Tous ces modes d'hébergement sont inclus dans le périmètre de la saisine.

Parallèlement à ces modes d'hébergement, l'éleveur peut choisir une ou plusieurs spécialisations :

- naisseur (N) : il élève les truies¹³, les verrats¹⁴, les cochettes¹⁵, fait naître les porcelets¹⁶ et les élève jusqu'au moment de leur sevrage¹⁷ qui a lieu à environ 21 ou 28 jours, voire 42 jours ou plus en élevage biologique ;
- post-sevreur (PS) : il élève les porcelets dès le sevrage, de 3-4 semaines d'âge à 10 semaines d'âge. Ce système est souvent suivi par de l'engraissement dans la même structure ;
- engraisseur (E) : il se fournit en porcelets d'environ 10 semaines d'âge auprès d'un éleveur N-PS et élève les porcs charcutiers¹⁸ jusqu'à leur départ pour l'abattage (à environ 180 jours) ;
- naisseur/engraisseur (NE) : il assure toutes les étapes de l'élevage, de la naissance des porcelets à la fin de l'engraissement des porcs charcutiers.

En France¹⁹, le modèle NE est nettement dominant (42 % des sites et 61 % des porcs charcutiers produits). En excluant les très petits élevages (moins de 10 truies), la taille moyenne d'un élevage de porcs français est de 230 truies avec 2 UTH²⁰, donc plutôt de taille dite familiale. Par ailleurs, ces élevages disposaient en moyenne de 83 ha de surface agricole utile (SAU) en 2010 (66 ha en 2000) pour 174 truies et 770 places de porcs charcutiers. L'exploitation porcine moyenne française n'est pas complètement hors-sol²¹ (RGA 2010). Cette moyenne cache toutefois une diversité de situations selon les territoires et les types d'exploitations.

En 2010, les élevages spécialisés (e.g. porcs uniquement) représentaient 39 % des exploitations et 61 % du cheptel. Dans 38 % des exploitations (27 % du cheptel), l'élevage porcine (engraissement seul ou atelier naisseur-engraisseur) est associé à la présence d'herbivores (GAEC²² associant production de viande de porc et production laitière). Dans 19 % des exploitations (11 % du cheptel), l'élevage porcine était associé à des productions céréalières (Dourmad *et al.* 2018). La proportion d'élevages mixtes porcs/volailles est assez faible (6,2 %) au regard de la totalité des élevages mixtes de volailles comportant d'autres

¹³ Truie (dite primipare puis multipare) : femelle ayant déjà eu des porcelets.

¹⁴ Verrat : porc mâle entier destiné à la reproduction, pour le prélèvement de semence ou la stimulation de la venue en chaleur (e.g. temps nécessaire à la manifestation de l'œstrus et à la réalisation de l'IA).

¹⁵ Cochette : jeune femelle destinée à la reproduction n'ayant jamais eu de porcelets, de l'introduction en quarantaine à la première mise-bas

¹⁶ Porcelet : mâle ou femelle, de la naissance à l'entrée en phase d'engraissement.

¹⁷ Sevrage : séparation des porcelets de leur mère et transfert en salles/bâtiments dédiés à leur croissance (d'abord le post-sevrage puis l'engraissement).

¹⁸ Charcutier : mâle ou femelle, de l'entrée en engraissement jusqu'à l'abattage.

¹⁹ [Recensement agricole 2010 | Agreste, la statistique agricole \(agriculture.gouv.fr\)](#)

²⁰ UTH = Unité de travail humain. Cette unité permet d'évaluer le volume de main-d'œuvre utilisée dans une exploitation agricole. Une UTH correspond au travail fourni par une personne occupée à temps complet sur une exploitation pendant une année.

²¹ Se dit d'un mode d'élevage où l'approvisionnement alimentaire des animaux ne provient pas, pour l'essentiel, de l'exploitation elle-même (définition Larousse).

²² groupements agricoles d'exploitation en commun. [Exploitations agricoles : structures et statuts | Ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté alimentaire](#) lien vérifié le 04/06/24.

productions animales (bovins, autres volailles). Les éleveurs sont regroupés dans 32 organisations commerciales de producteurs (OP), appelées groupements de producteurs et issues du secteur coopératif. Quatre-vingt-dix pour cent de la production est mise en marché par ces 32 groupements, et 10 de ces organisations commercialisent 77 % des porcs charcutiers mis sur le marché (FranceAgriMer 2021a), la tendance des dernières années étant au regroupement de ces structures. Les OP porcines offrent majoritairement des conseils (Le Clerc *et al.* 2019).

La structure de sélection (Figure 2) de l'élevage porc en France est organisée en pyramide dans laquelle un nombre limité d'élevages NE de sélection et de multiplication génétique fournit les futurs reproducteurs, cochettes et verrats, aux élevages de production (N, PS, E ou NE comme décrits précédemment), bien plus nombreux. Les verrats dédiés au prélèvement de semence peuvent aussi être livrés dans des élevages de verrats dits centres d'insémination artificielle (CIA).

Pyramide du dispositif génétique porc français 2022¹

(1) Effectifs de reproductrices présentes, déclaration des Etablissements de Sélection Porcine Agréés

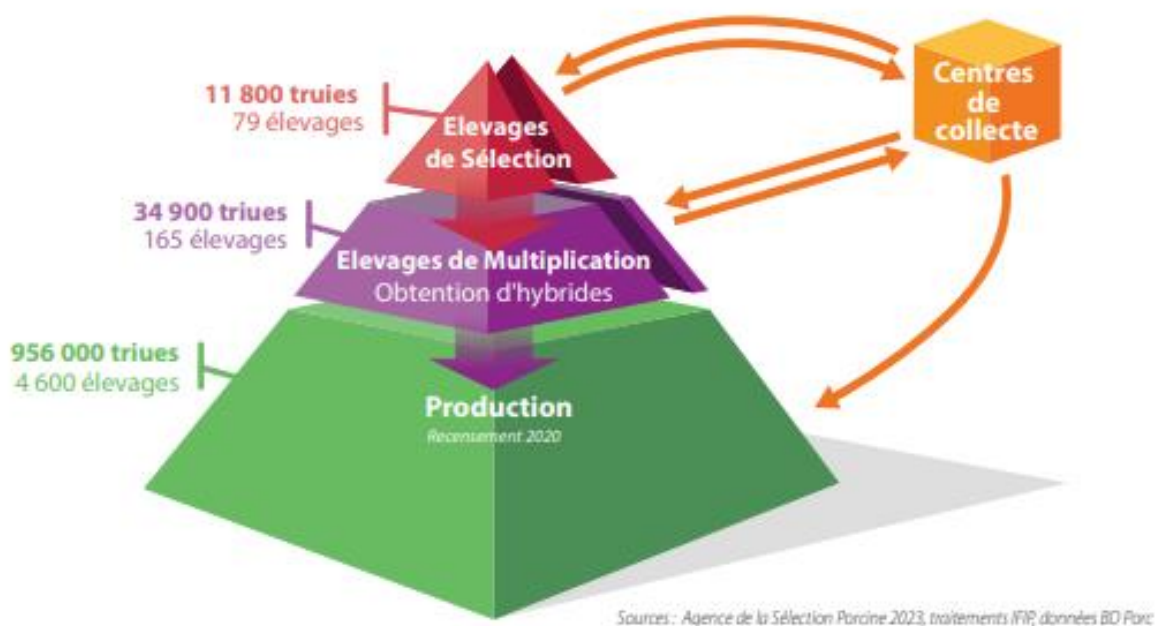


Figure 2 : structure de l'élevage porc en France

2.2 La conduite en élevage de porcs

Les porcs sont surveillés quotidiennement par stade physiologique pour contrôler leur état de santé, leur comportement, leur alimentation et leur abreuvement, ainsi que l'ambiance dans les porcheries.

Une attention particulière de l'éleveur est apportée à des périodes précises, comme la gestation et la mise bas des truies, le sevrage des porcelets, la croissance des porcs charcutiers avec leur départ pour l'abattoir.

2.2.1 Conduite de l'élevage

Les modes de conduite sont communs à tous les types d'hébergement décrits plus haut. Dans l'élevage NE, l'agriculteur élève ses porcs en trois étapes (naissage, post-sevrage, engraissement) nécessitant des compétences spécifiques. À chaque étape, les porcs sont logés dans des secteurs différents et adaptés (Figure 3).

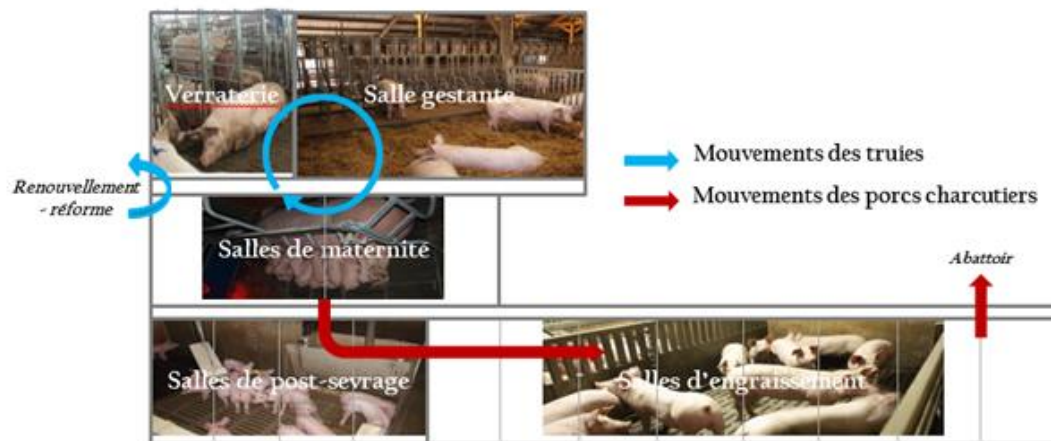


Figure 3 : représentation schématique du flux des animaux dans un élevage de porcs de type naisseur-engraisseur.

Secteur naisissage (Figure 4) :

- **fécondation** : la truie qui va être fécondée réside dans un espace nommé verraterie où elle est soit accouplée avec le verrat, soit inséminée artificiellement ;
- **gestation** : une fois la gestation confirmée par une échographie, la truie dite gestante change de local pour être logée en groupe avec ses congénères. La gestation dure environ 115 jours, une truie peut avoir deux portées par an (2,5 à l'échelle du troupeau) ;
- **maternité** : à la fin de la gestation, la truie est déplacée vers la maternité où elle va mettre bas en case individuelle. Les porcelets pèsent environ 1,3 kg et chaque portée compte entre 12 et 20 petits. L'allaitement va durer 21 à 28 jours voire plus de 40 jours en élevage biologique. L'étape de la maternité nécessite une surveillance accrue pour suivre la mise-bas et vérifier que tout se passe bien pendant et après la naissance des petits. L'éleveur peut être amené à intervenir en cas de problème.

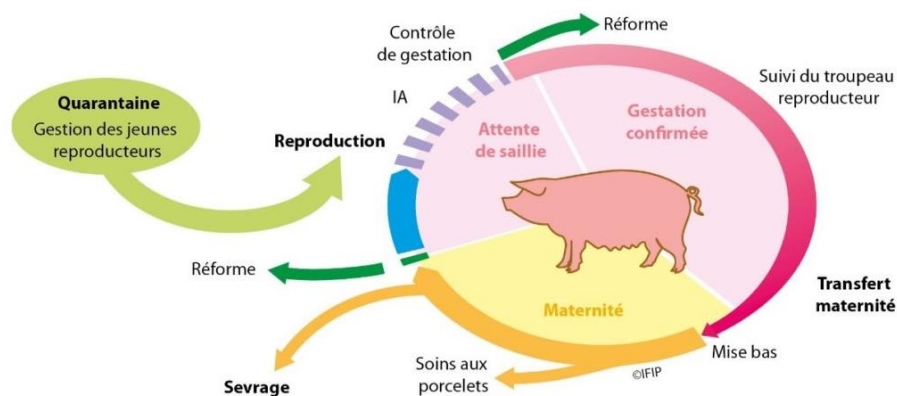


Figure 4: Schéma résumant la conduite du naissage (source IFIP)

Secteurs croissance :

- **post-sevrage** : suite au sevrage, les porcelets sont déplacés vers un autre logement appelé le post-sevrage où ils vont pouvoir continuer leur croissance pendant 6 à 7 semaines. Ils sont nourris avec une alimentation solide (granulés). L'éleveur, selon ses pratiques et les recommandations qu'il reçoit, regroupera les porcelets selon leur poids ou selon leur portée d'origine (allotement) ;
- **engraissement** : les porcs âgés de 9 à 11 semaines sont déplacés vers un logement plus grand appelé engraissement. Ils y resteront 3 à 4 mois pour finir leur croissance avant d'être conduits à l'abattoir.

2.2.2 Principes de la conduite en bandes

En production porcine, l'élevage est conduit en bandes²³. Cela permet :

- d'entretenir dans un même compartiment des animaux au même stade physiologique, de même âge et de même poids ;
- de programmer l'élevage afin que les différents groupes se succèdent régulièrement dans chaque type de local ;
- de réduire les contaminations par des agents potentiellement pathogènes entre animaux d'âges différents ;
- de pouvoir vider totalement un compartiment, pour le nettoyer et le désinfecter avant l'entrée d'un nouveau groupe d'animaux.

La conduite en bandes a également pour principe de grouper le tarissement de l'ensemble des truies d'un lot à jour fixe et à intervalle régulier, et de prévoir les salles destinées à recevoir une bande de truies ou sa descendance. Le tarissement d'une truie induit en effet sa venue en chaleur donc sa saillie dans les 5 à 10 jours suivants puis de nouveau sa mise-bas, 115 jours après.

La structure de l'élevage (dont le nombre de salles) va dépendre de la taille de l'élevage et du type de conduite en bandes. Le nombre de salles nécessaires est déterminé par la durée d'occupation totale d'un bâtiment par une bande d'animaux que divise l'intervalle de temps entre deux bandes. La durée d'occupation totale d'une salle par une bande correspond à son

²³ Bande : lot d'animaux du même stade physiologique (reproducteurs femelles) ou du même âge (porcs en croissance). [Bien maîtriser la notion de conduite en bandes en élevage porcin - Chambre d'agriculture Bretagne \(chambres-agriculture.fr\)](https://chambres-agriculture.fr) lien vérifié le 19 juillet 2024.

temps d'occupation par les animaux, augmenté de la durée du cycle de nettoyage – désinfection - vide sanitaire.

Il existe différentes possibilités pour la conduite en bande. Le choix se fait selon les besoins de l'éleveur en termes d'organisation du travail, de la disponibilité de la main-d'œuvre et de la capacité d'accueil des bâtiments (Tableau 1, Figure 5).

Plus le nombre de bandes augmente, moindre est l'intervalle entre les bandes et plus le nombre de salles hébergeant à un temps t des animaux de même stade physiologique ou de même catégorie d'âge (PS par exemple) est élevé.

Tableau 1 : exemple des différentes modalités de conduite en bande

Conduite (nombre de bandes)	Intervalle entre bandes (semaines)	Âge au sevrage (jours)
4	5	21
5	4	21 ou 28
7	3	28 ou 21 (moins fréquent)
10	2	21
20	1	21
21	1	28

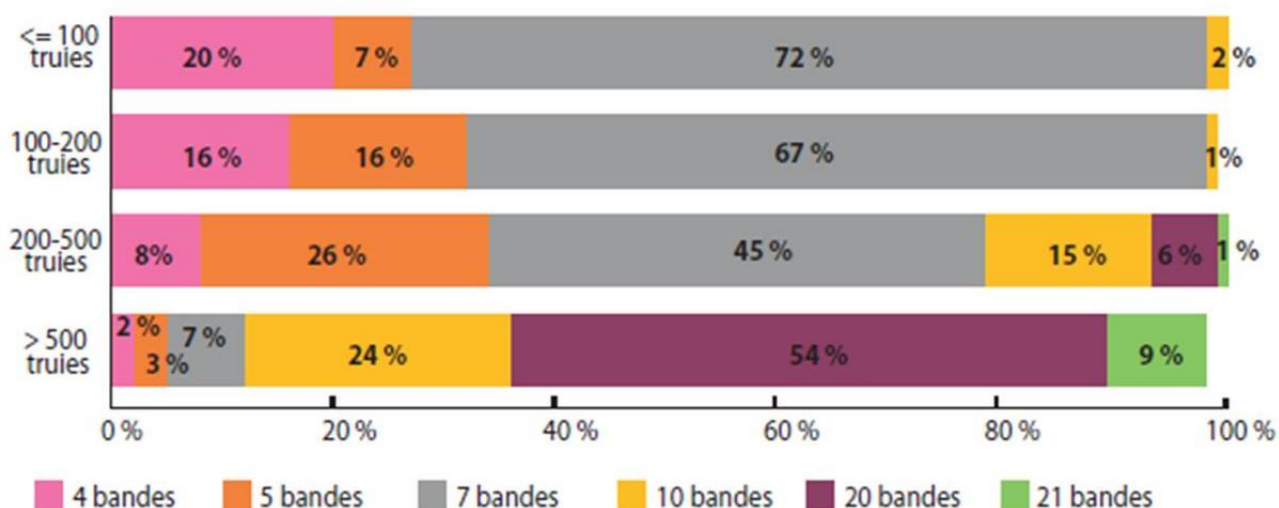


Figure 5 : répartition des conduites en bandes selon la taille de l'élevage (source Terra, 2015)

Pour gérer correctement ses bâtiments, l'éleveur doit tenir compte des données rassemblées dans le Tableau 2, en particulier de l'âge au sevrage, compte tenu du fait que la durée de gestation de la truie est de 16 semaines (115 jours).

Tableau 2 : durée des différentes phases du cycle reproductif des truies en fonction de l'âge du sevrage

Âge des porcelets au sevrage	Durée de la gestation (sem.)	Durée de la lactation (sem.)	Intervalle sevrage-saillie (sem.)	Durée du cycle productif de la truie (sem.)
21 jours	16	3	1	20
28 jours	16	4	1	21

À titre d'exemple, en conduite sept bandes, un troupeau de truies consistant en 250 reproducteurs est divisé en sept bandes de 35 à 36 truies composées de 80 % de truies et de 20 % de cochettes (Figure 6 et Figure 7).

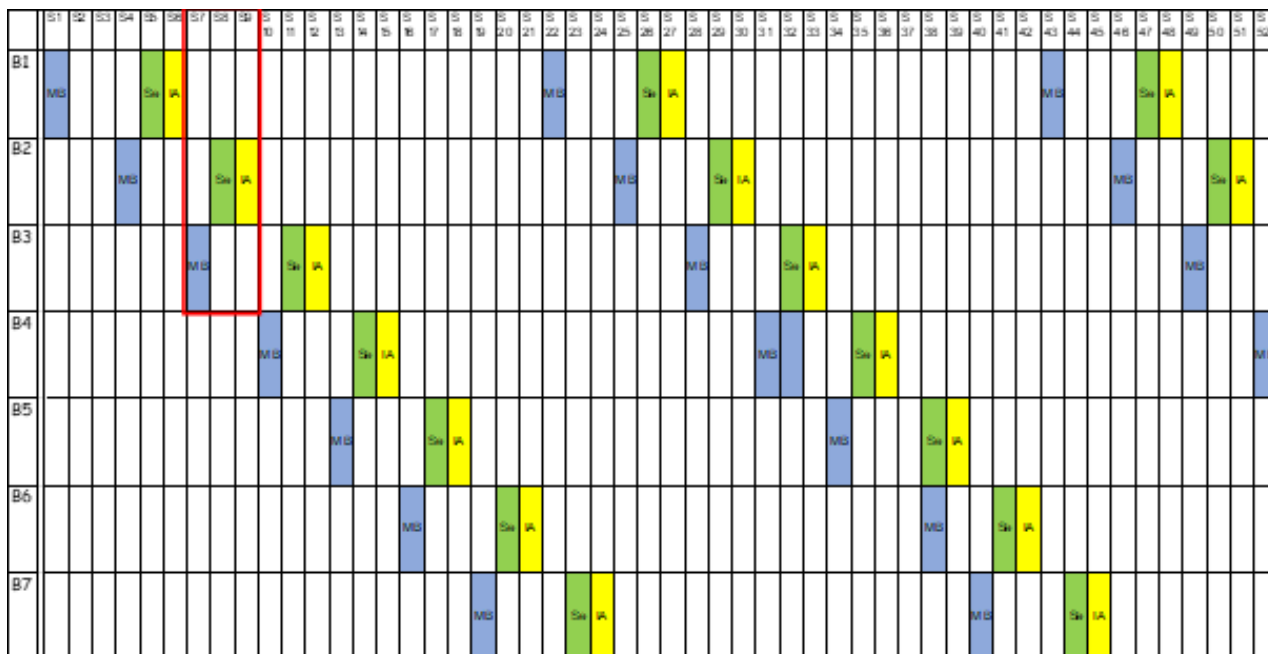


Figure 6 : schéma de la conduite du naissage en sept bandes (B) avec un sevrage à 28 jours, avec le cycle de chaque bande en semaines avec la mise-bas (MB), le sevrage (Se) et l'insémination (IA) ; dans le carré rouge : l'organisation du travail, basée sur une rotation de trois semaines. En ligne les numéros de bande et en colonne les numéros des semaines calendaires.

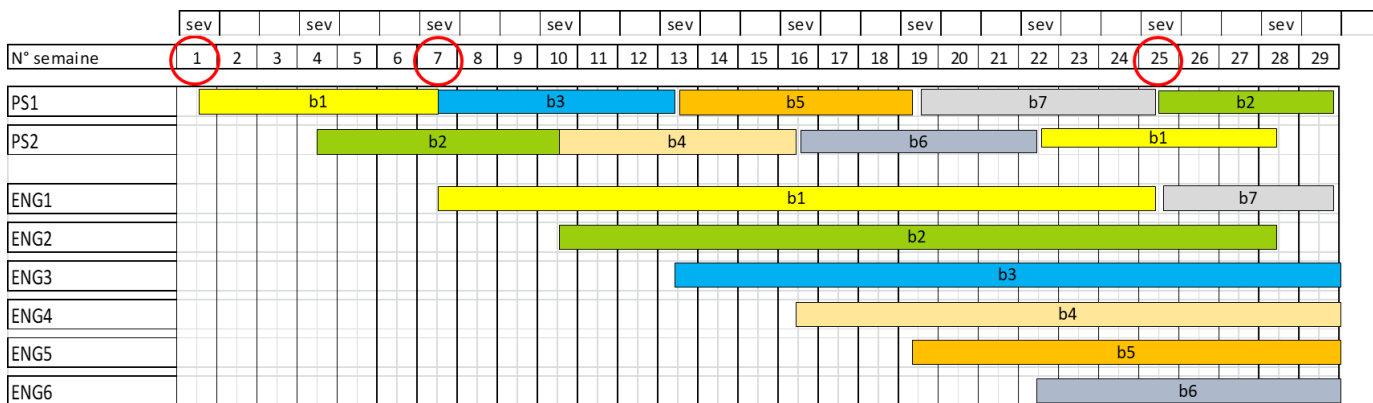


Figure 7 : schéma de la conduite du post-sevrage (PS) et de l'engraissement (ENG) en conduite sept bandes (b) avec sevrage (sev) 28 jours, avec en bande de couleur la durée d'occupation des salles par chaque bande d'animaux en semaines. Les ronds rouges représentent l'exemple de la durée de présence en post-sevrage et engraissement de la bande 1 (jaune), d'abord dans la salle PS 1 puis en dans la salle ENG 1. En ligne les numéros des salles et en colonne les numéros des semaines calendaires.

Ainsi, l'occupation des différentes salles par les bandes pourra être organisée comme indiqué dans le Tableau 3.

Tableau 3 : exemple d'occupation des différentes salles de l'élevage dans le cas d'une conduite 7 bandes sur 28 jours (Chambre régionale d'agriculture de Bretagne 2010)

	Verraterie	Gestante	Maternité	Post-sevrage	Engraissement
Nombre de bandes à loger	2	4	2	2	6
Intervalle de temps (en jours) entre les nouvelles arrivées d'animaux	42	84	42	42	126
Durée d'occupation des salles (jours)	35	77	35	40	121
Âge maximal des animaux à la sortie (jours)	-	-	28	68	189
Durée du vide sanitaire (jours)	7	7	7	2	5

2.3 La gestion des conditions bioclimatiques en élevage de porcs

2.3.1 Gestion de la ventilation

La ventilation mise en place dans les bâtiments d'élevage a trois objectifs principaux :

- **apporter de l'air extérieur** aux animaux
- **évacuer le CO₂, le NH₃ et la vapeur** d'eau qu'ils produisent
- **réguler la température des salles**

Pour cela, les bâtiments sont équipés de systèmes de ventilation adaptés aux besoins des animaux selon leur âge, leur poids, la température requise dans la salle en fonction du secteur concerné ainsi que la température extérieure (Figure 8).

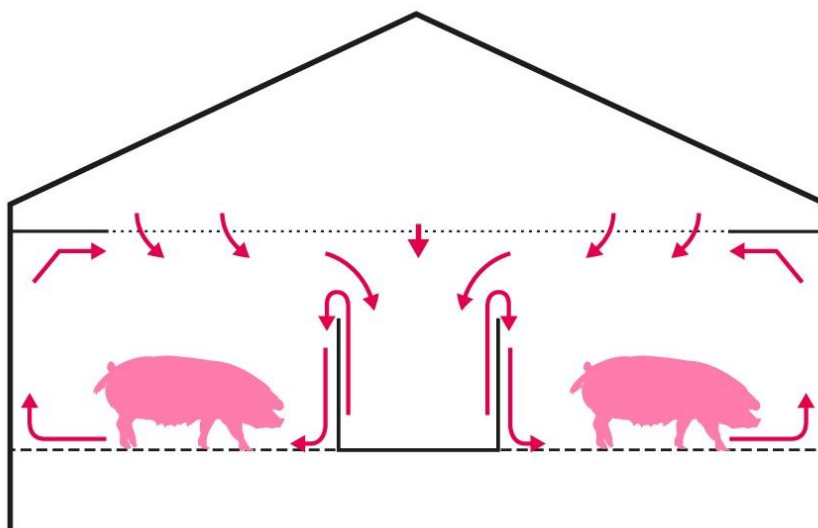


Figure 8: schéma de circulation de l'air (flèches rouges) en salle d'élevage (source : CLIMABAT²⁴)

²⁴ <https://climatbat.chambres-agriculture.fr/porcs/anticiper-la-saison-chaude/investir-dans-des-equipements> lien vérifié le 04/06/24.

Le porc présente une forte sensibilité aux variations des facteurs d'ambiance (température, humidité, vitesse d'air) (Figure 9). Un problème d'ambiance se traduit généralement par la détérioration de ses performances zootechniques (appétit, croissance, indice de consommation, reproduction) et peut conduire à une dégradation de l'état de santé et de bien-être (Figure 10, Fiche 7 porcisé IFIP 2019²⁵).

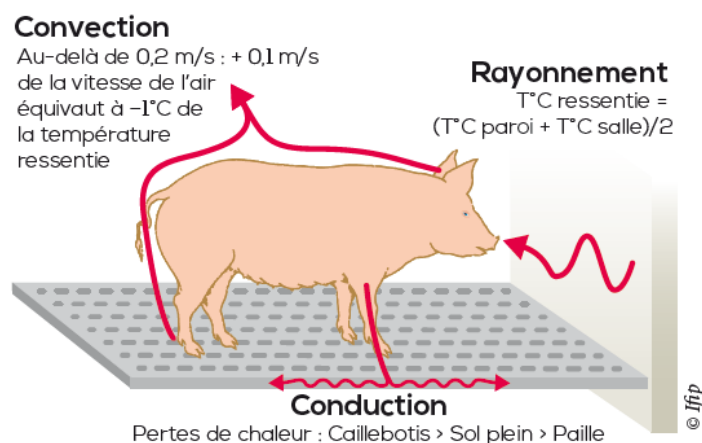


Figure 9 : la température ressentie par le porc dépend du type de sol (conduction), de la vitesse de l'air (convection) et de la température des parois (rayonnement) (source : porcisé IFIP 2019)

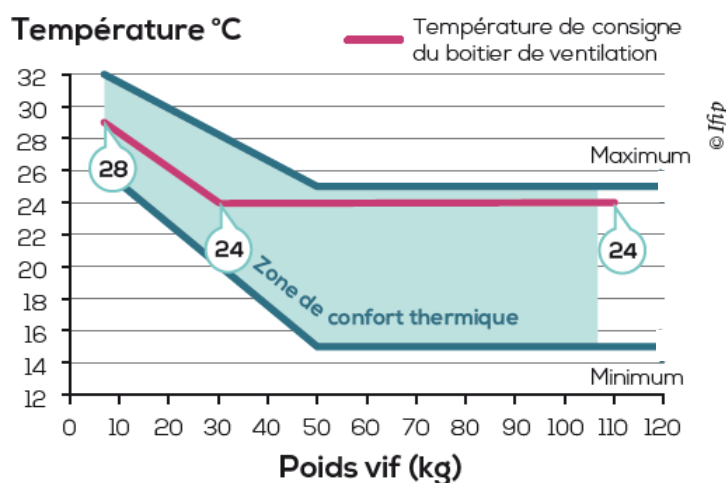


Figure 10 : zone de confort thermique (entre les lignes bleues) et recommandations de températures de consigne du boîtier de ventilation (source : porcisé IFIP 2019)

Il existe plusieurs types de ventilation (d'après l'audition de Mr. Thomas, IFIP, le 7 mars 2022) :

- **des systèmes de ventilation motorisée, dynamique:**

- la plupart des élevages possèdent un système de ventilation salle par salle, en dépression (l'air est tiré à travers la salle, les ventilateurs sont à la sortie) : l'air entre par un pignon, passe dans les combles ou il entre par le couloir de service et passe dans les combles par des trappes au-dessus des portes des salles, puis il descend dans la salle et est pompé sous le caillebotis avant de ressortir. Il peut également être pompé dans la partie haute de la salle. Ce dernier système est souvent plus préjudiciable sur le plan de la santé des porcs car il fait

²⁵ [Documentation - IFIP](#) lien vérifié le 04/06/24.

remonter dans l'aire de vie des animaux de l'air et des gaz potentiellement toxiques qui se développent par fermentation du lisier, un ventilateur étant placé dans la gaine d'extraction. L'air ne passe pas d'une salle à une autre mais les entrées d'air sont communes à tout le bâtiment ou parfois cela est séparé par stade physiologique ;

- il existe également un système de ventilation centralisée en dépression, tout l'air vicié du bâtiment étant regroupé sous le bâtiment ou au niveau du plafond. L'air ne passe pas d'une salle à l'autre. Avec ce système, il existe de plus en plus souvent des systèmes de lavage d'air. Le lavage d'air²⁶ consiste à faire passer l'air extrait du bâtiment à travers un maillage humide pour limiter les odeurs émises par le bâtiment d'élevage. Ce maillage est arrosé (à contre sens du flux d'air) en continu avec de l'eau en circuit fermé. La diminution des particules, de l'ammoniac et des odeurs est permise grâce aux bactéries se développant dans le laveur ainsi qu'à la capacité d'absorption de l'eau qui circule. Un autre avantage de ce système consiste en l'absence d'entrées d'air dans le couloir de service qui permet le transfert des animaux (admission d'air dans un comble séparé qui distribue ensuite l'air dans les différentes salles). De cette façon les aérosols éventuellement contaminants produits par les animaux en phase de transfert ne sont pas aspirés par les entrées d'air des salles et donc ne rentrent pas en contact avec les animaux qui y sont hébergés.

- la filtration d'air est un système qui peut être présent à l'entrée des bâtiments en surpression (les bâtiments en surpression peuvent être en système salle/salle ou en ventilation centralisée). Ce sont des dispositifs onéreux qui peuvent être présents surtout dans les élevages de sélection, multiplication mais très rarement dans les élevages de production.

- **des systèmes de ventilation statique :**

Ces systèmes concernent peu de bâtiments mais ont tendance à être utilisés dans les bâtiments ouverts. Mis à part la mise en place de filets brise-vent qui peuvent freiner les entrées ou les sorties d'air, il y a peu de contrôle sur l'air qui entre et qui sort du bâtiment (effet cheminée avec des ouvertures au faîtage ; l'air chaud monte et s'évacue par la toiture du bâtiment).

2.3.2 Gestion du chauffage

En post-sevrage, il existe trois systèmes de chauffage :

- chauffage par contact (plaques chauffantes au sol, soit avec des résistances électriques, soit avec de l'eau chaude) ;
- chauffage par radiants ou par lampes (positionnés au-dessus des cases) ;
- chauffage de l'ensemble de la salle avec un système d'air pulsé.

L'IFIP considère que le système de chauffage par air pulsé peut perturber le circuit d'air (non pas d'un point de vue sanitaire mais du point de vue de la bonne gestion du renouvellement de l'air dans la salle et de la répartition des zones de vie par les animaux).

En engraissement, il est recommandé que la salle soit asséchée et chauffée si nécessaire avant l'entrée des animaux, pour ne pas avoir de choc thermique à la transition.

Pour ce qui est des autres secteurs de l'élevage, notamment ceux qui hébergent les reproducteurs, le chauffage d'ambiance n'est pas installé car la gestion du rapport entrée-

²⁶ [Le lavage d'air en élevages porcins - IFIP lien vérifié le 04/06/24.](#)

extraction d'air et la chaleur dégagée naturellement par les animaux suffisent à garder une température adaptée au confort de ces derniers. C'est le cas par exemple de la maternité, où le seul chauffage existant est dédié spécifiquement aux porcelets, en ciblant le nid au moyen de lampes infrarouges ou plaques chauffantes. Quelques exceptions de chauffage d'ambiance des reproducteurs existent cependant de façon marginale pour le chauffage ponctuel de la quarantaine et du local verrats (en cas de présence de verrats dédiés au prélèvement de semence à la ferme) en saison hivernale.

Il n'y a pas de données bibliographiques ou de terrain sur la fréquence des réglages de ventilation non appropriés dans les élevages, car peu d'éleveurs relèvent et consignent les températures dans les cahiers d'élevage et très peu d'élevages ont des boîtiers de ventilation connectés, qui permettraient de connaître la proportion de ceux qui sont mal réglés.

Pendant la saison hivernale, le maintien des conditions optimales est plus complexe qu'en été à cause des amplitudes de températures. En cas de défaut de réglage, de matériel défectueux ou de vétusté amenant à des défauts structurels, ces derniers peuvent présenter des dysfonctionnements menant à des ambiances inadaptées pour les animaux (renouvellement d'air insuffisant par exemple) lesquelles favorisent le déclenchement de maladies/affections respiratoires.

La France est le troisième pays producteur de porcs de l'Union européenne après l'Espagne et l'Allemagne. Le cheptel a été estimé en 2019 à 13,2 millions de têtes et plus de 80 % de la production française est assurée par les élevages situés dans le Grand Ouest : Bretagne (58 %), Pays de la Loire (11 %), Nouvelle-Aquitaine (7 %), Normandie (6 %).

Trois modes d'hébergement sont pratiqués : le bâtiment sur caillebotis (qui représente 90 % des élevages de porcs), le bâtiment en litière bio-maîtrisée (5 % des élevages de porcs) et l'élevage ayant un accès plein air (environ 5 % des élevages de porcs, dont les élevages biologiques). Parallèlement à ces modes d'hébergement, l'éleveur peut choisir une ou plusieurs spécialisations : naisseur, post-sevreur, engraisseur, naisseur/engraisseur (42 % des sites en France).

L'élevage est conduit en bandes, le choix du nombre de bandes se faisant selon les besoins de l'éleveur en termes d'organisation du travail, ainsi que selon la disponibilité de la main d'œuvre et selon la capacité d'accueil des bâtiments.

La gestion des conditions bioclimatiques (ventilation et chauffage) en élevage de porcs est un facteur très important à prendre en compte, dans la mesure où le porc présente une sensibilité importante aux variations des facteurs d'ambiance (température, humidité, vitesse d'air).

3 Les mesures de biosécurité préconisées dans les élevages porcins en France

3.1 Le concept de biosécurité

La biosécurité est définie par la FAO²⁷ comme étant « une approche stratégique intégrée qui englobe le cadre des politiques et le cadre réglementaire (y compris les instruments et les activités) pour analyser et gérer les risques pesant sur la vie et la santé des personnes, des animaux et des plantes et les risques associés pour l'environnement ». L'OMSA (2019) la définit plus spécifiquement pour la santé des animaux comme étant « un ensemble de mesures de gestion et physiques visant à réduire le risque d'introduction, d'établissement et de propagation de maladies, d'infections ou d'infestations animales à destination, en provenance et au sein d'une population animale²⁸ ».

La biosécurité englobe donc différentes mesures visant à limiter le risque d'introduction d'agents pathogènes dans un élevage (bio-exclusion), pour limiter leur dissémination au sein de l'élevage (bio-compartimentation), et pour limiter leur diffusion à l'extérieur de l'élevage (bio-confinement) afin de prévenir le risque de contamination des êtres humains, d'autres animaux que ceux de l'élevage et de l'environnement (Renault *et al.* 2021; Renault, Humblet et Saegerman 2022). En pratique, on distingue couramment les mesures de biosécurité externe (limitation des risques d'introduction et de diffusion à l'extérieur de l'élevage) et de biosécurité interne (dissémination au sein de l'élevage).

3.2 Les mesures de biosécurité applicables en élevage vis-à-vis d'une maladie infectieuse

La sélection des mesures de biosécurité efficaces à mettre en place vis-à-vis d'une maladie infectieuse suppose la connaissance de l'épidémiologie de cette maladie et notamment des voies de transmission, de la résistance de l'agent pathogène et des modalités qui permettent sa persistance dans l'environnement ou chez l'hôte.

3.2.1 Biosécurité externe

Les mesures visant à éviter l'introduction d'agents pathogènes dans un élevage de porcs sont principalement des barrières physiques visant à minimiser les risques d'intrusion d'animaux sauvages et d'exposition à des aérosols infectieux (haies, clôtures, murs, etc.) ou des règles encadrant l'introduction d'animaux domestiques, personnes ou véhicules.

La probabilité la plus élevée d'introduction d'un agent pathogène est liée à l'introduction d'animaux : reproducteurs (principalement cochettes de renouvellement²⁹ et verrats) ou porcs

²⁷ [cover1fr.pdf \(fao.org\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

²⁸ <https://www.woah.org/fr/ce-que-nous-faisons/sante-et-bien-etre-animale/> lien vérifié le 04/06/24.

²⁹ Renouvellement : introduction des cochettes dans l'élevage en passant par une phase de quarantaine.

en croissance. Les introductions se font sur une base régulière en fonction du type de conduite en bandes du troupeau receveur. Le statut de l'élevage de provenance (élevages de sélection ou de multiplication) vis-à-vis de l'agent pathogène est important à connaître. Il est régulièrement contrôlé pour certaines maladies (peste porcine classique, maladie d'Aujeszky, voire d'autres maladies en fonction des zones de production), mais l'influenza porcine ne fait pas l'objet d'une surveillance épidémiologique programmée en France.

Les reproducteurs introduits sont logés dans une quarantaine qui doit pouvoir être, dans l'idéal, conduite indépendamment du reste de l'élevage (notamment via l'usage de vêtements et matériels spécifiques). De plus, cette quarantaine doit être conduite en tout-plein/tout vide pour éviter la transmission d'agents infectieux entre les différents lots de cochettes qui y sont hébergés. La transmission aérienne à partir de la quarantaine doit pouvoir être évitée. Toutefois, plusieurs agents pathogènes responsables d'infections respiratoires peuvent se transmettre sur de longues distances (plusieurs kilomètres) par voie aérienne (Otake *et al.* 2010). Éviter totalement leur transmission de la quarantaine au reste de l'élevage est donc *a fortiori* impossible, quelle que soit la localisation de la quarantaine dans l'élevage. Des systèmes de filtration aux entrées d'air des bâtiments d'élevage diminuent la probabilité d'introduction des agents pathogènes par cette voie avec une efficacité variable en fonction du type de filtre utilisé (les filtres HEPA³⁰ sont les plus efficaces) (Alarcón, Allepuz et Mateu 2021). La durée de la quarantaine devrait être conditionnée par la durée d'incubation et de contagiosité ainsi que du temps nécessaire pour établir un diagnostic. Dans les faits, sur le terrain elle est déterminée par la conduite de l'élevage et le temps que l'éleveur considère tolérable pour l'adaptation et la familiarisation des animaux. Les animaux doivent être observés au moins une fois par jour et il faut prévoir un plan d'action en cas de positivité vis-à-vis d'un agent pathogène ou de signes cliniques en quarantaine. Deux phases de quarantaine sont nécessaires : phase de protection (ou d'observation) puis phase d'acclimatation (ou d'adaptation)³¹. Les deux zones correspondant aux deux phases doivent être séparées (Serafini Poeta Silva *et al.* 2019).

Les bonnes pratiques de biosécurité impliquent que les visites aux animaux de personnes extérieures à l'élevage soient limitées et soumises à des règles strictes. La délimitation de zones (publique, professionnelle et d'élevage) et un sas d'entrée doivent être présents (Figure 11³²). Les silos d'aliments et la zone d'équarrissage doivent être idéalement placés de telle sorte que les véhicules entrent le moins possible dans la zone professionnelle. Il convient d'élaborer un plan de circulation le plus respectueux possible du zonage en s'adaptant à la configuration de la ferme. Pour les visiteurs autorisés à pénétrer dans la zone professionnelle ou d'élevage, il convient de respecter des règles strictes : utilisation adéquate du sas, mention sur le registre d'élevage. Des règles tacites sur les périodes sans visites sont parfois édictées mais n'ont pas fait l'objet d'une détermination scientifique (par exemple, pas de visite d'élevage de production dans les 48h précédant une intervention dans un élevage de multiplication). L'introduction d'objets (téléphones, ordinateurs, etc.) constitue un facteur de risque s'ils ne sont pas désinfectés en surface. Le matériel partagé entre élevages doit être désinfecté. Un changement de tenue complet ou le port d'équipements de protection individuelle (EPI) ainsi que le lavage des mains sont obligatoires à l'entrée de tous les élevages. De plus, une douche est requise à l'entrée des élevages de haut niveau sanitaire (sélection-multiplication).

³⁰ *high-efficiency particulate air* = [filtre] à particules aériennes à haute efficacité.

³¹ La phase de protection consiste en la vérification du statut non infectieux des cochettes (examen clinique et/ou examens complémentaires) et la phase d'acclimatation vise à préparer les cochettes à leur insertion dans le troupeau de reproductrices (vaccination, familiarisation avec l'éleveur).

³² [fiche_bio_N02.pdf \(ifip.asso.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

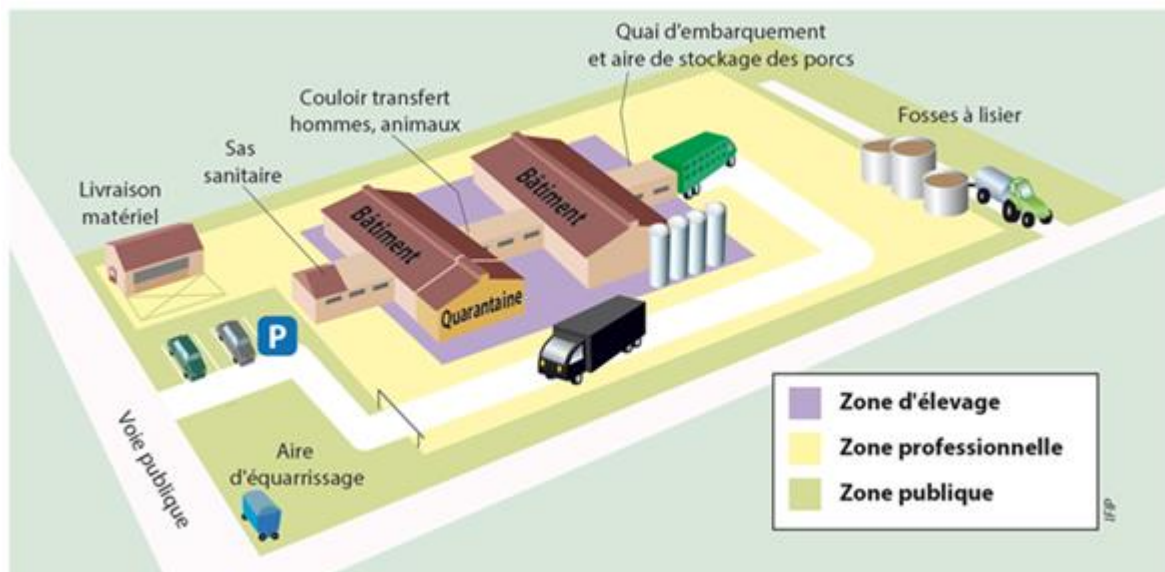


Figure 11 : sectorisation de l'élevage (source : fiche biosécurité IFIP)

Les véhicules transportant des animaux entre élevages ou vers l'abattoir ainsi que les chauffeurs de ces véhicules peuvent transmettre des agents pathogènes. Les transports doivent être dédiés à chaque type d'animaux transportés (reproducteurs, porcelets, porcs charcutiers vers l'abattoir). Les camions doivent faire l'objet d'un plan de nettoyage et de désinfection³³, qui peut être difficile à réaliser en pratique³⁴ (séchage en hiver, coins difficilement atteignables lors des opérations de nettoyage/désinfection). Chargement et déchargement des animaux constituent des moments critiques. Un quai d'embarquement auquel les camions accostent est situé à l'extérieur de l'élevage. L'accès à l'aire de stockage, à partir du quai d'embarquement doit être fermé par une porte.

Pour limiter la probabilité d'infection par le voisinage, qui est variable en fonction des situations d'élevages (densité d'élevages dans la zone, présence d'abattoirs ou de clos d'équarrissage, conditions atmosphériques), la présence de barrières physiques comme des haies peut constituer un obstacle à la transmission aérienne d'agents pathogènes (décrit pour l'IAHP).

3.2.2 Biosécurité interne

Contrôler les flux d'animaux et éviter les mélanges d'animaux de groupes d'âges différents par la stricte application de la conduite en bande (tout plein/tout vide³⁵) et des opérations de nettoyage/désinfection des cases/salles entre les bandes contribue à réduire la propagation des agents pathogènes au sein de l'élevage. De telles pratiques sont associées à une moindre utilisation d'antibiotiques ou une moindre prévalence du portage de salmonelles, par exemple (Isomura, Matsuda et Sugiura 2018; Lurette *et al.* 2011). Un ordre de visite (soins) respectant

³³ Règlement (CE) n° 1/2005 du Conseil du 22 décembre 2004 relatif à la protection des animaux pendant le transport et les opérations annexes et modifiant les directives 64/432/CEE et 93/119/CE et le règlement (CE) n° 1255/97. [EUR-Lex - 32005R0001 - EN - EUR-Lex \(europa.eu\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

³⁴ [Documentation - IFIP](#) lien vérifié le 04/06/24.

³⁵ Le tout plein/tout vide consiste à introduire simultanément les animaux d'une bande dans une salle et à la vider totalement à l'issue de la période d'élevage (ex le post-sevrage). Cela donne la possibilité de pratiquer un nettoyage, une désinfection et un vide sanitaire.

le principe de la marche en avant, allant des animaux les plus jeunes aux plus âgés est à instaurer (de la maternité vers l'engraissement), sauf en cas de signes cliniques car les animaux malades sont à voir en dernier indépendamment de leur âge. Il en est de même pour le local dédié à l'infirmerie qui doit être visité en dernier (mais existe rarement en pratique). Le plan de l'élevage doit faciliter l'organisation du travail et permettre la séparation des classes d'âges d'animaux en complément des barrières physiques, des pédiluves, des équipements de lavage des mains et des bottes (préalable à l'utilisation du pédiluve), ainsi que des vêtements dédiés par zone.

Le système de ventilation doit être correctement conçu et paramétré pour ne pas augmenter la pression d'infection en évitant la transmission entre secteurs de l'élevage (notamment pour les agents pathogènes responsables d'infections respiratoires).

Le nettoyage et la désinfection des locaux doivent être correctement réalisés, avec une attention particulière portée à l'élimination de la matière organique avant l'application des désinfectants³⁶. Lors d'interventions médicales, le changement d'aiguilles doit permettre d'éviter la transmission iatrogène d'agents pathogènes (les recommandations sont d'utiliser une aiguille par reproducteur ou par portée/case lorsqu'il s'agit de porcs en croissance).

3.3 Évaluation de la biosécurité en élevage

Les experts n'ont pas identifié d'audit spécifiquement développé pour l'influenza porcine adapté au contexte du rapport.

Des audits de biosécurité (questionnaires où le degré de mise en œuvre de mesures de biosécurité est évalué) ont été développés pour évaluer la biosécurité dans un élevage.

Un audit de biosécurité peut être conçu pour évaluer de façon exhaustive la biosécurité interne et externe d'un élevage, sans cibler un agent pathogène spécifique (Laanen *et al.* 2013). C'est par exemple le cas de l'audit Biocheck de l'Université de Gand³⁷ (Belgique), où 109 questions sont réparties entre 12 sous-catégories de risque (Laanen *et al.* 2013) ou des audits Porcprotect et Pig Connect³⁸ menés en France. Un audit de biosécurité peut aussi cibler uniquement la prévention de risques liés à un agent pathogène en particulier. Par exemple, l'audit utilisé par Silva *et al.* dans 82 élevages porcins des États Unis d'Amérique ciblait uniquement la prévention du virus du syndrome dysgénésique et respiratoire porcine (SDRP) (Silva *et al.* 2018). Les scores obtenus (issus d'une pondération des mesures de biosécurité ou non) sont informatifs d'un niveau de biosécurité mais ne permettent pas d'identifier quelles mesures mettre en œuvre en priorité pour prévenir efficacement les risques d'introduction ou de persistance des agents pathogènes dans un élevage donné. Toutefois, ces auteurs ont appliqué une méthode d'analyse multicritères (MCDA) à la hiérarchisation des mesures de biosécurité. Plus récemment, un audit visant à identifier des actions prioritaires pour améliorer la biosécurité dans l'élevage et pas uniquement à aboutir à des scores a été élaboré et réalisé (Scollo *et al.* 2022).

Par ailleurs, des méthodes statistiques (modèles bayésiens, *machine learning*) sont parfois appliquées afin d'évaluer l'impact de la mise en œuvre de mesures de biosécurité sur la survenue de maladies. Ainsi Cox *et al.* ont mis en évidence un effet favorable du

³⁶ [Guide de Bonnes Pratiques d'Hygiène en élevage de porcs 2023 \(à télécharger\) - IFIP](#) lien vérifié le 04/06/24.

³⁷ [Accueil | Biocheck.UGent \(biocheckgent.com\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

³⁸ [ANSP | Association Nationale Sanitaire Porcine \(ansporc.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

nettoyage/désinfection des véhicules sur la probabilité d'introduction du virus influenza porcine (Cox *et al.* 2016).

3.4 Mise en place de plans de biosécurité

3.4.1 Le contexte réglementaire

La législation française a imposé la mise en œuvre de mesures spécifiques pour prévenir les risques liés au virus de la peste porcine africaine (PPA) circulant en Europe (arrêté du 16 octobre 2018³⁹). Ainsi, la campagne 2020-2021 de visite sanitaire porcine a eu pour objet la biosécurité et les éleveurs doivent être formés à la biosécurité. Il en est de même pour les transporteurs de suidés (arrêté du 29 Avril 2019⁴⁰). En élevage, la réglementation impose la réalisation d'un plan de biosécurité et la désignation d'un référent ayant suivi une formation dédiée. Des mesures sont listées dans l'arrêté concernant la gestion des flux de véhicules, matériels, personnes et animaux (dont la protection vis-à-vis du contact avec la faune sauvage) et le zonage de l'exploitation en 3 zones, la gestion de l'alimentation et la litière, le nettoyage-désinfection et vide sanitaire incluant la lutte contre les nuisibles ainsi que la gestion des cadavres.

3.4.2 Observance

Quel que soit le type d'élevage, l'application adéquate et constante des mesures de biosécurité par tous les intervenants sur un site de production est un défi permanent. De manière générale, l'observance représente un enjeu important pour la filière porcine, car les solutions proposées pour la prévention de maladies infectieuses ne peuvent pas se limiter à énoncer des mesures sans tenir compte de la probabilité que celles-ci soient correctement appliquées sur le terrain.

L'observance est hétérogène entre les élevages. Plusieurs études ont exploré les facteurs déterminant l'attitude des éleveurs vis à vis de la biosécurité. Des facteurs personnels ont été mis en évidence ainsi que des facteurs externes (sources d'informations par exemple). Le rôle des vétérinaires comme conseillers de confiance sur le thème de la biosécurité pour l'éleveur a été mis en évidence. D'autres facteurs interviennent, comme l'agent pathogène considéré (Cox *et al.* 2016) ou le fait de se situer dans une zone à forte densité porcine (Simon-Grifé *et al.* 2013) qui est associé à une meilleure mise en œuvre des mesures de biosécurité. Le niveau de formation des éleveurs était positivement corrélé à leur prise en considération de la biosécurité (Nöremark *et al.* 2009).

³⁹ [Arrêté du 16 octobre 2018 relatif aux mesures de biosécurité applicables dans les exploitations détenant des suidés dans le cadre de la prévention de la peste porcine africaine et des autres dangers sanitaires réglementés - Légifrance \(legifrance.gouv.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

⁴⁰ [Arrêté du 29 avril 2019 relatif aux mesures de prévention de la propagation des dangers sanitaires réglementés via le transport par véhicules routiers de suidés vivants - Légifrance \(legifrance.gouv.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

La biosécurité englobe les mesures à mettre en place pour limiter l'introduction d'agents pathogènes dans un élevage (barrières physiques, statut sanitaire des animaux introduits, contrôles à l'entrée des êtres humains et des véhicules, etc.), leur dissémination au sein de l'élevage (contrôle des flux d'animaux et d'air, ordre de visite/soin, nettoyage/désinfection des locaux et du matériel) et leur diffusion à l'extérieur de l'élevage (vers d'autres animaux, l'être humain et l'environnement). Des audits ont été développés pour évaluer la mise en œuvre effective des mesures de biosécurité. En France, la biosécurité est inscrite dans la législation pour les élevages porcins ainsi que pour le transport des suidés, les mesures préconisées visant en premier lieu la peste porcine africaine et dans une moindre mesure les maladies à transmission aéroportée. L'observance des mesures de biosécurité, concept primordial pour la protection des élevages, fait l'objet de travaux de recherche qui contribuent à en comprendre les déterminants.

4 Les virus influenza porcins de type A

4.1 Origines et évolutions des virus influenza porcins de type A

Les *Alphainfluenzavirus* ou virus influenza de type A (IAV) sont des virus enveloppés et leur génome est composé de huit segments uniques d'ARN monocaténaire de polarité négative. Différents sous-types (HxNy) sont distingués en fonction de la nature des deux glycoprotéines de surface, l'hémagglutinine (HA) et la neuraminidase (NA), qui sont les principaux antigènes cibles des anticorps neutralisants. Des lignages génétiques se distinguent au sein de ces sous-types, en fonction de l'origine et de l'évolution des gènes HA et NA. Les génotypes sont définis en fonction des lignages des gènes HA et NA ainsi que de ceux des six autres gènes (dits « internes »), lesquels codent les protéines du complexe polymérase (gènes PB2, PB1, PA), la nucléoprotéine (gène NP), les protéines de matrice (gène M) et les protéines non structurales (gène NS).

Les oiseaux aquatiques sauvages, notamment de la famille des anatidés, constituent le principal réservoir de la diversité génétique des IAV (H1-H16 et N1-N9), même si d'autres IAV (H17-H18 et N10-N11) ont été détectés chez des chauve-souris (Abdelwhab et Mettenleiter 2023). Les virus aviaires issus de la faune sauvage peuvent occasionnellement être transmis à des oiseaux domestiques et à des mammifères. Ainsi, des IAV se sont adaptés à d'autres espèces, parmi lesquelles l'être humain et le porc, générant des lignées d'IAV spécifiques de ces hôtes, lesquels peuvent à leur tour être transmis à d'autres espèces.

Chez le porc, les acides sialiques (AS) qui sont présents à la surface des cellules épithéliales de l'arbre respiratoire, et qui servent de récepteurs aux IAV, sont globalement distribués de la même manière que chez l'être humain. On retrouve principalement, tout le long de l'épithélium de l'arbre respiratoire, des récepteurs de type AS- α 2,6-Gal, mais des récepteurs de type AS- α 2,3-Gal sont également présents dans la muqueuse nasale et dans l'arbre respiratoire inférieur (Kristensen *et al.* 2024; Nelli *et al.* 2010; Trebbien, Larsen et Viuff 2011; Van Poucke *et al.* 2010). Ainsi, le porc peut être infecté par des virus influenza A porcins, les swIAV, lesquels ont généralement une plus grande affinité pour les récepteurs de type AS- α 2,6-Gal que pour ceux de type AS- α 2,3-Gal ; le porc peut également être infecté par des IAV humains, qui se lient eux aussi aux récepteurs de type AS- α 2,6-Gal, voire par des IAV aviaires, qui eux se lient aux récepteurs de type AS- α 2,3-Gal (Trebbien, Larsen et Viuff 2011). D'autres déterminants peuvent affecter la transmission inter-espèces des IAV des facteurs viraux intrinsèques (la stabilité de la HA, l'efficacité de transcription et de réplication, l'efficacité de la NA, etc.), des facteurs d'hôte (la température corporelle, l'immunité adaptative pré-existante, les facteurs de restriction impliqués dans l'immunité innée anti-virale, etc.) ainsi que des facteurs extrinsèques (conditions environnementales favorables, opportunité de contact, etc.) (McKellar *et al.* 2021; Munoz *et al.* 2016; Subbarao 2019) (voir section 5.5.4 pour plus de détails).

La transmission d'IAV de source humaine au porc (zooanthroponose) relève des mêmes voies que la transmission des swIAV du porc vers l'être humain (anthropozoonose), par le biais des aérosols et/ou des sécrétions oro-nasales contaminés (Glud *et al.* 2021) (voir section 5.1).

Les mécanismes sous-jacents à la transmission d'IAV d'origine aviaire au porc sont moins documentés ; cette transmission pourrait également se faire par le biais d'aérosols, produits par un oiseau infecté ou formés à partir de fientes contaminées (les virus aviaires étant

excrétés dans les fientes des oiseaux), ou bien par contact avec des sécrétions contaminées (voie orale et/ou nasale) (Koçer *et al.* 2013). La contamination par la voie alimentaire (consommation d'oiseaux ou d'eau contaminés) n'est pas documentée mais ne peut être exclue notamment en élevage plein air. Toutefois, quatre porcs inoculés expérimentalement par ingestion chacun d'un œuf embryonné infecté à haute dose (10^8 - 10^9 TCID₅₀/mL) par un virus aviaire hautement pathogène⁴¹ (IAHP) n'ont pas été infectés (Graaf *et al.* 2023).

Chez le porc, l'émergence d'un nouveau swIAV, qui est différent de ceux déjà identifiés, peut résulter de divers mécanismes :

- le transfert *in toto* d'un IAV d'une autre espèce animale ;
- des modifications génétiques (mutation, délétion, insertion) introduites pendant la réplication du génome viral, en raison d'erreurs de l'ARN polymérase ARN-dépendante du virus, dépourvue de mécanismes de relecture et d'activité de correction. Lorsque les modifications concernent les gènes codant la HA ou la NA, elles peuvent conduire à un « glissement antigénique » (*drift*) et à l'émergence d'un nouveau variant antigénique ;
- le réassortiment génétique, en raison de la segmentation du génome viral. Lorsqu'une cellule est co-infectée par deux virus différents, il peut se former, lors de l'assemblage et du bourgeonnement, un virus réassortant ayant emprunté des segments génomiques à l'un et l'autre des virus parentaux. Quand le réassortiment concerne le gène HA ou NA, il entraîne une « cassure antigénique » (*shift*), c'est-à-dire le remplacement d'un antigène majeur.

L'apparition d'un nouveau swIAV variant ou réassortant dans une population de porcs n'entraîne pas toujours la disparition des autres virus précédemment en circulation. Ainsi, on distingue des swIAV enzootiques, c'est-à-dire des virus qui se sont adaptés à l'espèce porcine et qui ont largement diffusé dans la population porcine, et des swIAV sporadiques, qui sont détectés ponctuellement sur un territoire mais sans diffusion apparente à l'échelle d'une population. Un virus d'abord qualifié de sporadique peut devenir enzootique.

Chez le porc, on ne distingue pas de swIAV faiblement pathogènes (FP) ou hautement pathogènes (HP) comme cela est le cas pour les virus influenza A aviaires de sous-types H5 et H7.

Les swIAV qui circulent chez le porc sont des virus de sous-types H1N1, H1N2 et H3N2. Lorsqu'on remonte leur historique, on s'aperçoit que tous les swIAV ont initialement émergé suite à la transmission au porc d'un virus provenant d'une autre espèce. La plupart du temps, l'introduction chez le porc d'un virus d'origine humaine, voire aviaire, conduit à des phénomènes de réassortiments qui permettent de fixer des gènes de ces virus d'origine humaine ou aviaire dans des virus préalablement adaptés à l'espèce porcine (Kuntz-Simon et Madec 2009; W. Ma 2020; A. Vincent *et al.* 2014). L'incorporation de gènes de virus humains est beaucoup plus fréquente que celle de gènes de virus aviaires (Nelson et Vincent 2015; Rajao, Vincent et Perez 2019). Les reconstructions phylogénétiques ont permis de classer les séquences des gènes H1 et H3 des swIAV en clades et sous-clades, définis non seulement en fonction de l'origine (humaine ou aviaire) du gène HA, mais également en fonction de la date de son introduction (Anderson *et al.* 2021; Anderson *et al.* 2016).

L'adaptation et la diffusion chez le porc de virus aviaires *in toto* sont très rares, n'ayant été rapportées qu'à deux reprises, respectivement en Europe (virus H1N1) et en Asie (virus H3N2). Des virus aviaires faiblement pathogènes de sous-types H3N3, H4N1, H4N6, H4N8, H5N1, H5N2, H5N6, H6N6, H7N2, H7N9, H9N2, ou encore H10N5 et H10N8, ainsi qu'un virus

⁴¹ souche H5N1 HP A/chicken/Germany/AI04286/2022 (genotype Ger-10.21-N1.5).

H3N8 équin, ont également été détectés chez des porcins de manière sporadique, mais ces virus ne se sont pas adaptés à l'espèce porcine (Chauhan et Gordon 2021; Fu *et al.* 2020; He *et al.* 2013; Meseko *et al.* 2018; Simon 2010; Tu *et al.* 2009; Xu *et al.* 2014).

Les quelques enquêtes sérologiques qui ont été conduites afin d'estimer la fréquence des transmissions d'IAV aviaires au porc ne rapportent pas toujours des résultats positifs selon les valences antigéniques testées ou les méthodes utilisées (Cao *et al.* 2013; X.H. Song *et al.* 2010). Cependant, certaines d'entre-elles ont suggéré des infections, notamment lorsque des contacts entre espèces ont pu avoir eu lieu dans des contextes d'élevages de plein air ou de basse-cour par exemple (Chauhan et Gordon 2022; Jallow *et al.* 2023; Yuan *et al.* 2013). Parmi les anticorps détectés, on relève des anticorps dirigés contre des virus IAHP de sous-types H7N7, H5N8 et H5N1 (S. Hervé, Schmitz, *et al.* 2021; Jallow *et al.* 2023; W. Loeffen, de Boer et Koch 2004; Meseko *et al.* 2018; Rosone *et al.* 2023). Globalement, il semble que ces événements de transmission de virus IAHP au porc surviendraient plutôt rarement, mais ils pourraient être plus fréquents dans certains pays, comme rapporté au Niger (Meseko *et al.* 2018) et au Sénégal (Jallow *et al.* 2023) sans doute en lien avec les modes d'élevage qui permettraient des contacts entre espèces et avec les voies migratoires des oiseaux sauvages porteurs de la diversité virale. Les quelques inoculations expérimentales de virus IAHP H5NX de clade 2.3.4.4x disponibles au moment de la rédaction de ce rapport, tout comme les inoculations d'autres IAV aviaires faiblement pathogènes, ont montré une faible réceptivité des porcins, ce qui conduit à minimiser la possibilité d'infections productives efficaces (Abente, Gauger, *et al.* 2017; Bailey Arruda *et al.* 2024b; De Vleeschauwer, Van Poucke, *et al.* 2009; Graaf *et al.* 2023; Kaplan *et al.* 2017; Stadejek, Chiers et Van Reeth 2023; Trebbien, Larsen et Viuff 2011; Urbaniak *et al.* 2022). Cependant, des modifications génétiques après passage de la barrière d'espèce (Bailey Arruda *et al.* 2024b) et/ou des réassortiments des virus aviaires avec des swIAV enzootiques à l'occasion de co-infections (Abente, Kitikoon, *et al.* 2017; Gomaa *et al.* 2018; W. Sun *et al.* 2022) pourraient conduire à l'adaptation des souches aviaires à l'hôte porcine.

D'autres virus réassortants de sous-types H3N1, H2N3 ou H1N7, dont certains ayant incorporé des gènes de virus aviaire ou équin, ont aussi été identifiés chez le porc mais ne se sont pas maintenus (Simon 2010). Cependant, des gènes de virus aviaires ont été incorporés dans des virus porcins triple-réassortants (combinant des gènes de virus porcins, humains et aviaires) de sous-types H3N2, H1N2 et H1N1 qui ont émergé en Amérique du Nord à partir de la fin des années 90 et qui se sont depuis largement répandus sur ce continent, ainsi qu'en Asie (W. Ma 2020). Ces virus dits « à cassette TRIG » (*triple reassortant internal genes*) ont eux-mêmes opéré des réassortiments successifs, *via* notamment l'acquisition de nouveaux gènes HA et/ou NA d'origine humaine (Anderson *et al.* 2021; Kaplan *et al.* 2021; A. Vincent *et al.* 2014).

Les virus influenza A porcins (swIAV) sont des virus enveloppés dont le génome est composé de huit segments d'ARN simple brin. Des virus de trois sous-types (H1N1, H1N2 et H3N2) circulent chez le porc domestique, mais de multiples génotypes se distinguent au sein de chacun d'eux, en fonction des lignages génétiques d'appartenance des différents segments génomiques. L'émergence d'un nouveau swIAV peut résulter du transfert *in toto* d'un virus influenza A d'une autre espèce, de modifications génétiques introduites pendant la réplication du génome viral, ou du réassortiment génétique pouvant avoir lieu à l'occasion d'une co-infection par deux virus différents. L'incorporation de gènes de virus humains dans des swIAV est beaucoup plus fréquente que l'incorporation de gènes de virus aviaires.

4.2 Virus influenza porcins identifiés en Europe et en France depuis la pandémie de 2009

Bien que seuls des virus de sous-types H1N1, H1N2 et H3N2 soient enzootiques chez le porc, de nombreux lignages génétiques et génotypes existent au sein de ces sous-types. Ils se distinguent en fonction des continents, mais aussi, de manière de plus en plus marquée, en fonction des pays/régions.

4.2.1 SwIAV en Europe

A l'échelle européenne, on distingue quatre lignages principaux de swIAV enzootiques (Figure 12) (Brown 2013; Henritzi *et al.* 2020; G. Richard et Byrne 2024; Simon *et al.* 2014; Watson *et al.* 2015). Le lignage « Eurasian avian-like (EA) swine H1N1 » (H1_{av}N1 ; H1 de clade 1C.2), entièrement d'origine aviaire, est apparu en 1979. Le lignage « human-like réassortant swine H3N2 » (H3N2) a émergé en 1984 suite à un réassortiment entre le virus H1_{av}N1 et un virus H3N2 d'origine humaine issu de la pandémie de 1968, lequel a fourni ses gènes H3 et N2. Le lignage « human-like réassortant swine H1N2 » (H1_{hu}N2 ; H1 de clade 1B.1) est apparu à la suite d'un réassortiment entre le swIAV H3N2 et un virus H1N1 humain saisonnier, virus qui a fourni son gène H1. Enfin, le lignage « pandemic-like swine H1N1 » (H1N1pdm09 ; H1 de clade 1A.3.3.2) fait suite à l'introduction, en 2009, du virus humain A/H1N1pdm09 responsable de la première pandémie grippale du XXI^e siècle (Garten *et al.* 2009; Smith, Vijaykrishna, *et al.* 2009). Ce virus humain est lui-même d'origine porcine, car constitué de gènes issus du H1_{av}N1 européen et d'un swIAV triple réassortant américain, mais il n'avait jamais été détecté chez le porc avant d'émerger chez l'être humain (Mena *et al.* 2016) (voir sections 5.5.2 et 5.5.5). Le virus A/H1N1pdm09 est devenu saisonnier chez l'être humain et des transmissions de l'être humain vers le porc au moment des épidémies hivernales, en plus de sa circulation toute l'année dans la population porcine, ont également été documentées (Nelson *et al.* 2015; Ryt-Hansen *et al.* 2021).

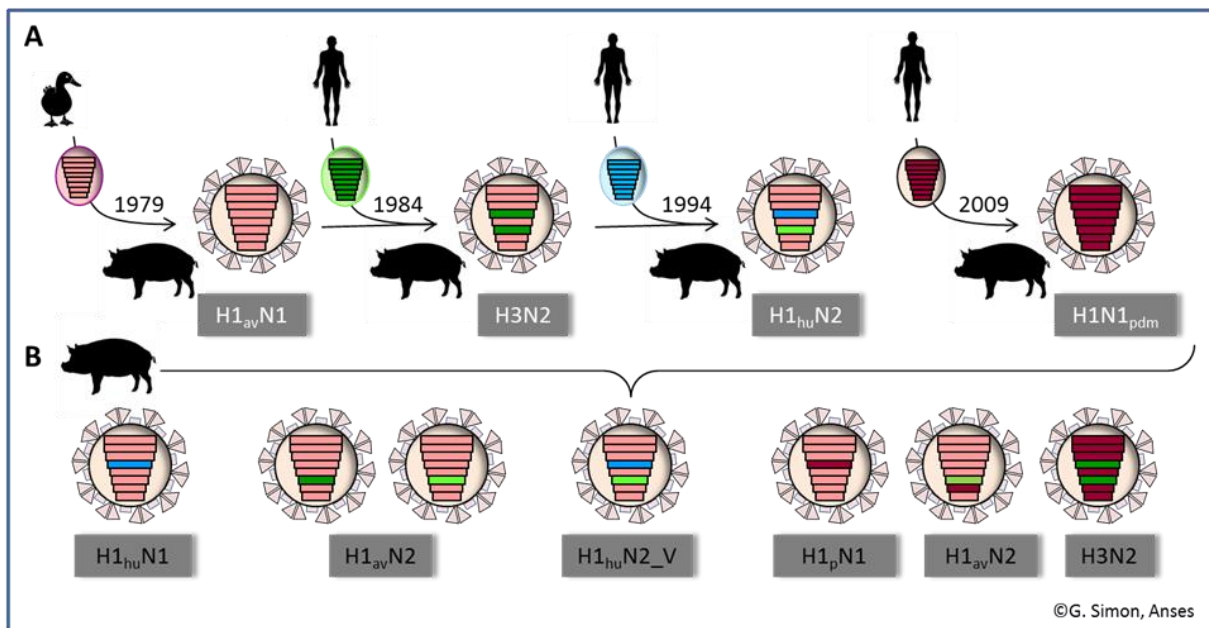


Figure 12 : origine et diversité génétique des virus influenza A identifiés chez le porc en Europe depuis 2009. A. Virus influenza A porcins enzootiques. B. Exemples de virus influenza A porcins réassortants ou variants sporadiques (Simon, 2021 *Recueil Journées Nationales des Groupements techniques Vétérinaires*, pp453-460).

Même si les virus de sous-type H3N2 avaient déjà tendance à être moins fréquents dans certains pays depuis l'émergence des virus H1_{hu}N2, des swIAV de ces quatre lignages enzootiques parentaux ont co-circulé chez le porc en Europe à partir de 2009 et de nombreux virus issus de réassortiments génétiques entre ces virus enzootiques ont été détectés au cours des dix dernières années dans de nombreux pays européens (Henritzi *et al.* 2020; Watson *et al.* 2015). Des virus réassortants étaient déjà détectés avant 2009, mais les combinaisons de gènes se sont diversifiées depuis l'introduction du virus H1N1pdm09. Ainsi, de nouveaux génotypes viraux sont devenus enzootiques à l'échelle de certains pays, allant parfois jusqu'à supplanter localement les virus parentaux. Il en est ainsi par exemple pour un virus H1_{av}N2 au Danemark, un virus H1_{hu}N2 au Royaume-Uni ou encore un virus H1_{pdm}N2 en Allemagne, etc. (Everett *et al.* 2020; Krog *et al.* 2017; Trebbien *et al.* 2013; Zell *et al.* 2020). Des virus réassortants comportant un gène HA ou NA issu de virus humain saisonnier de sous-type A/H3N2 sont également identifiés, confirmant que les animaux peuvent être infectés par d'autres virus humains que le virus A/H1N1pdm09 lors des épidémies hivernales (Chastagner, Bonin, *et al.* 2019; Chiapponi *et al.* 2018; G. Richard et Byrne 2024; Ryt-Hansen *et al.* 2021).

Du fait des glissements et des cassures antigéniques, certains des virus porcins à H1_{av} (1C), H1_{hu} (1B) ou H3 identifiés aujourd'hui s'éloignent, sur le plan antigénique des antigènes contenus dans le seul vaccin vétérinaire disponible visant ces lignages, vaccin qui contient des souches inactivées isolées au début des années 2000 (Deblanc *et al.* 2020; Deblanc *et al.* 2024) (voir section 4.3.5.1). Indépendamment de la vaccination, la distance antigénique entre un virus émergent les souches préalablement en circulation sur un territoire peut aussi être un élément facilitant sa diffusion, du fait de l'absence d'immunité de population préexistante. Ces phénomènes ont pu contribuer à la propagation dans plusieurs autres pays européens, comme l'Allemagne, l'Italie, l'Espagne et la France (voir plus loin), du virus H1_{av}N2 qui était préalablement devenu enzootique au Danemark. De nouveaux sous-clades, 1C.2.4-6, ont ainsi été définis depuis 2021 au sein du clade 1C.2 formé par les gènes H1_{av}, en sus des

clades 1C.2.1-3 précédemment distingués (voir OFFLU, 2023⁴²). Les gènes HA du clade 1C.2.4 présentent des spécificités régionales bien marquées, avec la fixation de certaines délétions/mutations près du site de fixation au récepteur ou dans certains sites antigéniques. A contrario, les virus portant un gène HA de clade 1B.1 (H1_{hu}) ne sont plus détectés que dans certaines zones géographiques : virus de clade 1B.1.1 au Royaume-Uni exclusivement ; virus de clade 1B.1.2.x en Italie, Espagne, Allemagne, Belgique, France, mais de plus en plus rarement (G. Richard et Byrne 2024). De manière inattendue cependant, des virus H1N2 portant un gène HA de clade 1B.2 (clade circulant aux Etats-Unis) ont été récemment rapportés en Irlande du Nord alors qu'ils n'avaient jamais été détectés en Europe précédemment (Lagan *et al.* 2024). Ainsi, les génotypes viraux détectés et leurs fréquences relatives varient aujourd'hui largement d'un pays à l'autre, rendant difficile la réalisation de bilans globaux réguliers des swIAV en circulation à l'échelle européenne.

4.2.2 SwIAV en France

Du début des années 2000 jusqu'en 2019, les swIAV européens du lignage H1_{av}N1 (HA de clade 1C.2.1 ou plus rarement de clade 1C.2.2) étaient responsables des trois-quarts des cas de grippe chez le porc, circulant sur l'ensemble du territoire (S. Hervé *et al.* 2019; Simon *et al.* 2014; Watson *et al.* 2015). Les virus du lignage H1_{hu}N2 comptaient pour environ 20 % des cas, affectant plutôt les élevages du Nord-Ouest et du Nord-Est⁴³. Le virus H3N2 était seulement identifié très sporadiquement dans le Nord-Est. Un variant antigénique du virus H1_{hu}N2 avait émergé en 2012 et avait compté pour près de la moitié des souches H1_{hu}N2 pendant quelques années, mais il ne s'est pas maintenu et n'a plus été détecté qu'une seule fois en 2019. Des virus réassortants H1_{av}N2 et H1_{hu}N1 étaient ponctuellement détectés dans le Nord-Ouest, issus de réassortiments entre les lignages enzootiques en circulation dans cette région. Le virus H1N1pdm09, introduit début 2010, a vu sa fréquence augmenter au cours du temps, jusqu'à représenter près de 8% des souches identifiées en 2019. C'est le seul lignage à avoir été davantage détecté en hiver, notamment lorsqu'il était majoritaire chez l'être humain au moment des épidémies saisonnières (Chastagner *et al.* 2018). Jusqu'en 2019, il était moins fréquemment identifié dans le Nord-Ouest que dans les autres régions. Des virus réassortants comportant un ou plusieurs gènes du virus H1N1pdm09 étaient également identifiés de temps en temps (S. Hervé *et al.* 2019). Enfin, des virus portant un gène N2 de virus H3N2 humain saisonnier ont aussi été caractérisés (Chastagner, Bonin, *et al.* 2019).

En 2020, les proportions des différents lignages de swIAV ont été largement modifiées suite à l'introduction, l'adaptation et la diffusion d'un nouveau virus H1_{av}N2. Ce virus H1_{av}N2, dit de génotype #E, a émergé en Bretagne en février 2020, suite, vraisemblablement, à une introduction *in toto* depuis un autre pays européen d'une souche H1_{av}N2 d'origine danoise. Il porte une HA de clade 1C.2.4 mais présente des caractères propres (des mutations et une double délétion dans le site de fixation au récepteur et des mutations dans des sites antigéniques) comparativement aux autres virus H1_{av}N2 de clade 1C.2.4 identifiés dans d'autres pays européens (Séverine Hervé, Chastagner, *et al.* 2021). Le virus H1_{av}N2#E s'est très rapidement propagé dans le Nord-Ouest, provoquant une épizootie marquée, sans

⁴² [OFFLU-vcm-swine-2023a](#) lien vérifié le 04/06/24.

⁴³ La répartition des différents lignages viraux sur le territoire (France métropolitaine hors Corse) est donnée selon quatre grandes régions géographiques, à savoir Nord-Ouest, Nord-Est, Sud-Ouest et Sud-Est, lesquelles sont définies comme indiqué en Annexe 14.

précédent depuis l'introduction du virus H1_{hu}N2 dans les années 90 (Gautier Richard *et al.* 2024).

En 2021, ce virus H1_{av}N2#E a continué à être le virus le plus fréquemment (62,3 %) identifié (parmi les 199 souches virales caractérisées) dans les élevages de porcs en France hexagonale (données LNR-IP). Après avoir diffusé dans le Nord-Ouest, il a gagné des élevages localisés dans le Sud-Ouest et le Sud-Est. Le virus H1_{av}N1 est resté le deuxième sous-type le plus prépondérant (26,6 %). La fréquence du virus H1N1pdm09 a quant à elle largement dépassé celle du virus H1_{hu}N2 (8 % et 1 %, respectivement). À noter que le virus H1N1pdm09 a été détecté dans le Nord-Ouest plus souvent que les années précédentes. Enfin, on a identifié 1,5 % de réassortants H1_{pdm}N1 (principalement détectés dans le Nord-Ouest) et H1_{pdm}N2 (dans le Nord-Est).

En 2022, le H1_{av}N2#E est resté majoritaire mais sa fréquence a diminué à 52,1 % (parmi les 167 souches virales caractérisées), tandis que celle du H1_{av}N1 est remontée à 38,3 % (données LNR-IP). Le virus H1_{hu}N2 reste rare (1,2 %). Le virus H1N1pdm09 a continué de compter pour 6,6 % des virus identifiés. Les fréquences des virus H1_{pdm}N1 et H1_{pdm}N2 se sont maintenues (1,8 %).

A noter qu'il n'y a pas d'analyses virologiques réalisées sur les porcs élevés en Corse. Une enquête sérologique menée en 2013-2014 a toutefois permis de détecter des anticorps dirigés contre le virus H1N1pdm09 et contre le virus H1_{av}N1, suggérant la circulation de ces deux lignages au sein de la population insulaire (Grech-Angelini *et al.* 2018).

Quatre grands lignages de swIAV co-circulent à l'échelle européenne depuis 2009, à savoir H1_{av}N1 (HA clade 1C), H3N2, H1_{hu}N2 (HA clade 1B) et H1N1pdm09 (HA clade 1A), mais un nombre croissant de nouveaux génotypes issus de réassortiments entre ces virus ont été détectés au cours des dix dernières années. Dans certains pays, des réassortants ont supplanté les virus parentaux. Ainsi, les génotypes viraux aujourd'hui détectés et leurs fréquences relatives varient grandement d'un pays à l'autre. Du fait des glissements et des cassures antigéniques, une distance se creuse entre les swIAV en circulation et les antigènes contenus dans les préparations vaccinales. En France, le virus H1_{av}N1 (HA de clade 1C.2.1) était responsable des trois-quarts des cas de grippe jusqu'à l'émergence, en 2020, d'un virus réassortant H1_{av}N2 d'origine danoise. D'abord détecté en Bretagne, ce nouveau virus portant une HA de clade 1C.2.4 a été responsable d'une épizootie marquée dans le Nord-Ouest du pays avant de se propager sur le territoire et devenir le virus majoritairement identifié.

4.3 Epidémiologie de la grippe chez le porc

4.3.1 Epidémiologie descriptive de l'infection par les virus influenza porcins dans la population porcine

Les infections par les virus influenza de type A sont très fréquentes en élevages de porcs, notamment dans les zones de forte densité porcine. Une enquête de séroprévalence menée à l'abattoir en France hexagonale en 2008-2009 (avant l'introduction du virus H1N1pdm09) indique que 91% [83-96]_{IC95} des élevages dont les porcs étaient élevés en bâtiments étaient

touchés, dans toutes les régions de l'hexagone (données LNR-IP). En 2018, la séroprévalence au niveau des élevages a été estimée à 87 % [81-92]_{IC95} à l'échelle nationale (données LNR-IP). Une autre enquête sérologique menée début 2022 dans 13 départements du Nord-Ouest a révélé que ce sont 91 % [95 % IC 73 %-93 %] des élevages qui ont été touchés par des infections grippales (Jardin et al. 2023). Ainsi, la séroprévalence est restée très élevée dans l'Hexagone toutes ces dernières années. En Corse, ce sont seulement 26,4% (CI95%: 17.7-36.7%) des élevages qui étaient détectés séropositifs en 2013-2014 (Grech-Angelini *et al.* 2018).

L'analyse couplée des données épidémiologiques et virologiques accumulées *via* la surveillance événementielle (réseau de surveillance Résavip⁴⁴ voir section surveillance 6.1.1) a montré que les infections par les virus influenza touchent tous les types d'élevages au sein desquels sont affectés tous les types d'animaux, de tous âges et de tous stades physiologiques (S. Hervé *et al.* 2019). Cependant, plus de la moitié des animaux confirmés infectés par les virus influenza ont moins de 10 semaines d'âge. Le syndrome grippal est jugé d'intensité normale dans trois quarts des cas environ et d'intensité sévère dans 25 % des cas confirmés positifs (les descriptions des intensités cliniques sont données au paragraphe 4.3.2). La surveillance événementielle menée en France (voir 6.1) a également montré que les swIAV circulent toute l'année, indiquant que la grippe du porc n'a pas de caractère saisonnier (tous sous-types viraux confondus), probablement en lien avec les caractéristiques des systèmes de production (renouvellement permanent de la population par la conduite en bande, confinement, élevage des animaux dans des compartiments successifs en fonction de leur âge avec de nombreux brassages, etc.) (S. Hervé *et al.* 2019).

4.3.2 Expression clinique et voies de transmission

Une grippe d'intensité normale se manifeste par des signes cliniques modérés, associant de l'hyperthermie, des signes respiratoires frustes ou modérés et éventuellement une apathie associée à de l'anorexie ne dépassant pas deux à trois jours. Les taux de mortalité sont généralement faibles. Même si la morbidité peut toucher 100 % des individus d'un lot, le rétablissement s'opère d'ordinaire en cinq à sept jours. Cependant, la sévérité de la maladie peut varier en fonction de la virulence de la souche impliquée, de l'âge des animaux, de leur statut immunitaire et des infections bactériennes ou virales concomitantes. La grippe d'intensité élevée est caractérisée par des 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. Inversement, certaines infections peuvent passer inaperçues, n'entraînant pas de syndrome grippal aisément identifiable au sein d'un troupeau, alors même que les animaux sont excréteurs.

Les swIAV se multiplient principalement dans les cellules de l'arbre respiratoire du porc. Le virus est excrété en moyenne pendant six jours lors de la phase aiguë de l'infection, dans les sécrétions nasales d'animaux malades ou infectés de manière asymptomatique (Van Reeth et Vincent 2019). Les titres viraux peuvent être supérieurs à 10^7 particules infectieuses/mL au pic d'excrétion. La transmission du virus entre porcs se fait principalement par contact naso-pharyngé avec des sécrétions infectieuses (au contact de porcs excréteurs ou de surfaces contaminées), ou par l'inhalation des aérosols produits par les porcs excréteurs lors de toux

⁴⁴ Virus Influenza porcins | PLATEFORME ESA (plateforme-esa.fr) lien vérifié le 04/06/24.

ou d'éternuements. Les swIAV se transmettent entre les élevages principalement par les mouvements d'animaux infectés vers un élevage sensible ; la transmission par voie aéroportée est cependant possible dans les zones à forte densité, jusqu'à 2 km sous des vents dominants (Corzo *et al.* 2013).

La transmission des swIAV se fait principalement par l'inhalation d'aérosols ou de gouttelettes expulsées⁴⁵ par un porc infectieux ou par un contact avec des surfaces contaminées par ces gouttelettes. La propagation efficace des swIAV repose donc sur la capacité de ces virus à survivre au sein des aérosols ou gouttelettes et à maintenir leur infectiosité pendant leur transit entre deux hôtes. De nombreuses études ont apporté des éléments de réponse sur la persistance et l'infectiosité des IAV avec, dans certains cas, des données spécifiques récentes sur les swIAV dans différents environnements et sur différents types de surfaces contaminées. La persistance maximale de l'ARN viral dans l'air ambiant d'un élevage porcin au sein duquel un swIAV a circulé, a été estimée entre 7 à 11 jours en présence des animaux. De plus, il existe une corrélation positive significative entre le niveau de contamination de l'air ambiant évalué en nombre de copies d'ARN/m³ et la charge virale mesurée dans les prélèvements nasaux réalisés chez les porcs (Neira *et al.* 2016).

La persistance environnementale des swIAV est sujette à des variations mineures du couple formé par la température de l'air et son humidité relative. Lors de l'expiration, les aérosols perdent rapidement de la chaleur et de l'humidité avec une réduction concomitante importante de volume des gouttelettes à mesure que l'équilibre s'établit avec l'environnement (David *et al.* 2023; B. Luo *et al.* 2023). De façon générale, la stabilité environnementale des virus enveloppés est affectée par le volume initial et la cinétique d'évaporation des gouttelettes (French *et al.* 2023). Plus la taille des aérosols et des gouttelettes est petite, plus leur durée de suspension dans l'air sera longue, augmentant ainsi la probabilité d'inhalation par d'autres hôtes (Alonso *et al.* 2015; Paules et Subbarao 2017; Pulit-Penalozza *et al.* 2019). Les conditions froides et sèches peuvent prolonger l'infectiosité des virus dans l'environnement et sur les surfaces, tandis que des conditions chaudes et humides peuvent accélérer leur dégradation. A titre d'exemple, les CDC⁴⁶ ont évalué expérimentalement la résistance des IAV et montrent qu'ils sont sensibles à une chaleur humide de 121 °C pendant 20 minutes et à une chaleur sèche de 170 °C pendant 1 heure, de 160 °C pendant 2 heures ou de 121 °C pendant au moins 16 heures (Myatt *et al.* 2010; Wood *et al.* 2010). D'autres facteurs vont avoir un impact sur l'infectiosité du virus tels que le pH, la salinité, la présence de particules en suspension dans l'air (empoussièrement des espaces clos), la pollution de l'air, les rayonnements ultraviolets (UV solaires ou artificiels) sans oublier la nature et la composition de la matrice sur laquelle se trouve le virus (Myatt *et al.* 2010; Poulson *et al.* 2016; Wood *et al.* 2010). Le pH des aérosols a récemment été identifié comme un facteur majeur influençant l'infectiosité du virus transmis par l'air. En effet, les petits aérosols expirés subissent une acidification rapide jusqu'au pH 4 conduisant à une inactivation du virus⁴⁷ (David *et al.*, 2023 et Luo *et al.*, 2023). Les rayonnements solaires (UV-A/B) ont été depuis longtemps identifiés comme responsables d'une inactivation des virus dont les IAV (Sagripanti et Lytle 2007). Dans des conditions expérimentales, une étude a évalué précisément la demi-vie des IAVs en fonction de l'intensité

⁴⁵ L'OMS utilise le terme « particules respiratoires infectieuses » (PRI), désignant à la fois les aérosols et les gouttelettes. <https://www.who.int/fr/news/item/18-04-2024-leading-health-agencies-outline-updated-terminology-for-pathogens-that-transmit-through-the-air> lien vérifié le 04/06/24.

⁴⁶ [Instructions for monitoring health of laboratory workers and for destroying influenza A \(H2N2\) samples \(cdc.gov\)](https://www.cdc.gov/media/releases/2024/s0715-lab-worker-health.html) lien vérifié le 15/07/24.

⁴⁷ Il existe 3 tailles de particules expirées (0,2µm, 1µm et 5µm). Plus la taille est petite plus la particule atteint un pH 4 rapidement pouvant passer de 4-5min à quelques secondes.

lumineuse (UV-C). Il en résulte que les IAV voient leur demi-vie passer de 31,6 minutes à l'obscurité à 2,4 minutes en pleine intensité lumineuse (exposition aux UV-C) et cela quels que soient les niveaux d'humidité relative (à 20 et à 70 %) (Schuit *et al.* 2020). Enfin, les espaces clos et mal ventilés combinés à une densité d'animaux importante favoriseront la persistance des bioaérosols par manque de renouvellement d'air et donc la transmission aérienne des swIAV (David *et al.* 2023).

Lorsque les gouttelettes contaminées se déposent sur une surface, la durée d'infectiosité des swIAV va dépendre, outre les facteurs précédemment mentionnés ci-dessus, de la nature des surfaces et peut varier de quelques heures à quelques jours, voire semaines. L'ensemble des études indiquent que les virus vont rester infectieux plus longtemps sur des surfaces inanimées, dures et non poreuses comme celles en plastique, en verre, en métal galvanisé ou inoxydable (Dublineau *et al.* 2011; Perry *et al.* 2016; Wood *et al.* 2010). Au contraire, les surfaces en bois, en raison de leur nature poreuse, ont tendance à être moins favorables au maintien de l'infectiosité des virus par rapport aux surfaces non poreuses. Ainsi la durée de persistance d'infectiosité sur le bois dépasse rarement sept jours et est donc souvent plus courte que sur le plastique et le verre (au moins 7 jours à 35°C et jusqu'à 66 jours à 4°C) (Dublineau *et al.* 2011), ou le métal (au moins sept jours à diverses conditions environnementales) (Perry *et al.* 2016). Le même constat est rapporté sur les tissus (coton ou microfibrés), avec une durée d'infectiosité du virus ne dépassant pas une semaine (Thompson et Bennett 2017). Compte tenu des nombreux paramètres qui doivent être considérés pour estimer la persistance et la durée d'infectiosité des swIAV, il est difficile de recueillir des valeurs précises sur la base des données actuelles de la littérature. Il est seulement possible de fournir des valeurs minimales et maximales.

Il est important de rappeler que les swIAV ne se multiplient pas au niveau intestinal et qu'il n'y a donc pas d'excrétion de particules virales infectieuses dans les fèces au cours de l'infection de l'hôte. Ainsi, la seule source possible de contamination du lisier, comme des autres supports inertes présents dans l'élevage, serait les PRI émises par les porcs infectieux.

Les élevages doivent disposer de capacités de stockage du lisier suffisantes pour respecter *a minima* les périodes d'interdiction d'épandage en prenant en compte les risques liés aux conditions climatiques et les éventuels transferts ou traitements d'effluents (réglementairement, capacité de stockage équivalente à 7 mois et demi de production de lisier pour les élevages de porcs)⁴⁸. Plusieurs phases de stockage sont réalisées en pratique, d'abord sous les animaux puis en extérieur, et habituellement les fosses sont vidées tous les six mois. Lors du stockage, dans la majorité des cas, une fermentation aérobie par oxygénation se produit, induisant une montée en température de l'ordre de 20 à 40°C.

Moins fréquemment, en cas de stockage fermé sans accès à l'oxygène (cas des stations de méthanisation), la température peut augmenter naturellement pour atteindre entre +50°C et +55°C, voire plus, en raison de l'activité bactérienne méthanogène (Levasseur et Dutreme 2007), mais ce procédé est très rarement mis en œuvre en élevage de porcs à cause des contraintes techniques et financières.

La durée de stockage et la montée en température permettent une certaine décomposition des matières organiques et la réduction notable de la concentration des agents pathogènes (virus, bactéries, parasites) pouvant être excrétés et initialement retrouvés dans les fèces des porcs (Levasseur et Dutreme 2007; Mavit 2006). En effet, la survie des agents pathogènes peut être influencée par plusieurs facteurs, notamment la composition chimique du lisier, la température extérieure liée à la saison (été/hiver), le pH, et la présence d'eau.

⁴⁸ [guide_par6.pdf \(developpement-durable.gouv.fr\)](#) lien vérifié le 15/07/24.

Une expérience reproduisant notamment les conditions de température, d'anaérobiose, de pH et de disponibilité en eau du lisier a montré qu'à une température élevée (+55°C), la survie d'un swIAV inoculé à forte dose dans le lisier n'a pas excédé une heure (Bøtner et Belsham 2012).

Ainsi, en prenant en considération l'élévation de la température au cours de la fermentation naturelle du lisier, le fait que les swIAV soient sensibles à la chaleur, le fait que les conditions physico-chimiques dans le lisier ne sont pas favorables non plus à la préservation de leur caractère infectieux, le niveau de risque que le lisier puisse être une source de contamination est négligeable en raison de l'inactivation rapide des swIAV dans cette matrice. De ce fait, les experts considèrent qu'au moment de l'épandage du lisier, avec *a minima* un stockage de quelques mois, et dans le respect des bonnes pratiques d'épandage et du *Règlement Sanitaire Départemental* (temps, distances, équipements, etc.) la probabilité de contamination de l'environnement est négligeable.

Le taux de reproduction effectif⁴⁹ (Re) a été estimé, expérimentalement, à près de 15 pour des porcelets dépourvus d'immunité passive et à plus de 5 pour des porcelets ayant encore des anticorps maternels (Cador, Hervé, *et al.* 2016). Ceci indique que le virus peut se propager au sein des bandes de porcelets issus de truies infectées ou vaccinées mais la transmission interindividuelle est plus faible par rapport à des porcelets dépourvus d'immunité passive. Le processus de dissémination étant plus lent chez les porcelets pourvus d'immunité maternelle, des animaux excréteurs sont présents sur une plus longue période de temps à l'échelle de la population. Ce phénomène favorise la persistance du virus dans l'élevage, d'autant que la réponse immunitaire humorale des animaux infectés en présence d'immunité préexistante est très faible voire inexistante même si la réponse cellulaire est maintenue (Deblanc *et al.* 2018).

4.3.3 Les formes épidémiologiques de la grippe en élevage porcin : la grippe dite « classique » et la forme dite « récurrente » à l'échelle du troupeau

Sous sa forme dite classique, la grippe chez le porc a souvent été décrite comme une affection épisodique, touchant rapidement un grand nombre d'animaux, une à deux fois par an, mais ayant peu de conséquences à long terme sur la santé du troupeau.

Depuis quelques années, les bilans annuels du Résavip indiquent que plus de 40 % des cas relevés en élevage correspondent à des cas de grippe dite récurrente qui, contrairement à la forme épizootique, va perdurer dans l'élevage pendant plusieurs mois voire années (S. Hervé *et al.* 2019). Il n'a pas été mis en évidence de relation statistique entre le type de grippe (classique ou récurrente) et l'intensité des signes cliniques, ni entre le type de grippe et le sous-type viral incriminé. Cette persistance de virus grippaux en élevage sous forme de plusieurs vagues d'infections consécutives et d'intensité variable a également été décrite dans d'autres pays (Pays-bas, Espagne, Allemagne, Danemark, etc.). Persistante à l'échelle de l'élevage, la grippe se répète ainsi sur chaque bande à âge fixe, principalement vers 7-8 semaines d'âge, le plus souvent dans des élevages où les reproducteurs sont vaccinés (S. Hervé *et al.* 2019; Rose *et al.* 2013). Cette circulation continue en post-sevrage (le plus souvent) entraîne une déstabilisation permanente de l'élevage et pourrait donc servir de

⁴⁹ Nombre moyen de porcs infectés par un porc infectieux pendant sa période d'excrétion.

source permanente de dissémination du virus et contribuer à la co-circulation de différents sous-types/lignages/génotypes pouvant conduire à l'émergence de nouveaux réassortants.

4.3.4 Facteurs de risque d'infection des élevages et de persistance des virus influenza porcins

Les swIAV sont généralement introduits dans un élevage à la faveur de l'introduction d'animaux vivants contaminés et excréteurs. L'introduction de swIAV par voie aéroportée à partir d'autres élevages situés à proximité est également suspectée dans les zones de forte densité (voir plus haut). Enfin, des virus influenza humains sont régulièrement introduits, vraisemblablement par les personnes travaillant au contact des porcs lorsqu'elles sont elles-mêmes infectées par un virus de la grippe saisonnière (voir chapitre 4.1).

La structure des élevages actuels, avec un grand nombre de porcs élevés dans un même espace (bâtiment, parc) facilite la transmission entre les individus. En effet, plusieurs études ont identifié la densité d'élevages de porcs, la densité de porcs par salle, la taille du troupeau et le renouvellement important d'animaux en tant que facteurs de risque d'une infection par les virus influenza. D'autres facteurs tels que le type d'élevage (naisseur-engraisseur), les pratiques (adoptions, mélanges, etc.), le logement et les circuits de ventilation, la structure et la taille des cases et le manque de biosécurité au sein des élevages favorisent également l'introduction et la persistance au sein de la population de l'élevage des swIAV. Dans la plupart des cas, le processus infectieux s'éteint dans les élevages d'engraissement exclusif après un processus épizootique classique, et ceci d'autant plus s'ils sont conduits en tout plein-tout vide (pratique d'élevage consistant à vider entièrement l'élevage de ses animaux après le dernier départ à l'abattoir, ce qui favorise la rupture des cycles de contamination). Dans les élevages de type naisseur-engraisseur, où des animaux plus ou moins sensibles selon leur immunité sont toujours présents et où des cochettes de renouvellement potentiellement sensibles sont introduites à intervalles réguliers, le virus semble pouvoir persister au sein de la population, même lorsque les salles sont conduites en tout plein tout vide, soulignant l'importance de la conduite et des conditions d'élevage (intervalle entre deux bandes successives, mouvements d'animaux, flux d'air entre les salles) dans la gestion des virus influenza porcins (Cador *et al.* 2017).

4.3.5 Les outils disponibles pour la maîtrise de la persistance enzootique des virus influenza en élevage

La maîtrise de la persistance enzootique des virus influenza porcins en élevage repose, au moment de la rédaction du rapport, sur l'association de stratégies de vaccination et de mesures zootechniques dans les élevages affectés. Cependant, les stratégies mises en œuvre sont à définir au cas par cas en fonction des spécificités structurelles des élevages concernés et de la nature des virus présents (agencement des différents bâtiments et des différents blocs les uns par rapport aux autres, etc.). L'impact des actions mises en place est aussi très difficile à évaluer et il n'existe pour le moment aucune étude dans la littérature qui ait réellement évalué, par une étude d'intervention, l'impact de la mise en place d'une stratégie de maîtrise vis-à-vis de situations d'élevage clairement documentées. Il existe cependant des travaux de

nature observationnelle ou de modélisation qui ont pu évaluer l'efficacité de certaines d'entre elles.

4.3.5.1 La vaccination

La vaccination contre les virus influenza porcins repose en France et en Europe sur deux spécialités commerciales, le Respiorc® FLU3 et le Respiorc® FLUpan H1N1. Le premier vaccin cible les virus porcins enzootiques de sous-types H1_{av}N1, H1_{hu}N2 et H3N2. Le second cible le virus pandémique H1N1pdm09. Il s'agit de vaccins à virus inactivés et adjuvés, dont les souches prototypes datent de 2003 (pour H3N2 et H1_{av}N1) et de 2000 (pour H1_{hu}N2) dans le Respiorc® FLU3, et de 2009 (pour H1N1pdm09) dans le Respiorc® FLUpan. Contrairement aux vaccins à usage humain, la composition des vaccins en termes de souches n'est que très rarement réactualisée et ne prend donc en compte ni la dérive antigénique de ces lignages (Deblanc *et al.* 2020) ni l'émergence de nouveaux génotypes tels que le H1_{av}N2#E dont la H1 est de clade 1C.2.4, contre le clade 1C.2.1 pour la H1 de la souche H1_{av}N1 du vaccin (voir 4.2.2). Les H1 de ces deux clades sont distantes au niveau génétique mais également antigénique et des travaux expérimentaux ont montré que le Respiorc® FLU3 protège moins bien les porcs vis-à-vis du nouveau génotype de clade 1C.2.4 ayant émergé en France que vis-à-vis du génotype H1_{av}N1 de clade 1C.2.1 (Deblanc *et al.* 2023). Les protocoles de vaccination en élevage reposent essentiellement sur la vaccination des reproducteurs. En effet, les vaccins Respiorc®FLU3 et Respiorc® FLUpan ont une autorisation de mise sur le marché (AMM) pour les porcs reproducteurs et pour les porcs en croissance mais après 56 jours d'âge, en raison d'une interférence entre la présence d'anticorps d'origine maternelle (Andraud *et al.* 2023) et la vaccination telle que spécifiée dans le résumé des caractéristiques du produit (RCP). En pratique, la vaccination concerne quasi exclusivement les reproducteurs. En France, 40% des troupeaux de reproducteurs sont vaccinés (données CEVA Santé Animale). La vaccination Respiorc® FLUpan est plus anecdotique que le Respiorc®FLU3. La vaccination des reproducteurs est basée sur une primo-vaccination des cochettes en quarantaine (deux injections à trois semaines d'intervalle, suivie de rappels trois semaines avant chaque mise-bas). Le but est en effet de générer une immunité colostrale que la truie transmettra passivement aux porcelets. Ce type de protocole correspond à une vaccination du troupeau dite « bande à bande » et permet ainsi de restimuler l'immunité des truies (cochettes et multipares) avant chaque mise-bas, en conférant de fait une certaine hétérogénéité sur le plan immunitaire à l'ensemble du troupeau. Il existe d'autres protocoles dits de « vaccination en masse » ou *blitz* qui correspondent à une immunisation simultanée de l'ensemble du troupeau de truies, ce qui induit une immunité plus homogène chez les truies à l'échelle du troupeau et dans le temps (Rose et Andraud 2017).

En termes d'efficacité, la vaccination des truies permet d'atténuer les signes cliniques en cas d'infection, en réduisant notamment l'hyperthermie, ce qui va diminuer le risque d'avortement associé à la hausse de la température corporelle. En revanche, il est avéré que la vaccination ne prévient pas totalement l'infection ni la transmission du virus chez les porcs vaccinés (Romagosa *et al.* 2011; Ryt-Hansen *et al.* 2019). L'immunité passive transférée aux porcelets suite à la vaccination des truies ne prévient pas non plus l'infection par les virus influenza des porcelets, ne les protège pas systématiquement vis-à-vis de l'expression clinique et ne prévient pas la transmission efficace du virus entre ces porcelets (Cador, Hervé, *et al.* 2016; Deblanc *et al.* 2018). Il a même été montré que la présence d'une immunité passive pouvait indirectement avoir un effet contraire à celui attendu en diminuant insuffisamment le nombre de reproduction effectif (R_e), du fait de la réduction de la sensibilité à l'infection des animaux

immunisés passivement, ce qui engendre des épisodes infectieux de plus longue durée à l'échelle de la bande (Cador, Rose, *et al.* 2016). En effet, le taux de transmission est abaissé chez les animaux avec anticorps maternels, ce qui occasionne une propagation plus lente du virus à l'échelle de la bande et donc un processus infectieux plus étalé dans le temps. De ce fait, des animaux excréteurs sont présents en permanence sur le bloc post-sevrage. La vaccination bande à bande de truies avec un rappel avant mise bas renforce ce phénomène en augmentant le taux des anticorps d'origine maternelle chez les porcelets issus de ces truies. Cet allongement des phénomènes infectieux, en particulier au niveau du post-sevrage, participe à la récurrence de la grippe à l'échelle de l'élevage en favorisant la présence systématique de porcelets infectieux dans le bloc post-sevrage à chaque entrée de nouvelles bandes sensibles.

La vaccination des truies, qu'elle soit en bande à bande ou de masse, ne permet pas à elle seule de maîtriser la persistance enzootique des virus influenza porcins. Il a été constaté que dans les élevages concernés par cette persistance enzootique la vaccination est significativement plus fréquente que dans les élevages touchés par une forme de grippe sporadique (sans préjuger d'un lien de causalité) (S. Hervé *et al.* 2019). Ce résultat a également été observé dans des études de modélisation (Cador, Andraud et Rose 2017; Cador, Hervé, *et al.* 2016) dans lesquelles la persistance n'a pu être abolie à court terme à l'échelle de l'élevage et ce, quel que soit le protocole de vaccination (bande à bande, masse, vaccination associée des porcs en croissance). Il semble que la vaccination bande à bande permette de réduire progressivement la circulation chez les truies mais n'abolit pour autant pas la circulation chez les porcs en croissance, ce qui relance régulièrement le processus infectieux à l'échelle du troupeau.

La vaccination des jeunes porcelets pose des problèmes d'utilisation du vaccin hors AMM (avant 56 jours) et montre une efficacité variable selon les situations, avec cependant peu d'effet sur la résolution de la persistance enzootique (Andraud *et al.* 2023; Ryt-Hansen *et al.* 2019). Les anticorps d'origine maternelle interfèrent avec la vaccination, ce qui a pour conséquence un effet de la vaccination sur la persistance de l'enzootie au sein d'un élevage plutôt opposé à celui attendu, avec une excrétion plus longue à l'échelle individuelle et une circulation des virus influenza dans le troupeau plus prolongée que dans une situation d'élevage où seules les truies seraient vaccinées (Andraud *et al.* 2023)⁵⁰.

4.3.5.2 Autres mesures

Les études épidémiologiques conduites sur les facteurs de risque d'introduction et de persistance (Fablet *et al.* 2013; Rose *et al.* 2013) des swIAV en élevage naisseur-engraisseur soulignent l'importance de l'organisation de l'élevage et du niveau d'interactions entre le cheptel reproducteur et les porcs en croissance, le déficit de mesures de bio-compartimentation, les mélanges excessifs en maternité (adoptions), au sevrage et en cours de post-sevrage et le rôle des flux d'air entre les compartiments facilitant la circulation des swIAV d'un secteur vers un autre. Les mesures de maîtrise nécessitent donc une approche de nature multifactorielle pour agir simultanément sur un ensemble de facteurs de risque qui individuellement n'ont qu'un poids limité. Comme indiqué plus haut, la persistance à l'échelle

⁵⁰ Dans l'étude citée les données montrent un taux de transmission 3,6 fois plus élevé chez les porcs vaccinés MDA+ comparé au porcs vaccinés MDA-. De plus la durée médiane d'excrétion est de 5 jours pour les vaccinés MDA- versus 7 pour les vaccinés MDA+.

de la population, notamment dans le bloc post-sevrage, est favorisée par l'introduction permanente et régulière de nouvelles cohortes d'animaux sensibles dans un compartiment où des animaux excréteurs sont encore présents car pas encore transférés dans la partie engraissement. Ce phénomène est d'autant plus présent dans les élevages qui présentent les deux caractéristiques suivantes : une taille supérieure à la moyenne (> 250 truies) et une conduite en bandes rapprochées (sept jours pour la conduite en 20 bandes, 15 jours pour la conduite en 10 bandes) ; ces deux éléments cumulés conduisent à la fois à un nombre d'animaux plus élevé et à une fréquence augmentée de transferts de la maternité au post-sevrage et du post-sevrage à l'engraissement, ce qui augmente de façon notable la probabilité d'exposition des animaux aux virus influenza. Pour enrayer ce cycle permanent, il a été montré par modélisation que l'externalisation d'un certain nombre de bandes au sevrage permettrait de créer des « trous » dans la sous-population du post-sevrage et ainsi de couper le cycle permanent des bandes entrantes (Cador *et al.* 2017). L'externalisation d'une bande correspond au sevrage et à l'engraissement de l'entièreté de la bande à l'extérieur de l'élevage dans un bâtiment de post-sevrage indépendant du site naisseur-engraisseur d'origine. Cette externalisation d'une ou plusieurs bandes, lorsqu'elle est possible, va permettre de laisser vides une ou plusieurs salles en PS. Cette délocalisation partielle va se répercuter ensuite sur le secteur d'engraissement, car les salles qui auraient normalement dû recevoir la ou les bandes externalisées vont rester vides. Dans une conduite en cinq bandes, avec un intervalle de quatre semaines entre les bandes, l'externalisation de deux bandes consécutives montre une bonne efficacité pour éradiquer le phénomène de persistance ; en revanche pour une conduite en 20 bandes avec une semaine d'intervalle, il faudrait vider entièrement le post-sevrage, c'est à dire externaliser sept bandes pour observer la même efficacité (Cador *et al.* 2017). Cette approche n'est cependant que rarement mise en place car elle impose à l'éleveur d'avoir les débouchés nécessaires pour externaliser ses bandes de porcelets au sevrage ou de disposer de bâtiments de post-sevrage extérieurs au site d'élevage principal.

Les virus influenza porcins circulent avec une prévalence élevée dans les élevages porcins français (> 80% des élevages touchés). Ils sont susceptibles de persister de manière enzootique au sein des élevages et de donner lieu à des épisodes de type grippal qui se répètent régulièrement, de bande en bande, donnant lieu à ce qui est dénommé « grippe récurrente » (ou persistante). Cette persistance à l'échelle de l'élevage est liée à des facteurs multiples de nature virologique (diversité de souches), immunologique (protection très partielle et hétérogène par l'immunité maternelle induite par la vaccination des mères ou consécutive à leur infection naturelle), mais aussi fortement conditionnée par la conduite d'élevage (intervalle inter-bandes court, population en perpétuel renouvellement en post-sevrage) et la structure des bâtiments (connectivité par les circuits d'air, transmission par voie aéroportée à la faveur des mouvements d'animaux). Les moyens de lutte associent donc nécessairement un ensemble de mesures liées à la conduite d'élevage, la biosécurité et la correction des flux d'air favorisant une recirculation des virus. La vaccination à l'aide des solutions commerciales disponibles sur le marché en 2024 permet une diminution des conséquences cliniques de l'infection notamment chez les truies (prévention des avortements) mais ne permet pas de prévenir l'infection des animaux ni la transmission virale. La vaccination concerne essentiellement les reproducteurs sur lesquels le modèle économique du vaccin a été bâti, même si des essais de vaccination de porcs en croissance ont été expérimentés pour maîtriser l'infection en post-sevrage avec des résultats très variables selon la typologie de l'élevage et l'immunité de population chez les reproducteurs.

4.4 Risque que les swIAV circulant en France deviennent panzootiques

Un swIAV panzootique est un virus responsable de cas d'influenza porcine dans les populations de porcs de plusieurs continents, voire de tous les continents de la planète. Au moment de la rédaction de ce rapport, seul le virus H1N1pdm09 responsable de la pandémie de 2009 a été clairement décrit comme responsable de cas d'infections chez des porcins simultanément sur tous les continents. C'est l'être humain qui a été responsable de son introduction dans la plupart des populations porcines du monde entier, au moment de la pandémie de 2009 ou à la faveur des épidémies saisonnières qui sévissent depuis (voir section 4.2.1).

Les swIAV qui circulent actuellement en France (voir section 4.2.2) peuvent se propager à d'autres populations porcines à la faveur de mouvements d'animaux. En effet, entre 2022 et 2024, la France a exporté 828 769 porcs (soit environ 6 % de la production totale) dans 36 pays (source : données TRACES NT), principalement en Europe, à savoir :

- en Belgique, ce qui représente environ 55 % du nombre des exportations totales, les porcs exportés étant principalement destinés à l'abattage (99 %) ;
- en Espagne, ce qui représente environ 26 % du nombre des exportations totales, les porcs exportés étant principalement destinés à l'abattage (81 %) ;
- en Italie, ce qui représente environ 8 % du nombre des exportations totales, les porcs exportés étant destinés à l'élevage (59 %) et à l'abattage (41 %) ;
- en Allemagne, ce qui représente environ 6 % du nombre des exportations totales, les porcs exportés étant principalement destinés à l'abattage (94 %).

La France exporte également en Asie, notamment au Vietnam et en Thaïlande (environ 2 % du nombre des exportations totales, pour élevage ou engraissement).

Etant donné que ces exportations concernent surtout des porcs destinés à être abattus, il est peu probable qu'un virus « typiquement français » (génotype régional) se propage rapidement sur l'ensemble des continents sans avoir acquis des propriétés particulières nouvelles (suite à modification génétique) qui lui confèreraient une capacité accrue à se propager chez le porc, ou à être introduit chez le porc *via* l'être humain.

Cependant, même si cette probabilité ne peut être estimée, il ne peut être exclu que l'infection d'un cheptel étranger par un virus français puisse être à l'origine, à la faveur d'une co-infection, de l'émergence d'un nouveau swIAV réassortant qui pourrait avoir un potentiel épizootique ou zoonotique accru qui conduirait à une panzootie.

5 Transmission inter-espèces des swIAV

Les swIAV excrétés par les porcs d'élevage peuvent se transmettre à d'autres suidés (sangliers sauvages par exemple), à d'autres mammifères, dont l'être humain, ainsi qu'à certaines espèces d'oiseaux domestiques.

Ce sont des détections de génome viral et/ou des isollements viraux réalisés à l'occasion de suspicions cliniques, voire d'actions de surveillance programmée, qui ont confirmé la capacité de certains swIAV à infecter d'autres espèces. Des études sérologiques et des inoculations expérimentales ont également confirmé cette capacité.

Les épizooties dues à des nouveaux swIAV émergents, ainsi que les formes de grippe devenues persistantes à l'échelle d'un élevage, constituent des situations à risque au regard de la transmission des swIAV vers l'être humain, voire d'autres espèces animales. En effet, les risques d'exposition dans les élevages et dans l'environnement augmentent quand la pression d'infection est forte, d'autant que les nouveaux virus peuvent posséder des propriétés particulières favorisant leur passage des barrières d'espèces.

Avertissement : la zoonose implique les deux sens de transmission (animal vers être humain ET être humain vers animal), mais dans le rapport, le terme zoonose sera employé dans le sens de la transmission de l'animal vers l'être humain. Pour autant, la transmission de l'être humain vers l'animal sera tout de même envisagée dans le cadre des risques d'introduction.

5.1 Voies de transmission des swIAV du porc vers les autres espèces animales dont l'être humain

Comme indiqué plus haut, les swIAV se multiplient dans les cellules de l'arbre respiratoire du porc et sont excrétés dans les sécrétions oro-nasales. La transmission depuis le porc vers d'autres espèces animales ou vers l'être humain se fait donc préférentiellement par le biais des aérosols formés lors de la toux et des éternuements (Van Reeth et Vincent 2019).

La transmission du porc à l'être humain par voie aérienne implique l'inhalation de particules de moins de 100 µm de diamètre (fraction inhalable), dont le dépôt dans l'arbre trachéo-bronchique va dépendre du diamètre aérodynamique moyen (fraction alvéolaire : particules de moins de 4 µm) (source : avis HCSP 2021⁵¹). La transmission de virus porcins à l'être humain par la voie aérienne est suspectée dans de nombreux cas d'infections zoonotiques (Kaplan *et al.* 2020; X. Sun *et al.* 2018).

Cependant, la transmission peut aussi se faire par contact avec les sécrétions oro-nasales. Chez l'être humain, ceci implique le transfert du virus aux muqueuses faciales telles que les yeux, les narines et la bouche, directement par des gouttelettes (particules de plus de 10 µm de diamètre) ou indirectement par l'intermédiaire de supports inertes contaminés par des virus (fomites).

A la date de rédaction du rapport, il n'a jamais été décrit de virémie chez le porc au cours de l'infection par des swIAV connus, ni de multiplication de ces virus dans les muscles. Cela tend

⁵¹ [Avis relatif à la prévention de la transmission à l'homme des virus influenza porcins et aviaires \(hcsp.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

à exclure tout risque de transmission des swIAV par les produits carnés d'origine porcine qui entrent dans l'alimentation humaine.

Les swIAV ne se multiplient pas, ou de manière limitée pour quelques souches (notamment d'origine humaine), dans la sphère digestive du porc (De Vleeschauwer, Atanasova, *et al.* 2009). L'excrétion virale par les fèces reste *a priori* très anecdotique même si des ARN génomiques et des particules infectieuses ont pu être détectés dans cette matrice (Brookes *et al.* 2010; M.J. Ma *et al.* 2018), possiblement à la faveur de l'ingestion par l'animal de sécrétions oro-nasales contaminées (Koçer *et al.* 2013).

5.2 Transmission des swIAV aux sangliers et autres porcs sauvages

Au sein de l'espèce *Sus scrofa*, outre les porcs domestiques, plusieurs biotypes de porcs sauvages sont à distinguer : (i) des biotypes purs de sanglier eurasiens ; (ii) des biotypes hybrides issus de croisements entre des porcs domestiques et des sangliers ; (iii) des biotypes de cochons sauvages issus d'évasions de porcs domestiques (Ruiz-Fons 2015). Ces porcs sauvages sont présents sur les cinq continents. Les populations asiatiques, européennes et nord-africaines sont principalement constituées de sangliers, tandis que les populations du continent américain, de l'Afrique australe, de l'Océanie et des îles des océans Pacifique, Atlantique et Indien sont composées de cochons sauvages et d'hybrides. Dans certaines régions d'Amérique du Sud, des sangliers eurasiens ont été introduits à des fins cynégétiques, mais des échappements ont conduit à l'installation de populations évoluant en liberté. Dans toutes les régions du monde où des données sont disponibles, les populations de porcs sauvages semblent connaître, depuis quelques années, une explosion démographique, hormis peut-être dans le nord-est de l'Europe et le nord-ouest de la Russie, sans doute en lien avec des contraintes environnementales défavorables telles que la rigueur de l'hiver.

Les sangliers et autres suidés sauvages sont les hôtes d'une grande variété d'agents infectieux, lesquels peuvent généralement se transmettre aux porcs domestiques, voire parfois à d'autres espèces animales et à l'être humain. Ils peuvent ainsi servir de réservoir de micro-organismes pathogènes pour le porc d'élevage et pour des agents zoonotiques. De plus, la répartition mondiale actuelle et l'explosion démographique apparente des porcs sauvages, ainsi que les changements de comportement induits par l'être humain, incitent à considérer *Sus scrofa* comme une source potentielle d'agents de maladies humaines émergentes. La transmission bidirectionnelle des agents pathogènes peut se faire de façon directe et/ou indirecte entre les porcs sauvages et les porcs domestiques, principalement dans le cadre d'exploitations agricoles où la biosécurité externe est insuffisante.

Tous les suidés de l'espèce *Sus scrofa* peuvent *a priori* être infectés par des IAV d'origine porcine, humaine ou aviaire. Même si la sensibilité aux infections varie peut-être entre animaux sauvages et domestiques, possiblement en raison de distributions différentes de certains types de récepteurs le long de l'arbre respiratoire (Nemanichvili *et al.* 2022), les sangliers ainsi que les cochons sauvages pourraient servir de réservoir ou d'hôte intermédiaire pour l'émergence de nouveaux génotypes viraux. Comme observé dans le cas des porcs domestiques, des inoculations expérimentales ont montré que des cochons sauvages étaient sensibles à l'infection par un swIAV (H. Sun, Cunningham, *et al.* 2015) et dans une moindre mesure à l'infection par des virus aviaires (Martin *et al.* 2017). Les quelques enquêtes sérologiques et les rares investigations virologiques menées jusqu'à présent confirment que les sangliers et

les cochons sauvages sont réceptifs aux IAV mais elles n'indiquent pas que ces animaux jouent, à ce jour, un rôle notable dans l'écologie de ces virus.

Les plans d'échantillonnage lors des enquêtes sérologiques permettent rarement d'estimer des séroprévalences tenant compte de la taille des populations animales étudiées. Les taux de séropositivité rapportés depuis 2009 varient selon les pays, les régions investiguées, les périodes d'études et peuvent dépendre des méthodes analytiques utilisées (ELISA anti-NP pour la détection des IAV, test d'inhibition de l'hémagglutination pour détection d'anticorps anti-HA spécifiquement dirigés contre la HA d'un lignage viral donné, test de neutralisation virale pour détection d'anticorps capables de neutraliser un lignage viral donné) (voir tableau en Annexe 6). Ainsi, de très forts taux de séropositivité (>70 %) ont été rapportés à deux occasions, aux États-Unis (Caroline du Nord) (Corn *et al.* 2009) et en Chine (province de Guangdong) (J. Luo *et al.* 2013) et cinq enquêtes, menées au Brésil (da Silva Andrade *et al.* 2022), au Japon (Fujimoto *et al.* 2019), en Ukraine (Kovalenko *et al.* 2017), en Espagne (Cano-Manuel *et al.* 2014) et en Australie (Dalziel *et al.* 2016) rapportent des taux compris entre 13 % et 36 %. Cependant, la grande majorité des études rapportées depuis 2009 indiquent des taux de séropositivité compris entre 0 % et 10 % : en Allemagne (Hammer *et al.* 2020; Kaden *et al.* 2009; Sattler *et al.* 2012; Schüleïn *et al.* 2021), en Croatie (Roic *et al.* 2012) en Espagne (Closa-Sebastià *et al.* 2011; Soler *et al.* 2022), en Finlande (Hälli *et al.* 2012), en France (voir ci-dessous), en Grèce (Touloudi *et al.* 2015), en Italie (De Marco *et al.* 2013; Delogu *et al.* 2019; Foni *et al.* 2013; Prosperi *et al.* 2022), en Suède (Malmsten *et al.* 2018), en Turquie (Albayrak, Ozan et Cavunt 2013), aux États-Unis (Feng *et al.* 2014; Linares *et al.* 2018; Martin *et al.* 2017; H. Sun, Cunningham, *et al.* 2015), au Brésil (Severo *et al.* 2021), en Corée du Sud (Cho *et al.* 2015), au Japon (Shimoda *et al.* 2017) ou encore sur des îles de l'Océan Pacifique (Cleveland *et al.* 2017; Stephenson *et al.* 2015).

Les taux de séropositivité les plus élevés pourraient potentiellement refléter une circulation virale au sein de certaines cohortes. Cependant, il n'a pas été trouvé de lien statistique entre le pourcentage d'animaux séropositifs et la densité des populations prélevées, ce qui ne conforte pas l'hypothèse d'une transmission entre animaux sauvages lorsque les contacts entre-eux peuvent être plus fréquents. Les anticorps anti-IAV sont indifféremment détectés chez les mâles et les femelles, mais le taux de séropositivité est significativement plus élevé chez les adultes comparativement aux juvéniles. Il est également plus élevé au sein des populations de porcs sauvages vivant dans les régions les plus densément peuplées en porcs domestiques élevés dans des élevages confinés, suggérant une transmission de swIAV des porcs domestiques vers les sangliers ou les cochons sauvages par l'environnement. Les anticorps détectés chez ces animaux sont d'ailleurs très majoritairement dirigés contre des swIAV connus pour circuler dans les populations de porcs domestiques de la région considérée sur la période étudiée. Des anticorps contre les trois sous-types (H1N1, H1N2 et H3N2) de swIAV ont été détectés, dont des anticorps contre le virus H1N1pdm09. Des sérums ayant parfois été trouvés positifs vis-à-vis de deux valences antigéniques, des sangliers ont vraisemblablement été infectés par plusieurs virus différents. Dans certaines régions, parfois peu peuplées en porcs domestiques, seuls des anticorps anti-H1N1pdm09 ont été détectés, suggérant que ce virus a pu être transmis à la faune sauvage par l'être humain lui-même, celui-ci étant l'autre espèce réservoir pour ce virus. Des anticorps dirigés contre des virus aviaires ont été rarement recherchés spécifiquement et les quelques analyses réalisées ont généralement donné des résultats négatifs. Des anticorps dirigés contre des virus aviaires H5N8 HP ont toutefois été détectés chez quatre animaux en Allemagne (Schüleïn *et al.* 2021), ainsi que des anticorps anti-IAV aviaires de sous-types H1, H3, H6 ou H7 aux États-Unis (16 animaux) (Martin *et al.* 2017), soutenant l'hypothèse que les porcs sauvages peuvent être

exposés aux IAV aviaires, par contact avec des oiseaux sauvages contaminés ou en utilisant des sources communes d'eau et de nourriture.

Les investigations virologiques sont peu nombreuses, et les détections virales encore plus rares, mais quelques souches d'IAV ont été détectées dans des prélèvements de sangliers, notamment ces dernières années en Italie (Delogu *et al.* 2019; Foni *et al.* 2013; Prosperi *et al.* 2022) et aux États-Unis (Clavijo *et al.* 2013; Feng *et al.* 2014). Celles qui ont pu être identifiées étaient toutes très proches génétiquement et antigéniquement de swIAV préalablement identifiés chez des porcs domestiques, en lien avec les résultats des enquêtes sérologiques.

En France, la circulation d'IAV dans les populations de sangliers sauvages a d'abord été abordée à travers la recherche d'anticorps dans des sérums d'animaux tués lors de la saison de chasse 2009-2010 ou capturés au premier semestre 2010 (Payne *et al.* 2011). Les panels ont été analysés par ELISA, pour la détection d'anticorps anti-NP des IAV. Les sérums trouvés positifs en ELISA ont été analysés par tests IHA à l'aide de quatre antigènes représentatifs des swIAV en circulation dans le pays à cette époque : H1_{av}N1, H1_{hu}N2, H3N2 et H1N1pdm09. L'analyse de sérums prélevés dans l'Aveyron (n=110), le Finistère (n=25), l'Ille-et-Vilaine (n=232), le Nord (n=351) et les Pyrénées-Atlantiques (n=109) a révélé la présence de sangliers séropositifs en Ille-et-Vilaine et dans le Nord (9,5 % des animaux testés dans chacun de ces départements). En Ille-et-Vilaine, la moitié des animaux positifs possédaient des anticorps anti-H1_{hu}N2 et l'autre moitié des anticorps dirigés contre H1_{av}N1 et/ou H1N1pdm09, sans que l'on puisse discriminer clairement ces deux lignages en raison de réactions croisées. Dans le Nord, les sérums positifs contenaient uniquement des anticorps anti-H1_{av}N1. Aucun sérum n'a été trouvé avec des anticorps anti-H3N2. Ces résultats soutiennent l'hypothèse de la transmission des swIAV à la faune sauvage, les virus indirectement détectés chez les sangliers étant antigéniquement proches de ceux qui circulent dans la population porcine, et ceci de manière région d'étude-dépendante, i.e. H1N1 et H1N2 en proportions équivalentes dans l'Ouest, mais H1N1 seulement dans le Nord.

Dans le cadre d'une autre enquête réalisée en 2009-2010, c'est une vingtaine de sérums de sangliers de Camargue qui ont été analysés, mais ils ont tous été trouvés négatifs (Vittecoq *et al.* 2012). Des RT-qPCR gène M réalisées sur des surnageants d'écouvillons nasaux (n=315) prélevés sur cette même population potentiellement exposée aux oiseaux et aux virus aviaires n'ont pas non plus permis de détecter du génome d'IAV chez les sangliers.

Enfin, une étude menée en Corse en 2009-2014 a permis de détecter 1,4% (CI95%: 0,4–3,6%) de sangliers séropositifs (4/279), les anticorps étant dirigés contre les virus H1_{av}N1 et H1N1pdm09 en circulation chez les porcs domestiques de l'île (Grech-Angelini *et al.* 2018).

Tous les suidés de l'espèce *Sus scrofa* peuvent *a priori* être infectés par des IAV d'origine porcine, humaine ou aviaire. Même si la sensibilité aux infections varie peut-être entre animaux sauvages et domestiques, les sangliers et cochons sauvages pourraient servir de réservoir ou d'hôte intermédiaire pour l'émergence de nouveaux génotypes viraux. Cependant, les quelques enquêtes sérologiques et les rares investigations virologiques menées jusqu'à présent n'indiquent pas que ces animaux jouent, à ce jour, un rôle notable dans l'écologie de ces virus.

5.3 Transmission des swIAV aux oiseaux domestiques

Les swIAV peuvent être transmis à certaines volailles, notamment à la dinde (*Meleagris meleagris*) et la caille (*Coturnix coturnix*), deux espèces connues pour être particulièrement sensibles aux infections par des swIAV, voire aux IAV humains, parce qu'elles expriment davantage de récepteurs de type AS- α 2,6-Gal que d'autres oiseaux domestiques (Berhane *et al.* 2010; Bonfante *et al.* 2016; Kimble, Nieto et Perez 2010; Pillai *et al.* 2010; Raghunath *et al.* 2017; Starick *et al.* 2011). Cependant, en raison de la faible importance des élevages de cailles sur le territoire français et de leurs localisations (pas à proximité des élevages de porcs), le rôle de la caille en tant qu'hôte intermédiaire ou de liaison vers les humains est considéré moindre par rapport à celui de la dinde. Ainsi, cette espèce ne sera plus évoquée par la suite. Des études expérimentales tendent à confirmer la capacité des dindes à répliquer et retransmettre des swIAV à d'autres dindes et potentiellement à d'autres espèces dont les humains. Ces essais ont particulièrement concerné des swIAV d'origine aviaire, notamment le virus H1_{av}N1, pour étudier la capacité de transmission de ce virus porcin d'origine aviaire à la dinde. Ils ont montré une sensibilité très variable de la dinde selon les souches⁵² et une association entre l'augmentation de la sensibilité des dindes et l'efficacité de la transmission intra-espèce des souches et une adaptation accrue de ces dernières aux récepteurs AS- α 2,6-Gal aux dépens des récepteurs AS- α 2,3-Gal (Bonfante *et al.* 2016). Une autre étude a confirmé la capacité de cette espèce, non seulement à transmettre des virus issus de canards sauvages mais aussi de poulets (*Gallus gallus domesticus*). Les dindes possèdent en effet à la fois des récepteurs AS- α 2,3-Gal les plus fréquents des oiseaux (glycosylés) mais aussi AS- α 2,3-Gal fucosylés et/ou sulfatés, qui constituent les récepteurs de prédilection des IAV adaptés au poulet, en plus des AS- α 2,6-Gal présents chez le porc et les humains. Comme le porc, la dinde peut donc potentiellement jouer le rôle de « mixing vessel » (espèce hôte chez qui des réassortiments entre les swIAV, les IAV humains, de canard et de poulet peuvent avoir lieu), avec un risque d'émergence d'IAV réassortants zoonotiques (Kobayashi *et al.* 2022). Certaines études ont par ailleurs mis en évidence l'accroissement de la capacité de réplication du H1N1pdm09 chez la dinde et le poulet après acquisition d'un segment génomique du virus aviaire H9N2 (essentiellement isolé chez des dindes aux États-Unis), cette réplication accrue étant susceptible d'augmenter le risque de transmission aux humains du réassortant obtenu (H. Sun, Kong, *et al.* 2015).

Chez la dinde, ces infections à swIAV entraînent des chutes de ponte lorsqu'elles touchent les animaux reproducteurs et peuvent, en conséquence, être responsables de lourdes pertes économiques. En France, des cas d'infections sporadiques de dindes par le virus H1_{av}N1 porcin ainsi que par le virus H1N1pdm09 ont été décrits, mais ces virus ne se sont pas adaptés à la volaille (Andral *et al.* 1985; Massin *et al.* 2010). Depuis 2020, plusieurs événements indépendants de transmission du porc vers la dinde du virus H1_{av}N2#E ont été mis en évidence en Bretagne, et la diffusion entre élevages de dindes a également été suspectée (Chavoix *et al.* 2023). Si elle était confirmée, la transmission intra-espèce avec la dinde, même limitée, pourrait signifier la capacité de ce virus porcin à s'adapter à une nouvelle espèce.

⁵² souches swIAV testées : A/duck/Bavaria/1/77 ; A/swine/Belgium/1/79 ; A/swine/Belgium/1/83 ; A/swine/Gent/196/92; A/swine/England/195852/92; A/swine/Gent/74/95 ; A/swine/Belgium/1/98; A/swine/England/453/06.

La dinde est une espèce connue pour être particulièrement sensible aux infections par des swIAV, voire par des IAV humains, parce qu'elle exprime davantage de récepteurs de type AS- α 2,6-Gal que d'autres oiseaux domestiques. Cette espèce peut potentiellement jouer le rôle de *mixing vessel* avec un risque d'émergence d'IAV réassortants zoonotiques.

5.4 Transmission des swIAV à d'autres espèces animales mammifères

D'autres espèces animales mammifères sont ou pourraient être sensibles au swIAV, comme illustré par des détections ou montré par des infections expérimentales.

➤ Espèces pouvant être naturellement en contact avec le porc

Il a été rapporté l'infection de visons (*Mustela lutreola*) par des swIAV dans plusieurs régions du monde (Gagnon *et al.* 2009; Larsen *et al.* 2012; Liu *et al.* 2020). Plusieurs introductions de swIAV H1N1 asiatiques d'origines aviaire ou humaine ont également été rapportées chez des chiens de compagnie (*Canis lupus familiaris*) en Chine à l'occasion de diagnostics de signes respiratoires (Chen *et al.* 2018). Ces virus se sont réassortis avec des virus influenza canins (CIV) H3N2, produisant de nouveaux génotypes de CIV qui pourraient avoir un caractère zoonotique (G. Wang *et al.* 2019).

➤ Espèces utilisées comme « modèles expérimentaux »

Des essais expérimentaux ont confirmé la réceptivité de diverses espèces de mammifères aux virus porcins, ainsi que la sensibilité à ces virus de certaines d'entre elles, espèces qui possèdent comme les porcins et les humains des récepteurs de type AS- α 2,6-Gal dans leur appareil respiratoire supérieur. Ainsi, le furet (*Mustela putorius furo*) est naturellement très sensible aux virus humains et porcins. Il est largement utilisé en laboratoire comme modèle d'infection humaine par les virus influenza, dont les swIAV, et notamment comme modèle de la capacité d'adaptation des swIAV aux humains et des facteurs sous-tendant cette adaptation. Ainsi, Hu *et al.* ont montré l'existence de mutations adaptatives⁵³ de la HA d'un swIAV H1N1 avec une augmentation de la multiplication du virus chez le furet, suggérant une capacité accrue d'adaptation aux humains (Hu *et al.* 2022). Des études portant sur le swIAV H1_{av}N1⁵⁴ ont quant à elles montré le rôle clé de l'accumulation de mutations au niveau du gène PA dans l'acquisition par ce virus de la capacité à être transmis de furet à furet et dans l'augmentation de la virulence pour le furet et pour la souris, résultant en une augmentation de la transcription des protéines virales chez ces espèces (Meng *et al.* 2022). Le furet a également permis de tester la capacité de certains swIAV à se transmettre de furet à furet, ce qui a été le cas pour le virus H3N2 (Fobian *et al.* 2015). La transmission expérimentale du porc au furet de swIAV H3N2 (initialement issus de la transmission à des porcs en 1990 de virus humains saisonniers H3 mais ayant acquis un ou des segments génomiques du virus H1N1pdm09), a permis de montrer que les swIAV ayant acquis respectivement deux segments du virus H1N1pdm09 (les segments M et NP pour le clade 1990.4.A⁵⁵ et les segments M et PA pour le clade 1990.4.B.2⁵⁶), sont transmis efficacement du porc au furet avec un niveau d'excrétion chez les

⁵³ Au sens « mutation conférant un avantage adaptatif ».

⁵⁴ Souche A/swine/Liaoning/265/2017 (LN265)

⁵⁵ Souche A/swine/North Carolina/A02245294/2019

⁵⁶ Souche A/swine/Illinois/A02470007/2020

furets contacts pouvant dépasser 10^4 TCID₅₀. De plus, ils ne sont plus suffisamment inhibés par les anticorps induits par les vaccins porcins et humains anti-H3 les plus récemment utilisés aux Etats-Unis, du fait des dérives antigéniques qu'ils subissent chez le porc. Or, ces virus possèdent des signatures considérées comme étant le reflet d'un potentiel zoonotique, sur leur segment M (lui-même issu du virus H1N1pdm09), ainsi que sur leurs segments PB2 et PA, ce qui incite à la surveillance de ces swIAV (Souza *et al.* 2023). Le furet reste donc plus que jamais un modèle de référence par rapport aux risques d'infection humaine, notamment à partir des swIAV. Cependant, une étude transcriptomique a montré que, si le furet, la souris et les humains ont en commun des mécanismes très conservés de réponse aux virus influenza, certains sont très spécifiques à chaque espèce, justifiant que des investigations complémentaires soient menées pour la validation (ou pas) de ces modèles animaux (Forst *et al.* 2022).

Bien que le cobaye (*Cavia porcellus*) soit considéré comme peu sensible aux swIAV, la plupart des réassortants porcins H1_{av}N1/H1N1pdm09 testés par Kong *et al.* ont été capables d'induire une augmentation de la transmission et de la mortalité chez cette espèce. Il en est de même chez le souris (*Mus musculus*) chez laquelle une létalité de 100% a été décrite (Kong *et al.* 2016). Les auteurs ont incriminé le rôle de certaines mutations, notamment sur la HA, et ont montré que la substitution d'un seul et unique acide aminé de la HA (G225E) conditionne la capacité de transmission entre cobayes de deux swIAV (Z. Wang *et al.* 2017).

Les swIAV peuvent être transmis à d'autres espèces de mammifères, comme le chien et le vison. De plus, des essais expérimentaux ont confirmé la réceptivité de diverses espèces aux swIAV. En outre, le furet est naturellement très sensible aux virus humains et porcins et est utilisé notamment comme modèle de la capacité d'adaptation des swIAV aux humains et des facteurs sous tendant cette adaptation.

5.5 Transmission des swIAV à l'être humain

5.5.1 Etat des connaissances sur la transmission des swIAV à l'être humain avant la pandémie grippale de 2009

Des cas de transmission de swIAV à l'être humain sont recensés dans le monde depuis les années 1950. Les trois sous-types de swIAV ont été responsables d'infections zoonotiques et les virus d'origine porcine identifiés chez l'être humain sont respectivement dénommés H1N1_v, H1N2_v et H3N2_v. Les cas humains de grippe d'origine porcine décrits au cours de cette période ont été le plus souvent sporadiques, survenant chez des personnes exposées à des porcs vivants ou à un environnement contaminé, et sans transmission interhumaine identifiée autour de ces cas primaires (Everts 2013; G. S. Freidl, Meijer, de Bruin, de Nardi, Munoz, Capua, Breed, Harris, Hill, Kosmider, Banks, von Dobschuetz, Stark, Wieland, Stevens, van der Werf, Enouf, van der Meulen, Van Reeth, Dauphin et Koopmans 2014; Gray *et al.* 2007; Kuntz-Simon et Madec 2009; Myers *et al.* 2006).

Une transmission interhumaine d'un swIAV a tout de même été mise en évidence en 1976, aux Etats-Unis d'Amérique, lorsque le virus dit « classical swine H1N1 » (ou cH1N1, virus descendant du virus A(H1N1) pandémique de 1918) a provoqué une épidémie parmi les soldats de l'enceinte de Fort Dix (New Jersey) (Gaydos *et al.* 2006). Treize militaires furent gravement malades, un décès fut enregistré et quelques 500 militaires furent déclarés séropositifs vis à vis de la souche responsable. Une transmission inter-humaine limitée a

également été suspectée à plusieurs autres reprises (Kuntz-Simon et Madec 2009; Myers *et al.* 2006; Robinson *et al.* 2007).

Par ailleurs, dans une étude expérimentale publiée en 1971 (Beare *et al.* 1971), 20 personnes volontaires ont été inoculées avec un swIAV : sept avec un virus H3N2 apparenté au sous-type humain A/Hong Kong/1/68 et 13 au virus cH1N1. Au total cinq d'entre elles ont été confirmées infectées (trois par le virus H3N2 et deux par le virus cH1N1), indiquant un taux d'attaque non négligeable, même si la faible taille de l'échantillon et les conditions expérimentales, par essence éloignées des conditions en vie réelle, doivent inciter à la prudence dans l'interprétation de ces résultats.

A partir de la fin des années 1990, une évolution génétique très rapide des swIAV a été observée sur le continent américain avec de nombreux réassortiments successifs. En 1998, un nouveau virus H3N2 triple-réassortant, comportant des gènes issus du lignage cH1N1, de virus aviaires nord-américains et du virus humain saisonnier H3N2, a émergé, et ce parallèlement à la détection régulière de cas humains de grippe d'origine porcine (Brown *et al.* 1998; G. S. Freidl, Meijer, de Bruin, de Nardi, Munoz, Capua, Breed, Harris, Hill, Kosmider, Banks, von Dobschuetz, Stark, Wieland, Stevens, van der Werf, Enouf, van der Meulen, Van Reeth, Dauphin et Koopmans 2014; Newman *et al.* 2008; Shinde *et al.* 2009; Webby *et al.* 2000). Cette situation a conduit à la publication d'articles scientifiques visant à alerter les communautés scientifiques, vétérinaires et médicales sur la nécessité de réaliser une surveillance virologique des swIAV et d'inclure les personnes travaillant au contact des porcs dans les programmes de surveillance et de vaccination préparés dans le cadre des plans d'urgence en cas de pandémie (Gray *et al.* 2007; Gray, Trampel et Roth 2007). En 2007, les CDC (*Centers for Disease Control and Prevention*) des Etats-Unis ont demandé aux cliniciens d'investiguer et de déclarer les cas de transmission de swIAV à l'être humain. Les cas humains détectés en Amérique du Nord au cours de la période 2005-2009 étaient dus au virus H3N2 triple réassortant ainsi qu'à d'autres virus H1N1 et H1N2 issus d'autres évènements de réassortiment avec ce dernier, chez des éleveurs de porcs, du personnel d'abattoir ou encore dans un contexte de foire agricole (G. S. Freidl, Meijer, de Bruin, de Nardi, Munoz, Capua, Breed, Harris, Hill, Kosmider, Banks, von Dobschuetz, Stark, Wieland, Stevens, van der Werf, Enouf, van der Meulen, Van Reeth, Dauphin et Koopmans 2014; A.L. Vincent *et al.* 2009).

5.5.2 Emergence d'un virus influenza pandémique d'origine porcine en 2009

Préambule :

L'émergence du virus H1N1pdm09 est décrite d'après les données disponibles qui ne sont pas exhaustives et qui comprennent des incertitudes notamment sur le contexte d'émergence du virus pré pandémique chez le porc et de sa transmission initiale aux êtres humains.

C'est dans le cadre du programme américain de surveillance des virus influenza humains qu'ont été détectés en Californie le 17 avril 2009 les deux premiers cas d'infection humaine par un nouveau virus influenza A de sous-type H1N1, notifiés par les autorités sanitaires américaines le 21 avril. Il s'agissait de deux enfants qui n'avaient aucun lien épidémiologique commun et n'avaient pas été exposés à des porcs⁵⁷. Cette notification survenait quelques jours seulement avant l'annonce qu'une épidémie d'infections respiratoires aiguës sévissait au Mexique depuis le début mars 2009, due à un IAV non identifié (Neumann, Noda et Kawaoka 2009), initialement à la Gloria, dans l'état de Veracruz, des cas ayant été ensuite recensés

⁵⁷ <https://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5815a5.htm> lien vérifié le 04/06/24.

très rapidement dans les autres états mexicains (Chowell *et al.* 2011; López-Cervantes *et al.* 2009). La notion d'exposition des cas à des porcs ne figure pas dans les premières notifications internationales, et une transmission interhumaine soutenue a été très rapidement suspectée.

Les premières reconstructions phylogéniques réalisées par différentes équipes internationales ont montré que les huit segments génomiques de ce nouveau virus provenaient de différents IAV adaptés à l'espèce porcine (Garten *et al.* 2009; Smith, Bahl, *et al.* 2009; Smith, Vijaykrishna, *et al.* 2009) depuis au moins une dizaine d'années : la lignée cH1N1 (segments HA, NP et S), le triple réassortant H3N2 nord-américain (segments PB1, PB2 et PA) et la lignée eurasienne H1_{av}N1 (segments NA et M). Par la suite, des analyses supplémentaires ont indiqué que ces différents virus dont est issu le virus qui aura causé la pandémie de 2009 (H1N1pdm09) circulaient au Mexique depuis au moins dix ans, à la faveur d'importation de porcs vivants (y compris d'Europe), identifiant ce pays comme le lieu d'émergence et des premières transmissions zoonotiques de ce virus (Mena *et al.* 2016) (voir paragraphe 5.5.5.3.2.1). Ce génotype viral n'a toutefois jamais été détecté chez le porc avant de causer les premiers cas humains et les multiples chaînes de transmission qui s'en sont suivies (Smith, Vijaykrishna, *et al.* 2009). En revanche, le virus H1N1pdm09 a été transmis au porc par l'être humain très rapidement après son émergence chez l'être humain et circule aujourd'hui encore dans de nombreuses populations porcines (voir section 4.2.1).

En raison de la capacité de ce virus à se transmettre très facilement entre êtres humains et de sa propagation rapide dans un grand nombre de pays, l'Organisation mondiale de la santé (OMS) a déclaré l'état de pandémie dès le 11 juin 2009, et l'a maintenu jusqu'au 10 août 2010⁵⁸. L'OMS recense au cours de cette période, environ 18 500 décès liés au virus H1N1pdm09 (da Costa *et al.* 2020). Toutefois, une équipe internationale a estimé à 285 000 environ (intervalle : 151 700 – 575 400) le nombre réel de décès pour cause de défaillance respiratoire ou cardiovasculaire liés à la pandémie de grippe en utilisant un modèle épidémiologique. Depuis son émergence en 2009, le virus H1N1pdm09 s'est établi dans les populations humaines, y circule en permanence à l'échelle internationale et cause régulièrement des épidémies de grippe. Il est maintenant considéré comme un virus influenza saisonnier.

5.5.3 Description des cas de transmission de swIAV à l'être humain depuis la pandémie de 2009

Au 25 août 2023, l'OMS recensait 559 cas de grippe d'origine porcine confirmés virologiquement et notifiés au niveau international depuis 2010. Parmi eux, 446 étaient du sous-type H3N2v, 62 du sous-type H1N1v, 49 du sous-type H1N2v. Un cas H1v et un cas H3v étaient de sous-type inconnu.

La très grande majorité de ces cas (495/559, soit 88 %) sont survenus aux États-Unis⁵⁹. D'après les CDC américains⁶⁰, la plupart des cas recensés aux États-Unis depuis 2010 sont survenus en 2012 (313 cas) et dans une moindre mesure en 2017 (67 cas). Une large majorité (89 %) d'entre eux étaient dus à un virus porcin de sous-type H3N2v/H3v, issu de réassortiment entre le virus porcin triple-réassortant H3N2 émergé en 1998 et le virus

⁵⁸ [AER_zoonoticFlu_2022_Final.pdf \(europa.eu\)](#) lien vérifié le 15/07/24.

⁵⁹ https://gis.cdc.gov/grasp/fluview/Novel_Influenza.html lien vérifié le 04/06/24.

⁶⁰ https://gis.cdc.gov/grasp/fluview/Novel_Influenza.html lien vérifié le 04/06/24.

H1N1pdm09 lui-même en circulation chez le porc depuis son introduction *via* l'être humain (Jhung *et al.* 2013; Nelson *et al.* 2016). Ces cas concernaient principalement des enfants et adolescents, et ont été détectés dans 27 États différents.

Par ailleurs, des cas confirmés de grippe d'origine porcine ont été sporadiquement détectés ailleurs en Amérique (dont Canada, Brésil), en Europe et en Asie (G. S. Freidl, Meijer, de Bruin, de Nardi, Munoz, Capua, Breed, Harris, Hill, Kosmider, Banks, von Dobschuetz, Stark, Wieland, Stevens, van der Werf, Enouf, van der Meulen, Van Reeth, Dauphin et Koopmans 2014; Hennig *et al.* 2022). La sévérité clinique de ces infections varie de façon importante d'un cas à l'autre, allant d'un syndrome grippal bénin (avec ou sans fièvre) à une pneumonie sévère nécessitant une hospitalisation en réanimation (y compris chez des enfants), et dans de rares cas, au décès.

Le fait qu'on ne puisse distinguer cliniquement une grippe d'origine porcine d'une grippe saisonnière (ou de la plupart des infections par un virus respiratoire saisonnier : rhinovirus, virus parainfluenza, coronavirus humains, etc.) et qu'il est généralement rare que des infections respiratoires aiguës (IRA) bénignes fassent l'objet d'une recherche virologique, laisse à penser qu'il est très probable qu'une proportion notable des infections grippales humaines d'origine porcine passe inaperçue. Il est ainsi intéressant de noter que la grande majorité des cas humains ont été recensés par un seul pays, les États-Unis, où une surveillance renforcée des cas de grippe humaine d'origine porcine est en place depuis 2007. C'est particulièrement le cas dans le contexte de foires agricoles, fréquentes dans certains États américains, durant lesquelles des cas humains d'origine porcine ont été détectés à maintes reprises, parfois sous la forme de regroupements de cas dans le temps et l'espace (Borkenhagen *et al.* 2019; Bowman *et al.* 2014; Bowman *et al.* 2017; Duwell *et al.* 2018; Gray *et al.* 2012; Greenbaum *et al.* 2015; Schicker *et al.* 2016; Szablewski *et al.* 2024).

Par contraste, les cas recensés en Europe et en Asie sont pour le moment restés sporadiques (G. S. Freidl, Meijer, de Bruin, de Nardi, Munoz, Capua, Breed, Harris, Hill, Kosmider, Banks, von Dobschuetz, Stark, Wieland, Stevens, van der Werf, Enouf, van der Meulen, Van Reeth, Dauphin et Koopmans 2014), généralement détectés soit parce qu'il s'agissait de cas graves nécessitant une hospitalisation, au cours de laquelle l'agent pathogène en cause est recherché, soit dans le cadre de la surveillance de routine des IRA, pour laquelle une recherche de virus grippaux avec sous-typage est réalisée. Les douze cas déclarés en Europe de 2021 à 2023 étaient dus à des swIAV de sous-type H1 uniquement (H1N1v ou H1N2v), et quasiment tous les clades H1 recensés au niveau européen chez le porc ont été responsables d'infections zoonotiques (clades 1C.2.1, 1C.2.2, 1C.2.4, 1C.2.6, 1B.1.1, 1A.3.3.2) (source : WHO, ECDC).

En France, à la date de rédaction de ce rapport, un seul cas de grippe d'origine porcine a été notifié, en septembre 2021, dû à un virus de génotype H1_{av}N2 #E comportant un gène HA qui appartient au clade 1C.2.4 (voir 4.2.2). Le patient rapportait une exposition à des porcs dans les 10 jours ayant précédé les symptômes. La présentation clinique a été sévère, avec un passage en réanimation, mais le patient, qui présentait des facteurs de risque de forme grave de grippe, a été mis sous traitement antiviral et a complètement guéri de son infection⁶¹. Une enquête sérologique menée sur un échantillon de porcs présents dans l'élevage au moment de l'exposition du cas a confirmé qu'un virus de génotype H1_{av}N2 #E avait bien circulé chez les porcs de cet élevage. L'analyse sérologique réalisée chez les personnes co-exposées et

⁶¹ [Suspicion de cas de grippe humaine par un virus influenza A\(H1N2\)v clade 1C.2.4 d'origine porcine en Bretagne \(santepubliquefrance.fr\)](https://santepubliquefrance.fr) lien vérifié le 18/06/24.

les contacts étroits du cas confirmé a par ailleurs indiqué qu'il n'y avait pas eu parmi elles d'autres cas d'infection par ce virus (Simon G. *et al.* 2022).

Un autre cas de transmission d'un virus influenza du porc à l'être humain a été détecté en France, mais il s'agissait cette fois d'un virus d'origine humaine. En effet, un évènement de transmission bidirectionnelle humain-porc puis porc-humain du virus H1N1pdm09, au sein d'un même élevage, a été détecté en 2018 (Chastagner, Enouf, *et al.* 2019) dans le cadre de la surveillance virologique des virus influenza porcins réalisée en France par Résavip. Un vétérinaire et un technicien étant intervenus dans un élevage de porcs concerné par un épisode d'infection respiratoire aiguë chez des truies gravides, ont développé quelques jours plus tard un syndrome grippal. Une analyse virologique a pu être réalisée à la fois chez des truies malades et chez le vétérinaire, confirmant leur infection par le virus H1N1pdm09 (les séquences animales et humaines étant identiques et très proches du virus humain saisonnier). Au vu des éléments épidémiologiques recueillis lors de l'investigation, l'hypothèse la plus probable est que ce virus ait été introduit dans l'élevage par un être humain infecté, y ait été diffusé rapidement, causant l'épisode d'infection respiratoire aiguë chez les truies, puis ait été transmis au vétérinaire. Ce type d'évènements de transmission bidirectionnelle du virus H1N1pdm09 a été décrit ailleurs, et illustre la facilité avec laquelle ce virus peut encore franchir la barrière d'espèce, plus de 10 ans après son émergence chez l'être humain (Adeola *et al.* 2019; Kuroda *et al.* 2022).

Une exposition directe à des porcs ou à un environnement contaminé par des porcs est généralement rapportée pour les cas de grippe d'origine porcine recensés, que ce soit en élevage, en abattoir, ou encore dans des foires ou salons d'exposition. Toutefois, des cas sans exposition directe à des porcs dans les jours précédant les signes cliniques ont été décrits à plusieurs reprises dans différents pays, posant questions sur les sources et notamment sur de possibles contaminations *via* l'environnement. Freidl *et coll.* recensent ainsi, dans une revue systématique datant de 2014, 20 cas de grippe d'origine porcine sans exposition à des porcs ou un environnement contaminé sur 401 cas recensés (dont deux pour lesquels l'information sur les circonstances d'exposition était manquante) (G S Freidl, Meijer, de Bruin, de Nardi, Munoz, Capua, Breed, Harris, Hill, Kosmider, Banks, von Dobschuetz, Stark, Wieland, Stevens, van der Werf, Enouf, van der Meulen, Van Reeth, Dauphin, Koopmans, *et al.* 2014). Entre 2021 et 2023 en Europe, quatre cas sur les douze cas recensés n'ont pas rapporté d'exposition directe à des porcs, mais deux d'entre eux indiquaient vivre à proximité d'élevages. Ainsi, en 2021, un cas de grippe d'origine porcine a été décrit au Danemark chez une personne de plus de 65 ans résidant à moins de deux kilomètres d'un élevage de taille moyenne de porcs à l'engraissement (Nissen *et al.* 2021). Cette personne, infectée par un virus porcin H1N1pdm09 (HA de clade 1A.3.3.2) réassortant, portant un gène (NS) issu d'un virus porcin H1_{av}Nx (HA de clade 1C), n'avait rapporté aucune exposition directe à des porcs, ni à d'autres personnes que son mari (qui n'a développé aucun symptôme) dans les jours précédant les signes cliniques. En 2022 et 2023, les autorités sanitaires allemandes et néerlandaises ont respectivement signalé deux cas confirmés de gripes d'origine porcine⁶² chez des personnes de 34 et 26 ans, dûs au sous-type porcin H1_{av}N1 de clade 1C.2.2. Ces deux personnes ne rapportaient pas non plus d'exposition directe à des porcs dans les jours précédant les signes cliniques. Le cas Néerlandais a été détecté car la personne participait à une surveillance des IRA en population générale, pour laquelle un auto-prélèvement nasal était demandé en cas de symptôme. De la même manière, un cas d'infection par un virus H1N2v d'origine porcine, en circulation dans les élevages anglais (virus portant une HA de

⁶² <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON486> lien vérifié le 04/06/24.

https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AER_zoonoticFlu_2022_Final.pdf lien vérifié le 04/06/24.

clade 1B.1.1, un gène N2 de lignage Scotland/94 et les gènes internes du virus H1N1pdm09), était rapporté au Royaume-Uni en 2023 chez une personne de plus de 65 ans n'ayant eu aucun contact avec des animaux (Cogdale *et al.* 2024)⁶³.

Si les cas détectés de grippe humaine d'origine porcine sont généralement primaires et sporadiques, des événements de transmission interhumaine de swIAV ont été parfois suspectés, notamment lors de l'épidémie due au sous-type H3N2v en 2012 aux Etats-Unis⁶⁴, mais il n'a plus été rapporté de chaînes de transmission soutenues (i.e. impliquant plusieurs générations d'infections successives chez l'être humain) depuis la pandémie grippale due au virus H1N1pdm09.

5.5.4 Fréquence de survenue des cas de grippe humaine d'origine porcine

Les informations collectées lors des investigations autour de cas confirmés de grippe humaine d'origine porcine sont utiles pour décrire leurs caractéristiques cliniques, virologiques et épidémiologiques. Néanmoins elles ne permettent pas d'estimer la fréquence de survenue de ces événements. Plusieurs études épidémiologiques visant à estimer ce paramètre ont été publiées au cours des 50 dernières années et apportent des éléments d'information utiles, bien que sujets à des biais d'interprétation.

Tout d'abord, c'est le cas des études de séroprévalence, ciblant généralement des personnes travaillant dans le secteur porcin ou exposées régulièrement à des porcs, soit à leur domicile, soit sur des marchés où des porcs vivants sont vendus, en les comparant parfois à un échantillon représentatif de la population générale. Dans une revue publiée en 2016, Sikkema *et coll.* discutent des limites importantes liées à ce type d'études, inhérentes d'une part à la méthodologie employée, rarement comparable d'une étude à l'autre, et d'autre part à la complexité d'interprétation des résultats, en raison de réactions croisées vis-à-vis de sous-types grippaux saisonniers (Sikkema *et al.* 2016). De plus, la quasi-totalité des études sérologiques ciblant les gripes d'origine porcine publiées entre 1946 et 2014 ont été menées en Amérique du Nord et dans une moindre mesure en Asie. Ces limites rendent complexe l'interprétation des résultats de séroprévalence obtenus et leur extrapolation aux contextes européens, africains, etc. Plusieurs éléments importants se dégagent toutefois de ces études. Elles convergent sur le fait que la prévalence des anticorps dirigés contre des swIAV est généralement nettement supérieure chez des personnes régulièrement exposées à des porcs par rapport à la population générale ou un groupe contrôle composé de personnes non exposées. Dans ces populations contrôles, les niveaux de séroprévalence demeurent généralement faibles, à l'exception de quelques études retrouvant des séroprévalences supérieures à 10 % (Terebuh *et al.* 2010; Zhou *et al.* 2014). Chez les populations exposées, les niveaux de séroprévalence détectés varient généralement entre 0 % et 40 %, allant jusqu'à 60-80 % selon une étude thaïlandaise publiée en 2011 (Kitikoon *et al.* 2011; M. Ma *et al.* 2015; Sikkema *et al.* 2016).

Par ailleurs, plusieurs études de cohorte sont recensées ciblant des personnes régulièrement exposées à des porcs ou vivant en milieu rural, chez qui un suivi virologique et/ou sérologique régulier a été réalisé pendant une période de temps variable d'une étude à l'autre (Borkenhagen *et al.* 2018; Lopez-Moreno *et al.* 2022; M.J. Ma *et al.* 2018; Sikkema *et al.* 2016). Là encore, il est difficile d'extraire de ces études une estimation de la fréquence de survenue

⁶³ <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.3.2400002> lien vérifié le 04/06/24.

⁶⁴ https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/media/en/publications/Publications/i111129_TER_swine_origin_triple_reassortant_influenza%20A_H3N2_viruses%20in%20North%20America.pdf lien vérifié le 04/06/24.

des cas de grippe humaine d'origine porcine, et ces données doivent être interprétées avec précaution, à l'instar des études de séroprévalence. Néanmoins elles convergent également sur le constat que les populations régulièrement exposées à des porcs sont significativement plus à risque d'infection par un swIAV, et que ces événements se produisent régulièrement.

Les cas humains de grippe d'origine porcine décrits depuis les années 1950 ont été le plus souvent sporadiques, survenant chez des personnes en contact avec des porcs vivants ou exposées à un environnement contaminé, et sans transmission interhumaine identifiée autour de ces cas primaires.

Depuis la pandémie grippale de 2009 due à un virus d'origine porcine, il n'a plus été rapporté de chaînes de transmission impliquant plusieurs générations d'infections successives chez l'être humain. En France, à la date de rédaction de ce rapport, un seul cas de grippe d'origine porcine a été notifié, en septembre 2021. Cependant, le fait qu'on ne puisse distinguer cliniquement une grippe d'origine porcine de la plupart des infections par un virus respiratoire saisonnier et qu'il est généralement rare que des infections respiratoires aiguës bénignes fassent l'objet d'une recherche virologique, laisse à penser qu'il est très probable qu'une proportion notable des infections grippales humaines d'origine porcine passe inaperçue. Les populations régulièrement exposées à des porcs sont significativement plus à risque d'être infectées par un swIAV.

5.5.5 Facteurs conduisant à l'émergence d'un swIAV zoonotique voire pandémique

5.5.5.1 Facteurs conduisant à l'émergence d'un swIAV zoonotique

Tous les virus porcins sont naturellement potentiellement zoonotiques, notamment parce qu'ils possèdent une affinité pour les récepteurs AS- α 2,6-Gal présents à la surface des cellules épithéliales humaines situées au niveau de l'arbre respiratoire supérieur et inférieur (voir section 4.1).

Cependant, les caractéristiques qui permettent à un virus de franchir aisément la barrière de l'espèce humaine, c'est à dire de se répliquer efficacement dans une cellule humaine, ou qui l'en empêchent, dépendent de multiples facteurs encore mal connus.

Certains gènes ou combinaisons de gènes seraient plus ou moins favorables à ce passage de la barrière d'espèce. Par exemple, il a été émis l'hypothèse que des swIAV réassortants porteurs du gène M du virus H1N1pm09 pourraient avoir un potentiel zoonotique accru car de tels virus ont été associés à plusieurs centaines de cas humains aux Etats-Unis (Bowman *et al.* 2017; Schicker *et al.* 2016). Des swIAV réassortants portant le gène M du virus H1N1pdm09 ont également été détectés abondamment en Europe (Henritzi *et al.* 2020), ce qui confirmerait que ces virus pourraient avoir un avantage sélectif en termes de transmission au sein de la population porcine, mais ils n'ont pas pour l'instant été associés à des cas d'infections zoonotiques en Europe. Cependant, d'autres génotypes combinant des gènes du H1N1pdm09 et d'autres swIAV ont également été responsables de zoonoses en Europe (Andersen *et al.* 2022; Cogdale *et al.* 2024; Nissen *et al.* 2021).

De son côté, l'être humain possède des défenses intrinsèques pour se défendre contre l'infection (Husain 2024; McKellar *et al.* 2021). Ainsi, la cellule hôte exprime diverses protéines antivirales qui agissent à différents stades du cycle de réplication virale. On distingue deux

grandes catégories de facteurs de restriction⁶⁵ : ceux qui sont codés par des gènes stimulés par l'interféron (IFN) (ISG ou *interferon-stimulated genes*) (par ex. Mx, IFITM, TRIM) et ceux qui sont codés par des gènes exprimés de manière constitutive, qui ne sont pas stimulés par l'interféron (non-ISG). Les IAV capables de se répliquer dans un hôte donné ont développé des stratégies d'échappement aux défenses de cette cellule hôte. Diverses protéines virales telles que NS1, PB1-F2 ou PA-X peuvent contrecarrer l'induction des réponses immunitaires innées de l'hôte infecté, soit en inhibant son déclenchement, soit en inhibant la signalisation en aval des récepteurs de l'IFN de type I ou III. Ainsi, un swIAV sera plus ou moins capable de se répliquer dans une cellule humaine en fonction de la capacité des facteurs de restriction à interagir à une étape ou une autre de son cycle de réplication et/ou de la capacité de ses protéines à inhiber l'action de ces facteurs de restriction. Peu d'études ont porté sur la capacité des swIAV à échapper aux facteurs de restriction exprimés dans les cellules humaines, mais il a été montré que des swIAV européens ont accumulé dans leur protéine NP des mutations induisant une résistance à la protéine MxA humaine, ce qui pourrait augmenter leur capacité à se répliquer dans des cellules humaines (Henritzi *et al.* 2020).

Un scénario à redouter serait que des porcs s'infectent avec un virus aviaire appartenant au clade 2.3.4.4b et transmettent à des humains des virus réassortants porcins dotés de marqueurs zoonotiques issus de ce clade. En effet, le clade 2.3.4.4b a récemment montré une grande capacité à s'adapter aux mammifères (plus de 70 espèces de mammifères concernées à ce jour par des encéphalites et des pneumonies la plupart du temps létales) et même à se transmettre efficacement, voire intensément, au sein de certaines espèces de mammifères, d'espèces sauvages, notamment des pinnipèdes⁶⁶ (Rimondi *et al.* 2024), mais aussi domestiques avec des animaux à fourrure en Europe (Agüero *et al.* 2023; Lindh *et al.* 2023) et plus récemment des bovins laitiers aux USA (Burrough *et al.* 2024), dont quelques-uns sont morts d'infections secondaires ou ont dû être euthanasiés pour ce motif. Au moment de la rédaction du présent rapport, 101 élevages laitiers ont été déclarés infectés dans 12 Etats américains. Il est à noter que dans tous les cas cités, la présence de mutations reconnues ou supposées adaptatives pour les mammifères a été mise en évidence, en particulier dans PB2 (PB2 E627K, T271A[!], PB2-D701N...).

Comme indiqué précédemment (Graaf *et al.*, 2023), les porcs sont apparus initialement peu réceptifs à ce clade, comme aux autres virus aviaires en général. Il faut cependant noter que le virus inoculé lors de cette étude ne comportait aucun marqueur adaptatif connu pour les mammifères.

Des études plus récentes ont confirmé la réceptivité des porcs exposés naturellement à un virus de clade 2.3.4.4b dans un contexte d'infection d'un élevage aviaire. Si les porcs sont restés asymptomatiques, ils ont massivement séroconverti, suggérant une transmission secondaire entre porcs (Rosone *et al.* 2023). La séroconversion d'un porc infecté par un virus H5N8 HP appartenant au clade 2.3.4.4b a également été décrite en France (S. Hervé, Schmitz, *et al.* 2021).

Une étude très récente de Arruda *et al.* a révélé que quatre souches du clade 2.3.4.4b inoculées expérimentalement à des porcs ont occasionné une multiplication intrapulmonaire et des lésions pulmonaires multifocales (B. Arruda *et al.* 2024a; B. Arruda 2024). En outre, l'une des souches a provoqué une atteinte du SNC chez quatre porcs. Deux des souches avaient été obtenues à partir de mammifères (raton laveur (*Procyon lotor*) et renard roux

⁶⁵ Les facteurs de restriction sont des protéines antivirales naturelles qui limitent la multiplication des virus. Ils agissent en inhibant directement ou indirectement certaines étapes du cycle de réplication virale.

⁶⁶ [2024-06-elephant-outbreak-transnational-highly-pathogenic.pdf](#)

(*Vulpes vulpes*) et présentaient des mutations adaptatives PB2-E627K, alors qu'une souche provenait d'un pygargue à tête blanche (*Haliaeetus leucocephalus*) et une autre d'une dinde. La fréquence des mutations à potentiel adaptatif nouvellement détectées lors de l'infection de porcs est restée faible et les mutations déjà présentes lors de l'inoculation ou détectées précocement lors de l'infection des porcs n'ont pas eu tendance à perdurer chez ces hôtes. Cependant, de façon notable, seules les souches issues des deux mammifères ont permis d'objectiver la présence d'ARN viral par RT-PCR dans les cavités nasales de certains porcs (dont l'une à une fréquence et une concentration similaires à celles d'un IAV adapté aux porcs), ainsi qu'une transmission à des porcs contacts (séroconversion). Les auteurs concluent en indiquant que des mutations et réassortiments supplémentaires, susceptibles de se produire en raison de l'intense circulation du clade 2.3.4.4b chez de nombreuses espèces d'oiseaux et de mammifères, pourraient conduire à une augmentation du risque d'infection des porcs domestiques. Une très grande vigilance doit donc être de mise pour anticiper l'émergence de tels virus porcins, qui pourrait constituer un danger majeur sur le plan de la santé publique.

5.5.5.2 Facteurs susceptibles de contribuer à l'émergence d'un virus épidémique voire pandémique d'origine porcine

Dans la très grande majorité des cas, aucune transmission interhumaine n'a été observée en cas d'infection humaine par un swIAV (cf. 5.5.3), prérequis indispensable pour qu'un swIAV puisse occasionner une épidémie ou une pandémie. En outre, une transmission interhumaine n'est pas forcément suffisante pour qu'un swIAV soit d'emblée, ou devienne, un virus épidémique (voir note de bas de page n°3 page 21) voire pandémique.

On peut distinguer schématiquement deux cas de figure extrêmes :

- dans un premier cas de figure, le swIAV aurait acquis, en circulant chez les porcs, la capacité à devenir d'emblée épidémique ou pandémique chez l'être humain (virus super-critique) ;
- dans un second cas de figure, le swIAV aurait évolué après le passage de la barrière d'espèce à partir d'un cas index humain, ou de plusieurs cas index humains (si un ou plusieurs épisodes anadémiques survien(nen)t, pouvant être suivi(s) chez certains individus d'une transmission interhumaine) pour acquérir le potentiel de devenir épidémique voire pandémique au gré de transmissions interhumaines pouvant survenir d'abord à bas bruit.

Ces deux cas de figure ne sont pas exclusifs, il est probable que ces deux événements évolutifs soient liés et se produisent à la fois chez le porc puis chez l'être humain, pouvant conduire à un processus épidémique voire pandémique, durant lequel le virus va continuer à évoluer.

Le seul cas connu de virus pandémique de source porcine est celui du virus H1N1pdm09 (voir section 5.5.2), pour lequel il semble acquis que des réassortants pré-pandémiques ont circulé pendant de nombreuses années chez le porc avant l'émergence du virus pandémique chez les humains (Mena *et al.* 2016). Le swIAV ne semble pas avoir subi de processus adaptatif majeur après le passage de la barrière d'espèce, ce qui pourrait être cohérent avec le caractère généralement bénin des symptômes induits par ce virus pandémique (Smith, Bahl, *et al.* 2009; Smith, Vijaykrishna, *et al.* 2009). Cependant, comme indiqué plus haut (voir section 5.5.2), le/les premiers événement(s) de transmission zoonotique est/sont passé(s) inaperçu(s), ce qui ne permet pas d'affirmer que le virus avait déjà acquis à ce stade la capacité d'être pandémique ni a fortiori d'exclure que le potentiel pandémique du H1N1pdm09 ait pu s'accroître au décours des transmissions interhumaines et des mutations /réassortiments qui se sont alors produits. Une tendance à l'accumulation de mutations

adaptatives vis-à-vis de l'espèce humaine a en tout état de cause été signalée après l'émergence du virus H1N1pdm09, lors des 2^{ème} et 3^{ème} vagues pandémiques (Elderfield *et al.* 2014).

Sur la base de ce cas, il est possible d'explorer les facteurs qui ont pu conditionner le fait qu'un virus d'origine porcine ait eu la capacité à devenir pandémique.

Ces facteurs sont de diverses natures. Il apparaît d'emblée qu'aux facteurs viraux ayant pu contribuer au potentiel épidémique/pandémique de ce virus, dont le fait même d'être un réassortant particulier, sont associés des facteurs de risque qui ont rendu possibles ces réassortiments. Pour des raisons didactiques, les principaux facteurs ayant contribué à cette émergence seront traités successivement de la façon suivante :

- facteurs viraux particuliers du virus H1N1pdm09 et réflexion autour du potentiel épidémique/pandémique des virus porcins ;
- facteurs d'hôtes ;
- facteurs de risque d'exposition susceptibles d'avoir contribué à l'émergence et à l'expansion du virus H1N1pdm09.

5.5.5.2.1 *Facteurs viraux particuliers du virus H1N1pdm09 et réflexion autour du potentiel épidémique/pandémique des virus porcins*

5.5.5.2.1.1 Facteurs viraux particuliers du virus H1N1pdm09

Le virus H1N1pdm09 est issu de trois virus porcins de lignages différents (voir section 5.5.2), comportant eux-mêmes des segments d'origine historiquement porcine, et/ou aviaire et/ou humaine (Tableau 4) :

- le virus porcine « Classical swine » ou cH1N1 (apparu initialement en 1931 suite à la transmission à des porcs du virus H1N1 humain descendant du virus pandémique de 1918), qui a circulé de façon dominante chez les porcs d'Amérique du Nord depuis le milieu des années 1990 et jusqu'à l'émergence du virus TRsw-H3N2 (cf. ci-dessous) ;
- le virus porcine TRsw-H3N2, virus triple réassortant ayant émergé aux USA en 1998 et comportant des gènes du virus cH1N1, d'un virus influenza aviaire nord-américain (sous-type H9N2) et d'un virus de grippe humaine saisonnière H3N2 (de type A/Sydney/5/97), lui-même issu du virus pandémique de 1968. Ce virus TRsw-H3N2 est devenu dominant aux USA après son émergence chez le porc ;
- le virus porcine H1_{av}N1, qui correspond au lignage porcine européen « avian-like swine H1N1 » devenu dominant en Europe chez le porc dans les années 1980 (voir section 4.2.1).

Les réassortiments entre ces trois virus ont été successifs, probablement espacés de plusieurs années :

- le réassortiment initial est survenu chez des porcs coinfectés par le virus TRsw-H3N2 et le virus cH1N1, tous deux introduits au Mexique à partir des Etats-Unis lors d'importations successives de porcs infectés. Le réassortiment a abouti à l'émergence d'un virus H1N2 suite à l'insertion dans le virus TRsw-H3N2 (dont deux segments, NP et NS, étaient déjà issus du virus cH1N1) d'un segment majeur du virus cH1N1, la HA ;
- ultérieurement, toujours au Mexique, un réassortiment s'est produit chez des porcs coinfectés par ce nouveau réassortant H1N2 et par le virus européen H1_{av}N1 introduit lors d'importations de porcs vivants depuis des pays européens, sans que cette

introduction n'ait jamais été détectée. Le réassortiment a conduit à l'obtention d'un virus H1N1, dont les segments NA et M sont issus du virus H1_{av}N1.

La composition du virus H1N1pdm09 et la source initiale de chacun de ses huit segments, à la fois du point de vue du virus porcine source et de l'espèce initiale d'origine est synthétisée dans le Tableau 4 ci-dessous.

Tableau 4 : Origines des différents segments génomiques du virus H1N1pdm09

Virus sources du H1N1pdm09	cH1N1 (1931)	H1 _{av} N1 (1979)		TRsw-H3N2 (1998)				
Segment	HA	NA	M	PB1	PB2	PA	NP	NS
Source historique initiale	Humaine issue du virus pandémique 1918	Aviaire		Humaine 1990 (H3N2 saisonnier)	Aviaire (années 1990) (H9N2)		porcine cH1N1	

Cette origine initiale complexe une fois identifiée, des tentatives ont été faites à partir de l'analyse du virus H1N1pdm09 pour identifier les facteurs viraux ayant pu le rendre pandémique. Les éléments avancés par les auteurs qui se sont penchés sur cette question sont les suivants :

- le virus H1N1pdm009 étant un réassortant particulier entre des virus porcins très différents, son potentiel pandémique pourrait avoir résulté de combinaisons synergiques entre certains de ses segments. Cependant, il n'a pas été possible (au moins pour le moment) de caractériser des associations particulières de segments qui aboutiraient systématiquement à de telles synergies. Cela a conduit à envisager que l'organisation structurale et fonctionnelle (l'ossature) à laquelle contribueraient d'autres composants de ce réassortant pourrait aussi conditionner ces synergies (M.S. Song, Pascua et Choi 2011) ;
- le fait d'héberger des segments d'origine aviaire présentant des mutations susceptibles d'être adaptatives pour les mammifères, et notamment :
 - ceux codant les polymérases PA et PB2, avec en particulier :
 - une mutation dans PA (isoleucine en position 97) qui s'est avérée critique en terme de létalité pour les souris inoculées par voie nasale (Song *et al.*, 2011) et des mutations adaptatives T85I, G186S et V100I, localisées dans le domaine endonucléasique de PA, qui favorisent la réplication virale dans des cellules de mammifères (Lutz *et al.*, 2022). Par ailleurs, une protéine immunomodulatrice, PA-X, est exprimée à partir du segment de gène PA des virus aviaires, et les mutations du segment PA intéressant PA-X, notamment chez le virus H1N1pdm09, pourraient jouer un rôle adaptatif, par la modulation de son niveau d'expression suite à ces mutations (Lutz *et al.* 2020) ;
 - une mutation rare dans PB2 (T271A), non encore connue comme facteur adaptatif chez les mammifères avant l'émergence du virus H1N1pdm09 (Bussey *et al.* 2010). Cette mutation a été mise en

évidence depuis 2022 dans le gène PB2 de virus IAHP de sous-type H5N1 (H5 de clade 2.3.4.4b), qui continue de circuler dans le monde entier à la date de publication de ce rapport. Elle a ainsi été retrouvée dans des souches H5N1 ayant infecté des animaux à fourrure, en Espagne et en Finlande, dans un contexte d'encéphalites mortelles et responsables de très probables transmissions au sein des populations de visons, de renards argentés et de rats laveurs (Agüero *et al.* 2023; Lindh *et al.* 2023; Rabalski *et al.* 2023).

- celui codant NA : si les premiers virus H1N1pdm09 ne présentaient pas de mutations identifiées comme adaptatives lors de l'émergence du virus chez les humains, des mutations sont ensuite rapidement apparues en position 106 et 248 de la protéine NA, qui auraient contribué à amplifier la stabilité de HA à pH acide et la capacité de réplication du virus et sa diffusion au sein des populations humaines de façon précoce durant la pandémie (Takahashi *et al.* 2013). Des mutations conférant un degré de résistance accrue à l'oseltamivir ont également été signalées, et ont été susceptibles de faciliter la propagation du virus au sein de certaines populations humaines malgré la mise en place d'un traitement antiviral (Correia *et al.* 2015).

5.5.5.2.1.2 Réflexion autour du potentiel épidémique/pandémique des swIAV

Les mutations évoquées ci-dessus dans le cas du virus H1N1pdm09 ne sont pas exhaustives mais ces exemples illustrent à la fois l'importance potentielle de mutations adaptatives survenues chez le porc et de leur accumulation (e.g. chez PA) ainsi que l'effet potentiel de synergies entre segments (synergie potentielle de ces mutations de PA avec celles de PB2, notamment la mutation T271A, synergie potentielle entre H1 codé par le segment HA du virus cH1N1 américain et N1 codé par le segment NA du virus H1_{av}N1 européen), l'ensemble de ces éléments ayant pu conduire à un virus porcin réassortant capable de se répliquer plus efficacement chez les humains et d'induire une transmission interhumaine susceptible de conduire à une épidémie, voire une pandémie.

Le virus H1N1pdm09 a hérité de quatre segments initialement d'origine aviaire (ceux codant les sous-unités de polymérases PA et PB2, ainsi que de ceux codant NA et M), qui tous ont été montrés capables d'acquérir des mutations adaptatives chez les virus aviaires (annexe 8) et d'évoluer vers l'accumulation de ces mutations après infection de mammifères. Certaines de ces mutations sont associées à une capacité importante de transmission au sein de certaines espèces de mammifères (cf. clade 2.3.4.4b) (Agüero *et al.* 2023; Lindh *et al.* 2023), ce qui pourrait constituer une composante majeure de la capacité de ce virus initialement porcin à se transmettre au sein de l'espèce humaine. Il est intéressant de noter que chez les volailles, certains virus aviaires (H5 et H7) sont capables d'être hautement pathogènes. Il n'est pas à exclure que certains de ces virus aviaires HP puissent être plus transmissibles et plus virulents que des virus aviaires faiblement pathogènes chez les mammifères une fois qu'ils ont satisfait à deux exigences :

- pouvoir infecter les mammifères malgré le handicap de leur incapacité à se lier aux récepteurs AS- α 2,6-Gal (cas du virus H5N1 Gs/GD⁶⁷) ou avoir acquis cette capacité,

⁶⁷ Gs = Goose ; GD = Guangdong: correspond au virus zoonotique ayant émergé en 1996 (A/goose/Guangdong/1/1996) et qui a été à l'origine des cas humains d'abord observés en 1997 à Hong Kong (A/Hong Kong/156/1997 H5N1), avec de nouvelles déclarations de cas humains à partir de 2003 (d'abord au

indispensable pour être pandémiques (cas des virus aviaires pandémiques du 20^{ème} siècle, i.e. les virus des gripes de 1918, 1957 et 1968) (Lycett, Duchatel et Digard 2019) ;

- pouvoir se multiplier dans les cellules des mammifères, ce qui suppose des mutations adaptatives, notamment celles des enzymes du complexe polymérase pour qu'elles soient capables d'être actives à la température corporelle des mammifères (plus basse que celle des oiseaux).

Dans le cas du virus H1N1pdm09, la nature des réassortiments a pu permettre de satisfaire à tous ces critères, en offrant d'emblée la possibilité à ce virus d'infecter naturellement les humains (HA d'origine porcine), tout en apportant avec PB2 et PA l'efficacité de la machinerie enzymatique aviaire sur le plan répliatif, peut-être accrue chez les humains dans le contexte de leur association avec PB1 d'origine humaine. Cela reste une hypothèse, mais il convient de mentionner que tous les virus pandémiques d'origine aviaire du 20^{ème} siècle, qui ont occasionné plusieurs millions à plusieurs dizaines de millions de décès humains dans le monde, possédaient une mutation de PB2 (E627K) connue pour constituer un facteur adaptatif majeur chez les mammifères (Hara *et al.* 2013; Taubenberger *et al.* 2005). Or, il se trouve que le virus H1N1pdm09 ne possède pas cette mutation, mais la mutation rare T271A. Il n'est pas à exclure que l'absence de la mutation E627K ait pu contribuer à faire de ce virus pandémique un virus relativement peu virulent chez les humains. Ce virus ayant été transmis au porc chez lequel il a donné lieu à des réassortiments avant d'être retransmis à des humains (voir section 5.5.3), occasionnant des cas sévères de grippe humaine, il n'est cependant pas à exclure que des mutations/réassortiments survenant chez le porc puissent conduire à l'émergence d'un nouveau virus pandémique beaucoup plus virulent.

5.5.5.2.2 Facteurs d'hôtes

Les études épidémiologiques ont montré que le virus H1N1pdm09 avait une propension à affecter les populations jeunes, contrairement aux virus saisonniers, du fait de l'acquisition antérieure d'une immunité de population par les personnes plus âgées vis-à-vis de virus H1N1 issus du virus H1N1 pandémique de 1918. Ainsi, selon l'étude de Hancock *et al.*, lors de l'émergence de la pandémie de 2009, 34 % des personnes nées avant 1950 possédaient des anticorps capables de reconnaître le virus H1N1pdm09 alors que de tels anticorps n'étaient présents que chez 4 % de la population née après 1980 (Hancock *et al.* 2009).

On a également relevé que le virus H1N1pdm09, tout comme le virus H1N1 responsable de la pandémie de 1918, échappe à la restriction antivirale portée la protéine MxA de la cellule humaine infectée du fait de mutations adaptatives spécifiques dans la nucléoprotéine (NP) (Mänz *et al.* 2013). Cet échappement pourrait avoir contribué à la multiplication de ces virus chez l'être humain (Voir section 5.5.5.1).

5.5.5.2.3 Facteurs de risque susceptibles d'avoir contribué à l'émergence et à l'expansion du virus H1N1pdm09

Parmi les facteurs de risque identifiés dans le cas du virus H1N1pdm09, il est possible de distinguer deux catégories de facteurs : les facteurs d'émergence et les facteurs de diffusion.

Vietnam) et jusqu'à ce jour (quasi-extinction depuis 2020, mais en 2023-24, un virus plus proche des H5N1 de 1997 et 2003 (de clade 2.3.2.1c) a commencé à réémerger au Cambodge et au Vietnam).

5.5.5.2.3.1 Facteurs d'émergence

Les facteurs d'émergence sont ceux qui, au Mexique, ont abouti à l'émergence du virus H1N1pdm09. De façon globale, l'apparition des virus porcins nord-américains et européen impliqués dans l'émergence du H1N1pdm09 succède, à plus ou moins brève échéance, à l'importation de porcs vivants au Mexique à partir des Etats-Unis d'Amérique d'une part et de l'Europe d'autre part. Ces introductions se seraient produites de façon répétée, majorant le risque d'implantation de ces virus au Mexique.

Ainsi, les virus TRsw-H3N2 et cH1N1 ont été introduits suite à l'importation de porcs des USA, qui correspondent à la part la plus importante des porcs importés au Mexique. Il est à noter qu'aux USA, le virus TRsw-H3N2, devenu rapidement dominant, s'y était déjà réassorti avec des virus de lignage cH1N1 et H1N2 avec lesquels il co-circulait, et que certains réassortants y avaient induit des infections humaines sporadiques détectées à partir de 2005 (voir section 5.5.1). En ce qui concerne la source probable du virus H1_{av}N1, les éléments disponibles tendent à incriminer une importation directe d'Europe, même si aucune trace d'un virus porcine apparenté au virus H1_{av}N1 *in toto* n'a été détectée au Mexique ou dans tout autre pays du continent américain. L'Europe n'est pas le pourvoyeur principal de porcs pour le Mexique, mais une forte augmentation des importations de porcs s'était mise en place à partir des années 1980 à partir de plusieurs pays européens (Mena *et al.* 2016). Il est en outre aujourd'hui acquis de façon indubitable, sur des bases épidémiologiques et génomiques, que c'est au Mexique que le premier foyer humain de grippe causé par le H1N1pdm09 a émergé. Ainsi, la comparaison, avant l'émergence du H1N1pdm09, des segments (pour lesquels des données sont disponibles) des virus porcins circulant au Mexique avec ceux du virus H1N1pdm09, accreditte l'hypothèse selon laquelle les précurseurs porcins du virus H1N1pdm09 se seraient constitués dans le centre du Mexique plusieurs années avant son émergence chez les humains sans avoir été détectés chez le porc au préalable (Mena *et al.* 2016).

5.5.5.2.3.2 Diffusion : grandes métropoles nord-américaines

Les facteurs de diffusion sont ceux qui sont intervenus surtout hors du Mexique et ont permis au virus de diffuser hors du continent américain.

C'est le nord-est des États-Unis, et tout particulièrement la ville de New York, qui a joué le rôle le plus important dans la dissémination du virus pandémique vers les autres continents. Il est probable que deux éléments au moins ont joué, d'une part l'ampleur de l'épidémie à New York au cours de la vague du printemps 2009, en lien avec la densité humaine, et d'autre part l'importance du trafic aérien vers le monde entier à partir de New York.

Le virus H1N1pdm09 est le seul virus pandémique connu de source porcine.

La combinaison de plusieurs facteurs semble avoir contribué à son émergence et sa propagation :

1/ Des facteurs viraux : ce virus est en effet issu de trois virus porcins de lignages différents, américains (cH1N1 et TRsw-H3N2) et européen (H1_{av}N1). Le potentiel pandémique du H1N1pdm09 pourrait ainsi être au moins en partie lié : a/ au fait d'être un réassortant particulier entre des virus porcins très différents, avec des segments susceptibles de produire des combinaisons synergiques, et b/ au fait de porter des mutations dont certaines sont

considérées comme adaptatives pour les humains (notamment sur les segments PA et PB2 d'origine historiquement aviaire) ;

2/ Des facteurs d'hôte, notamment l'absence d'immunité des populations jeunes⁶⁸ vis-à-vis de la HA d'origine porcine du virus (et dont la source historique initiale est humaine) et l'échappement à la restriction antivirale ;

3/ Des facteurs de risque : a/ d'émergence : le commerce international des porcs, sans surveillance de leur statut infectieux, en favorisant l'introduction à diverses reprises des virus cH1N1, TRsw-H3N2 et H1_{av}N1, a permis la rencontre entre des virus de différents lignages issus de continents différents chez des porcs coïnfectés sans que leur circulation soit détectée, ni celle des réassortants qui en ont résulté, et a probablement joué un rôle majeur dans l'émergence au Mexique du virus H1N1pdm09 ; b/ de diffusion : elle semble surtout s'être réalisée dans le nord-est des Etats-Unis et tout particulièrement à New York, ville très densément peuplée favorable à la transmission interhumaine, à l'évolution de variants plus adaptés à cette transmission et aussi à la diffusion mondiale du virus à partir des aéroports.

⁶⁸ Les principaux groupes d'âge touchés par le H1N1pdm09 lors de la pandémie de 2009 ont été les enfants et les jeunes adultes de moins de 30 ans. La mortalité (même si elle n'a pas été très élevée par rapport à la pandémie de 1918) a surtout concerné les personnes âgées de 20 à 50 ans (ce qui tranche par rapport aux virus saisonniers qui sont surtout à risque pour les personnes de plus de 65 ans).

6 Description des systèmes de surveillance de la grippe chez le porc et chez l'être humain

6.1 Surveillance des swIAV chez le porc

L'OMSA (Organisation mondiale de la santé animale), la FAO (*Food and Agriculture Organisation*) et l'OMS (Organisation mondiale de la santé) avaient appelé à un renforcement de la surveillance des swIAV en 2009 suite à la pandémie due à un IAV d'origine porcine. Cependant, en dépit de leur potentiel zoonotique, la surveillance des swIAV reste peu structurée à l'échelle mondiale, la grippe du porc n'étant généralement pas considérée comme une menace majeure pour la santé animale. La surveillance dépend d'initiatives nationales ou supranationales, lesquelles visent principalement à étudier l'évolution des swIAV, à analyser leurs propriétés antigéniques et à anticiper la sélection de souches candidates pour de futurs vaccins pré-pandémiques (ou pandémiques) pour l'être humain (OFFLU⁶⁹).

Dans un pays ou une population donné(e), à une période donnée, les swIAV détectés via la surveillance peuvent être :

- 1) des swIAV déjà connus pour circuler de manière enzootique dans la population porcine considérée ;
- 2) un nouveau swIAV dit « variant » (suite à glissement antigénique d'un swIAV enzootique),
- 3) un nouveau swIAV dit « réassortant » (suite à réassortiment entre deux swIAV enzootiques ou entre un swIAV enzootique et un IAV d'une autre espèce) ;
- 4) un swIAV importé depuis un autre pays/d'une autre population et génétiquement différent des swIAV enzootiques sur le territoire considéré ;
- 5) un IAV introduit *in toto* depuis une autre espèce.

6.1.1 Surveillance en France

En France, la DGAI, l'Anses et les représentants de la filière porcine ont œuvré conjointement pour la mise en place d'un dispositif national de surveillance dès 2009-2010, suite aux appels de l'OMSA, la FAO et l'OMS. Le réseau public-privé Résavip a ainsi été créé en 2011 dans le but d'approcher la diversité et la dynamique des swIAV en France métropolitaine. La DGAI et La Coopération Agricole (LCA) sont co-gestionnaires du dispositif. Les autres partenaires nationaux sont l'Anses, la Fédération nationale des groupements de défense sanitaire (GDS-France), la Société nationale des groupements techniques vétérinaires (SNGTV) et l'Association française des directeurs et cadres des laboratoires vétérinaires publics d'analyses (Adilva). Depuis 2012, la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale⁷⁰ (ESA) offre un appui scientifique et technique à Résavip, par l'intermédiaire de son Groupe de suivi Virus influenza porcins (GS-VIP), groupe auquel participent tous les partenaires nationaux de Résavip, des membres de la plateforme ESA, ainsi que, depuis début 2022, un représentant de Santé Publique France (SPF). Résavip est animé et coordonné par LCA au niveau national. Résavip repose sur une surveillance événementielle. Celle-ci concerne tous les modes et types d'élevages mais dans les faits elle est quasi-exclusivement menée dans les élevages conventionnels où les porcs sont élevés en bâtiments fermés. Dans chaque

⁶⁹ [OFFLU-Summary-F23.pdf](#) lien vérifié le 04/06/24.

⁷⁰ [Virus Influenza porcins | PLATEFORME ESA \(plateforme-esa.fr\)](#) lien vérifié le 04/06/24.

région administrative (excepté en Corse où les porcs domestiques sont élevés de manière semi-extensive), un animateur régional (nommé par la DGAL sur proposition de la filière porcine) est chargé de fournir des kits de prélèvements aux vétérinaires praticiens bénévoles et de gérer une base de données régionale. Cette base de données intègre toutes les informations épidémiologiques récoltées par le vétérinaire au moment de la réalisation des prélèvements, tout en préservant l'anonymat des élevages prélevés. Les prélèvements sont réalisés par les vétérinaires à l'occasion de suspicions cliniques de grippe. Ils sont analysés, en première intention, par des laboratoires d'analyses vétérinaires agréés par la DGAL pour la détection du génome des swIAV. Les prélèvements ayant donné un résultat positif sont ensuite adressés au Laboratoire National de Référence Influenza Porcin (LNR-IP) (Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort) aux fins d'identification du sous-type et du lignage d'appartenance des virus détectés. Les bilans trimestriels et annuels de Résavip sont publiés sur le site de la plateforme ESA. Les souches virales identifiées sont caractérisées de manière approfondie par le LNR-IP dans le cadre de travaux de recherche portant sur l'évolution génétique et antigénique des swIAV (séquençage des génomes viraux, sous-typage antigénique, etc.).

Lorsque des diagnostics d'infections grippales sont effectués hors Résavip, les prélèvements positifs (suite à RT-qPCR gène M) peuvent être adressés, à la demande du prescripteur, à un laboratoire vétérinaire mettant en œuvre les méthodes de sous-typage moléculaire (par RT-qPCR gènes HA/NA) ou de génotypage (par séquençage du génome complet) préconisées par le LNR-IP. Les données sur les lignages viraux ou génotypes identifiés sont alors transmises au LNR-IP et intégrées aux bilans nationaux en supplément des données produites par Résavip.

Des enquêtes sérologiques, menées notamment par l'Anses, parfois en collaboration avec la filière porcine et/ou des firmes du médicament vétérinaire, peuvent compléter ponctuellement la surveillance virologique événementielle.

Dans le cas particulier des élevages mixtes porc-volaille où un foyer d'infection à virus IAHP a été confirmé chez des oiseaux, les autorités demandent que les porcs soient soumis à un examen clinique réalisé par le vétérinaire sanitaire et des prélèvements (écouvillons nasaux et prises de sang) doivent être réalisés en vue d'analyses virologiques et sérologiques, respectivement⁷¹.

Les connaissances acquises sur les swIAV détectés en France permettent au LNR-IP d'informer les autorités françaises de toute nouvelle émergence à risque, tant pour la santé animale que la santé humaine. Les résultats échangés aux niveaux européen (à travers l'Action COST ESFLU⁷² ou d'autres projets de recherche) et international (par le réseau OFFLU⁷³, réseau OMSA/FAO pour les virus influenza animaux) permettent également d'informer l'OMS des émergences qui pourraient présenter des risques pandémiques, l'objectif étant de sélectionner des souches pour le développement éventuel de nouveaux vaccins si nécessaire.

⁷¹ Instruction technique DGAL/SDPAL/2021-148 du 25/02/2021 info.agriculture.gouv.fr/gedei/site/bo-agri/instruction-2021-148 et arrêté du 25 septembre 2023 relatif aux mesures de surveillance, de prévention, de lutte et de vaccination contre l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) [Arrêté du 25 septembre 2023 relatif aux mesures de surveillance, de prévention, de lutte et de vaccination contre l'influenza aviaire hautement pathogène \(IAHP\) - Légifrance \(legifrance.gouv.fr\)](https://www.legifrance.gouv.fr/eli/arr/2023/09/25/20231481) liens vérifiés le 04/06/24.

⁷² <https://swineflu.eu/> lien vérifié le 04/06/24.

⁷³ <https://www.offlu.org/> lien vérifié le 04/06/24.

6.1.2 Surveillance en Europe

En Europe, l'influenza porcin n'est pas une maladie qui doit être déclarée auprès de l'Union Européenne (UE) (maladie non réglementée), et très peu de pays ont mis en place une surveillance de routine dans les élevages de porcs. Dans les années 2000-2010, la surveillance des swIAV a été encouragée et coordonnée dans plusieurs États Membres dans le cadre d'une action concertée appelée ESNIP (*European Surveillance Network for Influenza in Pigs*). Trois projets successifs (ESNIP1 2000-2004 ; ESNIP2 2006-2009 ; ESNIP3 2010-2014) ont été financés par la Commission européenne, mais ils n'ont pas été pérennisés. En 2022, une nouvelle action COST-*European Cooperation in Science and Technology* (CA21132⁷⁴), dénommée ESFLU²⁹ (*European Swine Influenza Network*) a démarré pour quatre ans. Ce nouveau programme vise à élargir la portée des précédents projets ESNIP en incluant davantage de pays européens (UE et hors UE), en adoptant une approche « Une Seule Santé » (*One Health*) et en mettant l'accent sur les mesures de gestion visant à atténuer les impacts de l'influenza porcin, tant d'un point de vue de la santé animale que de la santé humaine. En 2023, l'influenza porcin fait partie des dix zoonoses prioritaires pour lesquelles des stratégies de surveillance ont été proposées par l'EFSA (*European Food Safety Authority et al.* 2023).

En dépit de leur potentiel zoonotique, la surveillance des swIAV reste peu structurée à l'échelle mondiale, la grippe du porc n'étant généralement pas considérée comme une menace majeure pour la santé animale. Suite à la pandémie de 2009 due à un IAV d'origine porcine, des organismes internationaux ont appelé à un renforcement de la surveillance des swIAV. En France, dès 2009-2010, la DGAI, l'Anses et les représentants de la filière porcine ont œuvré conjointement pour la mise en place d'un dispositif national de surveillance. Le réseau Résavip a ainsi été créé en 2011 et depuis 2012, la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale offre un appui scientifique et technique à ce réseau.

Résavip repose sur une surveillance événementielle. Des enquêtes sérologiques peuvent compléter ponctuellement la surveillance virologique. Un dispositif particulier de surveillance est mis en place dans les élevages mixtes porc-volaille en cas de foyer d'infection à virus IAHP confirmé chez des oiseaux.

Les connaissances acquises sur les swIAV détectés en France permettent d'informer les autorités françaises de toute nouvelle émergence à risque, tant pour la santé animale que la santé humaine.

Les résultats échangés aux niveaux européen et international permettent également d'informer l'OMS des virus circulant chez le porc et de sélectionner des souches pour le développement éventuel de nouveaux vaccins si nécessaire.

Des éléments sur la surveillance sur le continent américain sont disponibles en Annexe 8.

⁷⁴ [Action CA21132 - COST](#)

6.2 Surveillance des virus de la grippe chez l'être humain

6.2.1 Surveillance en France

Avertissement : la surveillance événementielle est qualifiée de passive en santé humaine et repose sur la notification aux autorités sanitaires des patients suspectés de grippe zoonotique par les professionnels de santé, afin que des investigations virologiques et épidémiologiques puissent être menées pour confirmer/infirmier la suspicion.

En France, une surveillance de la grippe chez l'être humain existe depuis plusieurs décennies et a pour objectifs : le suivi en continu et la description des épidémies de grippe saisonnière (pouvant être de type A et de sous-type H1N1 ou H3N2, ou de type B) ; l'évaluation de son fardeau en terme de morbi-mortalité et de son impact sur les structures de soins ; l'identification des populations à risque ; le suivi et la caractérisation des souches virales circulantes ; l'évaluation des mesures de contrôle de l'épidémie (au premier rang desquelles la vaccination, avec le suivi de la couverture et de l'efficacité vaccinales) ; la détection et l'investigation des gripes d'origine zoonotique.

Cette surveillance s'appuie sur de multiples dispositifs de surveillance (en communauté et en médecine de ville, dans les établissements sociaux et médico-sociaux, à l'hôpital, à partir des registres de décès) et réseaux de partenaires (cliniciens, virologues, épidémiologistes, sociétés savantes, etc.). Santé publique France est en charge de la coordination de cette surveillance et réalise une rétro-information des données générées, principalement sous la forme de bulletins épidémiologiques nationaux et régionaux, publiés de façon hebdomadaire entre octobre et avril, ainsi que d'un bilan annuel national de l'épidémie qui paraît dans le Bulletin Epidémiologique Hebdomadaire (Santé publique France) en octobre.

Une surveillance des gripes d'origine aviaire en France avait été mise en place au cours des années 2000, en réponse à l'inquiétude générée par l'émergence du virus influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) H5N1 (lignée Goose/Guangdong) et les cas humains détectés dans un nombre croissant de pays (majoritairement en Asie et en Afrique) à partir de 2003. Avant 2017, cette surveillance événementielle s'appuyait sur :

- une définition de cas, ciblant un tableau clinique sévère d'infection respiratoire aiguë (IRA) basse et une exposition dans un pays où des virus IAHP circulaient activement, essentiellement en Asie et Afrique du Nord. En France, le sous-type H5N1 HP de la lignée Goose/Guangdong⁷⁵ n'avait fait qu'une brève incursion en 2006, avec la détection chez plusieurs oiseaux sauvages et d'un élevage de dindes infectés⁷⁶. Un sous-type H5N1 avait également été détecté lors de l'hiver 2015-16, mais ce dernier était issu d'un lignage différent et ne présentait pas de potentiel zoonotique ;
- une conduite à tenir reposant sur le signalement, par le clinicien la prenant en charge, de toute suspicion de grippe d'origine aviaire aux autorités sanitaires, pour aboutir au classement du cas (exclu, possible, confirmé). En cas de confirmation d'un cas de grippe d'origine aviaire, des investigations devaient être menées afin de caractériser les circonstances d'exposition et mettre en œuvre la recherche d'éventuelles

⁷⁵ <https://doi.org/10.1080/03079450701774835> lien vérifié le 18/06/24.

<https://doi.org/10.7589/0090-3558-44.4.811> lien vérifié le 18/06/24.

⁷⁶ <https://doi.org/10.1637/0005-2086-64.1.85> lien vérifié le 18/06/24.

personnes co-exposées et/ou contacts du cas confirmé afin de détecter tout autre cas, primaire ou secondaire, dans l'entourage du cas.

A partir de 2017, l'émergence puis la circulation intense du virus IAHP H5N8 du clade 2.3.4.4b (descendant du H5N1 de la lignée Goose/Guangdong) en Europe, y compris en France, à partir de 2016-17 ont conduit le Haut Conseil de la Santé Publique à mettre à jour en 2017⁷⁷ son avis sur les modalités de surveillance et de prise en charge de cas de grippe d'origine aviaire. En effet, ce virus présentait des caractéristiques justifiant une vigilance particulière à l'interface animal/être humain.

Par la suite, la détection du premier cas humain de grippe d'origine porcine en France en 2021 (voir section 5.5.3), a été à l'origine d'une mise à jour de cet avis fin 2021, afin d'intégrer les gripes humaines d'origine porcine à la définition de cas d'une grippe zoonotique. De fait, ce n'est que depuis début 2022 qu'une surveillance événementielle des gripes humaines d'origine porcine est en vigueur en France, fondée, comme pour les gripes d'origine aviaire, sur le signalement de cas présentant une symptomatologie d'IRA et rapportant une exposition à des porcs ou des sangliers.

À noter que cet avis du HCSP avait également pris en compte une évolution importante de l'épidémiologie des IAV à potentiel zoonotique, puisque des cas humains d'infection par le virus IAHP H5N8 du clade 2.3.4.4b, avaient été détectés pour la première fois en Russie début 2021. La définition de cas et la conduite à tenir avaient alors intégré le fait que des personnes puissent être exposées à un virus IAHP à potentiel zoonotique sur le territoire national.

Fin 2022, plusieurs organisations sanitaires internationales (OMS, ECDC, EFSA) ont publié des analyses de risques alertant sur la situation épidémiologique préoccupante liée à l'expansion du virus IAHP H5N1 du clade 2.3.4.4b au niveau mondial et au risque potentiel de survenue d'infections chez l'être humain ainsi que des recommandations sur la surveillance de ces virus à l'interface animal/être humain. Dès lors, ce virus ayant également sévi en France en 2021-2022, Santé publique France a mis en place des travaux visant à renforcer la surveillance des gripes zoonotiques en France, en étroite collaboration avec le Centre National de Référence (CNR) Virus des Infections Respiratoires, l'Anses, la Mutuelle Sociale Agricole (MSA), l'Office Français de la Biodiversité (OFB) et la mission Coreb.

Au moment de la rédaction du rapport, le principal dispositif de surveillance des gripes zoonotiques en France demeure la surveillance passive, qui repose sur le signalement aux autorités sanitaires compétentes (ARS et Santé publique France) par un professionnel de santé de toute suspicion de grippe d'origine aviaire ou porcine correspondant à la définition de cas établie par Santé publique France). Cette surveillance a été renforcée par plusieurs actions menées au cours de l'année 2023, en particulier la création et diffusion large d'un dépliant Santé publique France / Anses / MSA / OFB sur les gripes aviaire et porcine, sous l'égide des ministères de la santé et de l'agriculture. Ce dépliant est à l'attention de toute personne ayant été exposée à un animal suspecté ou confirmé d'être infecté par un virus influenza aviaire ou porcin. Il vise à sensibiliser ce public (éleveurs, techniciens agricoles, vétérinaires, chasseurs, personnes travaillant sur la faune sauvage, cliniciens, etc.) vis-à-vis du risque de survenue de cas humains associés à ces virus. Ce dépliant précise également les bons réflexes à adopter pour s'en protéger mais aussi en cas de symptômes suivant une

77

https://www.hcsp.fr/Explore.cgi/Telecharger?NomFichier=hcspa20171221_contenfaceauxperexplagriaviact.pdf
lien vérifié le 18/06/24.

exposition à des espèces animales susceptibles d'être infectées par un virus influenza aviaire ou porcin⁷⁸.

Par ailleurs, un protocole de surveillance active⁷⁹ des personnes exposées à un foyer d'IAHP dans un contexte professionnel a été élaboré par Santé publique France, toujours en collaboration étroite avec le CNR Virus des Infections Respiratoires et l'Anses, visant à proposer un dépistage par RT-PCR à toute personne ayant été exposée et ne présentant pas de symptôme (protocole SAGA). En effet, plusieurs détections du virus IAHP H5N1 du clade 2.3.4.4b ont été recensées chez des personnes asymptomatiques exposées à des foyers aviaires depuis son émergence (Angleterre, Etats-Unis, Espagne), certaines étant considérées comme du portage nasal (c'est-à-dire la détection de génome viral présent dans le nasopharynx de personnes ayant respiré des particules virales sans que ces particules n'aient réussi à établir une infection chez l'hôte, impliquant une réplication virale) et d'autres comme de possibles infections productives (impliquant donc une réplication virale). S'il n'y a pas eu, à ce jour, de transmission secondaire autour de ces personnes, ces détections justifient une surveillance active des personnes exposées, afin de pouvoir détecter le plus précocement possible toute infection pré- ou asymptomatique et, le cas échéant, de mettre en œuvre une prise en charge médicale adaptée (notamment la prescription d'un antiviral), de s'assurer de l'absence de transmission secondaire et de caractériser ces événements pour informer les analyses de risque nationales et internationales. Dans un premier temps, un dispositif pilote a été initié en septembre 2023 dans les 4 régions françaises les plus touchées par l'épizootie H5N1 depuis 2021-22 (Nouvelle-Aquitaine, Occitanie, Pays-de-la-Loire et Bretagne), pour une durée de quelques mois. A l'issue du dispositif pilote, un bilan sera réalisé avec l'ensemble des parties prenantes, afin de déterminer la pertinence et la faisabilité de la reconduction, voire de la pérennisation, d'un tel dispositif de surveillance en France, si bien sûr la situation épidémiologique continue de le justifier.

Deux autres dispositifs de surveillance renforcée des gripes zoonotiques, dont la grippe porcine, ont été initiés en 2023 par Santé publique France, en lien avec plusieurs partenaires :

- la mise en place en janvier 2023 d'une surveillance clinique et virologique des suspicions de grippe zoonotique (c'est-à-dire en cas de symptômes d'infection respiratoire aiguë et d'une exposition à risque) par le réseau Sentinelles, qui est un réseau de plusieurs centaines de médecins généralistes et de pédiatres répartis sur tout le territoire métropolitain. Au moment de la rédaction du rapport, aucun cas confirmé de grippe zoonotique n'a été détecté par ce dispositif ;
- la mise en place en juillet 2023 d'un protocole pilote de surveillance des gripes A détectées en milieu hospitalier, à partir d'un réseau de laboratoires de virologie hospitaliers en Bretagne (Ille-et-Vilaine, Côte d'Armor et Finistère). L'objectif de ce protocole était de mettre en place l'envoi systématique au CNR (Institut Pasteur de Paris) de prélèvements positifs pour une grippe A mais ne pouvant pas être sous-typés sur place, afin de s'assurer qu'il ne s'agit pas d'une grippe d'origine animale. Cette surveillance a été proposée car il s'agit d'une région caractérisée par une très forte densité d'élevages de porcs, mais également touchée par l'épizootie H5N1 HP en élevage avicole depuis 2021. Le dispositif pilote s'interrompra dès le début de

⁷⁸ [Les bons réflexes face aux gripes aviaire et porcine \(santepubliquefrance.fr\)](https://www.santepubliquefrance.fr) lien vérifié le 18/06/24.

⁷⁹ Le système de collecte d'informations est activement sollicité pour obtenir des données, sur la base du volontariat des acteurs. Ce type de surveillance peut être encadré ou pas par une réglementation. Cette surveillance apporte des données plus exhaustives et élaborées que la surveillance passive (qui correspond au recueil des données événementielles, sans recours au volontariat).

l'épidémie de grippe saisonnière 2023-24, et un bilan sera fait avec les partenaires concernés pour déterminer s'il est pertinent de reconduire, voire de pérenniser, cette surveillance dans la région Bretagne, voire de l'élargir à d'autres zones géographiques aux caractéristiques similaires. Il est à noter que ce type de surveillance visant à renforcer la surveillance virologique des gripes confirmées à l'hôpital, avec un sous-typage systématique des gripes A, quelle que soit la période de l'année, est conforme aux recommandations émises par l'ECDC dans le contexte de l'épizootie d'IAHP depuis 2021.

Il est à noter qu'en France, le sous-typage des virus grippaux demeure marginal à l'hôpital, ce qui constitue un frein considérable à une surveillance virologique performante des formes graves sévères des gripes d'origine animale. Ainsi, au cours des saisons hivernales 2017-18 à 2022-23 (soit cinq saisons au total, la saison 2020-21 étant exclue en raison de l'absence de survenue d'une épidémie de grippe en France cette année-là), seuls 21% en moyenne des virus de type A étaient sous-typés dans les données issues du réseau de laboratoires hospitaliers Renal coordonné par le CNR Virus des infections respiratoires. Ce non-recours au sous-typage du virus grippal dans une majorité des cas est probablement favorisé par le fait que les trousseaux commerciaux permettant le sous-typage du virus grippal ne sont pas inscrites à la nomenclature des actes de biologie médicale (LABM).

Par ailleurs, le remboursement des tests RT-PCR ciblant les virus grippaux est limité aux périodes épidémiques grippales et aux personnes à risque de complications liées à la grippe pour les patients ne souffrant pas de forme grave nécessitant une hospitalisation. De fait, la recherche de grippe est vraisemblablement limitée en médecine ambulatoire, *a fortiori* hors période hivernale.

Parallèlement aux dispositifs de surveillance cités ici, qui sont effectifs à la date de parution de ce rapport, des travaux de réflexion sur le renforcement de la surveillance des gripes zoonotiques à l'interface animal/être humain sont poursuivis par Santé publique France, l'Anses, le CNR Virus des Infections Respiratoires, la MSA et l'OFB.

De multiples freins à la surveillance des gripes zoonotiques existent en France. En outre, la surveillance des gripes zoonotiques repose quasi-exclusivement sur la notification aux autorités sanitaires de suspicions de grippe d'origine aviaire ou porcine par les cliniciens les prenant en charge. Or pour que ce dispositif soit en capacité de fonctionner de façon sensible et réactive, il est nécessaire que toute personne ayant été exposée à des animaux susceptibles d'être infectés par un IAV aviaire ou porcin et présentant des symptômes, même bénins, consulte un médecin sans tarder et que celui-ci soit bien informé de l'influenza aviaire et porcin ainsi que de la conduite à tenir en cas de suspicion, et en particulier pense à prescrire un test RT-PCR grippe avec sous-typage, y compris en médecine ambulatoire. Il est fort probable que cette situation ne se produit que dans une minorité de cas en raison de facteurs multiples et complexes, parmi lesquels figurent la situation actuelle en terme d'offre de soins de première ligne dans certaines zones du territoire national, en particulier en milieu rural, ainsi que les pratiques de remboursement des tests grippe en ville d'une part, et de sous-typage du virus grippal en ville et à l'hôpital d'autre part. De multiples freins à cette surveillance subsistent donc encore à l'heure actuelle et il est probable que des cas sporadiques de grippe zoonotique se produisent en France sans qu'ils ne soient détectés.

6.2.2 Surveillance en Europe

Une collaboration existe entre les pays européens afin de constituer un réseau de surveillance de la grippe depuis la fin des années 1990, période au cours de laquelle la plupart d'entre eux disposaient d'une telle surveillance à l'échelle nationale (certains, comme le Royaume-Uni ou les Pays-Bas ayant mis en place les premières modalités de surveillance de la grippe dès les années 1970). C'est toutefois depuis 2008 qu'un réseau européen s'est structuré autour d'objectifs communs, coordonné conjointement par l'ECDC (*European Center for Disease Prevention and Control*) et la branche EURO de l'OMS, sous l'égide de la Commission Européenne, réunissant un total de 53 pays⁸⁰. Malgré des différences pouvant être substantielles dans le type de dispositifs de surveillance et de populations ciblées d'un pays à l'autre, ce réseau permet de collecter des informations épidémiologiques et virologiques sur les virus grippaux et d'autres virus à tropisme respiratoire (principalement le virus respiratoire syncytial (VRS), puis depuis 2020, le SARS-CoV-2) de façon structurée, systématique et continue au cours de la saison hivernale (entre octobre et mai). Les États membres partagent de façon hebdomadaire leurs données de surveillance *via* une plateforme sécurisée hébergée par l'ECDC depuis 2014, TESSy. Un bulletin épidémiologique hebdomadaire de la grippe, en anglais et en russe, a été produit au cours de la saison hivernale et mis en ligne sur le site de l'ECDC jusqu'à la saison 2022-23 (FluNews Europe). Depuis la saison 2023-24, un bulletin conjoint ECDC/EURO intègre désormais de façon plus systématique l'ensemble des viroses respiratoires saisonnières, notamment la bronchiolite et le COVID-19 (ERVISS)⁸¹. Les données européennes recueillies dans TESSy sont reversées dans les bases de données de surveillance clinique et virologique internationale de l'OMS, FluNet et FluID, et restituées dans les bulletins de surveillance de la grippe bi-mensuels⁸².

A l'instar de la France, la plupart des pays européens ont initialement basé leur surveillance de la grippe sur des réseaux de médecins de ville et d'hôpitaux sentinelles, collectant des données cliniques et virologiques permettant le suivi spatio-temporel des épidémies grippales et d'en évaluer le fardeau. D'autres dispositifs de surveillance complémentaires ont été développés à partir des années 2000 dans certains pays (surveillance syndromique aux urgences, surveillance des cas graves de grippe admis en réanimation, etc.). En ce qui concerne les gripes d'origine zoonotique, le dispositif d'échange d'informations sur les menaces transfrontalières au sein de l'Union Européenne mis en place par l'ECDC, EWRS (*Early Warning Response System*), permet aux pays de notifier de façon confidentielle tout cas détecté et d'informer sans délai les autres états-membres ainsi que l'ECDC et l'OMS des caractéristiques de ces cas⁸³.

La surveillance de la grippe chez l'être humain existe depuis plusieurs décennies et s'appuie sur de multiples dispositifs et réseaux de partenaires et Santé publique France est en charge de sa coordination.

⁸⁰ <https://doi.org/10.2807/es.e.20.04.21020-en> lien vérifié le 18/06/24.

[https://doi.org/10.1016/S0264-410X\(03\)00066-5](https://doi.org/10.1016/S0264-410X(03)00066-5) lien vérifié le 18/06/24.

⁸¹ <https://www.ecdc.europa.eu/en/seasonal-influenza/surveillance-and-disease-data/facts>

<https://erviss.org/> liens vérifiés le 18/06/24.

⁸² <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/surveillance-and-monitoring/influenza-updates> lien vérifié le 18/06/24.

⁸³ <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/early-warning-and-response-system-european-union-ewrs> lien vérifié le 18/06/24.

La détection du premier cas humain de grippe d'origine porcine en France en 2021 a entraîné l'intégration des gripes humaines d'origine porcine à la définition de cas d'une grippe zoonotique, jusqu'alors plutôt centrée sur de potentiels cas de grippe d'origine aviaire.

Au moment de la rédaction du rapport, le principal dispositif de surveillance des gripes zoonotiques en France demeure la surveillance passive, qui repose sur le signalement aux autorités sanitaires compétentes par un professionnel de santé de toute suspicion de grippe d'origine aviaire ou porcine correspondant à la définition de cas établie par Santé publique France. De multiples freins à cette surveillance subsistent encore à l'heure et il est probable que des cas sporadiques de grippe zoonotique se produisent en France sans qu'ils ne soient détectés.

Une collaboration existe entre les pays européens afin de constituer un réseau de surveillance de la grippe depuis la fin des années 1990, et depuis 2008 un réseau européen s'est structuré réunissant 53 pays. Ce réseau permet de collecter des informations épidémiologiques et virologiques sur les virus grippaux et d'autres virus à tropisme respiratoire en circulation.

Des éléments sur la surveillance sur le continent américain sont disponibles en Annexe 9.

7 Introduction d'un virus influenza de type A dans un élevage porcin

Pour répondre à la première question de la saisine : « évaluer le risque d'introduction des virus influenza dans la population porcine, ainsi que les risques associés à cette introduction à l'échelle d'un troupeau, dans un contexte d'observance des règles de biosécurité prévues par la réglementation », les experts ont travaillé en suivant plusieurs étapes :

- dans un premier temps, les experts ont listé sur un schéma évènementiel (Figure 13) les sources d'introduction d'un virus influenza de type A (IAV) dans une exploitation porcine en prenant en compte la situation épidémiologique sur une année⁸⁴. Une élicitation des connaissances auprès de personnalités compétentes extérieures ou non au GT a ensuite été menée pour hiérarchiser l'importance de ces sources d'introduction ;

- dans un deuxième temps, les experts ont listé les mesures de biosécurité mobilisables en élevage pour prévenir ou limiter l'introduction d'un IAV en fonction des sources identifiées lors de la première étape. En parallèle, ils ont développé un outil d'évaluation de ces mesures de biosécurité sous le format d'un fichier Excel® permettant à l'éleveur de connaître son niveau de biosécurité actuel par rapport aux principales voies d'introduction des IAV, ceci pour envisager les mesures complémentaires qu'il serait possible de mettre en place afin d'augmenter le niveau de biosécurité de l'exploitation ;

- dans un troisième temps, un travail de modélisation a été réalisé afin d'évaluer quantitativement le risque d'introduction d'un IAV dans un élevage par les deux principales sources considérées par le GT (animaux vivants et êtres humains). Les mesures de maîtrise identifiées à l'étape précédente ont été intégrées dans les modèles de façon à évaluer quantitativement la réduction du risque qui en découle.

Ces étapes sont développées et explicitées dans les différentes parties ci-dessous.

7.1 Sources d'introduction de virus influenza A dans une exploitation porcine

D'une manière générale, l'introduction d'un agent pathogène dans un troupeau porcin peut se faire en empruntant différentes voies de transmission, directes ou indirectes, à partir d'une source de contamination (voir sections 4.1 et 4.3.2). Parmi celles-ci et plus spécifiquement pour les IAV, les voies de transmission aéroportée et orale, ainsi que le contact avec un animal ou un être humain infecté ou avec un environnement contaminé par un animal infecté sont à prendre en compte.

Les experts ont identifié les sources d'introduction des IAV dans une exploitation porcine en considérant la situation moyenne sur une année (Figure 13).

⁸⁴ La probabilité d'introduction d'IAV par des porcs vivants est quasiment la même pendant toute l'année. Par exemple, les introductions de porcs sont régulières et le virus circule toute l'année, ce qui n'est pas le cas pour la probabilité d'introduction par les êtres humains qui est beaucoup plus importante pendant les mois hivernaux (risque saisonnier). Pour faciliter l'exercice, les experts ont décidé de considérer un risque moyen sur l'année pour toutes les sources d'introduction.

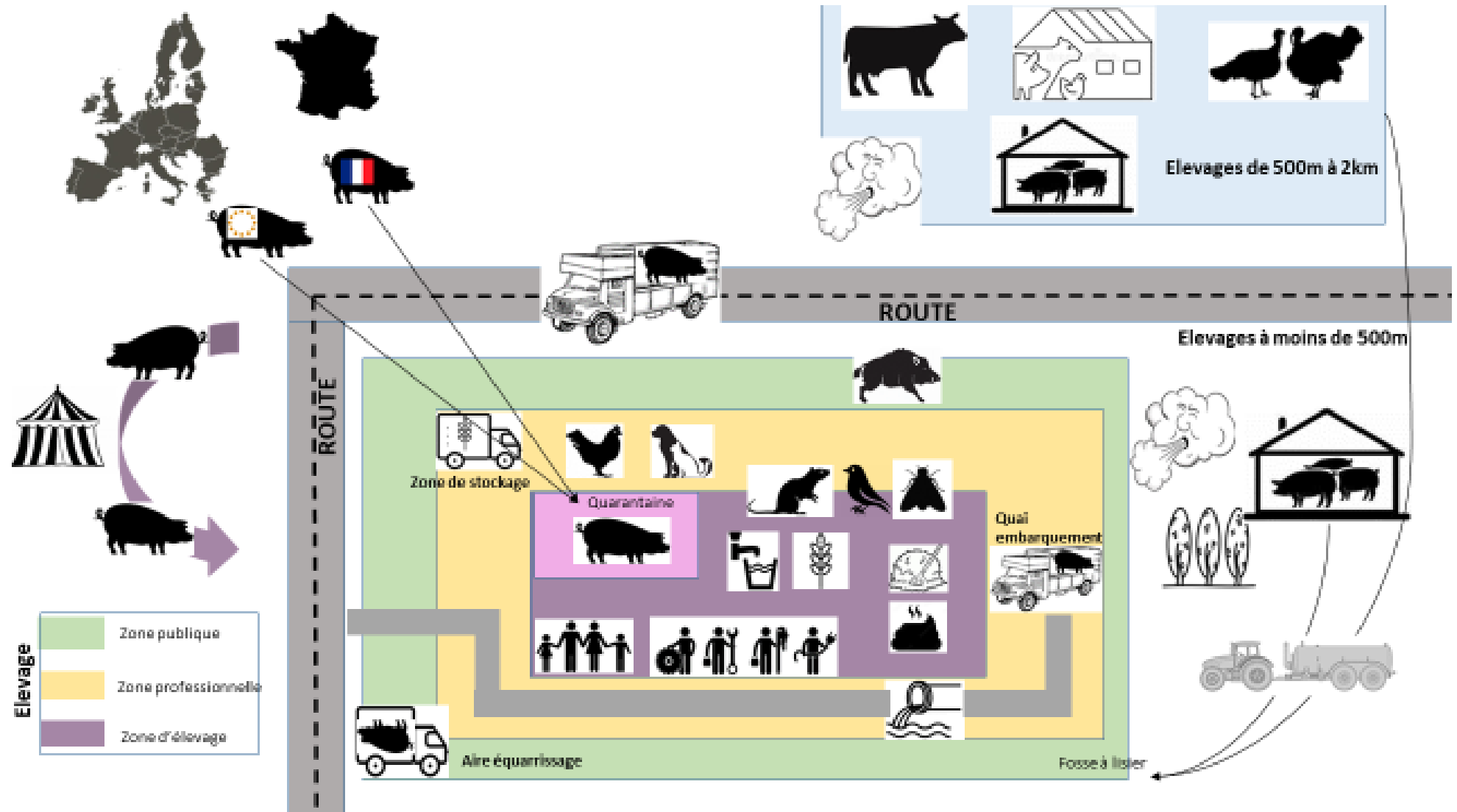


Figure 13 Schéma évènementiel des sources d'introduction d'IAV dans un élevage porcin

Au total, 40 sources possibles d'introduction d'IAV dans une exploitation porcine ont été identifiées (Tableau 5). Ces différentes sources ne revêtent pas la même importance⁸⁵ en termes de risque d'introduction du virus dans une exploitation. C'est pourquoi une élicitation a été menée auprès de 32 experts en suivant la méthodologie présentée à l'Annexe 5. Afin de hiérarchiser les principales sources d'introduction, il a été demandé à chaque expert de distribuer 400 points entre ces 40 sources (Petit *et al.* 2020) : plus de points pour les sources les plus probables et moins de points pour les moins probables. Si un expert estimait que certaines sources avaient la même importance, il attribuait un nombre identique de points à chacune. En même temps, il a été demandé à chaque expert et pour chaque source d'introduction, de donner un indice d'incertitude sur une échelle de 6 niveaux allant de 0 (incertitude minimale) à 5 (incertitude maximale) (Annexe 10). Finalement, à l'aide d'un arbre de régression (Annexe 11), les sources d'introduction ont été classées par ordre décroissant de la moyenne des points obtenue par source et ensuite regroupées en quatre ensembles de sources distincts⁸⁶ (sources de très haute priorité et sources de priorité élevée, moyenne et faible) (Figure 14).

Tableau 5 : Liste des sources d'introduction possibles d'un virus influenza de type A dans une exploitation porcine

Code	Source d'introduction
S01	Aliments pour porcs
S02	Eaux d'abreuvement (réseau, puits, forage)
S03	Cochettes qui sont introduites dans l'élevage porcin
S04	Porcelets de 8kg qui sont introduits dans l'élevage porcin
S05	Porcelets de 25kg qui sont introduits dans l'élevage porcin
S06	Animaux domestiques susceptibles de rentrer dans la zone professionnelle ⁸⁷ (ZP) – chat
S07	Animaux domestiques susceptibles de rentrer dans la ZP - cheval
S08	Animaux domestiques susceptibles de rentrer dans la ZP - chien
S09	Autres animaux domestiques susceptibles de rentrer dans la ZP (ex furet, hamster, etc.)
S10	Volailles susceptibles de rentrer dans la ZP
S11	Bovins et petits ruminants susceptibles de rentrer dans la ZP
S12	Faune péri-domestique (rongeurs) et insectes susceptibles de rentrer dans la ZP
S13	Faune sauvage - sangliers susceptibles de rentrer dans la ZP
S14	Faune sauvage - mammifères autres que sangliers susceptibles de rentrer dans la ZP
S15	Faune sauvage - oiseaux susceptibles de rentrer dans la ZP
S16	Retour d'animaux de l'élevage ayant participé à un concours/rassemblement
S17	Lisier (résiduel sous les caillebotis, pas nécessairement vidé entre chaque bande notamment pour les stades gestation et engraissement)
S18 ⁸⁸	Air (proximité avec des élevages de porcs voisins très proches - 0 et 500 m)
S19	Air (proximité avec des élevages de porcs voisins plus éloignés - entre 500 m et 2 km)
S20	Camions chargés de porcs vivants passant à proximité de l'élevage - 0 à 500 m

⁸⁵ Est entendu par importance la quantité de virus transmise par cette source par an, incluant la fréquence des contacts et la quantité de virus transmise par contact.

⁸⁶ Le regroupement des sources est un classement mathématique, il repose sur les valeurs médianes des scores obtenus par source.

⁸⁷ Les zones de l'élevage sont définies dans le document suivant : [Documentation - IFIP](#) lien vérifié le 04/06/24.

⁸⁸ Pour S18 et S19, seule la transmission aéroportée est à prendre en compte.

Code	Source d'introduction
S21	Proximité avec autres espèces de production de bovins et petits ruminants (NB : influenza D non pris en compte dans la saisine) (élevages mixtes ou présents dans un rayon de 500 m au-delà de la ZP)
S22	Proximité avec autres espèces de production de volailles (canards) (élevages mixtes ou présents dans un rayon de 500 m au-delà de la ZP)
S23	Proximité avec autres espèces de production de volailles (dindes, cailles) (élevages mixtes ou présents dans un rayon de 500 m au-delà de la ZP)
S24	Proximité avec autres espèces de production de volailles (<i>Gallus gallus</i>) (élevages mixtes ou présents dans un rayon de 500 m au-delà de la ZP)
S25	Eaux de ruissellement
S26	Litière/ paille
S27	Matériel partagé entre ateliers au sein d'un élevage mixte (ex : chariot élévateur)
S28	Matériel partagé entre différents élevages de porcs (tonne à lisier)
S29	Artisans intervenant dans la zone d'élevage (ZE) (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
S30	Commerciaux intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
S31	Dératiseurs intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
S32	Éleveurs et salariés de l'élevage
S33	Famille des éleveurs et des salariés de l'élevage (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
S34	Société de lavage intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases vides)
S35	Techniciens intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
S36	Vétérinaires intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
S37	Enfants et accompagnants lors de visites pédagogiques intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
S38	Camions d'équarrissage qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage
S39	Camions de transport d'aliment qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage
S40	Camions transportant des animaux vivants qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage (les animaux ne sortent pas du camion)

ZP : zone professionnelle

ZE : zone d'élevage

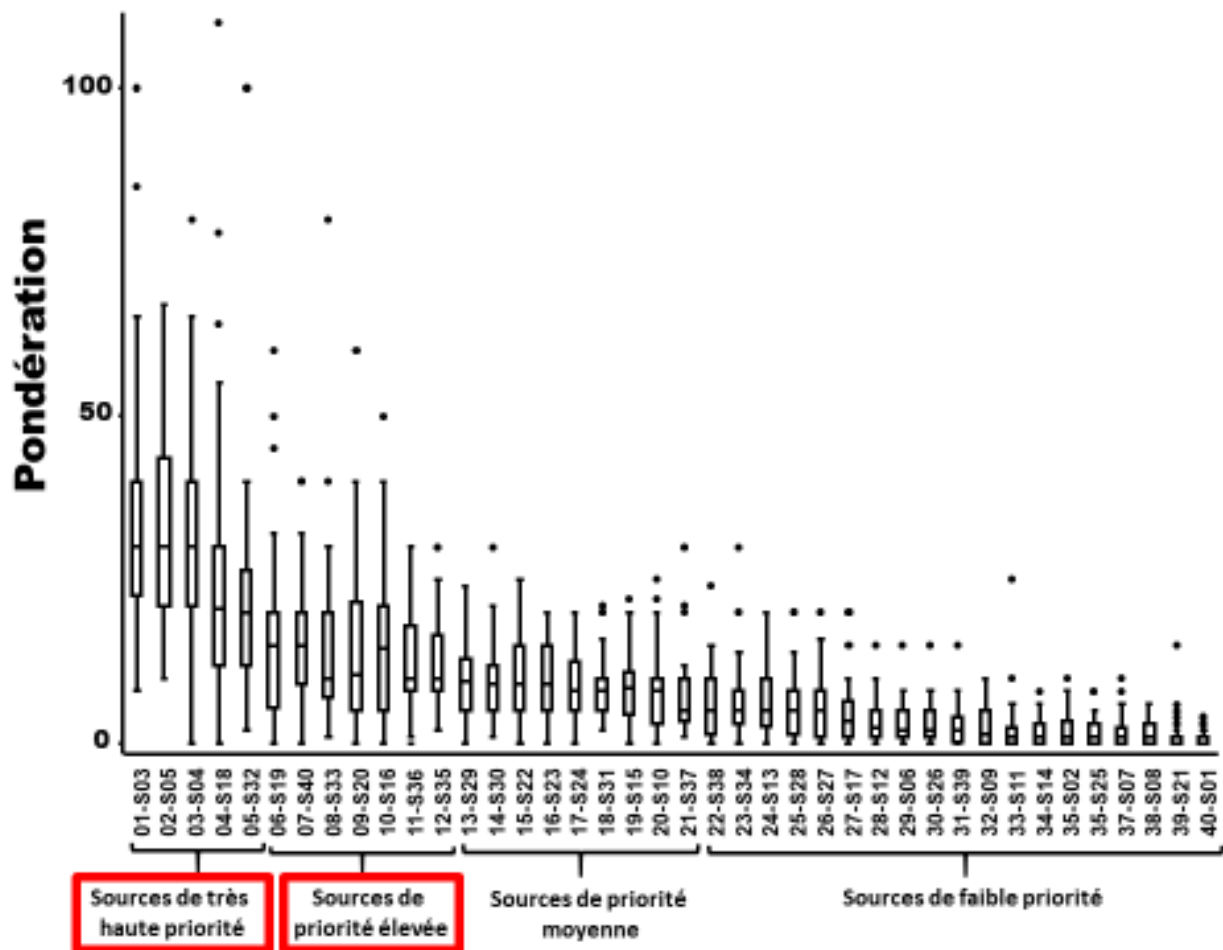


Figure 14 : Importance relative des différentes sources d'introduction d'un IAV dans un élevage porcin, classées par ordre décroissant (moyenne des estimations des experts)

Légende : S01 à S40, pour les sources se référer au tableau 5 de codification de chaque source d'introduction d'IAV.

Les cinq sources d'introduction d'IAV classées de très haute priorité dans une exploitation porcine sont les suivantes (Tableau 6) : les cochettes (S03), les porcelets de 25 kg (S05), les porcelets de 8 kg (S04), l'air (proximité avec des élevages de porcs voisins très proches - 0 et 500 m) (S18), et les éleveurs et salariés de l'élevage (S32).

Les sept sources d'introduction d'IAV classées de priorité élevée dans une exploitation porcine sont les suivantes (Tableau 6) : l'air (proximité avec des élevages de porcs voisins plus éloignés - 500 m et 2km) (S19), camions transportant des animaux vivants qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage (S40), famille des éleveurs et des salariés de l'élevage (S33), camions chargés de porcs vivants passant à proximité de l'élevage -0 à 500 m- (S20), retour d'animaux de l'élevage ayant participé à un concours/rassemblement (S16), vétérinaires intervenant dans la zone d'élevage (S36), techniciens intervenant dans la zone d'élevage (S35).

Tableau 6 : Sélection et hiérarchisation des douze sources de très haute et haute priorité d'introduction d'IAV dans un élevage porcin en France

Code	Source d'introduction	Rang	Moyenne	Ecart type	Indice médian d'incertitude*
S03	Cochettes qui sont introduites dans l'élevage porcin	1	34,72	9,52	1
S05	Porcelets de 25 kg qui sont introduits dans l'élevage porcin	2	32,72	9,42	1
S04	Porcelets de 8 kg qui sont introduits dans l'élevage porcin	3	31,31	9,34	1
S18	Air (proximité avec des élevages de porcs voisins très proches (0 et 500 m)	4	26,66	9,11	1,5
S32	Eleveurs et salariés de l'élevage	5	21,69	8,92	1
S19	Air (proximité avec des élevages de porcs voisins plus éloignés (entre 500 m et 2 km)	6	16,84	8,79	2
S40	Camions transportant des animaux vivants qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage (les animaux ne sortent pas du camion)	7	16,53	8,79	2
S33	Famille des éleveurs et des salariés de l'élevage (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)	8	15,44	8,77	1,5
S20	Camions chargés de porcs vivants passant à proximité de l'élevage (0 à 500 m)	9	15,31	8,77	2
S16	Retour d'animaux de l'élevage ayant participé à un concours/rassemblement	10	14,50	8,76	2
S36	Vétérinaires intervenant dans la zone d'élevage (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)	11	12,78	8,74	1
S35	Techniciens intervenant dans la zone d'élevage (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)	12	12,72	8,74	2

*sur une échelle comprise entre 0 (incertitude minimale) et 5 (incertitude maximale)

Le niveau médian d'incertitude attribué par les experts en regard de chaque source d'introduction d'IAV est de 2 sur une échelle allant de 0 à 5 pour 22 des 40 sources. Pour sept sources, ce niveau est inférieur à 2 et pour les 11 sources restantes, il est compris entre 2 et 3 (Figure 15 :). L'incertitude est la plus faible pour les sources de très haute priorité (c'est-à-dire une valeur médiane d'incertitude de 1 à l'exclusion de la source S18 avec une valeur médiane d'incertitude de 1,5).

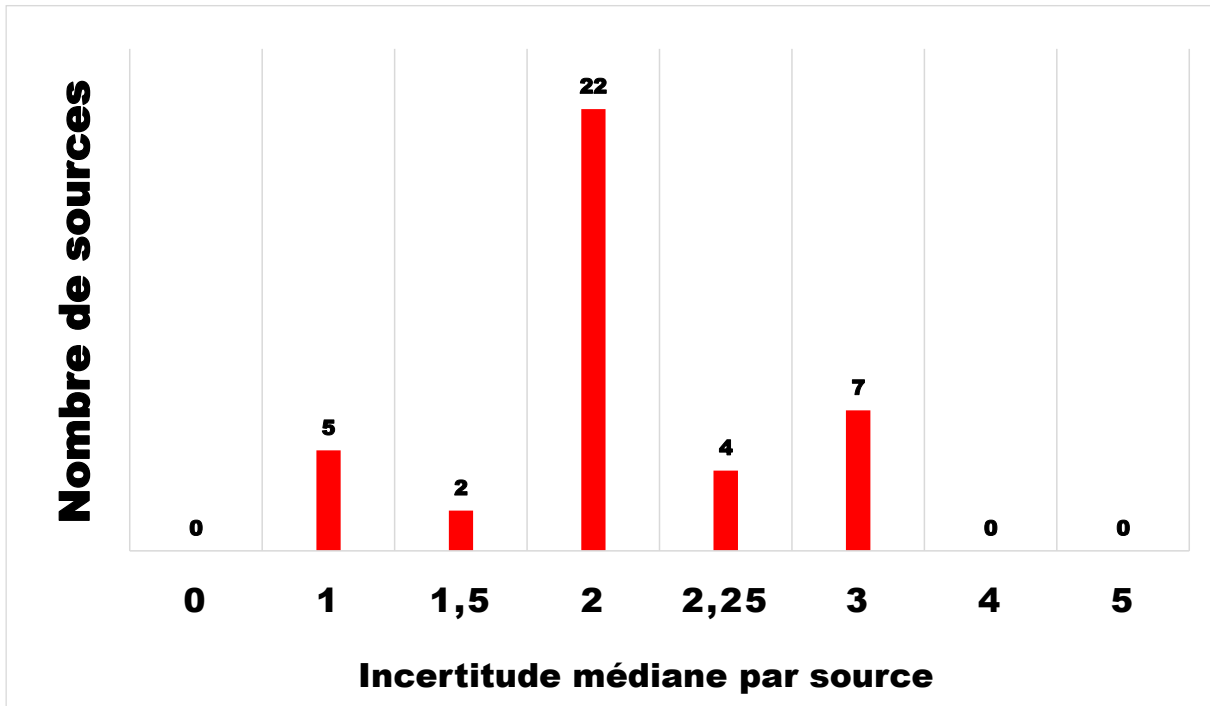


Figure 15 : Distribution du niveau médian d'incertitude attribué par les experts pour les 40 sources d'introduction d'IAV dans une exploitation porcine.

7.2 Les mesures de biosécurité externe mobilisables pour prévenir ou limiter l'introduction d'un IAV

Les experts ont fait le choix de se focaliser sur les sources d'introduction de très haute et haute priorité. Ils ont ainsi listé les mesures de biosécurité mobilisables pour limiter l'introduction d'un IAV au regard de douze premières sources d'introduction d'IAV (Tableau 6), sachant que les mesures en regard de la source S40 (camions transportant des animaux vivants qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage) sont également utiles vis-à-vis de la source S20 (camions chargés de porcs vivants passant à proximité de l'élevage). Il a également été tenu compte de conditions opérationnelles et notamment du fait qu'un audit portant sur ces sources ne devait pas dépasser environ une heure.

Pour ce faire, ils ont pris en compte les mesures de biosécurité listées dans la base de données de l'audit de biosécurité Pig Connect Biosécurité (voir section 3.3).

Ainsi,

- pour limiter la probabilité d'introduction de swIAV par les porcs vivants, différentes mesures sont mobilisables : mise en place d'une quarantaine fonctionnelle, prise en compte du statut

sérologique de l'élevage d'origine, prise en compte du statut virologique du lot d'animaux introduits, biosécurité liée au transport et à la livraison (nettoyage et désinfection, EPI pour le chauffeur, une seule origine dans le camion),

- pour limiter la probabilité d'introduction d'IAV par les êtres humains, d'autres mesures sont envisageables : présence d'un sas sanitaire, port d'EPI et de masques, vaccination contre la grippe saisonnière, non entrée dans l'élevage en cas de syndrome grippal, en cas de foyer prise d'une douche entre deux élevages (pour les élevages qui en sont équipés),

- pour limiter la probabilité d'introduction d'IAV par l'air environnant, la présence d'un système de filtration de l'air, l'orientation des entrées d'air par rapport aux extractions des élevages voisins et la présence de barrières physiques autour de l'élevage sont des mesures à prendre en compte,

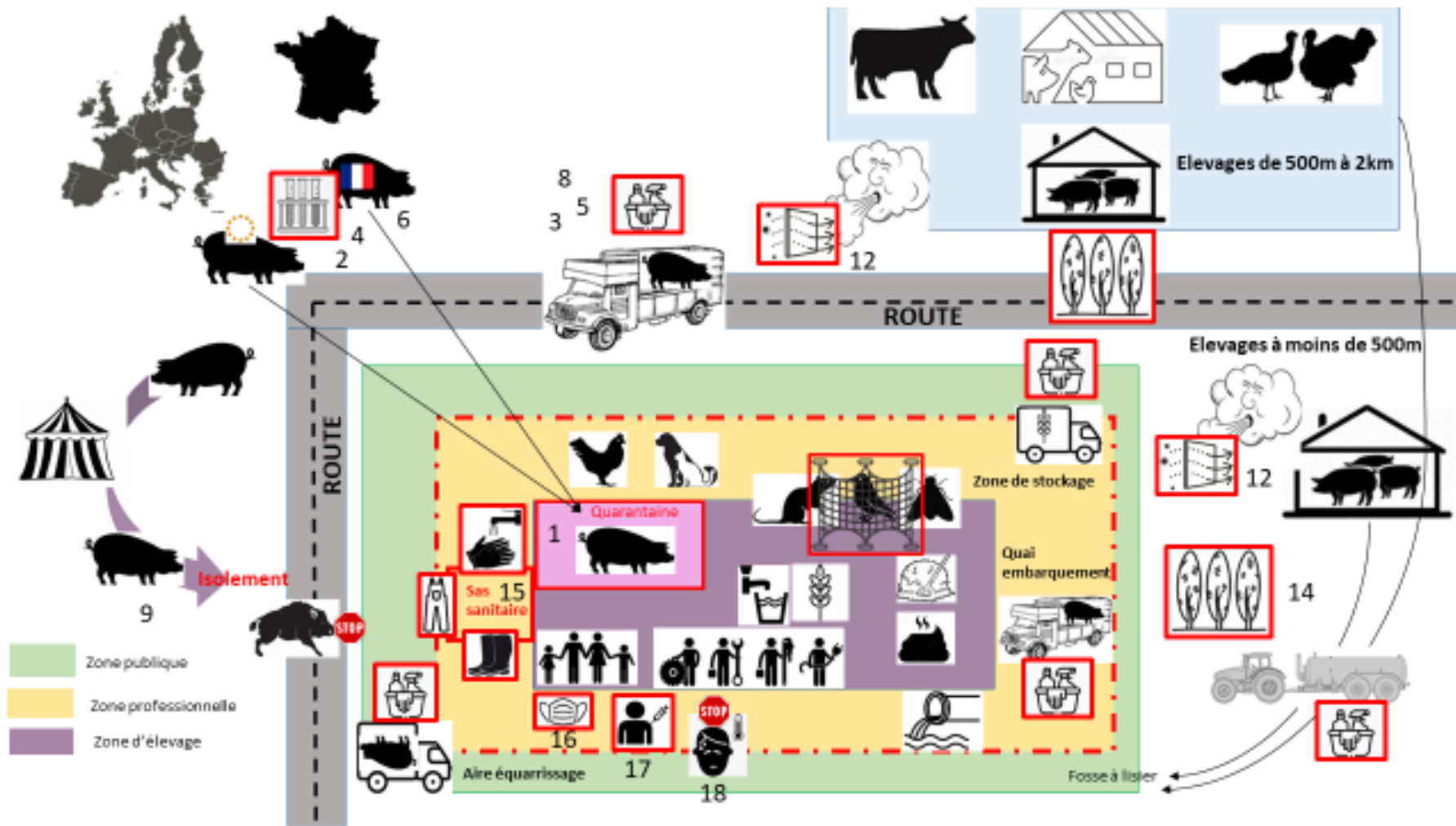
- pour limiter la probabilité d'introduction par les camions transportant des porcs vivants, la présence d'un système de filtration (voir section 2.3.1), l'absence de communication entre l'aire de stockage et la zone d'élevage lors de l'embarquement, la position des entrées d'air (non positionnées à proximité du quai d'embarquement ou de la zone de stationnement) sont des mesures à mettre en œuvre,

- enfin, pour limiter le risque d'introduction de swIAV suite au retour dans l'élevage d'animaux ayant participé à un concours/rassemblement, il est préconisé d'isoler dans un local autre que la quarantaine mentionnée ci-dessus⁸⁹ l'animal 15 jours (sans croisement avec d'autres lots d'animaux pendant la quarantaine) et de le tester avant réintroduction dans le troupeau.

Il est à noter qu'une mesure de biosécurité peut être mise en œuvre pour limiter/éviter l'introduction d'une ou plusieurs sources. La liste complète des mesures de biosécurité mobilisables est reprise en Annexe 12.

Les mesures de biosécurité ont été représentées sur le schéma évènementiel réalisé précédemment (les numéros indiqués sur le schéma font référence aux questions posées dans l'audit Pig Connect, voir Annexe 12) (Figure 16)

⁸⁹ L'objectif étant d'isoler ces animaux des reproducteurs qui sont présents dans la quarantaine et des autres animaux de l'élevage.





Numéros: mesures de biosécurité correspondant à celles listées dans l'audit Pig Connect

Figure 16 : Mesures de biosécurité mobilisables pour limiter/éviter l'introduction d'IAV en élevage porcin (source audit Pig Connect)

Les experts ont ensuite développé un outil d'évaluation de ces mesures de biosécurité sous le format d'un fichier Excel® qui permet de générer en temps réel des diagrammes permettant à l'éleveur de connaître son niveau de biosécurité (protection) actuel par rapport aux principales voies d'introduction des IAV (Annexe 13). Tenant compte de l'efficacité (estimée par les experts du GT) de toutes les mesures de biosécurité et de la faisabilité (estimée par chaque éleveur en utilisant une échelle à cinq niveaux : pas du tout faisable, faisabilité très faible, faible, modérée ou élevée) des différentes mesures qui ne sont pas déjà mises en place dans le contexte de l'exploitation concernée, l'outil propose une liste de mesures complémentaires qu'il serait possible de mettre en place afin d'augmenter le niveau de biosécurité (protection) de l'exploitation. Cette liste permet à l'éleveur de discuter avec son vétérinaire et *in fine*, d'identifier des mesures qu'il pourrait mettre en place dans son exploitation. Les résultats (diagrammes) d'une simulation de l'effet de l'adoption de ces nouvelles mesures sont également produits en temps réel. Ceci pourrait contribuer à motiver l'éleveur à réellement mettre en place ces mesures additionnelles.

Cet outil a été testé dans sept exploitations porcines par des vétérinaires volontaires en vue d'en vérifier l'opérationnalité (quatre exploitations françaises et trois exploitations belges). Un retour très positif des binômes éleveurs/vétérinaires a été constaté et la durée d'un audit a été estimée à environ une heure.

Les experts recommandent :

- de valider l'outil de biosécurité produit par les experts en le testant dans des exploitations où circule un/des IAV et d'autres où les IAV ne circulent pas,
- d'exploiter les résultats des audits de biosécurité conduits avec l'outil pour une nouvelle campagne de sensibilisation des éleveurs à la biosécurité,
- si l'outil est validé, de développer une application pour tablette ou smartphone au départ du fichier Excel permettant d'évaluer le niveau de biosécurité (protection) d'une exploitation porcine.

7.3 Modèles développés pour évaluer la probabilité d'introduction d'un IAV dans un élevage porcin

Dans cette partie, la probabilité d'introduction d'un IAV dans un élevage porcin est étudiée en fonction des sources de très haute et haute priorité : les porcs vivants (S03, S05, S04, S06), les êtres humains (S32, S33, S35, S36), l'air à proximité d'un élevage porcin (S18 et S19), les camions transportant des animaux vivants (S20 et S40).

L'appréciation de ces probabilités a été réalisée selon une approche quantitative pour les modalités d'introduction suivantes : les porcs vivants (S03, S04 et S05) et les êtres humains (S32, S33, S35, S36). Dans les autres cas, l'approche a été narrative en raison du manque de données disponibles au moment où ce travail d'expertise est réalisé.

La notion d'introduction réussie sous-entend dans le cadre du rapport qu'il y ait eu au moins un cycle contagieux dans l'élevage sur un stade physiologique donné. Donc le couple virus/hôte est à prendre en compte dès l'introduction et la probabilité pourrait varier en fonction du virus introduit, ainsi que de la réceptivité de la population (du fait de l'immunité préexistante notamment).

7.3.1 Introduction d'un virus influenza A dans un élevage porcin par le biais de porcs vivants infectés

Les introductions de porcs vivants en élevages porcins sont régulières, et ce sont essentiellement les cochettes qui sont introduites chez les naisseurs et les naisseurs engraisseurs, leur nombre étant fonction de la taille et de la conduite en bande de l'élevage.

Les experts considèrent également l'introduction de porcelets, en particulier chez les post-sevrageurs ou les engraisseurs. Deux sous-scénarios alternatifs sont envisagés pour les porcelets : dans 20 % des cas, arrivée des animaux à 8 kg (porcs sevrés) et dans 80 % des cas, arrivée des animaux à 25 kg (poids moyen de départ à 10 semaines d'âge). Les données des mouvements sont disponibles dans BDPORC et ont été mises à disposition des experts. L'élevage de destination est soit un site de post-sevrage-engraissement (PSE) soit un site d'engraissement (E). Dans les deux cas, l'élevage destinataire peut recevoir des animaux provenant de plusieurs élevages différents.

Les proportions relatives des divers swIAV détectés en France varient d'une région à l'autre et certains génotypes n'ont été détectés, au moment de la rédaction du rapport, que dans certaines d'entre elles (voir section 4.2.2). De ce fait, l'immunité de population n'est pas forcément exactement la même en fonction des régions. Les experts ont donc envisagé des scénarios tenant compte de l'introduction de porcs venant de la même région ou d'une région différente pour tenir compte à la fois de la possibilité d'introduction ou de ré-introduction d'un génotype absent dans la région réceptrice. La notion de région correspond ici à la France hexagonale (sans la Corse) découpée en quatre quartiers géographiques sur la base des régions administratives actuelles : nord-est (NE), nord-ouest (NO), sud-est (SE), sud-ouest (SO), comme pratiqué à l'occasion d'enquêtes sérologiques menées au niveau national par le LNR Influenza Porcin (voir la carte en Annexe 14).

7.3.1.1 Probabilité d'introduction d'un swIAV dans un élevage porcin par le biais de cochettes infectées

Pour évaluer la probabilité d'introduction d'un swIAV dans un élevage porcin par le biais de cochettes infectées, les experts ont pris en compte les éléments suivants dans un premier scénario :

- le lieu d'introduction : **Bretagne** (circulation virale importante et le plus gros de la production porcine en France),
- le type d'élevage le plus fréquent en Bretagne : **élevage naisseur engraisseur (NE) en bâtiment fermé de 200 truies où travaillent deux personnes** (deux époux travaillant sur le même site, partage des tâches variable en fonction des périodes),
- **en Bretagne, l'introduction la plus fréquente d'animaux en élevage est l'introduction de cochettes provenant du quart NO,**
- la temporalité : tous les swIAV semblent avoir un potentiel de transmission élevé, mais l'immunité préexistante (maternelle, post-infectieuse et/ou post-vaccinale) peut influencer sur la sensibilité des animaux. En 2021, 35 % des troupeaux de reproducteurs étaient vaccinés en France (aux alentours de 50 % en Bretagne (50 +/- 5 %) surtout les élevages naisseurs

engraisseurs, dans le reste de la France en dehors de la Bretagne le mode est estimé à 25 %, (max 35 %, min 20 %) (voir section 4.3.5.1). Les **cochettes introduites ne sont pas vaccinées, elles le seront en arrivant en quarantaine dans l'élevage receveur, le reste du troupeau de truies étant vacciné régulièrement** (élément du scénario présentant la probabilité la plus élevée en Bretagne).

Scénario de base : introduction de cochettes non vaccinées en provenance principalement du quart NO de la France, dans un élevage naisseur engraisseur breton en bâtiment fermé contenant environ 200 truies vaccinées avec le vaccin trivalent disponible sur le marché

Pour estimer la probabilité d'introduction d'un IAV en élevage porcin par le biais de cochettes selon le scénario décrit dans l'encadré supra, les probabilités (Tableau 7) et les paramètres (Tableau 8) suivants ont été pris en compte.

Les experts ont regroupé les probabilités P3 (probabilité qu'une cochette de l'élevage de provenance soit infectée et non détectée) et P4 (Probabilité qu'une cochette infectée soit contagieuse) car :

- en raisonnant en fonction de l'âge des animaux, les données disponibles portent sur les animaux détectés positifs donc sur des animaux potentiellement infectieux,
- la phase d'incubation de la grippe chez le porc est très courte (1/2 journée à 1 journée),
- la fenêtre d'excrétion d'un porc est courte (7 à 9 jours), en condition expérimentale le pic d'excrétion est aux alentours de 3-4 jours mais les animaux peuvent être excréteurs dès le premier jour.

Le regroupement P3-4 correspond donc à la probabilité qu'une cochette de l'élevage de provenance (élevage infecté) soit infectée et contagieuse et ne soit pas détectée par le dispositif de surveillance (sinon la cochette ne serait pas vendue).

Les tableaux 7 à 11 correspondent au scénario où les cochettes introduites dans l'élevage proviennent du NO (situation la plus fréquemment rencontrée).

Tableau 7 : Probabilités prises en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de cochettes infectées en provenance du NO

P1	Probabilité que les cochettes introduites proviennent du quart NO (cochettes venant d'un élevage de multiplication)
P2	Probabilité que les cochettes introduites proviennent d'un élevage de multiplication infecté par un/des swIAV
P3_4	Probabilité qu'une cochette de l'élevage (infecté) de provenance soit infectée (P3) et contagieuse et soit non détectée (P4) par le dispositif de surveillance
P5	Probabilité qu'une cochette infectée et contagieuse transmette un swIAV à des porcs de l'élevage receveur

Tableau 8 : Paramètres initiaux pris en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de cochettes infectées en provenance du NO

NAE	Nombre de cochettes introduites dans un élevage par an
NTE	Nombre de lots de cochettes introduits dans l'élevage par an
NAE/NTE	Nombre de cochettes introduites par lot dans l'élevage (NAE/NTE)

Le nombre d'animaux introduits (NAE) et le nombre de lots d'animaux introduits (NTE) ont été estimés à partir de données réelles (BDPORC). À l'échelle de l'élevage, un élevage naisseur-engraisseur introduit environ huit lots de cochettes par an (introduction environ une fois toutes les six semaines, il n'y a pas de variabilité donc pas de valeurs minimale et maximale). Pour un troupeau de 200 truies (taux de renouvellement de 40 %, 20 % min et 50 % max), il y a entre 40 à 100 cochettes introduites par an (mode à 80) (voir justifications reprises au Tableau 11).

Tenant compte des probabilités (Tableau 7) et des paramètres initiaux (Tableau 8), les experts ont calculé la probabilité (P6) que des animaux contagieux introduits en provenance du NO transmettent un swIAV aux animaux de destination et la probabilité (P7) que des lots introduits en provenance du NO transmettent un swIAV aux animaux de destination (un ou plusieurs animaux seront contagieux et contaminants) (Tableau 9).

Les probabilités P6 et P7 ont été estimées à partir de deux types de données (des données sur les animaux (P6) et des données à l'échelle du lot (P7)), ces données ayant été utilisées indépendamment. La probabilité qu'un porc soit infecté n'est pas homogène dans les lots (dans un lot infecté, il peut y avoir un ou plusieurs animaux infectés).

Tableau 9 : Estimation des probabilités P6 et P7 dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de cochettes infectées en provenance du NO

P6	Probabilité que des animaux contagieux introduits pendant un an <u>en provenance du NO</u> transmettent un swIAV aux animaux de destination	$P6 = 1 - (1 - P3_4 * P5)^{NAE}$
P7	Probabilité que des <u>lots introduits pendant un an en provenance du NO</u> transmettent un swIAV aux animaux de destination (un ou plusieurs animaux seront contagieux et contaminants)	$P7 = 1 - (1 - P1 * P2 * P6)^{NTE}$

Les probabilités P1 à P5 ont été discutées et estimées par les experts sur la base de l'argumentaire développé dans le Tableau 10 et, le cas échéant, elles ont été traduites en distribution de probabilité (Tableau 11).

Tableau 10 : Argumentation pour l'estimation des probabilités P1 à P5 pour les cochettes

Probabilités	Éléments de justification
<p>P1 - probabilité que les porcs introduits proviennent du quart NO (cochettes venant d'un élevage de multiplication)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Données des mouvements entre 2017 et 2021 (BDPORC) • Les experts estiment que cette probabilité est comprise entre 0,9 et 1 avec un mode à 0,95
<p>P2 - Probabilité que les cochettes introduites proviennent d'un élevage de multiplication infecté par des swIAV</p>	<ul style="list-style-type: none"> • En France, 90 % des élevages ont déjà eu de la grippe, dans 40 % des élevages celle-ci est persistante (voir 4.3.1). Ce sont principalement les animaux de post-sevrage qui sont concernés. • Le niveau sanitaire va être supérieur en moyenne pour l'étage de sélection (plus de mesures de biosécurité et notamment mise en place de systèmes de filtration d'air dans les bâtiments), mais le niveau sanitaire vis-à-vis de la grippe chez les multiplicateurs est sensiblement le même par rapport aux élevages de production (pas de plan de surveillance spécifique de la grippe). • Les animaux malades ne sortent pas des élevages de multiplication notamment quand il y a des signes cliniques, mais les experts supposent qu'il y a des cas asymptomatiques ou paucisymptomatiques, la proportion n'étant pas connue (il y a une différence entre les cas investigués en virologie sur la base de la clinique et les données de sérologies : tous les cas ne sont pas détectés ni investigués) • Il y a peu de données sur l'étagage multiplication, mais sur la base des données de séroprévalence globale (qui portent majoritairement sur les élevages de production), les experts ont estimé que la situation en multiplication était potentiellement plus favorable qu'en production (valeurs plus basses, mais pour autant pas nulle) • Les experts estiment que cette probabilité est comprise entre 0 et 0,40 ; avec un mode à 0,30
<p>P3_4- Probabilité qu'une cochette de l'élevage (infecté) de provenance soit infectée et contagieuse et soit non détectée par le dispositif de surveillance (sinon pas vendue)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Cela correspond à la probabilité qu'une cochette sorte de l'élevage quand elle est excrétrice • La phase d'incubation est courte (1/2 journée à 1 journée), la phase d'excrétion est courte (7 à 9 jours ; en condition expérimentale le pic d'excrétion est aux alentours de 3-4 jours mais les animaux peuvent être excréteurs dès le 1^{er} jour) • Les cochettes sortent de l'élevage entre les âges de 150 et 180 j • Les experts ont pris en compte la pré exposition dans le jeune âge qui peut entraîner la présence d'animaux asymptomatiques à 150-180 j (présence ou non d'une immunité préexistante) • La durée d'excrétion est la même que les animaux soient symptomatiques ou non • Les experts ont pris en compte l'introduction d'animaux toujours excréteurs (mais signes cliniques masqués car mise en place d'un traitement par l'éleveur au départ, d'où importance de l'attente de sept jours après la fin des signes cliniques avant de faire partir les animaux d'un élevage) • Dans la mesure où peu de données sont disponibles quant à la prévalence de cochettes infectées et excrétrices issues d'un élevage multiplicateur infecté, les experts ont utilisé le modèle de persistance développé pour la question 2 (voir paragraphe 8) pour estimer la prévalence d'infection chez

Probabilités	Éléments de justification
	<p>les porcs de plus de 21 semaines d'âge (correspondant à l'âge de vente des cochettes). Les simulations ont été conduites pour les différentes configurations d'élevage représentées à la question 2 et la prévalence finale estimée a pris en compte :</p> <ul style="list-style-type: none"> • la probabilité que pour la simulation considérée, l'infection se soit propagé dans le secteur d'engraissement • la probabilité que la bande considérée soit infectée • la prévalence de porcs de plus de 21 semaines infectés dans les bandes atteintes. <p>La probabilité globale qu'une cochette issue de cet élevage multiplicateur infecté soit infectée et contagieuse est ainsi le produit de ces trois probabilités et fluctue entre 0,002 et 0,013 selon les configurations représentées. Sur la base de ces résultats de simulations du modèle de persistance, concernant la transmission intra-troupeaux, les experts estiment que cette probabilité est comprise entre 0,2 et 1,3 %</p>
<p>P5 - Probabilité qu'une cochette infectée et contagieuse, transmette le swIAV à des porcs de l'élevage receveur</p>	<ul style="list-style-type: none"> • La majorité des élevages ont des quarantaines (presque 100 %) mais il peut y avoir des défauts d'effectivité et d'efficacité • Cette probabilité va dépendre des mesures de biosécurité mises en place dans l'élevage receveur. Un sous-scénario dans lequel il n'y a pas de mesures de biosécurité semble très peu représentatif de la réalité dans la mesure où il existe toujours <i>a minima</i> un local d'accueil des animaux avant leur introduction au sein de l'élevage. Le scénario de base est le suivant : présence d'une salle mais non gérée comme une quarantaine fonctionnelle, il y a des conditions défavorables dont des mesures de biosécurité imparfaites, donc la transmission aéroportée et la transmission indirecte sont possibles. • Les experts estiment que la durée de la quarantaine (six semaines) est suffisante pour éviter l'introduction de la grippe dans le troupeau, donc que la probabilité d'introduction est principalement liée à un souci de conception/structure de la quarantaine ou à des erreurs de l'éleveur/salarié. En effet, même dans les situations où la quarantaine est bien gérée et bien conçue, il peut y avoir des erreurs de biosécurité ponctuelles (par exemple, intervention d'un salarié en remplacement le week-end. Les experts ont estimé que dans 45 % des cas (+/- 5 %) il y a une situation à risque. Cela est cohérent avec les résultats de l'audit Pig connect : <ul style="list-style-type: none"> ○ les experts du GT estiment que dans 20 % des cas il existe un problème continu et permanent lié à la conception de la quarantaine (circuits d'air mal conçus car permettant le recyclage de l'air vicié de la quarantaine vers les secteurs de l'élevage notamment), ○ les experts estiment que dans 10 % des cas il s'agit d'un problème de biosécurité permanent (pas de marche en avant, pas de changement d'EPI, etc.), ○ les experts estiment que dans 15-20 % des cas il s'agit d'une erreur de biosécurité ponctuelle (par exemple salarié différent le week-end, une seule personne de garde, etc.) ○ ces différents problèmes et erreurs peuvent se cumuler dans certains élevages.

Probabilités	Éléments de justification
	<ul style="list-style-type: none"> Plusieurs voies de transmission sont à prendre en compte. La transmission peut se faire par voie aéroportée, ou bien par voie indirecte, mais ces deux voies peuvent coexister (« et/ou » car un animal peut être infecté par l'une et/ou l'autre voie au même moment). La transmission directe⁹⁰ (groin à groin) n'est pas prise en compte car les cochettes introduites et les truies de l'élevage ne sont pas en contact (la quarantaine est toujours présente) ; <ul style="list-style-type: none"> ○ <u>Concernant la transmission aéroportée</u>⁹¹ : l'efficacité de cette voie a été estimée à 70 % (+/- 5 %) (en cas d'excrétion virale, le nombre limité de cochettes présentes en quarantaine induit une réduction de la probabilité de contamination des autres animaux de l'élevage, risque d'émission d'aérosol pondéré à la baisse et évalué au 2/3 du risque). Cette efficacité a été pondérée avec le risque de problèmes continus de biosécurité liés à la structure et à la conception de la quarantaine qui a été estimé à 20 %. La probabilité d'introduction par la voie aéroportée a donc été estimée à $0,70 \times 0,2 = 0,14$; ○ <u>Concernant la transmission indirecte</u>⁹²: de manière générale, le contact entre l'éleveur et les cochettes de quarantaine est limité (efficacité de transmission de cette voie estimée à 5 %) mais cela dépend des pratiques de l'éleveur et notamment s'il pratique la sociabilisation et la domestication et s'il entre ou non dans la case des animaux. Les experts estiment donc deux probabilités associées à deux sous scénarios: « sociabilisation min » (40 % des élevages) : $P = 0,01-0,05-0,1$ (min-mode-max) et « sociabilisation max » (60 % des élevages) : $P = 0,02-0,1-0,2$ (min-mode-max). Compte tenu des incertitudes liées à ces chiffres, les experts décident de combiner ces deux sous-scénarios : $P = 0,01 - 0,08 - 0,2$ (min-mode-max). Cette efficacité a été pondérée avec les défauts de biosécurité liés à l'éleveur, la probabilité de défaut de biosécurité ayant été estimée de la façon suivante : 0,25 - 0,30 (min-max , 10 % de risque permanent et 15-20 % de risque ponctuel cf ci-dessus).

Tableau 11 : Paramètres d'entrée du modèle d'analyse de la probabilité d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de cochettes en provenance du NO

Paramètres d'entrée (inputs)	Estimation quantitative	Min.	mode	Max.	Prob.	Distribution de probabilité
Probabilité que les porcs introduits proviennent du quart NO (cochettes venant d'un élevage de multiplication)	0,9 à 1 avec un mode à 0,95	0,9	0,95	1	P1	Distribution Pert = RiskPert(0,9;0,95;1)
Probabilité que les cochettes introduites proviennent d'un	0 à 0,40	0	0,3	0,4	P2	Distribution Pert = RiskPert(0;0,3;0,4)

⁹⁰ Transmission directe : notion de rapport « un à un », nécessité d'un contact ou d'une grande proximité, passage direct d'un individu à un autre.

⁹¹ Transmission aéroportée : remplissage d'un réservoir environnemental par des aérosols, réservoir pouvant être constitué par un ou plusieurs individus et qui va exposer d'autres individus. La particule aérosol est le véhicule du virus, transmission inter-cases, inter-salles ou inter-secteurs au sein de l'élevage, notion de distance.

⁹² Transmission indirecte : le porc ou l'être humain contaminant infecté est en contact avec un support et un autre porc va être en contact avec ce support. La transmission se fait par un véhicule (vecteur passif) autre que la particule aérosol.

Paramètres d'entrée (inputs)	Estimation quantitative	Min.	mode	Max.	Prob.	Distribution de probabilité
élevage de multiplication infecté par un/des swIAV	avec un mode à 0,30					
Probabilité qu'une cochette de l'élevage (infecté) de provenance soit infectée et contagieuse et soit non détectée par le dispositif de surveillance (sinon pas vendue)	0,002 et 0,013	0,002	-	0,013	P3_4	Distribution uniforme = RiskUniform(0,002;0,013)
Probabilité qu'une cochette infectée et contagieuse, transmette le swIAV à des porcs de l'élevage receveur	Transmission aérienne (AirElv) + Transmission indirecte (CIDElv)	0,13 0	0,14 0,02	0,15 0,06	P5⁹³	Distribution Pert = RiskPert(0,13;0,14;0,15) + Distribution Pert = RiskPert(0,01;0,05;0,1)
Nombre de cochettes introduites dans un élevage	Données réelles	40	80	100	NAE	Distribution Pert = RiskPert(40;80;100)
Nombre de lots de cochettes introduits pour l'élevage	Données réelles	-	8	-	NTE	8
Nombre de cochettes introduites par lot pour l'élevage					NAEt	=NAE/NTE

Comme indiqué plus haut, les tableaux 7 à 11 correspondent au scénario où les cochettes introduites dans l'élevage proviennent du NO (situation la plus fréquemment rencontrée).

Cependant, toutes les cochettes ne viennent pas du NO et la zone d'origine des cochettes introduites a un effet sur la probabilité d'introduction. Trois scénarios supplémentaires ont donc été testés, sur la base des flux d'approvisionnement moyen de 2017 à 2021. Ainsi, pour des cochettes provenant du NO, les experts ont estimé que P1 est comprise entre 90 et 100% avec un mode à 95% et que P2 est comprise entre 0 et 40 % avec un mode à 30 %. Par contre, pour le SO, P1 a été estimée être comprise entre 5 et 10 % avec un mode de 7,5 % et P2 a été estimée être comprise entre 0 et 20 % avec un mode à 15 %. Pour le NE, P1 est estimée être comprise entre 3 et 6 % avec un mode de 4,5 % et P2 entre 0 et 40 % avec un mode à 30 %. Enfin pour le SE, P1 a été estimée être comprise entre 1 et 2 % avec un mode de 1,5 % et P2 entre 0 et 20 % avec un mode à 15 % (Tableau 12).

⁹³ La somme n'a pas été indiquée car chaque valeur est une distribution (chaque probabilité a une distribution propre).

Tableau 12 : Estimation des probabilités P1 et P2 pour les cochettes, en fonction de leur provenance

Introduction	Provenance	Probabilité P1 (min max et mode)	Probabilité P2 ⁹⁴ (min max et mode)
Cochettes	NO	90 à 100% avec un mode à 95%	0 à 40% avec un mode à 30%
	NE	3 à 6% avec un mode à 4.5%	0 à 40% avec un mode à 30%
	SO	5 à 10% avec un mode à 7,5%	0 à 20% avec un mode à 15%
	SE	1 à 2% avec un mode à 1.5%	0 à 20% avec un mode à 15%

Une distribution Pert a été utilisée lorsque les experts ont pu estimer les valeurs minimale, modale et maximale d'une distribution. Il s'agit d'une distribution alternative (plus plausible) à la distribution triangulaire. Une distribution uniforme a été utilisée lorsque les experts ont pu estimer seulement les valeurs minimale et maximale d'une distribution (équiprobabilité que la valeur réelle se situe entre ces deux valeurs) (Tableau 11).

Les experts ont intégré dans le modèle la possibilité de prendre des mesures de réduction de la probabilité d'introduction d'un swIAV dans un élevage par le biais des cochettes.

Ainsi, quatre mesures ont été prises en compte :

➤ **1) Le statut des animaux introduits (dépistage des animaux avant introduction)**

Pour réduire le risque d'introduction de swIAV en élevage, il faut aussi éviter que des animaux infectés soient en circulation. Différents tests existent pour connaître le statut des animaux :

- des tests RT-PCR qualitatifs de détection pour déterminer (ciblant le gène M, différents kits commerciaux) si les cochettes sont excrétrices de swIAV, qui peuvent être réalisés sur surnageant d'écouvillon nasal (testé individuellement ou par pool de trois cochettes maximum) ou sur fluide oral collectif (récolté en laissant les animaux mâchonner une lingette ou une corde disposée dans la case). Ces tests RT-PCR sont très sensibles en présence de virus dans le prélèvement⁹⁵ (si un animal est excréteur : 100 % de spécificité et 98 % de sensibilité). Le nombre d'animaux à tester doit être adapté en fonction de la taille du lot et de l'historique d'infection de l'élevage. Pour que les animaux puissent partir de l'élevage, il faudrait qu'ils soient testés négatifs très peu de temps avant le départ, la VPN (valeur prédictive négative, soit la confiance que l'on peut accorder à un résultat négatif) de cette technique étant très élevée. La bonne mise en œuvre de cette mesure est tributaire d'une mise en adéquation optimale de l'organisation des chaînes de réalisation et d'acheminement des prélèvements et des analyses ;
- des tests antigéniques rapides pour la détection des IAV, mais le seul test qui était adapté à la détection d'antigènes dans des prélèvements biologiques de suidés, le Flu Detect® sous forme de bandelettes, n'est plus commercialisé en France. En 2013, le LNR Influenza porcin avait évalué la spécificité de ce test à 100 % (pour 30 individus

⁹⁴ Pour rappel, il s'agit des prévalences élevage (probabilité que les cochettes viennent d'un élevage infecté), ceci découle des données de séroprévalence nationales.

⁹⁵ À la date de publication de ce rapport, il y a deux kits commerciaux de RT-PCR gène M qui sont validés par le LNR Influenza porcin pour la détection des IAV chez le porc.

testés ayant fourni un résultat négatif en RT-PCR gène M) et la sensibilité à 48 % (sur 106 individus testés positifs en RT-PCR gène M) (G. Simon, communication personnelle).

Au moment de la rédaction du rapport, sur le terrain, aucun dépistage n'est réalisé chez les cochettes avant le départ de chez le multiplicateur.

Avec le modèle développé par les experts, il est possible de tester cette hypothèse de dépistage avant mouvement, même si celui-ci peut paraître difficile à mettre en œuvre dans les conditions actuelles du fait par exemple des délais de rendu des résultats d'analyses par les laboratoires de diagnostic vétérinaire. Pour évaluer la réduction de la probabilité d'introduction suite à la mise en œuvre de cette pratique, seule la sensibilité du test est prise en compte de manière quantitative dans le modèle.

➤ 2) Les mesures de biosécurité

L'efficacité des mesures structurelles de biosécurité a déjà été prise en compte dans l'évaluation de la probabilité P5 en fonction des voies de transmission. L'efficacité des mesures de biosécurité pourra être modulée aux différents points où elles ont été intégrées. Par exemple, il est possible d'envisager un scénario où les défauts de biosécurité permanents et occasionnels sont réduits de moitié et de voir l'influence sur les résultats du modèle.

➤ 3) La vaccination et le statut immunitaire du troupeau (avec prise en compte du R0)

Les éléments suivants ont été considérés :

- les experts estiment à 15 le taux de reproduction de base R0 entre les porcs infectés et sensibles pour les souches circulantes (voir données en conditions expérimentales en l'absence de toute immunité, section 4.3.2). En présence d'anticorps maternels, celui-ci chute à 5. Il est à noter que l'immunité passive n'empêche pas l'infection ni la transmission ;
- avec un R0 de 15, la proportion minimale du troupeau devant être vaccinée pour escompter une protection a été calculée à 0,93 ($1 - (1/R0)$) ;
- concernant la grippe, 50 à 60 % des animaux reproducteurs dans les élevages NE de l'étage de production sont vaccinés et seules les truies sont vaccinées, cela représente donc 10 % du troupeau total de l'élevage. L'objectif de la vaccination des truies est de les protéger cliniquement des conséquences de l'infection grippale (qui a un impact sur la reproduction). La vaccination n'a pas d'objectif de limitation de la circulation virale et encore moins à l'échelle de l'élevage puisqu'elle ne couvre qu'une fraction extrêmement faible de la population d'un élevage;
- les cochettes nouvellement introduites ne sont pas vaccinées avant leur départ, elles seront vaccinées dans l'élevage receveur. La vaccination des cochettes n'a pas pour objectif de limiter l'introduction de virus influenza dans l'élevage mais de les protéger cliniquement au moment où elles entrent dans le troupeau de truies ;
- dans le modèle, l'efficacité moyenne vaccinale est prise en compte, elle est basée sur l'ensemble des informations à disposition au moment de la rédaction du rapport (cf 4.3.5.1). Il s'agit ici d'évaluer l'impact de la vaccination sur la capacité des truies à être infectées (si ces dernières sont vaccinées, quelle est la probabilité qu'elles soient contaminées par les cochettes infectieuses qui sont introduites dans l'élevage ?).

Les experts souhaitent conserver le paramètre vaccination dans le modèle, même si elle ne limite pas le risque d'introduction et qu'elle n'empêche pas la transmission de swIAV avec les

vaccins disponibles au moment de la rédaction du rapport (voir section 4.3.5.1). En prenant en compte toutes les considérations mentionnées ci-dessus, les experts ont estimé que l'efficacité vaccinale moyenne est au maximum de 50 % mais que dans la plupart des cas elle est plus faible (distribution Pert min 0, mode 0,1, max 0,5). Il sera possible par la suite de modifier le paramétrage de l'efficacité de la vaccination si de nouvelles solutions et/ou protocoles vaccinaux sont mises en œuvre.

Ensuite 1 000 simulations Monte Carlo ont été réalisées, avec le logiciel @RISK 7.6, afin d'obtenir les distributions de probabilités résultantes P6 à P7 reprises au Tableau 11. Les résultats (scénario de base, scénarios en fonction de l'origine des cochettes introduites et avec vaccination) sont résumés dans le Tableau 13.

Tableau 13 : Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P6 et P7 (probabilité moyenne, écart type et médiane)

Scénario	Probabilité	Paramètre	Origine des animaux introduits			SE	
			NO	SO	NE		
Scénarios avec les flux d'approvisionnement moyens de 2017 à 2021	Animaux	P6	Moyenne	0,013661	0,000521	0,000524	0,000521
			Ecart type	0,006317	0,000300	0,000307	0,000305
			Médiane	0,013284	0,000464	0,000458	0,000453
Scénarios avec les flux d'approvisionnement moyens de 2017 à 2021	Lots	P7	Moyenne	0,027097	0,000041	0,000050	0,000008
			Ecart type	0,014355	0,000027	0,000035	0,000006
			Médiane	0,025211	0,000035	0,000040	0,000007
Avec introduction de la vaccination	Animaux	P6 avec vaccination	Moyenne	0,012929	0,000493	0,000495	0,000493
			Ecart type	0,005978	0,000284	0,000291	0,000288
			Médiane	0,012573	0,000439	0,000434	0,000429
Avec introduction de la vaccination	Lots	P7 avec vaccination	Moyenne	0,025646	0,000039	0,000048	0,000008
			Ecart type	0,013586	0,000026	0,000033	0,000005
			Médiane	0,023861	0,000033	0,000038	0,000007

➤ 4) Evaluation de la situation en fonction d'un changement de provenance géographique des cochettes introduites (changement par rapport au scénario de base)

En vue de proposer une option de gestion relative à un changement de provenance des porcs introduits dans un élevage du NO, les experts ont testé un scénario où les cochettes

proviendraient entre 90 et 100% du SO, région où la prévalence d'influenza porcine est plus faible (et non plus entre 90 et 100 % du NO, scénario de base). Pour envisager ce scénario (qui est fictif), la P1 du NO du scénario de base a été appliquée à la P1 du nouveau scénario, et la P1 du SO du scénario de base a été appliquée à la P1 du nouveau scénario. Comme P1 entre dans le calcul de la P7 (probabilité que des lots introduits en provenance d'une région déterminée transmettent un swIAV aux animaux de destination), l'effet de ces changements de provenance a été estimé par modélisation sur la probabilité P7.

Ensuite 1 000 simulations Monte Carlo ont été réalisées, avec le logiciel @RISK 7.6, afin d'obtenir les distributions de probabilités P7. Les résultats sont résumés dans le Tableau 14.

Tableau 14 : Résultats des simulations permettant d'estimer la probabilité P7 lors de changement de provenance des animaux introduits

Scénario	Probabilité	Paramètre	NO avec P1 de SO	SO avec P1 de NO
Scénarios alternatifs avec changement de provenance	lots	P7		
		Moyenne	0,002186	0,0005305
		Ecart type	0,0012282	0,0003474
		Médiane	0,0019429	0,0004543

La probabilité pour un an que des lots introduits de cochettes transmettent un swIAV aux animaux de destination (porcs d'un élevage du NO) est estimée entre 6 et 7 sur l'échelle Afssa 2008 (qui s'étend de 0 à 9, voir Annexe 15) pour des cochettes en provenance du NO (probabilité médiane annuelle de $2,52 \cdot 10^{-2}$) et entre 2 et 3 pour des cochettes en provenance du SO (probabilité médiane annuelle de $3,5 \cdot 10^{-5}$), en tenant compte de la situation épidémiologique des cinq dernières années.

Si les reproducteurs du troupeau receveur sont vaccinés, la probabilité que des lots introduits de cochettes en provenance du NO transmettent un swIAV aux animaux de destination (porcs d'un élevage du NO) est estimée entre 6 et 7 (probabilité médiane annuelle de $2,38 \cdot 10^{-2}$), en tenant compte de la situation épidémiologique des cinq dernières années.

Dans le scénario alternatif avec un changement des flux d'animaux entre la région NO et SO, la probabilité P7 est réduite d'un facteur d'environ 13.

Une analyse de sensibilité a ensuite été réalisée (Annexe 16). Celle-ci permet de visualiser les paramètres d'entrée qui ont le plus d'influence sur le résultat final.

Pour l'analyse de sensibilité de P6, il ressort que les paramètres ayant le plus d'influence sur le résultat final (par ordre d'importance des coefficients) sont la valeur de P3-P4, le nombre d'animaux introduits (NAE) et la transmission indirecte (CIDEIv) prise en compte dans P5.

Pour l'analyse de sensibilité de P7, il ressort que les paramètres ayant le plus d'influence sur le résultat final (par ordre d'importance des coefficients) sont la valeur de P3-P4, P2, le nombre d'animaux introduits (NAE) et la transmission indirecte (CIDEIv) prise en compte dans P5.

7.3.1.2 Probabilité d'introduction de swIAV dans un élevage porcin par le biais de porcelets de 8 kg infectés

Pour évaluer la probabilité d'introduction de swIAV dans un élevage porcin par le biais de porcelets de 8 kg infectés, les experts ont considéré le scénario suivant :

Scénario de base : introduction d'un lot de porcelets de 8 kg (en provenance principalement d'un élevage du quart NO) pour engraissement dans un élevage PSE de Bretagne

Les tableaux 15 à 19 correspondent au scénario où les porcelets de 8kg introduits dans l'élevage proviennent du NO (situation la plus fréquemment rencontrée).

Pour estimer la probabilité d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de porcelets de 8 kg, les probabilités (Tableau 15) et les paramètres (Tableau 16) suivants ont été pris en compte :

Tableau 15 Probabilités prises en compte dans le risque d'introduction d'un virus influenza en élevage porcin par le biais de porcelets de 8kg infectés en provenance du NO

P1	Probabilité qu'un lot de porcelets de 8 kg introduit provienne du quart NO
P2	Probabilité que le lot de porcelets de 8 kg introduit provienne d'un élevage infecté par un/des swIAV
P3_4	Probabilité qu'un lot de porcelets de 8 kg introduit avec au moins un animal infecté et contagieux soit non détecté comme tel (car ne faisant pas l'objet d'un dépistage clinique et/ou par des tests de laboratoire)
P5	Probabilité qu'un porcelet de 8 kg infecté et contagieux, transmette la grippe à des porcs de l'élevage receveur

Tableau 16: Paramètres initiaux pris en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de porcelets de 8kg infectés en provenance du NO

NAE	Nombre de porcelets de 8 kg introduits dans un élevage par an
NTE	Nombre de lots de porcelets de 8 kg introduits pour l'élevage par an
NAEt	Nombre de porcelets de 8 kg introduits par lot pour l'élevage (NAE/NTE)

Les données des introductions provenant de France sont disponibles dans BDPORC.

Tenant compte des probabilités et des paramètres initiaux, les experts ont calculé la probabilité (P6) que des animaux contagieux introduits en provenance du NO transmettent un swIAV aux animaux de destination et la probabilité (P7) que des lots introduits en provenance du nord-ouest transmettent un swIAV aux animaux de destination (un ou plusieurs animaux seront contagieux et contaminants) (Tableau 17).

Les probabilités P6 et P7 ont été estimées à partir de deux types de données (des données sur les animaux (P6) et des données à l'échelle du lot (P7)), ces données ayant été utilisées indépendamment. La probabilité qu'un porc soit infecté n'est pas homogène dans les lots (dans un lot infecté, il peut y avoir un ou plusieurs animaux infectés).

Tableau 17 : Estimation des probabilités P6 et P7 dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de porcelets de 8 kg infectées en provenance du NO

P6	Probabilité que des animaux contagieux introduits par an <u>en provenance du nord-ouest</u> transmettent un swIAV aux animaux de destination	$P6 = 1 - (1 - P3_4 * P5) ^{NAE}$
P7	Probabilité que des <u>lots</u> introduits par an en provenance du nord-ouest transmettent un swIAV aux animaux de destination (un ou plusieurs animaux seront contagieux et contaminants)	$P7 = 1 - (1 - P1 * P2 * P6) ^{NTE}$

Les probabilités P1 à P5 ont été discutées et estimées par les experts (Tableau 18) et, le cas échéant, elles ont été traduites en distribution de probabilité (Tableau 19).

Tableau 18: Argumentation ayant permis d'estimer les probabilités P1 à P5 pour les porcelets de 8 kg

Probabilités	Éléments de justification
P1 - Probabilité qu'un lot de porcelets de 8kg introduit provienne du quart NO	<ul style="list-style-type: none"> Données de mouvements entre 2017 et 2021 (BDPORC) Les experts estiment que cette probabilité est comprise entre 0,9 et 1, avec un mode à 0,95
P2 - Probabilité que le lot de porcelets de 8kg introduit provienne d'un élevage infecté par un/des swIAV	<ul style="list-style-type: none"> En France, 90% des élevages ont déjà eu de la grippe, dans 40% des élevages celle-ci est persistante (voir 4.3.1). Ce sont principalement les animaux de PS qui sont concernés Les experts estiment que cette probabilité est comprise entre 0 et 0,9 ; avec un mode à 0,80
P3_4 - Probabilité qu'un lot de porcelets de 8kg introduit <u>avec au moins un animal infecté et contagieux⁹⁶</u> soit non détecté comme tel (car ne faisant pas l'objet d'un dépistage)	<ul style="list-style-type: none"> Les porcelets de 8 kg ont entre 4 (maternité collective) et 6 semaines d'âge (élevage NE qui envoie des compléments de bande dans d'autres élevages) Le respect des normes de densité d'animaux et de la conduite en bandes oblige à faire partir les animaux malgré leur état clinique parfois insatisfaisant (contrairement au départ des cochettes d'un élevage multiplicateur où les animaux malades ne sont pas vendus).

⁹⁶ Pour le PS, il ne faut pas raisonner au niveau individuel mais au niveau du lot d'animaux (car l'épizootie de grippe est de longue durée en PS au sein d'une bande par le biais de la récurrence et du statut immunitaire variable des porcelets). La probabilité à considérer est donc la suivante : probabilité qu'un lot de porcs de 8 kg introduit **avec au moins un animal** infecté par un swIAV et contagieux soit non détecté par le dispositif de surveillance.

Probabilités	Éléments de justification
clinique et/ou par des tests de laboratoire)	<p>Il est à noter que les signes de grippe peuvent être limités à cet âge (conservation de l'état général, quelques éternuements)</p> <ul style="list-style-type: none"> • La phase d'incubation de la grippe est courte (1/2 à 1 jour), la phase d'excrétion courte • La probabilité qu'un porc sorte de l'élevage quand il est excréteur est très élevée car : <ul style="list-style-type: none"> ⊖ la vaccination des truies de l'élevage d'origine n'entre pas en compte, l'immunité passive (quelle qu'en soit l'origine) n'empêche pas l'infection, ○ la durée d'excrétion est la même que les animaux soient symptomatiques ou non, ○ la présence d'anticorps maternels peut induire une durée d'excrétion plus longue au niveau de la bande (pas au niveau individuel), ○ le plus fréquemment c'est à cet âge que l'infection commence (prise en compte de la dynamique de l'infection) • Par les données de surveillance Résavip, il est possible de connaître la proportion des animaux positifs d'une tranche d'âge parmi la totalité des animaux prélevés. En prenant en compte les animaux de 4 à 6 semaines d'âge, le regroupement de P3 et P4 est estimé à 32 % (Herve et al 2019 et données LNR, bulletins trimestriels Résavip, estimation de la prévalence de la grippe par classe d'âge). Pour représenter ce pourcentage, une distribution Beta a été utilisée. Cette distribution est caractérisée par un paramètre alpha qui est le nombre de lots positifs plus un et un paramètre beta qui est le nombre de lots testés moins alpha.
P5 - Probabilité qu'un porcelet de 8kg infecté et contagieux, transmette un swIAV à des porcs de l'élevage receveur	<ul style="list-style-type: none"> • Vue la catégorie d'animaux (8 kg), il y a aura certainement plusieurs catégories d'animaux sur le site receveur, gérées par salles le plus souvent (mais dans le même bâtiment) • Prise en compte des mesures de biosécurité : pas de quarantaine, et peu de prise en compte de la clinique pour la marche en avant • Les experts estiment que dans 33 % des cas il existe un problème continu et permanent lié à la conception des salles (circuits d'air mal conçus notamment) • Les experts estiment qu'il peut y avoir un problème de biosécurité interne à tout moment (pas de changement de tenue entre les salles d'un même bâtiment, quelque fois lavage des mains et lave bottes, mauvaise application de la marche en avant quand porcelets asymptomatiques) • Les experts évaluent la probabilité de contamination des animaux de l'élevage receveur en fonction de la voie de contamination possible de la façon suivante : <ul style="list-style-type: none"> ○ Concernant la transmission aéroportée : l'efficacité de cette transmission a été estimée à 95 % +/- 5 % (la population de porcelets est plus importante que celle des cochettes, prise en compte de l'âge des animaux qui excrètent). Cette efficacité a été pondérée avec le risque de mauvaise conception du bâtiment (circuit d'air notamment) qui a été estimé à 33 %. La probabilité d'introduction par la voie aéroportée a donc été estimée à $0,95 \times 0,33 = 0,31$,

Probabilités	Éléments de justification
	<ul style="list-style-type: none"> ○ Concernant la transmission indirecte : l'efficacité de cette transmission a été estimée à 15 % +/- 5 % (plus d'animaux potentiellement excréteurs par rapport aux cochettes, exposition des bottes, cottes et mains plus importante, éleveur rentre peu en routine dans les cases mais vaccination des animaux possible et transfert en fin de PS). Cette efficacité a été pondérée avec les problèmes de biosécurité permanents (pas de changement de tenue entre les salles d'un même bâtiment, quelque fois lavage des mains et lave bottes, mauvaise application de la marche en avant quand porcelets asymptomatiques) qui ont été estimés à 100 % (cottes et bottes toujours salies, voir ci-dessus). La probabilité d'introduction par la voie indirecte a donc été estimée à $1 \times 0,15 = 0,15$, ○ La transmission directe n'est pas prise en compte car les porcelets qui arrivent dans l'élevage ne sont pas en contact avec les porcs déjà présents sur le site

Tableau 19: Paramètres d'entrée du modèle d'analyse du risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de porcelets de 8 kg en provenance du NO

Paramètres d'entrée (inputs)	Estimation quantitative	Min.	mode	Max.	Prob.	Distribution de probabilité
Probabilité qu'un lot de porcelets de 8 kg introduit provienne du quart NO	90 à 100 %, avec un mode à 95 %	0,9	0,95	1	P1	Distribution Pert = RiskPert(0,9;0,95;1)
Probabilité que le lot de porcelets de 8 kg introduit provienne d'un élevage infecté par un/des swIAV	0 à 90 % ; avec un mode à 80 %	0	0,8	0,9	P2	Distribution Pert = RiskPert(0,9;0,95;1)
Probabilité qu'un lot de porcelets de 8 kg introduit <u>avec au moins un animal infecté et contagieux*</u> soit non détecté comme tel (car ne faisant pas l'objet d'un dépistage clinique et/ou par des tests de laboratoire)	32 %	Limite inférieure de l'intervalle de confiance 95 % : 0,28		Limite supérieure de l'intervalle de confiance à 95% : 0,36	P3_4	Distribution Beta =RiskBeta(167; 348)
Probabilité qu'un porcelet de 8 kg infecté et contagieux, transmette un swIAV à des porcs de l'élevage receveur	Transmission aérienne (AirElv) + Transmission indirecte (CIDElv)	0,28 + 0,1	0,31 + 0,15	0,34 + 0,20	P5	Distribution Pert = RiskPert(0,28;0,31;0,34) + Distribution Pert = RiskPert(0,1;0,15;0,2)
Nombre de porcelets de 8 kg introduits dans un élevage (par an)	Données réelles	300	1 500	26 000	NAE	Distribution Pert = RiskPert(300;1 500;26 000)

Nombre de lots de porcelets de 8 kg introduits pour l'élevage	Données réelles	2	3	26	NTE	Distribution Pert = RiskPert(2;3;26)
Nombre de porcelets de 8 kg introduits par lot pour l'élevage					NAEt	=NAE/NTE

Comme indiqué précédemment, les tableaux 15 à 19 correspondent au scénario où les porcelets de 8kg introduits dans l'élevage proviennent du NO (situation la plus fréquemment rencontrée).

Cependant, tous les porcelets de 8kg ne viennent pas du NO et la zone d'origine des porcelets introduits a un effet sur la probabilité d'introduction. Trois scénarios supplémentaires ont donc été testés, sur la base des flux d'approvisionnement moyen de 2017 à 2021.

Ainsi, pour les porcelets provenant du NO, les experts ont estimé que P1 est comprise entre 90 et 100% avec un mode à 95% et P2 entre 0 et 90% avec un mode à 80%. Par contre, pour le SO, P1 est estimée comprise entre 0 et 5 % avec un mode de 1% et P2 est estimée comprise entre 0 et 60% avec un mode à 50 %. Pour le NE, P1 est estimée comprise entre 0 et 5 % avec un mode de 1 % et P2 est estimée comprise entre 0 et 90 % avec un mode à 80 %. Pour le SE, P1 est estimée comprise entre 0 et 5 % avec un mode de 1 % et P2 est estimée comprise entre 0 et 60 % avec un mode à 50 % (Tableau 20, prise en compte de la prévalence, voir Annexe 6 et section 4.3.1).

Tableau 20 : Estimation des probabilités P1 et P2 pour les porcelets de 8kg en fonction de leur provenance

Introduction	Provenance	Probabilité P1 (min max et mode)	Probabilité P2 (min max et mode)
Porcelets (8 kg)	NO	90 à 100% avec un mode à 95%	0 à 90% avec un mode à 80%.
	NE	0 à 5% avec un mode à 1%	0 à 90% avec un mode à 80%.
	SO	0 à 5% avec un mode à 1%	0 à 60% avec un mode à 50%.
	SE	0 à 5% avec un mode à 1%	0 à 60% avec un mode à 50%.

Une distribution Pert a été utilisée lorsque les experts ont pu estimer les valeurs minimale, modale et maximale d'une distribution. Il s'agit d'une distribution alternative (plus plausible) à la distribution triangulaire. Une distribution uniforme a été utilisée lorsque les experts ont pu estimer seulement les valeurs minimale et maximale d'une distribution (équiprobabilité que la valeur réelle se situe entre ces deux valeurs) (Tableau 19).

De la même manière que pour les cochettes, les experts ont souhaité intégrer dans le modèle des mesures de réduction du risque d'introduction d'un swIAV par le biais des porcelets de 8 kg.

Ainsi, trois mesures ont été prises en compte :

- 1) Le statut des animaux introduits (dépistage des animaux avant introduction)

Il est possible de tester collectivement les porcelets de 8 kg en les faisant mordiller une cordelette, mais il faut les entraîner (une semaine avant).

De la même manière que pour les cochettes, au moment de la rédaction du rapport, sur le terrain, aucun dépistage n'est réalisé chez les porcelets avant leur départ. Le modèle développé permet de tester cette hypothèse en prenant en compte la sensibilité du test de dépistage.

➤ 2) Les mesures de biosécurité

L'efficacité des mesures structurelles de biosécurité a déjà été prise en compte dans l'évaluation de la probabilité P5 en fonction des voies de transmission.

Concernant la vaccination, l'efficacité vaccinale moyenne est plus faible pour les porcelets (présence d'immunité maternelle et impossibilité de faire un protocole vaccinal complet). Au final, les porcelets introduits de 8 kg ne peuvent pas être vaccinés car il n'est pas possible de vacciner en maternité (présence d'immunité maternelle). Cette mesure n'a donc pas été retenue.

Ensuite 1 000 simulations Monte Carlo ont été réalisées, avec le logiciel @RISK 7.6, afin d'obtenir les distributions de probabilités résultantes P6 à P7 reprises au Tableau 17. Les résultats sont résumés dans le Tableau 21.

Tableau 21 : Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P6 et P7 relative aux porcelets de 8 kg (probabilité moyenne, écart type et médiane)

Scénario	Probabilité	Code	Paramètre	NO	SO	NE	SE
Scénarios avec les flux d'approvisionnement moyens de 2017 à 2021	Animaux	P6	Moyenne	0,994720	0,992740	0,992820	0,993670
			Ecart type	0,031150	0,035250	0,034420	0,034010
			Médiane	1,000000	1,000000	1,000000	1,000000
Scénarios avec les flux d'approvisionnement moyens de 2017 à 2021	Lots	P7	Moyenne	0,973470	0,040860	0,064830	0,041770
			Ecart type	0,058900	0,034690	0,056080	0,036470
			Médiane	0,997790	0,030760	0,050080	0,030990

➤ 4) L'évaluation de la situation en fonction d'un changement de provenance géographique des porcelets de 8kg introduits (changement par rapport au scénario de base)

En vue de proposer une option de gestion relative à un changement de provenance des porcelets introduits dans un élevage du NO, les experts ont testé un scénario où les porcelets proviendraient entre 90 et 100% du SO, région où la prévalence d'influenza porcin est plus

faible (et non plus entre 90 et 100 % du NO, scénario de base). Pour envisager ce scénario (qui est fictif), la P1 du NO du scénario de base a été appliquée à la P1 du nouveau scénario, et la P1 du SO du scénario de base a été appliquée à la P1 du nouveau scénario. Comme P1 entre dans le calcul de la P7 (probabilité que des lots introduits en provenance d'une région déterminée transmettent un swIAV aux animaux de destination), l'effet de ces changements de provenance a été estimé par modélisation sur la probabilité P7.

Ensuite 1 000 simulations Monte Carlo ont été réalisées, avec le logiciel @RISK 7.6, afin d'obtenir les distributions de probabilités résultantes P7 reprises au Tableau 17. Les résultats sont résumés dans le Tableau 22.

Tableau 22 : Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P7 relatives aux porcelets de 8kg, avec changement de provenance

Scénario	Probabilité	Paramètre	NO avec P1 de SO	SO avec P1 de NO
Scénario alternatif avec changement de provenance des porcelets	lots	P7		
		Moyenne	0,06166	0,8963
		Ecart type	0,04916	0,12568
		Médiane	0,04744	0,94338

La valeur de P6 était très élevée pour des porcelets de 8 kg quelle que soit l'origine géographique alors que la valeur de P7 était très élevée pour des porcelets provenant du NO et environ trois fois moins élevée pour des porcelets provenant d'autres régions avec par ordre décroissant de probabilité (SO ≈ SE < NE).

La probabilité pour un an que des lots introduits de porcelets de 8kg transmettent un swIAV aux animaux de destination (porcs d'un élevage du NO) est estimée entre 8 et 9 sur l'échelle Afssa 2008 pour des porcelets en provenance du NO (probabilité médiane de $99,78.10^{-2}$) et entre 6 et 7 pour des porcelets en provenance du SO (probabilité médiane annuelle de $3,07.10^{-2}$), en tenant compte de la situation épidémiologique de ces cinq dernières années. Cela est dû au fait que la majorité des lots proviennent du NO.

Dans le scénario alternatif avec un changement de provenance des animaux, si les porcelets de 8 kg proviennent majoritairement du SO plutôt que du NO, la probabilité P7 est réduite d'un facteur environ 21.

Une analyse de sensibilité a ensuite été réalisée (Annexe 17). Celle-ci permet de visualiser les paramètres d'entrée qui ont le plus d'influence sur le résultat final. Les trois entrées les plus critiques du modèle d'évaluation quantitative du risque ont ainsi été identifiées.

Pour l'analyse de sensibilité de P6, il ressort que les paramètres ayant le plus d'influence sur le résultat final (par ordre d'importance des coefficients) sont le nombre d'animaux introduits (NAE), le nombre de lots d'animaux introduits (NTE), la transmission indirecte (CIDEIv, prise en compte dans P5) et la valeur de P3-P4.

Pour l'analyse de sensibilité de P7, il ressort que les paramètres ayant le plus d'influence sur le résultat final (par ordre d'importance des coefficients) sont la valeur de P2 (probabilité que

les porcelets introduits proviennent d'un élevage infecté de grippe porcine), le nombre de lots d'animaux introduits (NTE) et la valeur de P1 (probabilité que les porcelets de 8 kg introduits proviennent du quart NO).

7.3.1.3 Probabilité d'introduction de swIAV dans un élevage porcin par le biais de porcelets de 25kg infectés

Pour évaluer la probabilité d'introduction de swIAV dans un élevage porcin par le biais de porcelets de 25 kg infectés, les experts ont évalué le scénario suivant :

Scénario de base: introduction d'un lot de porcelets de 25 kg de 10 semaines (en provenance principalement d'un élevage du quart NO) pour engraissement dans un élevage PSE de Bretagne

Le cas particulier des engraisseurs en bande unique (vide sanitaire et nettoyage/désinfection entre chaque lot) n'est pas pris en compte (élevage en tout plein/tout vide, pas de persistance du virus après le vide sanitaire effectif).

Les tableaux 23 à 27 correspondent au scénario où les porcelets de 25kg introduits dans l'élevage proviennent du NO (situation la plus fréquemment rencontrée).

Pour estimer la probabilité d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de porcelets de 25 kg, les probabilités (Tableau 23) et les paramètres (Tableau 24) suivants ont été pris en compte :

Tableau 23 Probabilités prises en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de porcelets de 25 kg infectés en provenance du NO

P1	Probabilité qu'un lot de porcelets de 25 kg introduit provienne du quart NO
P2	Probabilité que le lot de porcelets de 25 kg introduit provienne d'un élevage infecté de grippe porcine
P3_4	Probabilité qu'un lot de porcelets de 25 kg introduit avec au moins un animal infecté et contagieux soit non détecté comme tel (car ne faisant pas l'objet d'un dépistage clinique et/ou par des tests de laboratoire)
P5	Probabilité qu'un porcelet de 25 kg infecté et contagieux, transmette le swIAV à des porcs de l'élevage receveur

Tableau 24: Paramètres initiaux pris en compte dans le risque d'introduction d'un swIAV en élevage porcin par le biais de porcelets de 25 kg infectés en provenance du NO

NAE	Nombre de porcelets de 25 kg introduits dans un élevage par an
NTE	Nombre de lots de porcelets de 25 kg introduits pour l'élevage par an
NAEt	Nombre de porcelets de 25 kg introduits par lot pour l'élevage (NAE/NTE)

Tenant compte des probabilités et des paramètres initiaux, les experts ont calculé la probabilité (P6) que des animaux contagieux introduits en provenance du nord-ouest transmettent le swIAV aux animaux de destination et la probabilité (P7) que des lots introduits en provenance du nord-ouest transmettent un swIAV aux animaux de destination (un ou plusieurs animaux seront contagieux et contaminants) (Tableau 25).

Les probabilités P6 et P7 ont été estimées à partir de deux types de données (des données sur les animaux (P6) et des données à l'échelle du lot (P7)), ces données ayant été utilisées indépendamment. La probabilité qu'un porc soit infecté n'est pas homogène dans les lots (dans un lot infecté, il peut y avoir un ou plusieurs animaux infectés).

Tableau 25. Probabilité que des animaux/lots contagieux introduits en provenant du NO transmettent un swIAV aux animaux de destination

P6	Probabilité que des animaux contagieux introduits par un <u>en provenance du nord-ouest</u> transmettent un swIAV aux animaux de destination	$P6 = 1 - (1 - P3_4 * P5) ^{NAE}$
P7	Probabilité que des <u>lots introduits par un en provenance du nord-ouest</u> transmettent un swIAV aux animaux de destination (un ou plusieurs animaux seront contagieux et contaminants)	$P7 = 1 - (1 - P1 * P2 * P6) ^{NTE}$

Les probabilités P1 à P5 ont été discutées et estimées par les experts (Tableau 26) et, le cas échéant, elles ont été traduites en distribution de probabilité (Tableau 27).

Tableau 26: Argumentation ayant permis d'estimer les probabilités P1 à P5 concernant des porcelets de 25 kg

Probabilités	Eléments de justification
P1 - Probabilité qu'un lot de porcelets de 25 kg introduit provienne du quart NO	<ul style="list-style-type: none"> Données de mouvements entre 2017 et 2021 (BDPORC) Les experts estiment que cette probabilité est comprise entre 0,9 et 1, avec un mode à 0,95
P2 - Probabilité que le lot de porcelets de 25 kg introduit provienne d'un élevage infecté par un swIAV	<ul style="list-style-type: none"> En France, 90% des élevages ont déjà eu de la grippe, dans 40% des élevages celle-ci est persistante (voir 4.3.1). Ce sont principalement les animaux de PS qui sont concernés Les experts estiment que cette probabilité est comprise entre 0 et 0,80 ; avec un mode à 0,90
P3_4- Probabilité qu'un lot de porcelets de 25 kg introduit avec au moins un animal infecté de grippe et	<ul style="list-style-type: none"> Le départ des porcelets est conditionné par le respect de la densité d'animaux et de la conduite en bande (souvent l'élevage de provenance et l'élevage receveur ont le même propriétaire donc pas de relations commerciales) La phase d'incubation est courte, la phase d'excrétion est courte

Probabilités	Eléments de justification
<p>contagieux soit non détecté comme tel (car ne faisant pas l'objet d'un dépistage clinique et/ou par des tests de laboratoire)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • La probabilité qu'un porcelet sorte de l'élevage quand il est excréteur est très élevée (cf argumentaire porcelet de 8 kg) • Par les données de surveillance Résavip, il est possible de connaître la proportion des animaux positifs d'une tranche d'âge parmi la totalité des animaux prélevés. En prenant en compte les animaux de 8 à 11 semaines d'âge, le regroupement de P3 et P4 est estimé à 18 % (les porcelets de 8 semaines sont comptabilisés pour prendre en compte les têtes de lots les plus lourds de la bande qui pourraient partir en fin de la 8^{ème} semaine) (données LNR, bulletins trimestriels Résavip, prévalence de la grippe par tranches d'âge). Une distribution Beta a été utilisée. Cette distribution est caractérisée par un paramètre alpha qui est le nombre de lots positifs plus un et un paramètre beta qui est le nombre de lots testés moins alpha.
<p>P5 - Probabilité qu'un porcelet de 25 kg infecté et contagieux, transmette un swIAV à des porcs de l'élevage receveur</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Vu la catégorie d'animaux (25 kg), il y a aura certainement plusieurs catégories d'animaux sur le site receveur, gérées par salles le plus souvent (mais dans le même bâtiment) • Prise en compte des mesures de biosécurité : pas de quarantaine, et peu de prise en compte de la clinique pour la marche en avant • Les experts estiment que dans 33 % des cas il existe un problème continu et permanent lié à la conception des salles (circuits d'air mal conçus notamment) • Les experts estiment qu'il peut y avoir un problème de biosécurité interne à tout moment (pas de changement de tenue entre les salles d'un même bâtiment, quelque fois lavage des mains et lave bottes, mauvaise application de la marche en avant quand porcelets asymptomatiques) • Les experts évaluent la probabilité de contamination des animaux de l'élevage receveur en fonction de la voie de contamination possible de la façon suivante : <ul style="list-style-type: none"> • Concernant la transmission aéroportée : l'efficacité de cette transmission a été estimée à 95 % +/- 5 % (la population de porcelets est plus importante que celle des cochettes, prise en compte de l'âge des animaux qui excrètent). Cette efficacité a été pondérée avec le risque de mauvaise conception du bâtiment (circuit d'air notamment) qui a été estimé à 33 %. La probabilité d'introduction par la voie aéroportée a donc été estimée à $0,95 \times 0,33 = 0,31$, • Concernant la transmission indirecte : l'efficacité de cette transmission a été estimée à 15 % +/- 5 % (plus d'animaux potentiellement excréteurs par rapport aux cochettes, exposition des bottes, cottes et mains plus importante, éleveur rentre peu en routine dans les cases mais vaccination des animaux possible et transfert en fin de PS). Cette efficacité a été pondérée avec les problèmes de biosécurité permanents (pas de changement de tenue entre les salles d'un même bâtiment, quelque fois lavage des mains et lave bottes, mauvaise application de la marche en avant quand

Probabilités	Éléments de justification
	<p>porcelets asymptomatiques) qui ont été estimés à 100% (cottes et bottes toujours salies, voir ci-dessus). La probabilité d'introduction par la voie indirecte a donc été estimée à $1 \times 0,15 = 0,15$</p> <ul style="list-style-type: none"> La transmission directe n'est pas prise en compte car les porcelets qui arrivent dans l'élevage ne sont pas en contact avec les porcs déjà présents sur le site

Tableau 27: Paramètres d'entrée du modèle d'analyse du risque d'introduction d'un swIAV en élevage de porcs par le biais de porcelets de 25 kg en provenance du NO

Paramètres d'entrée (inputs)	Estimation quantitative	Min.	mode	Max.	Prob.	Distribution de probabilité
Probabilité qu'un lot de porcelets de 25 kg introduit provienne du quart NO	90 à 100 %, avec un mode à 95 %	0,9	0,95	1	P1	Distribution Pert = RiskPert(0,9;0,95;1)
Probabilité que le lot de porcelets de 25 kg introduit provienne d'un élevage infecté par un/des swIAV	0 à 90 % ; avec un mode à 80 %	0	0,8	0,9	P2	Distribution Pert = RiskPert(0;0,8;0,9)
Probabilité qu'un lot de porcelets de 25 kg introduit avec au moins un animal infecté et contagieux* soit non détecté comme tel (car ne faisant pas l'objet d'un dépistage clinique et/ou par des tests de laboratoire)	18 %	Limite inférieure de l'intervalle de confiance 95% : 0,14		Limite supérieure de l'intervalle de confiance à 95% : 0,21	P3_4	Distribution Beta =RiskBeta (92 ; 423)
Probabilité qu'un porcelet de 25 kg infecté de grippe et contagieux, transmette un swIAV à des porcs de l'élevage receveur	Transmission aérienne (AirElv) + Transmission indirecte (CIDElv)	0,28 + 0,1	0,31 + 0,15	0,34 + 0,20	P5	Distribution Pert = RiskPert(0,28;0,31;0,34) + Distribution Pert = RiskPert(0,1;0,15;0,2)
Nombre de porcelets de 25 kg introduits dans un élevage	Données réelles	300	1 500	26 000	NAE	Distribution Pert = RiskPert(300;1500;26000)
Nombre de lots de porcelets de 25 kg introduits pour l'élevage	Données réelles	2	3	26	NTE	Distribution Pert = RiskPert(2;3;26)
Nombre de porcelets de 25 kg introduits par lot pour l'élevage					NAEt	=NAE/NTE

Comme indiqué précédemment, les tableaux 23 à 27 correspondent au scénario de base, à savoir que les porcelets de 25kg introduits dans l'élevage proviennent du NO (situation la plus fréquemment rencontrée).

Cependant, tous les porcelets de 25kg ne viennent pas du NO et la zone d'origine des porcelets introduits a un effet sur la probabilité d'introduction. Trois scénarios supplémentaires ont donc été testés, sur la base des flux d'approvisionnement moyen de 2017 à 2021.

Pour le SO, P1 est comprise entre 0 et 5 % avec un mode de 1 % et P2 est comprise entre 0 et 60% avec un mode à 50 %. Pour le NE, P1 est comprise entre 0 et 5 % avec un mode de 1 % et P2 est comprise entre 0 et 90 % avec un mode à 80 %. Pour le SE, P1 est comprise entre 0 et 5 % avec un mode de 1 % et P2 est comprise entre 0 et 60 % avec un mode à 50 % (Tableau 28).

Tableau 28 : Estimation des probabilités P1 et P2 pour les porcelets de 25kg en fonction de leur provenance

Introduction	Provenance	Probabilité P1 (min max et mode)	Probabilité P2 (min max et mode)
Porcelets (25kg)	NO	90 à 100% avec un mode à 95%	0 à 90% avec un mode à 80%.
	NE	0 à 5% avec un mode à 1%	0 à 90% avec un mode à 80%.
	SO	0 à 5% avec un mode à 1%	0 à 60% avec un mode à 50%.
	SE	0 à 5% avec un mode à 1%	0 à 60% avec un mode à 50%.

Une distribution Pert a été utilisée lorsque les experts ont pu estimer les valeurs minimale, modale et maximale d'une distribution. Il s'agit d'une distribution alternative (plus plausible) à la distribution triangulaire. Une distribution uniforme a été utilisée lorsque les experts ont pu estimer seulement les valeurs minimale et maximale d'une distribution (équiprobabilité que la valeur réelle se situe entre ces deux valeurs) (Tableau 27).

De la même manière que pour les cochettes et les porcelets de 8kg, les experts ont souhaité intégrer dans le modèle des mesures de réduction du risque d'introduction d'un swIAV par le biais des porcelets de 25 kg.

Ainsi, trois mesures ont été prises en compte :

➤ 1) Le statut des animaux introduits (dépistage des animaux avant introduction)

Il est possible de tester collectivement les porcelets de 25 kg en les faisant mordiller une cordelette. En effet, en PS, l'intérêt pour la corde augmente de manière significative jusqu' à l'âge de 6-7 semaines (proche de 100 % pour les porcelets de 25 kg).

Pour l'instant, aucun dépistage n'est réalisé chez les porcelets avant leur départ. Le modèle développé permet de tester cette hypothèse en prenant en compte la sensibilité du test de dépistage.

➤ 2) Les mesures de biosécurité

L'efficacité des mesures structurelles de biosécurité a déjà été prise en compte dans l'évaluation de la probabilité P5 en fonction des voies de transmission.

La vaccination des porcelets de 25 kg n'est actuellement pas pratiquée (pour des raisons économiques principalement), elle n'est pas prise en compte dans le modèle.

Ensuite 1 000 simulations Monte Carlo ont été réalisées, avec le logiciel @RISK 7.6, afin d'obtenir les distributions de probabilités résultantes P6 à P7 reprises au Tableau 21. Les résultats sont résumés dans le Tableau 29.

Tableau 29: Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P6 et P7 relative aux porcelets de 25 kg (probabilité moyenne, écart type et médiane)

Scénario	Probabilité	Paramètre	Région d'origine				
			NO	SO	NE	SE	
Scénarios avec les flux d'approvisionnement moyens de 2017 à 2022	Animaux	P6	Moyenne	0,888580	0,888850	0,887260	0,888780
			Ecart type	0,180140	0,184220	0,183600	0,182540
			Médiane	0,982380	0,984840	0,981700	0,983700
Scénarios avec les flux d'approvisionnement moyens de 2017 à 2022	Lots	P7	Moyenne	0,957980	0,035710	0,055110	0,036340
			Ecart type	0,078010	0,029990	0,044660	0,032900
			Médiane	0,993070	0,027430	0,042090	0,026020

➤ 3) Evaluation de la situation en fonction de l'origine géographique des porcelets de 25 kg introduits (changement par rapport au scénario de base)

En vue de proposer une option de gestion relative à un changement de provenance des porcelets introduits dans un élevage du NO, les experts ont testé un scénario où les porcelets proviendraient entre 90 et 100% du SO, région où la prévalence d'influenza porcine est plus faible (et non plus entre 90 et 100 % du NO, scénario de base). Pour envisager ce scénario (qui est fictif), la P1 du NO du scénario de base a été appliquée à la P1 du nouveau scénario, et la P1 du SO du scénario de base a été appliquée à la P1 du nouveau scénario. Comme P1 entre dans le calcul de la P7 (probabilité que des lots introduits en provenance d'une région déterminée transmettent un swIAV aux animaux de destination), l'effet de ces changements de provenance a été estimé par modélisation sur la probabilité P7.

Ensuite 1 000 simulations Monte Carlo ont été réalisées, avec le logiciel @RISK 7.6, afin d'obtenir les distributions de probabilités résultantes P7 reprises au Tableau 21. Les résultats sont résumés dans le Tableau 30.

Tableau 30 : Résultats des simulations permettant d'estimer les probabilités P7 relatives aux changements de provenance des animaux

Scénario		Probabilité	Paramètre	NO avec P1 de SO	SO avec P1 de NO
Scénario avec changement de provenance des animaux	lots	P7	Moyenne	0,05844	0,88640
			Ecart type	0,04678	0,12883
			Médiane	0,04591	0,93287

La valeur de P6 était très élevée pour des porcelets de 25 kg quelle que soit l'origine géographique alors que la valeur de P7 était très élevée pour des porcelets provenant du NO et faible (probabilité de 2.10^{-2} à 4.10^{-2}) pour des porcelets de 25 kg provenant d'autres régions avec par ordre décroissant de probabilité (SE \approx SO > NE).

La probabilité pour un an que des lots introduits de porcelets de 25kg transmettent un swIAV aux animaux de destination (porcs d'un élevage du NO) est estimée entre 8 et 9 sur l'échelle Afssa 2008 pour des porcelets en provenance du NO (probabilité annuelle médiane de $99,31.10^{-2}$) et entre 6 et 7 pour des porcelets en provenance du SO (probabilité annuelle médiane de $2,74.10^{-2}$) en tenant compte de la situation épidémiologique des cinq dernières années. Cela est dû au fait que la majorité des lots proviennent du NO.

Dans le scénario alternatif avec changement de provenance des animaux, si les porcelets de 25 kg proviennent majoritairement du SO plutôt que du NO, la probabilité est réduite d'un facteur environ 21.

Une analyse de sensibilité a ensuite été réalisée (Annexe 18). Elle permet de visualiser les paramètres d'entrée qui ont le plus d'influence sur le résultat final. Les trois entrées les plus critiques du modèle d'évaluation quantitative du risque ont ainsi été identifiées.

Pour l'analyse de sensibilité de P6, il ressort que les paramètres ayant le plus d'influence sur le résultat final (par ordre d'importance décroissante des coefficients) sont le nombre d'animaux introduits (NAE), le nombre de lots d'animaux introduits (NTE) et la transmission indirecte (CIDEIv, prise en compte dans P5).

Pour l'analyse de sensibilité de P7, il ressort que les paramètres ayant le plus d'influence sur le résultat final (par ordre d'importance décroissante des coefficients) sont la valeur de P2 (probabilité que les porcelets introduits proviennent d'un élevage infecté de grippe porcine), le nombre de lots d'animaux introduits (NTE) et le nombre de lots d'animaux introduits (NTE).

7.3.1.4 Cas de l'introduction de swIAV dans un élevage porcin français par le biais des animaux en provenance d'un état membre de l'UE

Si on considère la probabilité d'introduction par les porcs échangés au sein de la zone UE, la probabilité P2 (probabilité que les porcs échangés proviennent d'un élevage infecté de grippe porcine) dépend des pays d'où proviennent les porcs (données disponibles dans TRACES), du type d'élevage (sélection ou autres) et de la prévalence dans les pays qui échangent des porcs avec la France (idéalement il faudrait obtenir des données de séroprévalence).

Pour étudier le risque d'introduction par le biais des porcs échangés, les experts se sont fondés sur les données TRACES de 2017 à 2021 (Annexe 19). Les données de TRACES NT (*Trade Control and Expert System New Technology*, système qui remplace TRACES Classic) depuis novembre 2021) n'ont pas été exploitées dans la mesure où il n'est plus possible dans ce nouveau système d'information de différencier les reproducteurs des porcs à l'engraissement.

La France reçoit principalement des cochettes en provenance du Danemark (89% des échanges de cochettes dans le NO, 64% dans le NE, 67% dans le SO).

Les échanges de porcelets de 8 kg et de 25 kg destinés à l'engraissement concernent majoritairement le NE de la France, et les animaux proviennent principalement de Belgique (puis Pays Bas, Danemark et Allemagne).

Des animaux issus d'autres pays de l'UE et non contrôlés vis à vis des swIAV sont donc introduits en France et sont donc susceptibles d'introduire des swIAV, comme en témoignent les résultats de la surveillance événementielle. Ainsi, dans le NE, beaucoup de porcs destinés à l'engraissement proviennent de Belgique, ce qui pourrait expliquer les détections sporadiques de virus H3N2 et H1_{pdm}N2 dans cette région (voir section 4.2.1).

Enfin, les experts souhaitent souligner qu'à la faveur des mouvements intra-France de porcs, un virus introduit *in toto* depuis un autre pays dans une région donnée peut se propager dans une autre région. C'est ce qui a été observé suite à l'introduction du nouveau virus H1_{av}N2#E (HA clade 1C.2.4) qui a émergé dans le NO en 2020 et qui s'est propagé dans le SO et le SE (voir section 4.2.2).

7.3.1.5 Cas de l'introduction de swIAV dans un élevage porcin par le biais des porcs qui participent à des concours/rassemblements

La participation des animaux à des concours ou à des rassemblements est à prendre en compte dans le risque d'introduction de swIAV par des animaux vivants.

En France, mis à part le salon international de l'agriculture et quelques foires locales, il y a très peu d'événements pour lesquels des porcs sont déplacés pour être regroupés et exposés dans un lieu public. Lorsque cela se réalise, cela concerne moins de 10 animaux en général (voire une truie avec sa portée de porcelets) et ces animaux sont généralement issus d'un seul élevage.

Ainsi, les experts estiment que la probabilité d'introduction d'un swIAV suite au retour de porcs dans un élevage après un rassemblement est extrêmement réduite.

7.3.2 Introduction d'un virus influenza A dans un élevage porcin par le biais d'êtres humains

Différents intervenants dans un élevage porcin sont susceptibles de transmettre un IAV aux porcs, à savoir un éleveur et sa famille, un vétérinaire, un technicien, un dératiseur, une société de lavage, des commerciaux et des artisans (voir profil de risque en Annexe 20).

Pour estimer la probabilité de transmission aéroportée des virus influenza A H1N1pdm09 et H3N2, de l'être humain au porc, les experts ont :

- élaboré un schéma reprenant les différents événements à prendre en compte dans cette transmission dans le cadre du modèle;
- traduit chaque événement en probabilité et recherché les données d'entrées permettant d'estimer ces différentes probabilités ;
- développé un modèle mécanistique et probabiliste permettant d'estimer cette probabilité d'introduction ;
- obtenu les données de sorties du modèle (résultats).

7.3.2.1 Représentation schématique des évènements conduisant à la transmission

La Figure 17 reprend le schéma listant les différents évènements conduisant à la transmission (notés comme ① ② ③ ④ ⑤ ⑥ ⑦ ⑧) et expliqués ci-dessous.

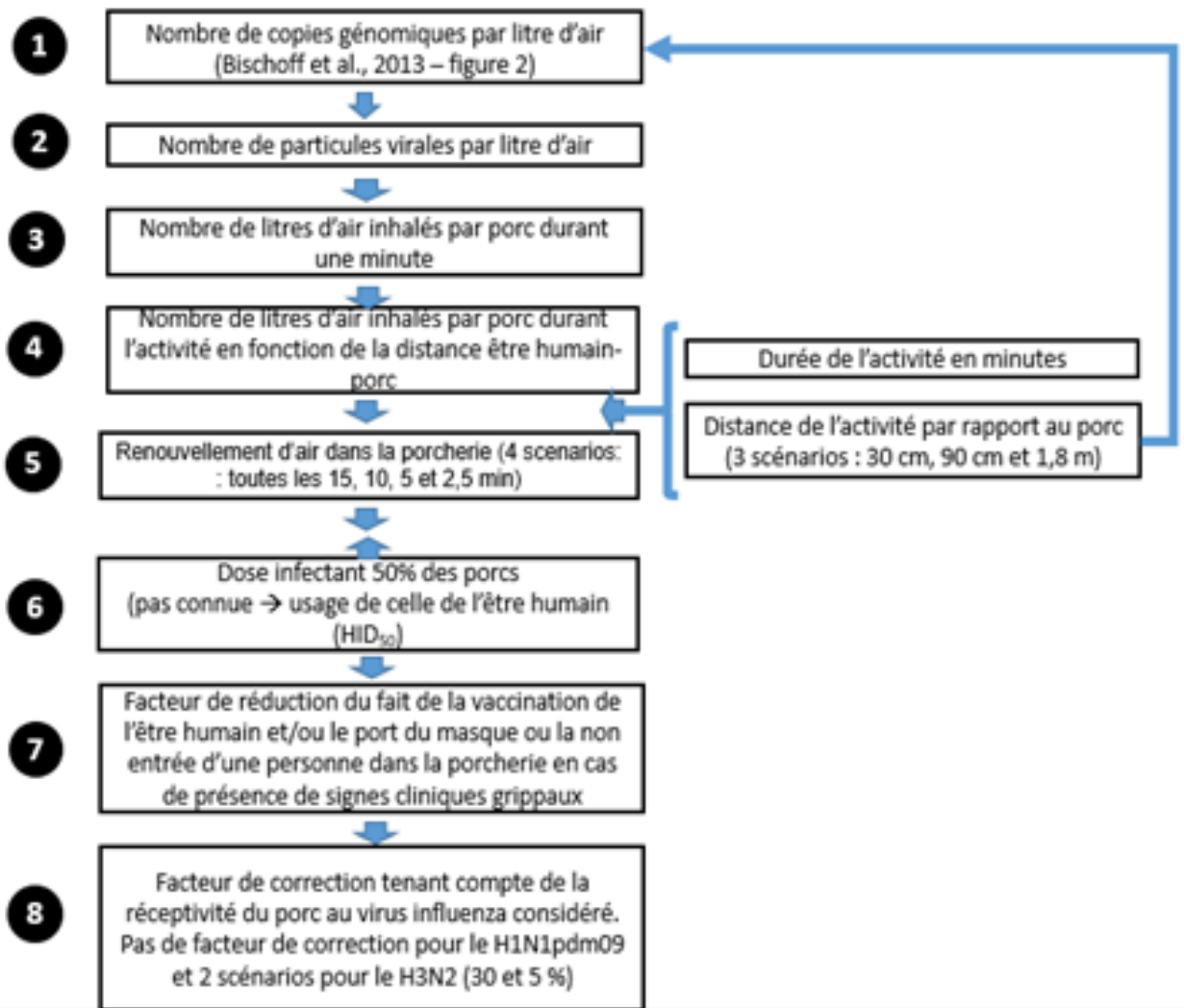


Figure 17. Succession d'évènements à prendre en compte dans le cadre du modèle pour la transmission aéroportée du IAV H1N1pdm09 ou du IAV H3N2 de l'être humain au porc

- ❶ Le nombre de copies génomiques présentes par litre d'air ambiant dans une salle où un être humain infecté excrète du IAV a été estimé par les experts en se fondant sur les données de la figure 2 de l'article de Bischoff et al (Bischoff *et al.* 2013).
- ❷ Les experts ont fait l'hypothèse que chaque copie génomique correspondait à une particule virale. Cette hypothèse est fréquemment utilisée dans la littérature scientifique, même si elle surestime le risque. De la sorte, un nombre de particules virales par litre d'air ambiant a été calculé.
- ❸ Le nombre de litres d'air inhalé par un porc adulte a été estimé en tenant compte des paramètres suivants : 260 à 310 millilitres d'air par inhalation multiplié par 15 à 24 inhalations par minute (Swindle 2016).
- ❹ Le nombre total de litres d'air susceptible de contenir des particules infectieuses d'IAV d'origine humaine inhalées par un porc dépend du temps d'activité (en minutes) de l'être humain à sa proximité. Deux types d'activités humaines ont été considérées sur la base d'avis d'experts : des activités ponctuelles de 15 minutes et des activités plus longues de 90 minutes (pratique de la vaccination par exemple). La distance entre l'être humain (émetteur) et le porc (récepteur) pour une activité donnée a également été prise en compte grâce aux données figurant dans la publication de Bischoff et al (Bischoff *et al.* 2013). Ceux-ci ont constaté que le nombre de copies génomiques dans l'air diminuait si la distance à la source émettrice augmentait. Dans cette publication, trois distances ont été considérées : 1, 3 et 6 pieds

(*foot/feet*), ce qui correspond à environ 30, 90 et 180 centimètres de distance. L'effet de la distance à laquelle est pratiquée l'activité a été pris en compte en utilisant comme charge initiale dans l'air ambiant repris au point ❶, le nombre de copies génomiques répertorié dans l'article de Bischoff et al. pour chacune de ces trois distances (Bischoff *et al.* 2013).

❺ La ventilation (renouvellement de l'air ambiant) est un moyen qui contribue au confort thermique des porcs. Il est important que l'humidité relative et la température soient maintenues dans des limites précises (voir section 2.3). Lorsque le temps de renouvellement de l'air est supérieur au temps de l'activité de l'être humain, aucun effet sur la charge virale dans l'air n'a été pris en compte. Par contre, lorsque le temps de renouvellement de l'air est inférieur au temps d'activité, la charge virale dans l'air a été multipliée par un ratio qui est le rapport entre le temps d'activité et le temps de renouvellement de l'air. Par exemple, si le temps nécessaire au renouvellement est de 15 min et le temps d'activité de 90 minutes, la charge virale dans l'air a été réduite par un facteur 6 (soit 90/15).

En vue de déterminer le temps de renouvellement de l'air en élevage porcin, les experts ont interrogé un service technique spécialisé dans la gestion des bâtiments d'élevage. Ce service suggère l'application d'un renouvellement minimum d'air toutes les 15 minutes pour un élevage de porcs (Voir Annexe 21). Les experts ont considéré quatre scénarios pour un élevage de porcs : un renouvellement de l'air ambiant de respectivement 15, 10, 5 et 2,5 minutes. Ce renouvellement est dépendant du stade physiologique des porcs et des conditions météorologiques extérieures. Il est habituellement plus long pour le post-sevrage. À l'engraissement, la ventilation croît du début à la fin de la période de cette phase.

❻ La dose infectant 50 % des porcs n'est actuellement pas connue, ce qui est une source d'incertitude. Dans une première approche, les experts ont considéré la dose infectant 50 % des humains, qui elle est connue (HID₅₀). D'après plusieurs auteurs, la valeur basse de cette dose correspond à 90 copies génomiques et la valeur haute correspond à 1 950 copies génomiques (ou particules virales selon l'hypothèse reprise au point ❷) (Alford *et al.* 1966; Bischoff *et al.* 2013; Fabian *et al.* 2008; Tellier 2009). Ces deux seuils proviennent de l'agrégation des résultats de plusieurs études : une TCDI₅₀⁹⁷ représente entre 150 et 650 copies génomiques (Tellier 2009) et la HID_{50s} a été estimée être entre 0,6 et 3 TCID₅₀ (Alford *et al.* 1966). Ainsi, les deux seuils exprimés en nombre de copies génomiques sont de 90 (= 150 x 0,6) et 1 950 (= 650 x 3) (Alford *et al.* 1966; Bischoff *et al.* 2013).

❼ Tenant compte de la durée de l'activité durant laquelle l'être humain infecté est en contact avec les porcs (15 ou 90 min), de la distance entre l'être humain et les porcs durant l'activité mise en œuvre (30, 90 et 180 cm), différentes mesures de maîtrise de la transmission d'un virus influenza humain au porc ont été prises en compte, à savoir :

- la non entrée d'une personne dans l'élevage en cas de présence de signes cliniques grippaux,
- le port d'un masque FFP2⁹⁸ (sans valve) ou d'un masque chirurgical⁽⁹⁹⁾ avec un niveau de complétion du port du masque estimé à 90 % en cas de sensibilisation du personnel),
- la vaccination de l'être humain contre la grippe saisonnière,

⁹⁷ La TCID₅₀ est la quantité de virus nécessaire pour détruire ou induire un effet cytopathogène dans 50 % des cellules ou des cultures infectées.

⁹⁸ Pièce faciale filtrante (*Filtering Face-piece Particals*, FFP).

⁹⁹ La différence entre les masques chirurgicaux et les appareils de protection respiratoire (FFP1, FFP2 et FFP3) est expliquée sur le site de l'IRNS à l'adresse suivante : <https://www.inrs.fr/risques/biologiques/faq-masque-protection-respiratoire.html>.

- le port d'un masque FFP2 (sans valve) ou d'un masque chirurgical (dispositif médical répondant à la norme NF EN 14683) avec un niveau de complétion du port du masque estimé à 90 % associé à la vaccination humaine contre la grippe saisonnière.

L'efficacité de chaque type de masque, au regard de la diffusion de particules infectieuses de virus influenza A dans l'air ambiant par une personne infectée, est de 92 % pour les masques FFP2 sans valve (Guimon 2019). Il a été considéré que l'efficacité des masques FFP2 était la même pour un passage de virus de l'intérieur vers l'extérieur et de l'extérieur vers l'intérieur (HCSP. 2021)

L'efficacité des masques chirurgicaux a été évaluée vis-à-vis du virus influenza se trouvant dans des bio-aérosols (Leung *et al.* 2020; Loeb *et al.* 2009; Makison Booth *et al.* 2013). Globalement ces masques réduisent l'exposition aux bio-aérosols contenant des virus influenza A. Leur performance est estimée par le ratio entre le titre de virus influenza trouvé dans l'air ambiant (côté externe au masque) et le même titre dans l'air du côté interne du masque. Ce ratio est variable d'un type de masque à un autre (de 1,1 à 55) mais est en moyenne de 10 (Makison Booth *et al.* 2013), ce qui correspond à une efficacité d'environ 90 %. Toutefois cette efficacité concerne surtout les particules (*droplets*) de taille supérieure à 5 µm (Leung *et al.* 2020).

L'inconvénient des masques FFP2 par rapport aux masques chirurgicaux est leur inconfort s'il n'y a pas de valve d'expiration. Or, pour protéger son entourage, il faudrait obligatoirement porter un masque sans valve (Guimon 2019). Il est donc plus intéressant et plus confortable de faire porter un masque chirurgical aux personnes potentiellement atteintes d'une infection respiratoire¹⁰⁰. Dans un essai randomisé chez des infirmières, l'efficacité des masques chirurgicaux portés par le personnel soignant pour protéger les patients en regard des cas confirmés d'influenza était équivalente aux respirateurs à masques filtrants de type N95¹⁰¹ (Loeb *et al.* 2009). Prenant en compte les éléments repris ci-dessus, les experts ont retenu pour l'exercice de modélisation une efficacité globale des masques chirurgicaux de 90 % pour empêcher la diffusion de virus influenza A dans l'air ambiant.

Pour l'efficacité de la vaccination des humains pour la grippe saisonnière, une méta-analyse a été prise en compte (Belongia *et al.* 2016). Dans cette méta-analyse, les efficacités moyennes suivantes ont été considérées :

- 73 % pour un virus influenza A du lignage H1N1pdm09 ;
- 33 % pour un virus influenza A d'un lignage H3N2 qui est proche, au niveau antigénique, de la souche vaccinale (souches distantes de quatre unités hémagglutinantes au maximum) ;
- 23 % pour un virus influenza A d'un lignage H3N2 plus distant de la souche vaccinale (souches distantes de plus de quatre unités hémagglutinantes).

⑧ Enfin, un facteur de correction de la réceptivité du porc au virus influenza A humain considéré a été pris en compte par les experts :

- pour le virus H1N1pdm09, la réceptivité a été estimée de 100 % (scénario maximaliste). Malgré le fait qu'il y ait une barrière d'espèces à franchir et même si on peut distinguer des génogroupes de virus H1N1pdm09, les souches en circulation chez l'être humain et chez le porc restent encore relativement proches d'un point de vue antigénique. Les experts n'ont pas objectivé une potentielle baisse de réceptivité du porc au virus saisonnier contemporain chez l'être humain. Dès lors, un scénario

¹⁰⁰ <https://www.inrs.fr/media.html?refINRS=A%20763>. Lien vérifié le 18/06/24.

¹⁰¹ Le terme « N95 » désigne deux aspects : le N indique que le respirateur ne résiste pas à l'huile et le 95 se rapporte à l'efficacité de filtration du respirateur, c'est-à-dire qu'au moins 95 % des particules sont filtrées.

maximaliste avec une réceptivité de 100 % a été pris en compte. Toutefois, un facteur de correction pourra être apporté si des informations deviennent disponibles et attestent d'une diminution de la réceptivité du porc (notamment si le virus H1N1pdm09 est humanisé à tel point qu'il soit moins aisément transmis aux porcs) ;

- pour le virus H3N2, deux scénarios ont été pris en compte par les experts : 30 et 5 % de réceptivité. En effet, même lors des épidémies de grippe saisonnière principalement dues à un virus H3N2 chez l'être humain, le nombre de cas détectés chez le porc par la surveillance événementielle est resté très rare (Chastagner, Enouf, *et al.* 2019). (paragraphe 4.2.2).

7.3.2.2 Résultats

Pour les modèles stochastiques élaborés par les experts, faute d'obtention des données brutes de la figure 1 de l'article de Bischoff *et al.* (concentrations en copies génomiques virales de l'aérosol produit par chaque personne durant 20 minutes), il n'a pas pu être pris en compte le fait que, d'après ces auteurs, certains humains (environ 20 %) excrètent plus de 32 fois plus de virus que le reste de la population (cas des *super shedders*) (Bischoff *et al.* 2013). Les estimations présentées sont donc moyennées.

Dans les modèles utilisés, 1 000 itérations ont été réalisées et les résultats finaux sont présentés comme le nombre de fois où ces itérations aboutissent à l'infection d'un porc. En complément, les résultats sont aussi présentés sous la forme de pourcentage.

Les tableaux en Annexe 22 reprennent ces nombres d'itérations aboutissant à l'infection d'un porc sur un total de 1 000 itérations (pourcentages également) selon différents scénarios.

Des différents scénarios envisagés (voir Annexe 22), il ressort que :

Pour le virus H1N1pdm09

- ne prendre aucune mesure de protection maximalise la probabilité de transmission du virus de l'être humain au porc. Ainsi, si la valeur basse de la dose infectant 50 % des humains (HID₅₀) est prise en compte à défaut de connaître celle du porc, environ 17 % à 97 % des itérations correspondent à une transmission du virus H1N1pdm09 au porc en fonction du scénario envisagé. Ce pourcentage se situe entre 0 % et 39 % si on tient compte de la valeur haute de l'HID₅₀ ;
- l'augmentation de la ventilation (renouvellement d'air de la porcherie exprimé en minutes) diminue la probabilité de transmission du IAV de l'être humain au porc. Ce facteur de réduction est de l'ordre de 14 % à 69 % en fonction de la distance de l'activité entre l'être humain et le porc (plus basse quand la distance est plus grande) et en considérant la valeur basse de l'HID₅₀. Il est de 0 % à 39 % en considérant la valeur haute de l'HID₅₀ ;
- dans tous les scénarios envisagés, la non entrée de l'être humain dans l'élevage en cas de signes cliniques grippaux permet de réduire à zéro la probabilité de transmission du virus influenza de l'être humain au porc. Toutefois, l'excrétion du virus influenza est possible en l'absence de signes cliniques (Suess *et al.* 2012). Dans les scénarios envisagés, la vaccination contre le virus de la grippe saisonnière couplée au port d'un masque FFP2 sans valve et correctement porté permet d'atteindre une réduction similaire de la probabilité de transmission du virus influenza de l'être humain au porc (1 % de transmission) ;
- chez un individu vacciné, le remplacement d'un masque FFP2 sans valve (le plus efficace) par un masque chirurgical (plus confortable) réduit la même probabilité de transmission à un maximum 9 % en cas de ventilation minimale. Si on augmente la ventilation et/ou la

distance d'activité entre l'être humain et les porcs (ce qui n'est pas toujours possible), on réduit davantage encore cette probabilité.

Pour le virus H3N2 :

- de manière générale, les résultats obtenus pour les différents scénarios envisagés par les experts sont similaires. Toutefois, les pourcentages des itérations se traduisant par une infection du porc par le virus H3N2 à partir de l'être humain sont inférieurs pour les souches H3N2 proches de la souche vaccinale en comparaison des souches H3N2 plus distantes de la souche vaccinale ;
- les mesures les plus efficaces envisagées pour réduire la probabilité de transmission sont identiques aux mesures concernant le virus influenza A N1H1pdm09.

Plus globalement, les résultats des scénarios envisagés indiquent clairement que la conjonction des mesures suivantes permet de réduire drastiquement la probabilité de transmission des virus H1N1pdm09 et H3N2 de l'être humain au porc :

- la non entrée du personnel présentant des signes cliniques dans les porcheries ;
- la vaccination du personnel entrant en contact avec les porcs contre la grippe saisonnière ;
- le port d'un masque chirurgical (plus confortable) ou FFP2 sans valve (plus efficace) ;
- une ventilation optimale des bâtiments permettant un renouvellement de l'air suffisant (tout en évitant le stress thermique des porcs).

7.3.3 Introduction d'un virus influenza A dans un élevage porcin par le biais des autres sources classées prioritaires

➤ Introduction d'un IAV par les flux d'air

La transmission d'IAV au porc relève des mêmes voies que la transmission des swIAV du porc vers l'être humain, et notamment par le biais des aérosols.

En outre, des éléments sont à prendre en considération pour évaluer l'introduction de virus influenza A par la voie aéroportée :

- la densité d'élevages porcins dans la zone de l'élevage et la proximité avec d'autres élevages (avicoles, mixtes) ;
- la position de l'élevage par rapport aux vents dominants, la topographie de l'élevage sur le plan géographique (colline, vallée) et la présence de barrières physiques (les haies).

➤ Introduction d'un IAV par le biais de camions transportant des animaux vivants

Comme évoqué précédemment (section biosécurité), les véhicules transportant des animaux entre élevages ou vers l'abattoir ainsi que les chauffeurs de ces véhicules peuvent transmettre des agents pathogènes. En plus des mesures de nettoyage et désinfection prévues, il existe dans les élevages des installations destinées aux départs et aux arrivées des animaux afin de limiter l'introduction et la propagation des maladies. La probabilité d'introduction augmente lors de tournées multi-sites et notamment si des camions déjà chargés entrent dans un élevage pour y charger des animaux avant leur conduite à l'abattoir (données non disponibles).

Il est à noter que cette probabilité est moindre lorsqu'il n'y a pas d'animaux dans les véhicules et que les échanges de matériel agricoles peuvent représenter un facteur de risque d'introduction.

8 Persistance d'un virus influenza A dans un élevage porcin

8.1 Schéma évènementiel

Les experts ont tout d'abord identifié et listé les différents facteurs et les flux d'air et d'animaux contribuant à la persistance d'IAV au sein d'un élevage (Figure 18). Les flux d'êtres humains et le respect de la marche en avant ne sont pas pris en compte. D'après les experts, le rôle de l'être humain qui serait transporteur du virus d'un compartiment à l'autre parce qu'il ne respecte pas les mesures de biosécurité interne semble négligeable par rapport à ce que représentent le nombre important d'animaux excréteurs et les circuits d'air qui ne sont pas toujours bien conçus dans les élevages.

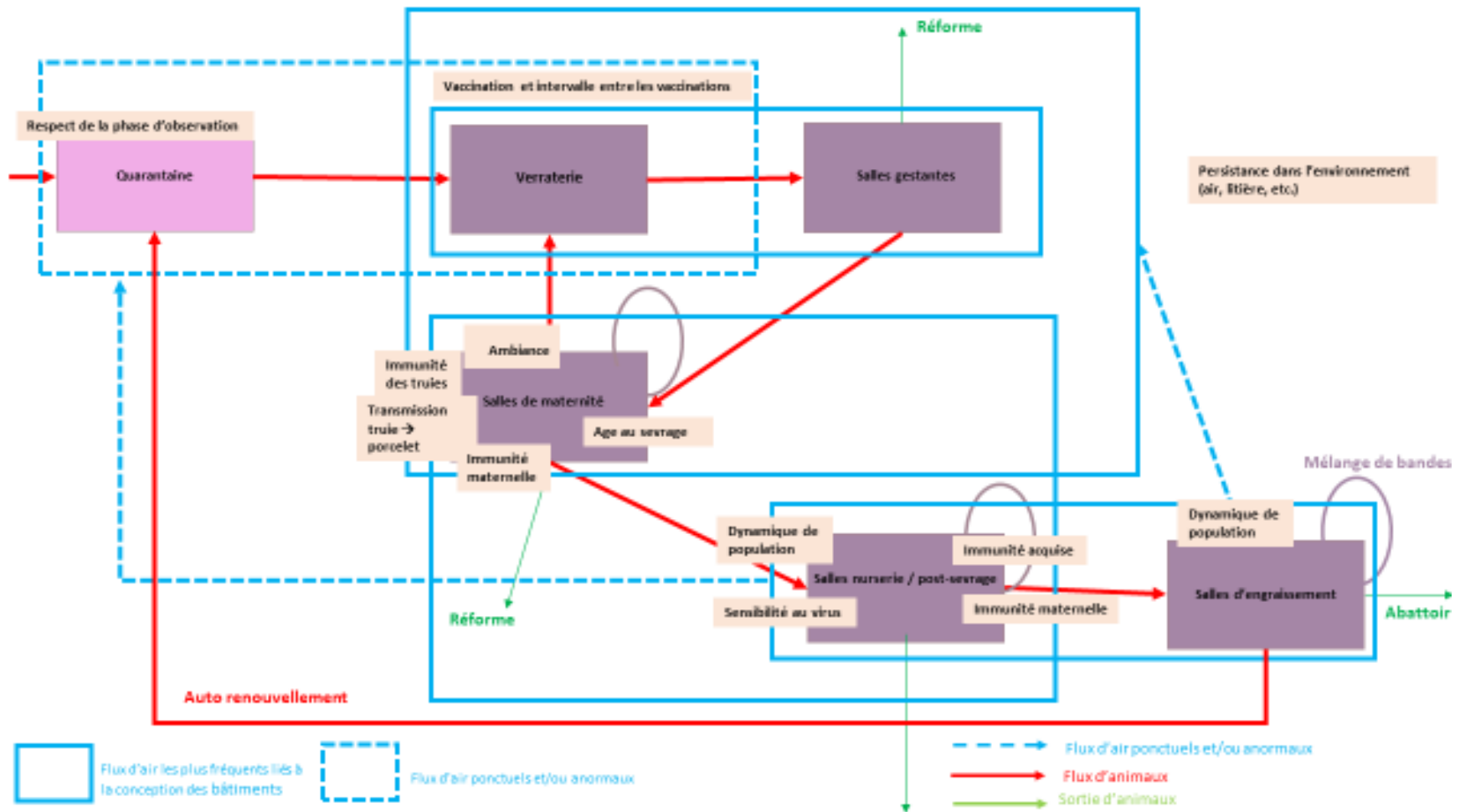


Figure 18 : Schéma évènementiel des différents facteurs favorisant la persistance d'IAV au sein d'un élevage de porcs

8.2 Modèle développé

8.2.1 Éléments de contexte

Les travaux effectués dans le cadre de ce groupe de travail pour répondre à la question 2 résultent de la combinaison d'un modèle dédié aux problématiques des swIAV (Cador, Rose, *et al.* 2016) et de développements récents permettant une représentation fine de populations structurées à l'aide de systèmes multi-agents multi-niveaux (V. Sicard, Andraud et Picault 2021; Vianney Sicard, Andraud et Picault 2022). La contribution de la modélisation à la meilleure compréhension de la dynamique infectieuse a déjà été démontrée, au travers de l'étude de la co-circulation de virus influenza au sein d'un élevage. Ces travaux ont permis d'évaluer **(i) la fréquence de co-infections pouvant impliquer la génération de virus réassortants, (ii) les facteurs de conduite d'élevage associés à la persistance, et (iii) les mesures de maîtrise** fondées sur différents **protocoles vaccinaux** ou d'**externalisation temporaire** d'une partie des bandes en post-sevrage (Cador *et al.* 2017). Ainsi, les réponses à la question 2, relatives à l'impact du type de conduite en bande sur la persistance, à l'efficacité de la vaccination et de ses protocoles sur la maîtrise de la persistance enzootique ainsi que les autres mesures possibles envisagées pour l'assainissement (externalisation de bandes), reposent sur les travaux de modélisation réalisés précédemment (voir sections 4.3.4 et 4.3.5).

Pour ce faire, la dynamique de population était représentée dans un élevage générique, dont les caractéristiques étaient prédéfinies par les contraintes liées aux conduites en bandes (e.g. nombre de salles, durées des stades physiologiques). L'approche développée plus récemment, fondée sur le système multi-agents multi-niveaux (Picault *et al.* 2019), vient compléter cette approche en offrant la possibilité de représenter plus spécifiquement et de manière explicite des configurations d'élevages telles que rencontrées dans les exploitations porcines, avec une structuration spatio-temporelle et une organisation sociale propres (V. Sicard, Picault et Andraud 2022). Ainsi, différentes voies de transmission peuvent être intégrées dans le modèle épidémiologique permettant une représentation des structures de transmission par contact et par voie aéroportée, ou d'identifier des leviers d'action pour limiter la persistance du virus dans les élevages. Cette approche a été spécifiquement mise en œuvre dans le cadre du GT pour répondre aux points de la question 2 relatifs à **l'impact de la structuration des élevages et des circuits d'air** sur la persistance des virus influenza en élevage. Afin de répondre à cette question, trois typologies d'élevages ont été sélectionnées avec des structures spatiales et populationnelles définies à partir de plans de masse d'élevages réels et représentatifs de la diversité rencontrée sur le terrain (C. Trombani BreizhPig, Communication personnelle).

8.2.2 Matériel et méthodes

8.2.2.1 Structures d'élevages

Trois typologies d'élevages naisseur-engraisseur ont été identifiées et sont schématiquement représentées dans la Figure 19. Pour chaque élevage, les entrées et sorties d'air, ainsi que les flux d'animaux ont été documentés à partir de données observationnelles.

A. Bâtiments séparés

Dans cette configuration, les différents secteurs de production (voir section 2.2.1.) sont localisés dans des bâtiments spécifiques et indépendants, limitant les transmissions aéroportées entre les porcs de différents stades physiologiques via les circuits d'air. Une conduite en sept bandes est prise en compte, pour une taille de troupeau de 220 truies, avec un intervalle inter-bandes de trois semaines.

B. Élevage intermédiaire : connectivité importante entre les reproducteurs et le secteur de post-sevrage

Bien que les secteurs soient relativement indépendants, cette configuration prend en compte une forte communication entre les secteurs de verraterie et de maternité partageant une entrée d'air commune située dans un couloir central, et entre le secteur maternité et celui de post-sevrage. Cet élevage est conduit en 10 bandes, avec une capacité de 600 truies et un intervalle inter-bandes de 14 jours.

C. Élevage « tout sous un même toit »

Cette configuration correspond à un élevage dont l'ensemble des secteurs est hébergé dans un même bâtiment, avec un couloir central dans lequel se situent les entrées d'air desservant chaque secteur. Dans le cas présenté ici, seul un sous-secteur d'engraissement est localisé dans un bâtiment isolé. Le quai d'embarquement de charcutiers est situé à l'entrée de l'élevage et nécessite la traversée de l'ensemble du couloir par des porcs potentiellement excréteurs. Cet élevage est conduit en 10 bandes, avec une capacité de 600 truies et un intervalle inter-bandes de 14 jours.

Les trois configurations choisies pour le modèle épidémiologique correspondent à trois élevages réels correspondant à des situations habituellement rencontrées, pour lesquels la connaissance des circuits d'air et des mouvements d'animaux étaient bien connus et qui étaient concernés par la problématique influenza. Ce modèle pourrait être adapté à d'autres configurations.

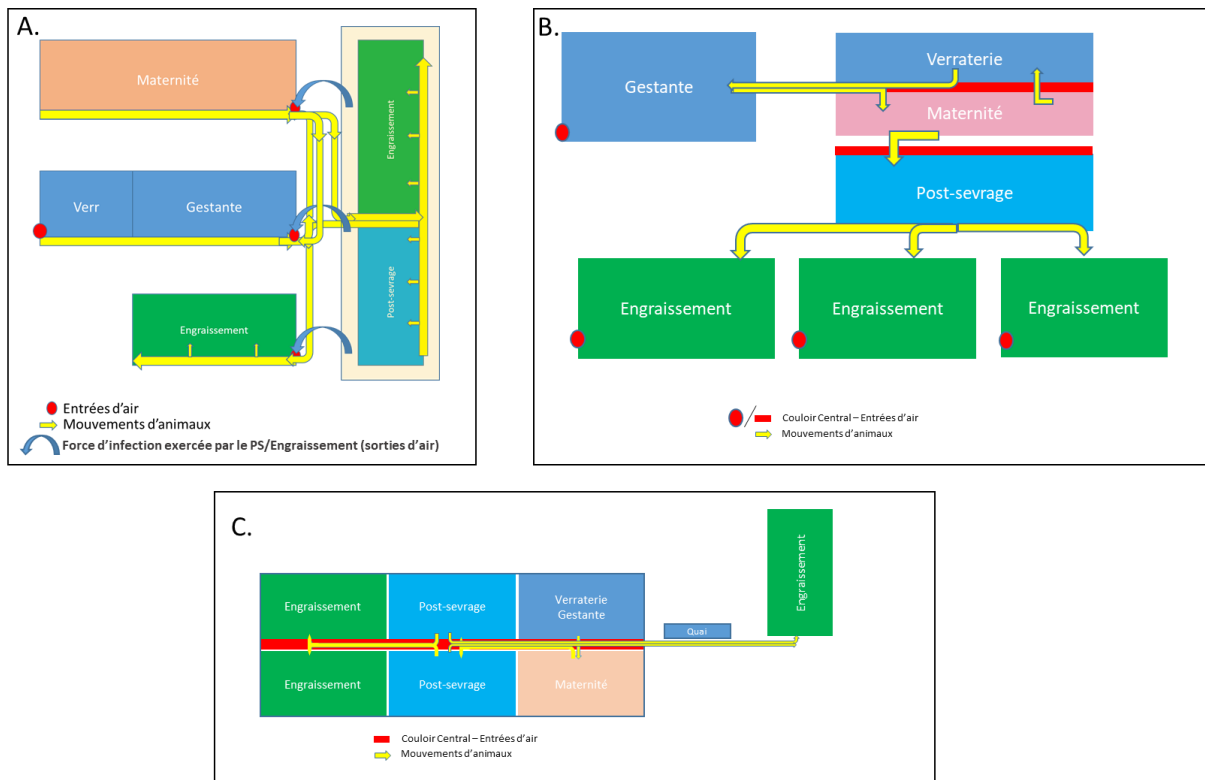


Figure 19 : Représentation des trois configurations d'élevage naisseur-engraisseur utilisées dans le modèle de persistance (représentation des mouvements d'animaux et du positionnement des entrées). Dans les configurations B et C, les sorties d'air ne sont pas représentées car la problématique n'est pas liée aux sorties d'air du bâtiment qui sont en toiture donc non exposantes mais à la présence de couloirs partagés entre plusieurs compartiments au sein d'un même bloc.

8.2.2.2 Modèle épidémiologique et voies de transmission

Le modèle épidémiologique est fondé sur celui développé précédemment par Cador et al. (Cador, Rose, *et al.* 2016). Fondé sur un modèle SIR (Sensible-Infectieux-Retiré), il prend en compte des spécificités épidémiologiques des infections à swIAV (Figure 20): protection clinique partielle liée à l'immunité maternelle (Cador, Hervé, *et al.* 2016), possibilité d'infections secondaires après perte d'immunité suite à une primo-infection (Cador, Rose, *et al.* 2016). Les paramètres utilisés dans le modèle sont extraits de la littérature (Cador, Hervé, *et al.* 2016; W.L.A. Loeffen *et al.* 2003; Romagosa *et al.* 2011; Rose *et al.* 2013). Les différents paramètres sont résumés dans le Tableau 31. Le cadre de modélisation multi-agents multi-niveaux permet la représentation explicite des configurations structurelles des élevages réels et des hypothèses de transmission aéroportée mettant en lien des secteurs de l'élevage *a priori* indépendants.

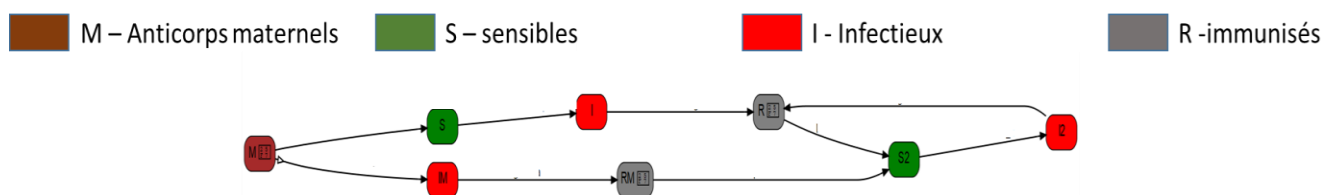


Figure 20 : Représentation schématique du modèle épidémiologique à compartiments utilisé pour étudier la persistance intra-troupeau des swIAV

Tableau 31 : Paramètres utilisés¹⁰² dans le modèle épidémiologique

Paramètre	Définition	Source	Valeur
β	Taux de transmission par contact direct	Cador <i>et al.</i> (2016b)	2.43
β_{air}	Taux de transmission par voie aéroportée	Cador <i>et al.</i> (2016b)	0.1
ε	Facteur de réduction de la sensibilité chez les porcelets avec AOM	Cador <i>et al.</i> (2016b)	0.39
γ	Taux de transition I \rightarrow R (inverse de la durée de période infectieuse)	Cador <i>et al.</i> (2016b)	1 / 6.1
σ	Durée de l'immunité active (jours)	White <i>et al.</i> (2017) Cador <i>et al.</i> (2016b)	120
σ_m	Durée de persistance des anticorps d'origine maternelle (jours; moyenne d'une loi gamma)	Markowska-Daniel (2011) Cador <i>et al.</i> (2016b)	70

La voie de transmission principale prise en compte dans le modèle repose sur une transmission intra-bande par contact. Une transmission par voie aéroportée est également considérée pour représenter la transmission entre secteurs, selon deux modalités étudiées indépendamment :

- une **transmission par voie aéroportée continue** entre les secteurs ayant des liens dus à leur positionnement spatial relatif dans l'élevage.
Ainsi dans la configuration A, une exposition des secteurs de maternité, verraterie et gestante par l'excrétion des animaux du secteur de post-sevrage/engraissement vers les entrées d'air a été prise en compte (scenario A1).
Pour la configuration B, une communication continue entre les secteurs de verraterie, maternité et post-sevrage est considérée (scenario B1).
Enfin pour la configuration C, l'ensemble des secteurs est exposé de manière permanente, exception faite d'une partie de l'engraissement situé dans un bâtiment isolé (scenario C1) ;
- les scénarios A2, B2 et C2 prennent en compte une **transmission par voie aérienne de manière ponctuelle** au moment des mouvements d'animaux entre les différents secteurs, exposant les animaux des secteurs de destination mais également les animaux des secteurs exposés par les entrées d'air lorsque celles-ci sont positionnées à proximité des zones de passage. Sous cette hypothèse, il est considéré que les transmissions continues par voie aérienne sont maîtrisées et qu'il ne subsiste qu'un risque ponctuel d'exposition de certains secteurs à la faveur de déplacements d'animaux excréteurs.

8.2.2.3 Description des dynamiques d'infection observées selon les trois configurations d'élevage et les hypothèses de transmission par voie aéroportée

Les structures d'élevages A et B montrent des dynamiques d'infection similaires (sur la base des hypothèses de transmission spécifique à chacun des élevages), malgré une plus forte connectivité entre les secteurs dédiés aux reproducteurs et le secteur de post-sevrage dans la configuration B. Les effectifs impliqués diffèrent compte-tenu de la taille des élevages A (200

¹⁰² Dans la phase d'immunité active, les animaux sont dans le stade R, ils ne peuvent donc pas être infectés (aspect fonctionnel du modèle).

truies) et B (600 truies). La configuration C (« tout sous un même toit ») conduit systématiquement à une forme enzootique avec une variabilité très limitée, bien que les processus soient modélisés de manière identique aux deux autres configurations.

- **Transmission aéroportée continue**

Quelle que soit la configuration de l'élevage, l'introduction d'un swIAV dans le cheptel reproducteur induit initialement un pic d'allure épizootique touchant très rapidement l'ensemble de l'élevage, notamment lorsqu'une transmission par voie aéroportée permanente entre les secteurs d'élevage est représentée (Figure 21, A1, B1, C1). Sur le plan des mécanismes, la dynamique infectieuse observée est liée (voir Annexe 23) à la mise en place d'une immunité collective qui intervient suite au pic épizootique, réduisant l'incidence dans le troupeau reproducteur. Ce phénomène se traduit par une persistance à bas bruit dans la population de truies, liée à la décroissance progressive de l'immunité et à l'introduction de cochettes sensibles pour le renouvellement. Ainsi, une majorité de truies ont des anticorps spécifiques dirigés contre swIAV au moment de la mise-bas, qui sont transmis à leurs porcelets à travers la prise colostrale. Cette immunité passive ne protégeant que partiellement vis-à-vis des infections par les swIAV, les porcelets peuvent s'infecter malgré la présence d'anticorps maternels (d'origine post infectieuse et/ou post vaccinale), majoritairement entre deux et trois semaines d'âge, avec une récurrence quasi-systématique de bande à bande. Le processus infectieux se poursuit dans le secteur de post-sevrage, avec un nombre de nouvelles infections plus faible du fait de l'immunité parfois générée par les infections précoces survenues en maternité en dépit de la présence d'immunité d'origine maternelle (voir paragraphe 4.3.5.1). Une circulation à faible niveau continue dans le secteur d'engraissement, avec des infections secondaires après la perte d'immunité suite à la primo-infection.

- **Transmission aéroportée ponctuelle**

Contrairement à l'hypothèse de transmission aéroportée continue au sein de l'élevage, la transmission ponctuelle liée aux mouvements d'animaux induit une dynamique d'infection moins régulière, avec une probabilité de persistance relativement faible après le pic d'allure épizootique initial (Figure 21 A2, B2, C2), toutefois dans une moindre mesure dans la configuration A (voir 8.2.2.4). Sur le plan des mécanismes, la dynamique infectieuse observée est liée (voir schémas Annexe 24) à un point critique qui semble être lié à la réintroduction du virus dans le cheptel reproducteur après le premier pic épizootique intra-élevage. À l'instar de la description précédente, l'introduction initiale du virus dans le troupeau de truies induit un épisode infectieux de grande ampleur parmi les reproducteurs, induisant une immunité collective, pouvant théoriquement aboutir à l'extinction de l'infection. Cependant, les mouvements fréquents d'animaux potentiellement infectés engendrent un risque de réintroduction du virus dans des populations avec un niveau d'immunité décroissant. Lorsque les conditions sont réunies (déplacement de porcs en croissance infectés, et perte de l'immunité dans le cheptel reproducteur), une circulation à bas bruit peut s'initier chez les truies et se propager en maternité puis en post-sevrage et engraissement. Ce phénomène de perte d'immunité naturelle chez les truies se traduit par une proportion plus importante de porcelets infectés en l'absence d'immunité passive. Le déplacement de ces porcs dans un secteur de post-sevrage non-infecté, peut à son tour générer un épisode infectieux dans des bandes sensibles à un âge plus avancé (entre 5 et 6 semaines d'âge). Les infections secondaires observées chez les porcs en engraissement peuvent se maintenir, mais restent en nombre limité au regard de la taille de la population dans ce secteur (moins de 200 cas parmi une population de 6 000 charcutiers dans la configuration B).

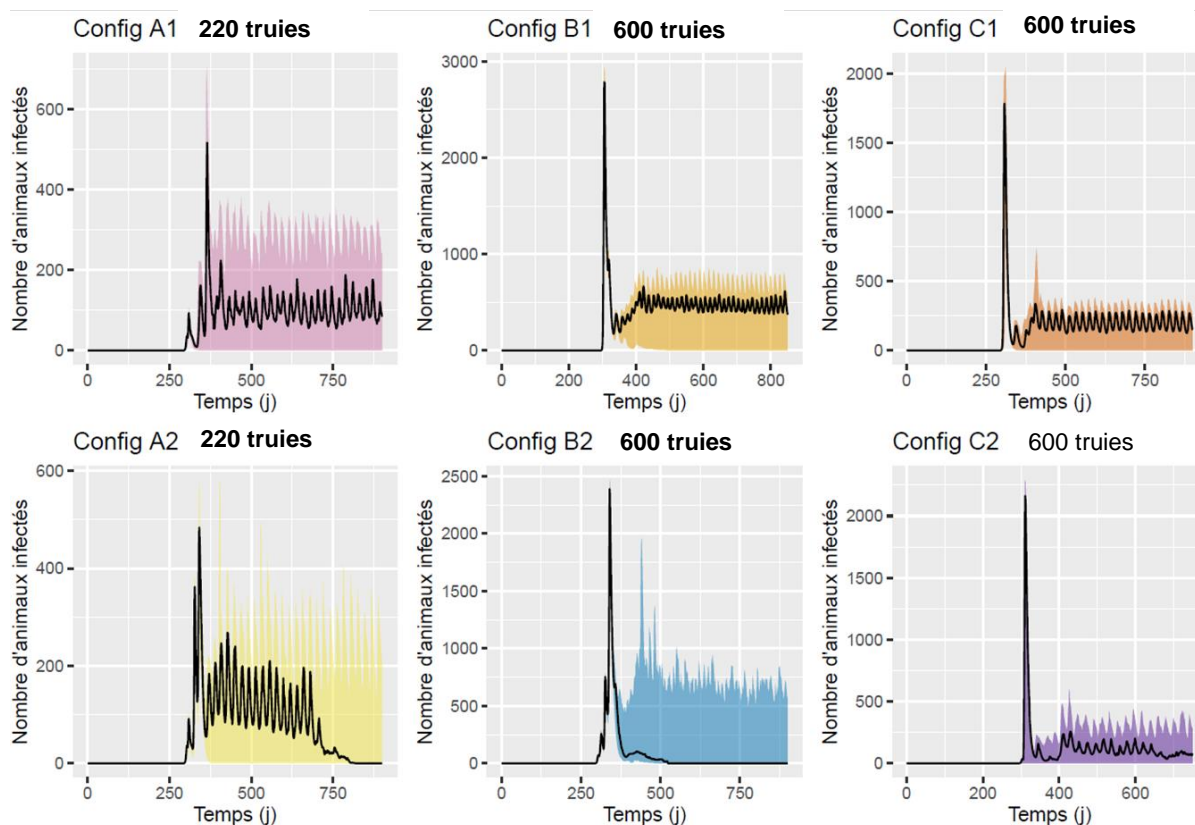


Figure 21 : Dynamiques d'infection observées selon les configurations représentées et les hypothèses de transmission par voie aéroportée (n=100 simulations par scénarios)

A1, B1, C1 transmission aéroportée continue.

A2, B2, C2 transmission aéroportée ponctuelle liée aux mouvements d'animaux.

La surface colorée correspond à la variabilité des résultats obtenus. Les effectifs des élevages sont indiqués sur les figures.

8.2.2.4 Impact de la structuration des élevages

Le degré de connectivité des différents secteurs et notamment celui des reproducteurs avec les porcs en croissance constitue un facteur central d'entretien de la circulation des swIAV au sein de l'élevage. Les élevages regroupant tous les secteurs sous le même toit tel l'élevage de type C sont à ce titre les plus à risque en raison d'une exposition des différents secteurs de l'élevage dès lors que des animaux sont déplacés dans le couloir central (configuration C2). Pour les élevages ayant une répartition plus espacée des bâtiments, un bloc peut néanmoins être exposé aux sorties d'air d'un autre bloc (telle les parties gestante et maternité exposées aux sorties d'air de l'engraissement et du post-sevrage pour l'élevage A (Figure 19), ou la maternité exposée au post-sevrage pour l'élevage B). La structuration des bâtiments dans l'espace induit également des flux d'animaux spécifiques qui jouent un rôle important d'autant plus lorsque les déplacements sont fréquents (conduite en 10 ou 20 bandes) et exposent régulièrement les entrées d'air des bâtiments à des animaux excréteurs à la faveur de leur déplacement. Ainsi, dans la configuration A, le positionnement des bâtiments d'engraissement induit des flux d'animaux permanents au contact des entrées d'air du bâtiment des gestantes, ce qui est moins le cas dans la configuration B où le flux des animaux est orienté de manière plus unidirectionnelle dans le sens maternité vers post-sevrage vers engraissement. De ce fait, malgré des bâtiments moins individualisés dans la configuration B que dans la

configuration A, la persistance est mieux maîtrisée dès lors que seule subsiste la transmission aéroportée à la faveur des déplacements d'animaux (configuration B2).

8.2.2.5 Impact des flux d'air

L'exposition permanente à des flux d'air entre compartiments en raison d'une disposition inappropriée des entrées et des sorties d'air ou de la co-existence sous le même toit de différents stades physiologiques avec des entrées d'air communes, est un facteur majeur de persistance du phénomène infectieux sur le long terme avec une probabilité très faible d'extinction. Cependant même après maîtrise de ces flux d'air anormaux et d'ordre structurel, le passage régulier d'animaux, à la faveur des changements de compartiments au niveau des entrées d'air, est susceptible d'exposer les salles correspondantes de manière ponctuelle mais avec un impact non négligeable sur la relance du processus infectieux (cf. configuration A2). Ces relances se produisent de manière plus ponctuelle et avec une plus forte probabilité d'extinction, mais induisent néanmoins des épisodes en maternité/post-sevrage.

8.3 Conclusion

Ces travaux montrent la variabilité des dynamiques infectieuses des swIAV en fonction des structurations spatiales des élevages et des hypothèses quant aux voies de transmission aéroportées. Les dynamiques de population, et les flux d'animaux correspondants, apparaissent comme des facteurs essentiels nécessitant une attention particulière, notamment vis-à-vis des flux d'air et des connexions épidémiologiques sous-jacentes.

La persistance ou les relances des infections à swIAV vers les différents secteurs de reproduction (verraterie/gestante) ont pu être identifiées comme des facteurs favorisant la circulation virale chez les porcs charcutiers. Avec les hypothèses utilisées ici, les résultats montrent une tendance à des infections précoces entre deux et trois semaines d'âge et majoritairement en présence d'anticorps d'origine maternelle (voir section 4.3.5.1). Sous l'hypothèse d'une transmission ponctuelle liée aux mouvements d'animaux, le processus infectieux se montre moins régulier, affectant de manière plus sporadique et épisodique les porcs situés en post-sevrage (avec un démarrage entre cinq et six semaines d'âge). Enfin, dans le secteur d'engraissement, des infections secondaires sont observées, pour les deux voies de transmission aéroportées, avec cependant des nombres de cas limités au regard de la population dans ce secteur.

9 Transmission à l'être humain d'un virus influenza circulant chez le porc en France

9.1 Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un virus influenza porcin présentant un caractère zoonotique et/ou pandémique marqué

9.1.1 Probabilité que les virus porcins français deviennent zoonotiques

A priori, tous les IAV s'étant déjà multipliés dans l'espèce porcine peuvent franchir la barrière d'espèce et se répliquer chez l'être humain (voir section 5.5). Ainsi, il convient de considérer que tous les swIAV, y compris ceux qui circulent, ou qui sont détectés sporadiquement, dans les élevages de porcs en France, sont des agents pathogènes à potentiel zoonotique, quel que soit leur génotype. Ce caractère zoonotique des swIAV est relayé au niveau international et européen¹⁰³ par l'OMSA, la FAO, le CDC/ECDC, l'OMS, l'EFSA, etc., ainsi qu'au niveau national par SPF¹⁰⁴, l'Anses¹⁰⁵, la plateforme ESA¹⁰⁶. Même si on ne connaît pas la fréquence des transmissions zoonotiques, la plupart des infections rapportées chez l'être humain n'ont pas provoqué de maladie grave, et dans la très grande majorité des cas investigués il n'a pas été mis en évidence de transmission inter-humaine efficace. Les personnes travaillant dans les élevages de porcs, ou visitant des lieux où des porcs sont exposés, sont les plus à risque d'être contaminées.

¹⁰³ <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/372248/9789240076884-eng.pdf?sequence=1> lien vérifié le 18/06/24.

<https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza>; lien vérifié le 18/06/24.

<https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/j.efsa.2023.7853>; lien vérifié le 18/06/24.

<https://www.ecdc.europa.eu/en/swine-influenza/factsheet> lien vérifié le 18/06/24.

https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/3.09.07_INF_A_SWINE.pdf lien vérifié le 18/06/24.

<https://www.fao.org/3/i1435e/i1435e00.pdf> lien vérifié le 18/06/24.

¹⁰⁴ [Grippe porcine | Santé publique France \(santepubliquefrance.fr\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹⁰⁵ [SANT-Fi-InfluenzaPorcin.pdf \(anses.fr\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹⁰⁶ [Virus Influenza porcins | PLATEFORME ESA \(plateforme-esa.fr\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

9.1.2 Probabilité que les virus porcins français ou qui viennent d'être introduits en France deviennent épidémiques voire pandémiques

9.1.2.1 Probabilité que les swIAV détectés dans les élevages français soient responsables d'une épidémie

Pour estimer cette probabilité en France, il convient de prendre en compte :

- le danger, c'est-à-dire les caractéristiques virologiques des swIAV circulant en France, notamment en termes de capacité à infecter d'emblée un certain nombre d'êtres humains ou à acquérir cette capacité chez un ou plusieurs humains infectés (ainsi, le virus H1N1pdm09, même s'il évolue dans la population porcine, peut rester plus apte à infecter les humains que d'autres swIAV circulant en France) ;
- la probabilité d'émission, un virus à forte prévalence dans les populations porcines en France étant plus susceptible d'être transmis de façon répétée à des humains que des virus dont la circulation dans la population porcine est plus limitée ;
- la probabilité d'exposition et les éléments de contexte : les personnes les plus exposées en France le sont dans un contexte professionnel, ce facteur pouvant se conjuguer à des facteurs individuels de comorbidité et/ou à l'émergence d'une souche épidémique (personnes infectées par un virus saisonnier chez lesquelles aurait lieu un réassortiment entre virus porcine et humaine susceptible de conduire à l'émergence d'un virus épidémique) et potentiellement à d'autres facteurs, notamment sociaux, conditionnant la diffusion interhumaine du virus ayant acquis un potentiel épidémique.

Dans la majorité des cas décrits dans le monde (et notamment aux USA où existe une surveillance de la transmission de swIAV aux humains), les cas de transmission sont sporadiques et sont soit isolés soit anadémiques, sans transmission interhumaine identifiée. C'est ce qui s'est d'ailleurs produit lors de l'épisode français de 2021, pour lequel un seul cas de transmission de swIAV à un être humain est survenu alors que plusieurs individus avaient été exposés au lot de porcs infectés, sans transmission interhumaine secondaire.

Les données épidémiologiques et virologiques suggèrent que les swIAV n'ont pas acquis la capacité d'une transmission soutenue entre êtres humains. Ainsi, les experts estiment que la probabilité que les swIAV détectés dans les élevages français soient responsables d'une épidémie peut être qualifiée de faible (*low*) selon les critères de l'OMS¹⁰⁷. Cependant l'évaluation du risque devra être revue si des données épidémiologiques ou virologiques deviennent disponibles.

9.1.2.2 Probabilité que les swIAV détectés dans les élevages français soient responsables d'une pandémie

Comme vu plus haut (section 5.5.2) dans le cas de la dernière pandémie grippale due au virus H1N1pdm09 d'origine porcine, une pandémie peut survenir lorsqu'un IAV, vis-à-vis duquel la plupart des êtres humains sont peu ou pas immunisés, acquiert la capacité d'induire une transmission interhumaine soutenue, lui permettant de diffuser à l'échelle de plusieurs continents.

¹⁰⁷¹⁰⁷ <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON524>

À la suite de la pandémie de 2009, l'OMS a mis à jour ses orientations en matière de planification et de préparation à la pandémie par l'intermédiaire du *Pandemic Influenza Risk Management* (PIRM)¹⁰⁸. Le PIRM souligne la nécessité d'une évaluation des risques appropriée et opportune pour une prise de décision fondée sur des données probantes, ceci par l'évaluation des trois éléments exposés ci-dessus (danger, exposition et contexte).

Ainsi, l'OMS procède à des évaluations du risque de pandémie de grippe pour des virus qui ont un gène HA, voire d'autres gènes, distinct(s) de ceux des virus de la grippe saisonnière. Il s'agit généralement de virus isolés d'animaux ayant déjà provoqué des infections zoonotiques.

L'outil TIPRA (*Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment*) a été mis au point pour fournir une approche normalisée et transparente en appui de l'évaluation du risque que des virus influenza soient susceptibles de provoquer une pandémie. Ainsi, le TIPRA permet de caractériser (avec les données disponibles) les trois composantes du risque (danger, exposition, contexte) et a pour objectif d'évaluer, d'une part la probabilité que le lignage viral considéré acquière la capacité de se transmettre durablement d'humain à humain, d'autre part l'impact sur la santé publique en cas de transmission inter-humaine. Le TIPRA permet aussi d'identifier les lacunes dans les connaissances afin d'orienter les efforts de surveillance et de recherche (plus d'informations sont disponibles en Annexe 24).

Les évaluations TIPRA réalisées depuis 2016 ont surtout concerné des virus influenza aviaires, mais également le virus H1N1pdm09 (H1N1 TRIG) et quelques lignages de virus porcins (swine H1 1C, swine H3N2 1990.4, swine H3N2 2010.1). Globalement, les virus porcins ont des scores de 5-7 (sur 10) en terme de probabilité de survenue d'une transmission inter-humaine soutenue (probabilité de niveau moyen) et de 4-5 en terme d'impact sur la santé publique (impact de niveau faible à moyen) (données OMS).

L'identification précise du virus qui va être concerné par l'évaluation de risque est un prérequis indispensable. Il n'est donc pas envisageable dans le cadre de cette saisine de répondre de façon complète à la question sur le risque pandémique associé aux swIAV, dans la mesure où elle pourrait être amenée à concerner :

- les swIAV qui circulent actuellement au sein des populations porcines en France;
- des swIAV qui pourraient être introduits en France dans le contexte d'importations (voir section 7.3.1.4) ;
- tout réassortant entre des swIAV enzootiques, ou entre des swIAV enzootiques et des swIAV importés et/ou des IAV humains et/ou aviaires.

En revanche, il est important de noter que le TIPRA a le potentiel de permettre l'évaluation du risque pandémique à partir de swIAV à tout moment où cela pourra être jugé nécessaire, i.e. lorsqu'un swIAV (ou tout autre IAV) pourra être considéré comme pouvant exposer à ce risque.

A cet égard, il convient de souligner que le TIPRA précise (sans prétention à l'exhaustivité) quels facteurs déclenchants (ou susceptibles de l'être) peuvent conduire à l'apparition d'un risque pandémique, et donc à envisager l'évaluation du risque pandémique d'un virus. Ces facteurs déclenchants sont déclinés dans le TIPRA en deux sous-catégories :

- facteurs déclenchants épidémiologiques :
- premiers cas documentés d'infection humaine par un virus grippal non saisonnier ou zoonotique ;

¹⁰⁸ [Pandemic influenza risk management: a WHO guide to inform and harmonize national and international pandemic preparedness and response](#)

- détection accrue de virus zoonotiques présentant une sensibilité réduite aux antiviraux ;
- cas humains groupés avec transmission potentielle interhumaine ;
- cas humains groupés incluant des infections au-delà des membres d'une famille ;
- modifications des tendances épidémiologiques associées à l'infection virale, telles que le nombre de cas détectés, la gravité de la maladie, le taux de mortalité ou la dispersion géographique ;
- changements dans les tendances épidémiologiques dans les populations animales, tels qu'une propagation géographique rapide ou une augmentation du nombre d'espèces animales infectées ;
 - facteurs déclenchants liés au virus :
- présence de substitutions d'acides aminés au niveau ou à proximité de la poche de liaison du récepteur de la HA, susceptible d'augmenter la capacité du virus à se lier aux récepteurs α 2-6 (condition toujours satisfaite dans le cas des swIAV) ;
- modifications d'autres propriétés virales telles que la virulence et la transmissibilité, démontrées par des études de transmission ou des essais en laboratoire.

Il est important de relever que la version 2 du TIPRA, contrairement à la version 1, permet d'évaluer le risque pandémique associé à un virus animal avant même qu'il ait été transmis à des humains.

9.2 Evaluation de la probabilité de transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain

La transmission des swIAV du porc à l'être humain a été développée dans la section 5.5.

Pour estimer la probabilité de transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain, les experts ont :

- élaboré un schéma décrivant la chaîne des différents événements à prendre en compte dans cette transmission dans le cadre du modèle ;
- traduit chaque événement en probabilité et recherché les données d'entrées permettant d'estimer ces différentes probabilités ;
- développé un modèle mécanistique et probabiliste permettant d'estimer la probabilité de transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain ;
- obtenu les données de sorties du modèle (résultats).

La Figure 22 reprend le schéma élaboré par les experts. Dans ce schéma, les différents événements sont notés comme ①②③④⑤⑥⑦⑧⑨⑩ et expliqués ci-dessous.

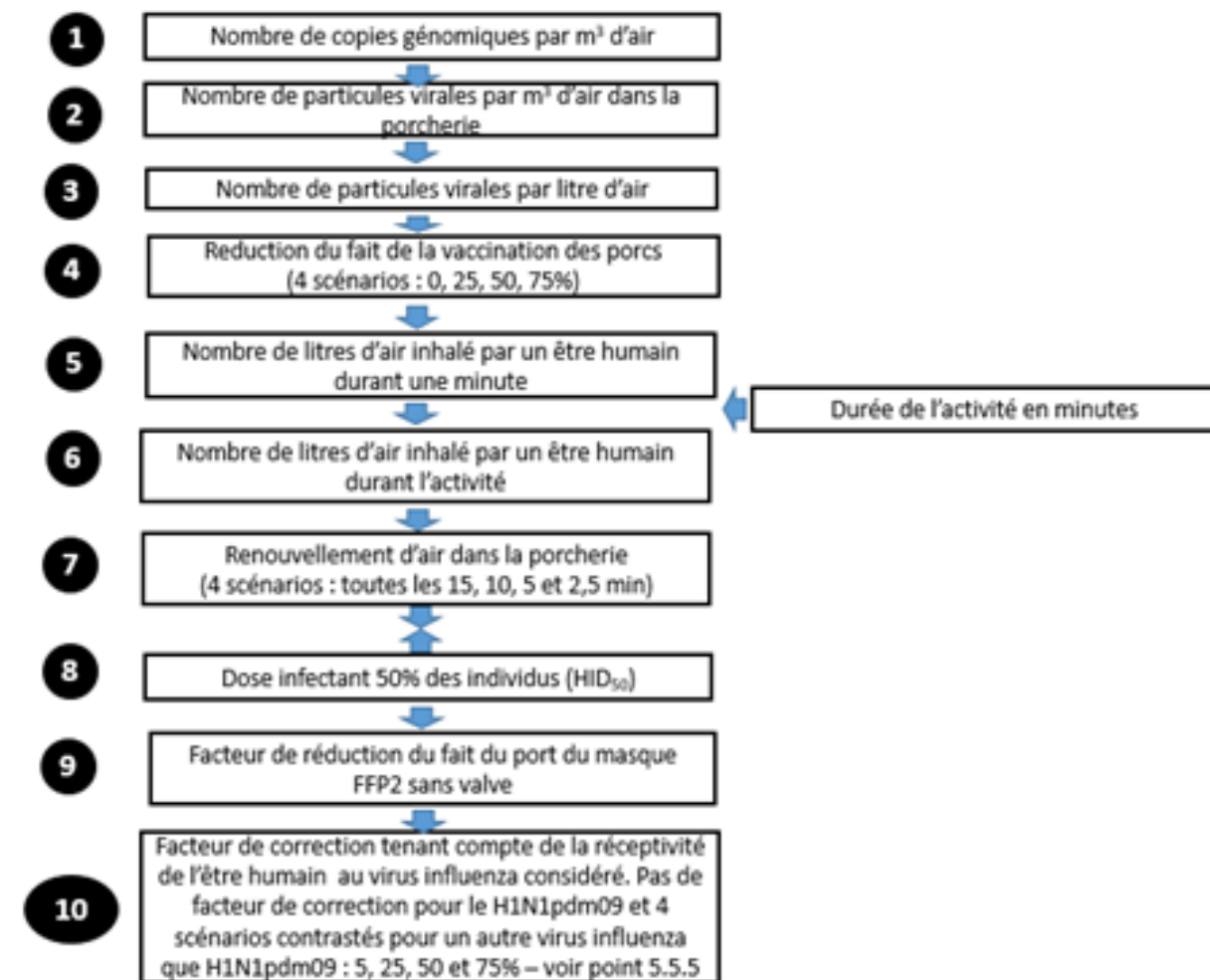


Figure 22 : Schéma illustrant la chaîne des différents événements à prendre en compte dans le cadre du modèle pouvant conduire à la transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain

❶ Le nombre de copies génomiques présentes par m³ d'air dans une salle où se trouvent des porcs excréteurs de swIAV a été estimé grâce à des analyses réalisées sur des prélèvements d'air effectués dans des élevages français infectés à l'aide d'échantillonneurs d'air¹⁰⁹ (Simon et al., communication personnelle). D'autres prélèvements d'air ont été obtenus dans des salles hébergeant des porcs infectés après inoculations expérimentales, et dont il a, par ailleurs, été montré qu'ils ont transmis le swIAV à d'autres animaux par la voix aéroportée. Les prélèvements d'air ont été testés par RT-PCR-ciblant le gène M (Annexe 25). Ce scénario correspond à une **situation de circulation du swIAV dans un élevage**. Les résultats étaient exprimés en valeur de Ct (le cycle d'amplification de la PCR à partir duquel le génome viral présent dans l'échantillon est détecté). Les valeurs de Ct ont ensuite été exprimées en nombre de copies du gène M. Ce nombre de copies génomiques suivait une distribution log-normale avec une moyenne de 329 387 copies génomiques par m³ (écart type de 558 710) et une médiane de 89 358 copies génomiques par m³.

❷ Le nombre de particules virales par m³ d'air dérive du nombre de copies de gène M en prenant l'hypothèse qu'une copie de gène M représente une particule virale infectieuse (scénario maximaliste). Cette hypothèse est fréquemment utilisée dans la littérature

¹⁰⁹ Cet échantillonneur est basé sur technologie cyclonique couplée à un haut débit d'aspiration ce qui permet la génération d'échantillons en phase liquide.

scientifique. Elle **surestime** la probabilité de transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain car chaque copie génomique ne correspond pas toujours à un virus infectieux.

③ Le nombre de particules virales par litre d'air est obtenu en divisant la valeur de l'événement ② par 1 000.

④ La vaccination du porc peut réduire la multiplication virale (Romagosa *et al.* 2011) et l'excrétion de particules virales dans l'air. Un facteur de réduction est donc utilisé du fait d'une possible vaccination des porcs. Tenant compte de l'incertitude concernant la protection conférée par cette vaccination, quatre scénarios contrastés ont été utilisés : 0, 25, 50 et 75 % de réduction de l'excrétion due à la vaccination des porcs.

⑤ Le nombre de litres d'air inhalé par une personne de 70 kg durant une minute a été estimé d'après les données de la littérature à environ 10 litres d'air (Brochu, Ducré-Robitaille et Brodeur 2006).

⑥ Tenant compte de la durée optimale du type d'activité durant laquelle l'être humain est en contact avec les porcs infectés dans un élevage, le nombre de litres d'air inhalé par personne durant l'activité a été estimé. Les experts ont considéré un modèle cumulatif (Bischoff *et al.* 2013).

⑦ La ventilation (renouvellement de l'air ambiant d'une salle exprimé en minutes) est un moyen qui contribue au confort thermique des porcs. Il est important que l'humidité relative et la température soient maintenues dans des limites précises (voir paragraphes 2.3.1 et 2.3.2). Le renouvellement de l'air doit également être pris en compte lorsque la durée de l'activité est supérieure au temps de renouvellement. Ainsi, en vue de le déterminer, les experts ont interrogé un service technique spécialisé dans la gestion des bâtiments d'élevage¹¹⁰ (voir Annexe 21). Ce service préconise un renouvellement minimum complet de l'air d'une salle toutes les 15 minutes pour un élevage de porcs. Plus le temps de renouvellement de l'air d'une salle diminue, plus la charge virale dans l'air diminue.

Les experts ont considéré quatre scénarios pour un élevage de porcs : un renouvellement de l'air ambiant de respectivement 15, 10, 5 et 2,5 minutes. Ce renouvellement est dépendant du stade physiologique des porcs et de la météo extérieure. Il est habituellement plus long pour le post-sevrage. En engraissement, la ventilation croît du début à la fin de la période d'engraissement.

⑧ Le nombre de particules virales (copies génomiques) résultant de la succession des étapes précédentes peut être calculé et comparé à la dose infectant 50 % des humains (HID₅₀ *Human infectious dose*). D'après plusieurs auteurs, les experts estiment que la valeur basse de cette dose correspond à 90 copies génomiques et la valeur haute correspond à 1 950 copies génomiques (ou virus selon l'hypothèse reprise au point ②) (Alford *et al.* 1966; Bischoff *et al.* 2013; Fabian *et al.* 2008; Tellier 2009). Ces deux seuils proviennent de l'agrégation des résultats de plusieurs études : une TCDI₅₀¹¹¹ représente entre 150 et 650 copies génomiques (Tellier 2009) et la dose infectant 50 % des humains (HID₅₀) a été estimée être entre 0,6 et 3 TCID₅₀ (Alford *et al.* 1966). Ainsi, les deux seuils exprimés en nombre de copies génomiques sont de 90 (= 150 x 0,6) et 1 950 (= 650 x 3) (Alford *et al.* 1966; Bischoff *et al.* 2013).

⑨ Comme facteurs de réduction de la probabilité de transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain, deux options de maîtrise ont été étudiées chez l'être humain : la vaccination et le port d'un masque. La vaccination de l'être humain contre la grippe concerne

¹¹⁰ Service "construction et innovation" EVEL'UP.

¹¹¹ La TCID₅₀ est la quantité de virus nécessaire pour détruire ou induire un effet cytopathogène dans 50 % des cellules ou des cultures infectées.

les souches humaines saisonnières et est recommandée par la Haute Autorité de Santé uniquement pour éviter que l'être humain ne transmette ses virus aux porcs (et éviter les réassortiments qui pourraient faire suite) et non pas pour protéger l'être humain des virus porcins (les vaccins humains ne contiennent que des antigènes humains). Les experts précisent que s'il n'y a pas de preuve scientifique que la vaccination de l'être humain protégerait des swIAV, il n'y a pas de preuve contraire non plus et qu'il n'est pas exclu qu'une personne vaccinée et qui serait exposée à des porcs infectés par le virus H1N1pdm09 humain puisse être protégée de la transmission du porc vers l'être humain du fait de sa vaccination saisonnière. Néanmoins, la vaccination de l'être humain contre la grippe saisonnière n'a pas été retenue comme facteur de réduction de la probabilité de transmission des virus porcins à l'être humain. Concernant le port d'un masque, d'après le HCSP¹¹², le masque chirurgical (dispositif médical répondant à la norme NF EN 14683) permet de protéger les autres mais pas celui qui le porte. Le masque chirurgical ne filtre pas l'air qui rentre, et ne protège donc pas contre l'inhalation des petites gouttelettes en suspension dans l'air (Jefferson et al., 2023). Pour se protéger des transmissions virales par voie aéroportée, il est recommandé de porter un masque de protection respiratoire filtrant de type FFP2 (le masque FFP2 protège dans les deux sens mais sans valve, il est plus inconfortable). Les experts ont donc choisi de ne prendre en compte que le port du masque FFP2 comme mesure de maîtrise. Une efficacité de ce type de masque de 92 % a été prise en compte (Guimon 2019).

⑩ Enfin, un facteur de correction de la réceptivité de l'être humain au swIAV considéré a été pris en compte par les experts.

Pour le virus H1N1pdm09, la réceptivité a été considérée de 100 % (scénario maximaliste). Malgré le fait qu'il y ait une barrière d'espèces à franchir et même si on peut distinguer des génogroupes de virus H1N1pdm09, les souches en circulation chez l'être humain et chez le porc restent proches d'un point de vue antigénique. Les experts n'ont pas objectivé une potentielle baisse de réceptivité du porc au virus saisonnier contemporain chez l'être humain. Dès lors un scénario maximaliste avec une réceptivité de 100% a été pris en compte.

Pour les swIAV autres que le virus H1N1pdm09, l'incertitude est grande. En effet, chez le porc, il y a de multiples génotypes de swIAV et il pourrait y avoir autant de scénarios que de génotypes (voir la section 5.5.5 du présent rapport d'expertise). Dès lors, les experts ont choisi de tester quatre scénarios contrastés reflétant les variations de réceptivité : 5, 25, 50 et 75 %.

Le modèle utilisé est stochastique et utilise des distributions de probabilités sur les paramètres de transition et des simulations de Monte-Carlo sont réalisées.

Dans le modèle, 1 000 itérations ont été réalisées et les résultats sont présentés comme le nombre de fois où ces itérations aboutissent à une infection de l'être humain. En complément, les résultats sont aussi présentés sous la forme de pourcentages (Annexe 26).

En conclusion des différents scénarios¹¹³ envisagés, il ressort que :

Pour le virus porcine H1N1pdm09 (réceptivité de l'être humain fixée à 100 %)

- La probabilité de transmission aéroportée du virus du porc à l'être humain est maximale quand aucune mesure de protection (de l'être humain par le port du masque ou des porcs

¹¹² [Avis relatif à la prévention de la transmission à l'homme des virus influenza porcins et aviaires \(hcsp.fr\)](https://www.hcsp.fr/avis-relatif-a-la-prevention-de-la-transmission-a-l-homme-des-virus-influenza-porcins-et-aviaires) lien vérifié le 04/06/24.

¹¹³ Lorsque la probabilité d'occurrence d'un danger n'est pas ou très peu connue et que la conséquence du danger est connue, il est possible de mobiliser soit une analyse de scénarios (choix du GT) ou une analyse de sensibilité. https://scicom.favv-afsca.be/comitescientifique/publications/brochures/_documents/2007-11_WS_SciCOM_Fr.pdf lien vérifié le 04/06/24.

par la vaccination) n'est prise. Ainsi, pour une activité en élevage de 15 min, si on considère la valeur basse de la HID_{50} , entre 91 % (renouvellement maximal d'air d'une salle en 2.5 min) et 98 % (renouvellement minimal d'air d'une salle en 15 min) des itérations correspondent à une transmission du virus H1N1pdm09 à l'être humain en fonction du scénario envisagé. Ce pourcentage se situe entre 50 % (renouvellement maximal d'air d'une salle en 2.5 min) et 78 % (renouvellement minimal d'air d'une salle en 15 min) si on tient compte de la valeur haute de la HID_{50} .

- Dans les différents scénarios envisagés, une vaccination des porcs avec un vaccin permettant d'atteindre un niveau de protection de 75 % contre les swIAV en circulation (réduction de la réplication et de l'excrétion de particules virales dans l'air) **couplé** au port d'un masque FFP2 sans valve et correctement porté par le personnel étant en contact avec les porcs, permet de réduire la probabilité de transmission d'un facteur d'environ 2 à 4. Ainsi, le pourcentage d'itérations aboutissant à l'infection d'un être humain se situe entre 37 % (ventilation maximale) et 67 % (ventilation minimale) pour la valeur basse de l' HID_{50} et entre 5 % (ventilation maximale) et 19 % (ventilation minimale) pour la valeur haute de l' HID_{50} .

Pour les autres swIAV (réceptivité de l'être humain fixés à 5, 25, 50 et 75 %) :

- De manière générale, les résultats obtenus pour les différents scénarios envisagés par les experts vont dans le même sens que pour le virus H1N1pdm09. Toutefois, les pourcentages d'itérations se traduisant par une transmission du porc à l'être humain sont inférieurs à ceux obtenus en comparaison avec le virus H1N1pdm09.
- Pour une réceptivité de l'être humain de 5 %, la probabilité de transmission aéroportée de swIAV du porc à l'être humain est très faible (quelques pourcents) et devient nulle avec l'usage d'une vaccination des porcs dont l'efficacité serait de 75% et le port d'un masque FFP2, sous condition d'un temps de renouvellement de l'air de la salle de 10 minutes.
- Les mesures les plus efficaces envisagées pour réduire le risque de transmission sont identiques aux mesures décrites plus haut concernant le virus H1N1pdm09.

9.3 Conclusion

Tous les swIAV possédant une affinité pour les récepteurs AS- α 2,6-Gal présents à la surface des cellules épithéliales humaines au niveau de l'arbre respiratoire supérieur et inférieur, il convient donc de prendre en compte que ce sont tous des agents pathogènes à potentiel zoonotique, quel que soit leur génotype. Les personnes travaillant dans les élevages de porcs (à temps plein ou pour de courtes périodes), ou visitant des lieux où des porcs sont exposés, sont les plus à risque d'être contaminées.

Dans la majorité des cas décrits dans le monde, les cas de transmission de swIAV aux humains sont sporadiques et sont soit isolés soit anadémiques, sans transmission interhumaine identifiée. Ainsi, les experts estiment que la probabilité que les swIAV détectés dans les élevages français soient responsables d'une épidémie peut être qualifiée de faible (*low*) selon les critères de l'OMS. Cependant l'évaluation du risque sera revue si des données épidémiologiques ou virologiques deviennent disponibles.

Le virus H1N1pdm09 est le seul virus pandémique connu de source porcine. L'OMS a développé un outil (TIPRA) ayant notamment pour objectif d'évaluer la probabilité qu'un

lignage viral considéré acquière la capacité de se transmettre durablement d'humain à humain. En réalisant cet exercice sur quelques virus porcins, les swIAV ont obtenu des scores variant de 5 à 7 (sur une échelle de 0 à 10) en termes de probabilité de survenue d'une transmission interhumaine soutenue (probabilité de niveau moyen selon les critères de l'OMS) et de 4 à 5 en terme d'impact sur la santé publique (impact de niveau faible à moyen, selon les critères de l'OMS).

Dans le cadre de cette saisine, un exercice de modélisation a été réalisé pour estimer la probabilité de transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain. La réceptivité de l'être humain à un virus influenza porcine dépend du virus considéré, pour le virus H1N1pdm09, elle a été considérée de 100 % (scénario maximaliste). Ainsi, pour une activité en élevage de 15 min, si on considère la valeur basse de la HID_{50} , entre 91 % et 98 % des itérations correspondent à une transmission du virus H1N1pdm09 à l'être humain en fonction du scénario envisagé. Ce pourcentage se situe entre 50 % (renouvellement maximal d'air d'une salle en 2.5 min) et 78 % (renouvellement minimal d'air d'une salle en 15 min) si on tient compte de la valeur haute de la HID_{50} .

Pour les swIAV autres que le virus H1N1pdm09, quatre scénarios contrastés reflétant les variations de réceptivité ont été appliqués (5 à 75% de réceptivité). Pour ces swIAV, les pourcentages d'itérations se traduisant par une transmission du porc à l'être humain sont inférieurs à ceux obtenus en comparaison avec le virus H1N1pdm09.

Quel que soit le virus considéré, la probabilité de transmission aéroportée du virus du porc à l'être humain est maximale quand aucune mesure de protection n'est prise. Les mesures les plus efficaces envisagées pour réduire le risque de transmission sont une vaccination des porcs avec un vaccin permettant d'atteindre un niveau de protection de 75 % contre les swIAV en circulation, couplée au port d'un masque FFP2 sans valve et correctement porté par le personnel en contact avec les porcs.

10 Incertitudes

Les incertitudes liées aux réponses aux différentes questions de la saisine sont principalement associées aux limites des connaissances scientifiques sur les swIAV. De plus, les situations très variables sur le terrain ont nécessité un travail fondé sur des études de scénarios. Pour certaines étapes, les informations disponibles étant limitées, il a été fait appel à l'opinion des experts du GT ou des experts du sujet et par conséquent, l'interprétation des résultats doit se faire avec la prudence nécessaire.

Les experts ont tenu à lister les principales incertitudes dans le Tableau 32 ci-dessous en suivant le découpage par questions de la saisine.

Tableau 32 : Principales incertitudes recensées dans le travail d'expertise

	Sous classe	Origine et sources (causes) des incertitudes identifiées par les experts	Prise en compte par le GT	Impact (faible, fort ou non qualifiable) et Direction sur le résultat (sur/sous-estimation ou non quantifiable)
Contexte	Cadrage/ formulation de la question	Reformulation du périmètre et des questions de la saisine avec le demandeur	Oui (clarifications apportées)	I : faible D : non quantifiable
Corpus de connaissance	Etat des connaissances sur le danger (swIAV)	DI50 chez l'être humain établie en 1966 DI50 chez le porc pour un virus d'origine humaine inconnue	Utilisation de la DI50 max chez l'être humain	I : fort D : surestimation
	Biosécurité	L'observance des mesures de biosécurité est inconnue et variable	Prise en compte par la variabilité des scores d'efficacité, d'acceptabilité et faisabilité	I : moyen D : sous et sur estimation
	Méthode de collecte des données TRACES	Pour étudier le risque d'introduction par le biais des porcs échangés, les experts se sont fondés sur les données TRACES de 2017 à 2021. Les données de TRACES NT (système qui remplace TRACES Classic depuis novembre 2021) n'ont pas été exploitées dans la mesure où il n'est plus possible dans ce nouveau système d'information de différencier les reproducteurs des porcs à l'engraissement.	Utilisation des dernières données disponibles (2017 à 2021)	I : moyen D : sous et sur estimation Mise à jour rendue difficile

	Sous classe	Origine et sources (causes) des incertitudes identifiées par les experts	Prise en compte par le GT	Impact (faible, fort ou non qualifiable) et Direction sur le résultat (sur/sous-estimation ou non quantifiable)
Q1 : évaluation du risque d'introduction de swIAV en élevage par les cochettes, et porcelets	Données sélectionnées	Données de TRACES, BD porc, Resavip	CF ci-dessus	
	Méthodes d'intégration des données	Modèle, estimation des probabilités par opinion d'experts (+ données disponibles)	Etablissement de scénarios, et utilisation de distribution de probabilité L'incertitude a été prise en compte pour les paramètres d'entrée du modèle (voir Tableau 11) en utilisant des lois de distributions et des simulations Monte Carlo	I : faible D : Probable sous-estimation de la prévalence pour les cochettes (P3 P4)Voir Tableau 10
	Interprétation des résultats		Analyse de l'influence des paramètres d'entrée	Voir Annexes 16, 17 et 18
Q1 : évaluation du risque d'introduction de swIAV en élevage par les êtres humains	Données sélectionnées	Peu de données disponibles Dose infectant 50 % des porcs n'est actuellement pas connue	Elicitation des connaissances d'experts pour les sources d'introduction avec estimation de l'incertitude (pas de pondération) (voir § 7.1 et Annexe 5) Les experts ont fait l'hypothèse que chaque copie génomique correspondait à une particule virale. Cette hypothèse est fréquemment utilisée dans la	I : moyen D : sur estimation du risque

	Sous classe	Origine et sources (causes) des incertitudes identifiées par les experts	Prise en compte par le GT	Impact (faible, fort ou non qualifiable) et Direction sur le résultat (sur/sous-estimation ou non quantifiable)
		<p>Manque de données sur facteurs de correction de la réceptivité du porc au virus influenza A humain</p> <p>Pour les modèles stochastiques élaborés par les experts, faute d'obtention des données brutes de la figure 1 de l'article de Bischoff et al. (2023) (concentrations en copies génomiques virales de l'aérosol produit par chaque personne durant 20 minutes), il n'a pas pu être pris en compte le fait que, d'après ces auteurs, certains humains (environ 20 %) excrètent plus de 32 fois plus de virus que le reste de la population (cas des <i>super shedders</i>). (Bischoff <i>et al.</i> 2013)</p>	<p>littérature scientifique, même si elle surestime le risque ; choix des experts de prendre la HID50 de l'être humain traduite en copie génomique</p> <p>Prise en compte de plusieurs scénarios</p> <p>Les estimations présentées sont donc moyennées</p>	

	Sous classe	Origine et sources (causes) des incertitudes identifiées par les experts	Prise en compte par le GT	Impact (faible, fort ou non qualifiable) et Direction sur le résultat (sur/sous-estimation ou non quantifiable)
	Méthodes d'intégration des données	Scénarios et modèle		
	Interprétation des résultats		Analyse de l'influence des paramètres d'entrée par des scénarios	
Q1 : évaluation du risque d'introduction de swIAV en élevage par les autres sources	Données sélectionnées	Manque de données	Elicitation des connaissances d'experts pour les sources d'introduction avec estimation de l'incertitude (pas de pondération) (voir § 7.1 et Annexe 5)	I : faible, l'incertitude est la plus faible pour les sources de très haute priorité D : sous ou sur estimation
	Interprétation des résultats	Evaluation qualitative		
Q2 : risque de persistance	Données sélectionnées	Variabilité des typologies d'élevage sur le terrain	Les trois configurations choisies pour le modèle épidémiologique correspondent à trois élevages réels correspondant à des situations habituellement rencontrées, pour lesquels la connaissance des circuits d'air et des mouvements d'animaux étaient bien connus et qui	I : moyen D : sous ou sur estimation

	Sous classe	Origine et sources (causes) des incertitudes identifiées par les experts	Prise en compte par le GT	Impact (faible, fort ou non qualifiable) et Direction sur le résultat (sur/sous-estimation ou non quantifiable)
			étaient concernés par la problématique influenza.	
	Méthodes d'intégration des données	Scénarios et modèle	Combinaison d'un modèle dédié aux problématiques des swIAV (Cador, Rose, <i>et al.</i> 2016) et de développements récents permettant une représentation fine de populations structurées à l'aide de systèmes multi-agents multi-niveaux (V. Sicard, Andraud et Picault 2021; Vianney Sicard, Andraud et Picault 2022)	I : moyen D : sous et sur estimation
	Interprétation des résultats	Coexistence dans ces élevages de phénomènes de persistance des mêmes virus à l'échelle de la population de l'élevage mais aussi des réintroductions ponctuelles de nouveaux virus qui peuvent alors persister ou s'éteindre spontanément dans un délai relativement court.	Prise en compte dans la discussion des résultats	I : faible D : non quantifiable
Q4 : transmission à l'être humain	Données sélectionnées	Les résultats étaient exprimés en valeur de Ct (le cycle d'amplification de la PCR à partir duquel le génome viral présent dans l'échantillon est détecté). Les valeurs de Ct ont ensuite été exprimées en nombre de copies du gène M.	Voir Annexe 25 Prise en compte de scénarios	I : moyen D : sur estimation

	Sous classe	Origine et sources (causes) des incertitudes identifiées par les experts	Prise en compte par le GT	Impact (faible, fort ou non qualifiable) et Direction sur le résultat (sur/sous-estimation ou non quantifiable)
		Manque de donnée sur un facteur de correction de la réceptivité de l'être humain au swIAV considéré a été pris en compte par les experts		
	Méthodes d'intégration des données	L'hypothèse qu'une copie de gène M représente une particule virale infectieuse.	Modèle et scénario La HID50 tient compte de la viabilité du virus qui a été transformé en copie génomique	I : fort D : surestimation de la probabilité de transmission aéroportée d'un swIAV du porc à l'être humain
	Interprétation des résultats		Discussion contextualisée des résultats	
Q3 : risque d'émergence swIAV panzootique/pandémique	Données sélectionnées	Le seul cas connu de virus pandémique de source porcine est celui du virus H1N1pdm09. Cependant des informations sont manquantes. En effet, le/les premiers évènement(s) de transmission zoonotique est/sont passé(s) inaperçu(s), ce qui ne permet pas d'affirmer que le virus avait déjà acquis à ce stade la capacité d'être pandémique ni a fortiori d'exclure que le potentiel pandémique du H1N1pdm09 ait pu s'accroître lors des transmissions interhumaines et des mutations /réassortiments qui se sont alors produits.	Elaboration d'un narratif sur la base des données disponibles dans la bibliographie.	I : fort D : non quantifiable

	Sous classe	Origine et sources (causes) des incertitudes identifiées par les experts	Prise en compte par le GT	Impact (faible, fort ou non qualifiable) et Direction sur le résultat (sur/sous-estimation ou non quantifiable)
		<p>Absence d'accès aux données TIPRA</p> <p>Pour les swIAV, pas d'éléments de prédiction avérée (qualitative barrière d'espèce et quantitative avec la virulence)</p>		
Q5 : recommandations sur des critères alerte précoces		Les incertitudes sont liées à celles décrites précédemment		<p>I : moyen</p> <p>D : non quantifiable</p>

11 Réponses aux questions de la saisine

Préambule

Cette saisine a été rédigée dans un contexte précis : après le cas humain de grippe zoonotique de 2021 en France, et au moment de la mise en ligne de l'avis du HCSP sur les équipements de protection individuelle. Cependant, pendant les deux ans et demi de travaux d'expertise, des actions de gestion et de prévention ont déjà été mises en œuvre (plaquette de prévention par SPF, prise en charge de la vaccination, etc).

Pour rappel, tous les modes d'hébergement sont inclus dans le périmètre de la saisine (bâtiment sur caillebotis, bâtiment en litière bio maîtrisée, élevage avec accès plein-air).

11.1 Probabilité d'introduction de virus influenza dans les élevages porcins

L'introduction d'un agent pathogène dans un troupeau porcin peut se faire en empruntant différentes voies de transmission, directes ou indirectes, à partir d'une source de contamination. Plus spécifiquement pour les IAV, les voies de transmission aéroportée et orale, ainsi que le contact avec un animal ou un être humain infecté ou avec un environnement contaminé sont à prendre en compte. Les experts ont identifié les sources possibles d'introduction d'IAV dans une exploitation porcine, les sources de très haute et haute priorité étant : les porcs vivants, les êtres humains intervenant en élevage, la proximité d'un élevage porcin et les camions transportant des animaux vivants.

➤ Introduction dans un élevage de porcs d'un swIAV par des porcs vivants

La probabilité d'introduction d'un swIAV par des porcs vivants est variable en fonction du stade physiologique et de la provenance des animaux.

En tenant compte de la situation épidémiologique des cinq dernières années, la probabilité par an que des lots de cochettes introduits transmettent un swIAV à des porcs d'un élevage du NO de la France est estimée entre 6 et 7 sur l'échelle Afssa 2008 (qui s'étend de 0 à 9) lorsque ces cochettes proviennent du NO et entre 2 et 3 lorsqu'elles proviennent d'une autre région, par exemple le SO. Cette probabilité annuelle est estimée entre 8 et 9 lorsque sont introduits des lots de porcelets de 8 ou 25 kg en provenance du NO, et entre 6 et 7 pour des lots de porcelets en provenance du SO.

Il est à noter que la zone d'origine des animaux introduits a un effet sur la probabilité d'introduction, notamment du fait de la prévalence de l'influenza porcin dans la région d'approvisionnement. Un changement de zone d'approvisionnement, i.e. SO, SE ou NE versus NO, diminue de manière significative la probabilité d'introduction d'un swIAV dans un élevage de porcs, mais celui-ci n'est pas envisageable en pratique compte tenu des relations commerciales existantes et de la disponibilité numérique et qualitative (schéma génétique) des futurs reproducteurs.

Enfin, les experts soulignent que les cochettes nouvellement introduites ne sont jamais vaccinées avant leur départ, elles seront vaccinées dans l'élevage receveur. En effet, la vaccination des cochettes n'a pas pour objectif de limiter l'introduction de swIAV dans l'élevage receveur mais de les protéger cliniquement au moment où elles entrent dans le troupeau de truies. De la même façon, les truies sont vaccinées afin d'être protégées cliniquement des conséquences de l'infection grippale (qui a un impact sur la reproduction). La vaccination à l'aide des solutions commerciales disponibles sur le marché en 2024 ne permet pas de prévenir l'infection des animaux ni la transmission virale.

Par ailleurs, des porcs issus d'autres pays de l'UE sont introduits en France et sont donc susceptibles d'introduire des swIAV, comme en témoignent les résultats de la surveillance événementielle (par exemple, émergence d'un nouveau virus H1_{av}N2 en 2020, détections sporadiques de virus H3N2 et H1_{pdm}N2 dans le NE où beaucoup de porcs destinés à l'engraissement proviennent de Belgique). Les experts soulignent également qu'à la faveur des mouvements de porcs intra-France, un virus introduit *in toto* depuis un autre pays dans une région donnée peut se propager dans une autre région. C'est ce qui a été observé suite à l'introduction du nouveau virus H1_{av}N2#E (HA clade 1C.2.4) qui a émergé dans le NO en 2020 et qui s'est propagé dans le SO et le SE.

Enfin, étant donné le faible nombre d'événements dans le contexte français pour lesquels des porcs sont déplacés pour être regroupés et exposés dans un lieu public, les experts estiment que la probabilité d'introduction d'un swIAV suite au retour de porcs dans un élevage après un rassemblement est extrêmement réduite.

La mise en place de mesures de biosécurité encadrant l'introduction d'animaux domestiques et le respect de leur observance visent à limiter l'introduction de swIAV dans un élevage de porcs.

Le GT préconise le respect de la phase d'observation clinique des animaux. Les reproducteurs introduits en élevage doivent être logés dans une quarantaine qui, dans l'idéal, doit être conduite en tout-plein/tout vide et indépendamment du reste de l'élevage.

Des systèmes de filtration aux entrées d'air des bâtiments d'élevage diminuent la probabilité d'introduction d'IAV par voie aérienne avec une efficacité variable en fonction du type de filtre utilisé.

Pour réduire le risque d'introduction du virus dans un élevage, il convient d'éviter que des animaux infectés par un swIAV soient transportés et livrés. Cependant, l'influenza porcin ne faisant pas l'objet d'une surveillance épidémiologique programmée en France, le statut de l'élevage de provenance vis-à-vis des swIAV n'est pas connu, et aucun dépistage n'est réalisé chez les cochettes avant le départ de chez le multiplicateur. Aussi, les experts estiment qu'un dépistage avant mouvement pourrait réduire ce risque, bien que ce dépistage paraisse difficile à mettre en œuvre dans les conditions actuelles, compte-tenu des délais de rendu des résultats d'analyses par les laboratoires de diagnostic vétérinaire et de la non disponibilité de tests rapides fiables et suffisamment sensibles. De plus, de la même manière que le statut d'un élevage vis-à-vis de l'influenza porcin peut être demandé par certains pays tiers dans le cas des exportations, les experts recommandent fortement que les organisations professionnelles porcines élaborent un protocole visant à vérifier que les animaux qui vont être importés ou introduits à partir d'un autre pays européen ne soient pas excréteurs de swIAV au moment de leur départ.

➤ Introduction d'IAV par des êtres humains

Différents corps de métiers peuvent intervenir en élevage porcin et sont susceptibles de transmettre un IAV aux porcs. La réceptivité du porc aux virus influenza A humains dépend du virus considéré. Elle a été estimée à 100 % pour le virus H1N1pdm09, les experts n'ayant pas objectivé une potentielle baisse de réceptivité du porc au virus saisonnier circulant au moment de la rédaction du rapport. Pour le virus H3N2, deux scénarios ont été pris en compte par les experts, à savoir 30 % et 5 % de réceptivité.

Les résultats des scénarios envisagés indiquent clairement que la conjonction des mesures suivantes permet de réduire drastiquement la probabilité de transmission des virus H1N1pdm09 et H3N2 de l'être humain au porc :

- **la non entrée du personnel** présentant des signes cliniques évocateurs de grippe dans les élevages (voir les recommandations précises dans l'avis du HCSP¹¹⁴). Toutefois, les experts rappellent que l'excrétion du virus influenza est possible en l'absence de signes cliniques. À cet effet, les experts préconisent de renforcer le travail de sensibilisation sur la transmission inter-espèces des virus influenza A, notamment entre l'être humain et le porc, et d'attirer l'attention sur le caractère fruste des symptômes pouvant survenir chez certaines personnes infectées ;

- **le port d'un masque**, idéalement le masque FFP2 (voir avis HCSP). A défaut, dans un souci d'observance, les experts recommandent le port d'un masque chirurgical (plus confortable) et *a minima* dans les circonstances où la personne concernée pourrait exposer les porcs aux virus de la grippe saisonnière (troubles respiratoires même peu intenses les concernant ou affectant leur entourage). Les experts insistent sur l'importance que tout masque doit être correctement porté pour être efficace ;

- **la vaccination** contre la grippe saisonnière de toute personne entrant en contact avec les porcs. Ainsi, le GT rappelle que la Haute Autorité de Santé (HAS) recommande la vaccination anti-grippale pour les personnes travaillant au contact des animaux, voire pour toute personne qui entre dans des salles où sont hébergés des porcs vivants, ceci afin de réduire le risque d'introduction d'un virus influenza humain dans l'élevage (voir avis de la HAS¹¹⁵). La vaccination contre la grippe saisonnière s'inscrit ici dans une démarche collective, afin de réduire le risque d'émergence de nouveaux virus réassortants entre swIAV et virus influenza humain, lesquels pourraient avoir des impacts importants tant en santé animale qu'en santé humaine. Idéalement, la prise en charge de cette vaccination devrait concerner toutes les personnes entrant en contact avec les animaux, ou à défaut, être priorisée en fonction de la liste du tableau présenté en Annexe 20. Lorsque la situation en France le justifiera, la vaccination contre le virus "pré-pandémique" de clade 2.3.4.4b sera à envisager, si les éleveurs sont exposés à des volailles ou des mammifères infectés par ce virus - ou à risque de l'être - que ces souches aient ou pas des marqueurs adaptatifs aux mammifères. Il est à noter que la Commission européenne a déjà garanti l'accès à 665 000 doses de ce vaccin, avec une option pour 40 millions de doses supplémentaires¹¹⁶. Cette hypothèse vaccinale contre le clade 2.3.4.4b n'a pas été prise en compte par les experts car elle n'était pas envisagée au moment où la représentation des événements conduisant à la transmission a été élaborée. En outre, le fait que des doses soient disponibles par anticipation dans la perspective de vacciner les

¹¹⁴ [Avis relatif à la prévention de la transmission à l'homme des virus influenza porcins et aviaires \(hcsp.fr\)](#), lien vérifié le 18/06/24.

¹¹⁵

[avis n2022.0022.sespev du 7 avril 2022 du college de la has relatif a l edition 2022 du calendrier des vaccinations.pdf \(has-sante.fr\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹¹⁶ communiqué de presse du 11 juin 2024 (https://europa.eu/newsroom/ecpc-failover/pdf/ip-24-3168_fr.pdf)

professionnels exposés permet d'escompter une couverture vaccinale comparable à celle de la vaccination humaine contre la grippe saisonnière ;

- une **ventilation optimale** des bâtiments en particulier lors d'interventions longues (ex. vaccination) permettant un renouvellement de l'air suffisant (tout en évitant le stress thermique des porcs).

Ces recommandations spécifiques s'ajoutent aux recommandations habituelles en biosécurité (EPI, etc, voir partie 3).

➤ Introduction d'IAV par le biais de l'environnement

La transmission d'IAV au porc s'effectue notamment par le biais des aérosols. Ainsi, pour limiter la probabilité d'infection à partir du voisinage, qui est variable en fonction des situations d'élevages (densité d'élevages dans la zone, présence d'abattoirs ou de clos d'équarrissage, conditions atmosphériques), différents éléments sont à prendre en considération :

- la conception de l'élevage doit faire en sorte de minimiser les flux d'air potentiellement contaminants entre secteurs, entre ateliers dans le cas des élevages mixtes (volailles-porcs ou ruminants-porcs), et entre élevages ;

- en particulier, les entrées d'air des secteurs de l'élevage ne doivent pas être à proximité du quai d'embarquement ;

- en cas de restructuration d'un élevage, les experts recommandent de prendre en considération plusieurs facteurs : présence de barrières physiques comme des haies pouvant constituer un obstacle à la transmission aérienne d'agents pathogènes, mise en place de systèmes de filtration, positionnement des entrées et des sorties d'air. A ce titre, les experts indiquent que les normes environnementales appliquées par les éleveurs ont très vraisemblablement des retombées positives sur le plan sanitaire ;

- en cas d'élevage mixte plein air, les experts recommandent que les parcs et parcours soient séparés et les plus éloignés possible. Par manque de données sur la prévalence et la dynamique des virus influenza sur les porcs en plein air, des recommandations plus précises sur ce type d'élevage sont difficiles à formuler à ce stade.

Ces recommandations spécifiques s'ajoutent aux recommandations habituelles en biosécurité (voir partie 3).

➤ Introduction d'un IAV par le biais de véhicules transportant des animaux vivants

Les véhicules transportant des animaux entre élevages ou vers l'abattoir ainsi que les chauffeurs de ces véhicules peuvent transmettre des agents pathogènes. En plus des mesures de nettoyage et désinfection prévues, il existe dans les élevages des installations destinées aux départs et aux arrivées des animaux afin de limiter l'introduction et la propagation des maladies. Les transports doivent être dédiés à chaque type d'animaux transportés (reproducteurs, porcelets, porcs charcutiers vers l'abattoir).

Les experts soulignent que la probabilité d'introduction de swIAV augmente lors de tournées multi-sites et notamment si des camions déjà chargés entrent dans un élevage pour y charger des animaux avant leur conduite à l'abattoir. Il pourrait être intéressant de prendre en compte les élevages atteints de façon récurrente par la grippe pour prioriser les tournées de ramassage. Mais cela nécessiterait par exemple l'établissement de la définition d'une qualification du niveau d'infection des élevages (statut sanitaire) et la création d'une charte de protection pour organiser le ramassage logistique en fonction du niveau d'infection de l'élevage, ce qui semble complexe à mettre en œuvre d'après les expériences de terrain en Bretagne où une initiative de ce genre a été conduite pour le SDRP.

Enfin les experts rappellent que les échanges de matériel agricoles peuvent représenter un facteur de risque d'introduction de virus influenza en élevage de porcs.

11.2 Persistance d'un ou plusieurs virus influenza A dans un élevage de porcs

La persistance des swIAV à l'échelle de la population de l'élevage est liée à des facteurs multiples de nature **virologique** (diversité de souches), **immunologique** (protection très partielle par l'immunité maternelle induite par la vaccination des mères ou consécutive à leur infection naturelle), mais aussi fortement conditionnée par la **conduite d'élevage** (intervalle inter-bandes court, population en perpétuel renouvellement en post-sevrage) et la **structure des bâtiments** (connectivité par les circuits d'air, transmission par voie aéroportée à la faveur des mouvements d'animaux). Les moyens de lutte associent donc nécessairement un ensemble de mesures à adapter pour chaque type d'élevage, liées à la conduite d'élevage (e.g. privilégier les intervalles inter-bandes longs, limiter les mélanges d'animaux), à la biosécurité (marche en avant et sectorisation) et aux contrôles des flux d'air afin d'empêcher la recirculation des virus. Parmi les mesures testées, l'externalisation de bandes entières au sevrage a été montrée comme la plus efficace. Cependant elle est très difficile à mettre en œuvre dans les élevages. La vaccination telle que pratiquée actuellement à l'aide des vaccins commercialisés disponibles sur le marché en 2024 permet une diminution des conséquences cliniques de l'infection notamment chez les truies mais ne permet pas de prévenir l'infection des animaux ni la transmission virale et par voie de conséquence la persistance à l'échelle de la population de l'élevage. La vaccination concerne essentiellement les truies avant mise bas, même si des essais de vaccination de porcs en croissance ont été expérimentés pour maîtriser l'infection en post-sevrage avec des résultats très variables selon la typologie de l'élevage et l'immunité de population chez les truies. La fraction de la population vaccinée d'un élevage naisseur-engraisseur est ainsi très faible (moins de 10 % de l'effectif total présent sur le site), ce qui compte tenu du R_0 des swIAV (environ 15) est totalement insuffisant pour espérer obtenir une immunité de population nécessaire pour un assainissement. Compte tenu du faible niveau d'efficacité des vaccins anti swIAV disponibles à la date de rédaction du rapport et du R_0 élevé, il est probable que même un taux de vaccination de 100 %, pour autant que sa mise en œuvre soit envisageable, ne permettrait pas d'enrayer la persistance du virus au sein de l'élevage. Une mesure à envisager serait de tester la vaccination des truies après mise bas (le protocole habituel étant réalisé avant mise bas) afin d'assurer une protection clinique des truies tout en limitant le transfert d'immunité passive aux porcelets laquelle peut contribuer à la persistance de l'infection dans l'élevage (cf. 4.3.2).

A l'échelle de la population de l'élevage, les dynamiques infectieuses des swIAV sont fortement conditionnées par la **structuration spatiale des élevages** dont vont dépendre (i) la possibilité d'**exposition continue** de certains secteurs de l'élevage (e.g. les reproducteurs) aux flux d'air sortant d'autres secteurs infectés (e.g. post-sevrage) favorisant ainsi des réinfections permanentes ; (ii) l'**exposition ponctuelle** mais fréquente des entrées d'air des bâtiments à des animaux infectieux lors de leurs déplacements entre les secteurs. Les dynamiques de population, et les flux d'animaux correspondants, apparaissent comme des points essentiels nécessitant une attention particulière, notamment vis-à-vis des flux d'air et des connexions épidémiologiques sous-jacentes. La persistance ou les relances des infections

vers les différents secteurs de reproduction (verraterie/gestante) ont été identifiées comme des facteurs favorisant la circulation virale chez les porcs en croissance (post-sevrage, engraissement). La correction des expositions continues en modifiant les extractions d'air par exemple pour ne pas qu'elles exposent d'autres secteurs de l'élevage ne suffisent pas, notamment lorsque les bâtiments sont très imbriqués et que des mouvements très fréquents de porcs en croissance ont lieu et exposent les bâtiments des reproducteurs. L'organisation de flux d'animaux par les couloirs de circulation suivant le principe d'une marche en avant (maternité vers post-sevrage vers engraissement) sans retour dans le compartiment des reproducteurs doit être un élément majeur pris en compte dans la conception des élevages de type naisseur-engraisseur.

Des travaux récents reposant sur des suivis de cohortes détaillés et sur le long terme au sein d'élevages affectés par une circulation récurrente de virus influenza porcins ont permis d'obtenir des données montrant toute la complexité de la dynamique des swIAV en élevage. Le projet Européen PIGIE a notamment permis d'étudier dans le détail ces dynamiques infectieuses en suivant des cohortes de porcelets dans différents élevages et sur différentes bandes pendant près de deux ans ((Hellec *et al.* 2024)). Grâce aux données de séquençage et de phylodynamie, il a notamment été montré la coexistence dans ces élevages de phénomènes de persistance des mêmes virus à l'échelle de la population de l'élevage mais aussi des réintroductions ponctuelles de nouveaux virus qui peuvent alors persister ou s'éteindre spontanément dans un délai relativement court. Ainsi la caractérisation approfondie des virus est nécessaire pour appréhender ce qui correspond à une réelle persistance enzootique à l'échelle de la population de l'élevage sur le long terme et ce qui correspond à des réintroductions multiples de virus à partir de sources externes.

11.3 Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un virus influenza porcine présentant un caractère panzootique, zoonotique et/ou pandémique marqué.

- Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un swIAV présentant un caractère panzootique marqué

Un swIAV panzootique est un virus responsable de cas d'influenza porcine dans les populations de porcs domestiques de plusieurs continents, voire de tous les continents de la planète. Au moment de la rédaction de ce rapport, seul le virus H1N1pdm09 responsable de la pandémie de 2009 a été clairement décrit comme responsable de cas d'infections chez des porcins simultanément sur tous les continents.

Les swIAV circulant en France au moment de la rédaction de ce rapport peuvent se propager à d'autres populations porcines hors de France à la faveur de mouvements d'animaux. Etant donné que les exportations françaises concernent surtout des porcs destinés à être abattus, les experts estiment qu'il est peu probable qu'un virus « typiquement français » (génotype régional) se propage rapidement sur l'ensemble des continents sans avoir acquis des propriétés particulières nouvelles (suite à modification génétique) qui lui conféreraient une capacité accrue à se propager chez le porc, ou à être introduit chez le porc par l'être humain.

Cependant, même si cette probabilité ne peut être estimée, il ne peut être exclu que l'infection d'un cheptel étranger par un virus français puisse être à l'origine, à la faveur d'une co-infection, de l'émergence d'un nouveau swIAV réassortant qui pourrait avoir un potentiel épizootique ou zoonotique accru et conduirait à une panzootie.

➤ Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un swIAV présentant un caractère zoonotique marqué

Tous les swIAV sont naturellement potentiellement zoonotiques, notamment parce qu'ils possèdent une affinité pour les récepteurs AS- α 2,6-Gal présents à la surface des cellules épithéliales humaines situées au niveau de l'arbre respiratoire supérieur et inférieur.

Cependant, les caractéristiques qui permettent à un virus de franchir aisément la barrière de l'espèce humaine dépendent de multiples facteurs encore mal connus. Certains gènes ou combinaisons de gènes seraient plus ou moins favorables à ce passage de la barrière d'espèce. Par exemple, il a été émis l'hypothèse que des swIAV réassortants porteurs du gène M du virus H1N1pm09 pourraient avoir un potentiel zoonotique accru.

L'être humain possède des défenses intrinsèques pour se défendre contre l'infection. Cependant, les IAV ont développé des stratégies d'échappement aux défenses de la cellule hôte. Ainsi, un swIAV sera plus ou moins capable de se répliquer dans une cellule humaine en fonction de la capacité des facteurs cellulaires de restriction à interagir à une étape de son cycle de réplication et/ou de la capacité des protéines virales à inhiber l'action de ces facteurs de restriction.

Les experts estiment qu'il convient de considérer que tous les swIAV sont des agents pathogènes à potentiel zoonotique marqué, quel que soit leur génotype.

L'émergence dans ce contexte du clade H5Nx 2.3.4.4b, son expansion chez de nombreuses espèces de mammifères et l'existence de cas humains (même s'ils restent sporadiques et majoritairement peu sévères à l'heure actuelle), rend redoutable le scénario de l'infection du porc par ce virus. En effet, des données récentes d'infections naturelle et expérimentale sont en faveur d'une transmission de l'infection entre porcs, faisant planer la menace de l'émergence de mutants et/ou réassortants zoonotiques voire pré-pandémiques (voir 5.5.5.1).

➤ Probabilité d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un swIAV présentant un caractère épidémique voire pandémique marqué

Pour estimer la probabilité qu'un swIAV circulant en France présente un caractère épidémique, il convient de prendre en compte :

- le danger, c'est-à-dire les caractéristiques virologiques des swIAV circulant en France;
- la probabilité d'émission, un virus à forte prévalence dans les populations porcines en France étant plus susceptible d'être transmis de façon répétée à des humains ;
- la probabilité d'exposition et les éléments de contexte : les populations les plus exposées en France le sont dans un contexte professionnel, ce facteur pouvant se conjuguer à des facteurs individuels de comorbidité et/ou à l'émergence d'une souche épidémique.

Dans la majorité des cas décrits dans le monde, les cas de transmission de swIAV aux humains sont sporadiques et sont soit isolés soit anadémiques, sans transmission interhumaine identifiée. C'est ce qui s'est d'ailleurs produit lors de l'épisode français de 2021,

pour lequel un seul cas de transmission de swIAV à un être humain est survenu alors que plusieurs individus avaient été exposés au lot de porcs infectés, ceci sans transmission interhumaine par la suite.

Les données épidémiologiques et virologiques suggèrent que les swIAV n'ont pas acquis la capacité d'une transmission soutenue entre êtres humains. Ainsi, les experts estiment que la probabilité que les swIAV détectés dans les élevages français soient responsables d'une épidémie peut être qualifiée de faible (*low*) selon les critères de l'OMS. Cependant, l'évaluation du risque devra être revue si des données épidémiologiques ou virologiques deviennent disponibles et sont de nature à modifier cette évaluation.

Une pandémie peut survenir lorsqu'un IAV, vis-à-vis duquel la plupart des êtres humains sont peu ou pas immunisés, acquiert la capacité d'induire une transmission interhumaine soutenue, lui permettant de diffuser à l'échelle de plusieurs continents. Le virus H1N1pdm09 est le seul virus pandémique connu de source porcine. La combinaison de plusieurs facteurs (facteurs viraux, facteurs d'hôtes et facteurs de risque) semble avoir contribué à son émergence et sa propagation.

L'OMS procède à des évaluations du risque de pandémie de grippe pour des virus qui ont un gène HA, voire d'autres gènes, distinct(s) de ceux des virus de la grippe saisonnière. L'outil TIPRA a été mis au point pour fournir une approche normalisée et transparente en appui de l'évaluation du risque que des virus influenza soient susceptibles de provoquer une pandémie. Cet outil a pour objectif d'évaluer, d'une part la probabilité que le lignage viral considéré acquière la capacité de se transmettre durablement d'humain à humain, d'autre part l'impact sur la santé publique en cas de transmission inter-humaine.

L'identification précise (génétique, phénotypique, fonctionnelle et épidémiologique, voir critères TIPRA en Annexe 24) du virus qui va être concerné par l'évaluation de risque est un prérequis indispensable. Il n'est donc pas possible dans le cadre de cette saisine de répondre de façon générale à la question sur le risque pandémique associé aux swIAV, dans la mesure où il s'agit d'une analyse ciblée sur un virus qui a des caractéristiques particulières. Mais le TIPRA a le potentiel de permettre l'évaluation du risque pandémique à partir de swIAV à tout moment où cela pourra être jugé nécessaire. Il permet également d'évaluer le risque pandémique associé à un virus animal avant même qu'il ait été transmis à des humains.

Les évaluations TIPRA réalisées depuis 2016 ont surtout concerné des virus influenza aviaires, mais également le virus H1N1pdm09 (H1N1 TRIG) et quelques lignages de virus porcins (swine H1 1C, swine H3N2 1990.4, swine H3N2 2010.1). Globalement, les virus porcins ont des scores allant de 5 à 7 (sur une échelle de 0 à 10) en terme de probabilité de survenue d'une transmission inter-humaine soutenue (probabilité de niveau moyen selon les critères de l'OMS) et de 4 à 5 en terme d'impact sur la santé publique (impact de niveau faible à moyen selon les critères de l'OMS) (données OMS).

11.4 Probabilité de transmission de swIAV aux êtres humains

Même si les cas de transmission de swIAV aux humains recensés dans le monde ont été peu fréquents, et la transmission interhumaine très rarement observée, les populations humaines exposées à des porcs sont significativement plus à risque d'infection par un swIAV. La dernière pandémie grippale de 2009 est d'origine porcine.

Depuis 2009, la grande majorité des cas humains ont été recensés aux États-Unis, où une surveillance renforcée des cas de grippe humaine d'origine porcine est en place depuis 2007. C'est particulièrement le cas dans le contexte de foires agricoles, fréquentes dans certains États américains, durant lesquelles des cas humains d'origine porcine ont été détectés à maintes reprises, parfois sous la forme de regroupements de cas dans le temps et l'espace (cette pratique est peu fréquente en France).

Partout ailleurs, il est probable qu'une part notable des infections grippales humaines d'origine porcine passe inaperçue, car elles ne peuvent être distinguées cliniquement des autres infections respiratoires bénignes humaines. De plus, les experts souhaitent rappeler qu'au moment de la rédaction du rapport, le principal dispositif de surveillance des gripes zoonotiques en France demeure la surveillance passive, qui repose sur le signalement aux autorités sanitaires compétentes par un professionnel de santé de toute suspicion de grippe d'origine aviaire ou porcine. De multiples freins à cette surveillance subsistent encore et il est probable que des cas sporadiques de grippe zoonotique se produisent en France sans qu'ils soient détectés.

Une exposition directe à des porcs ou à un environnement contaminé par des porcs est généralement rapportée pour les cas de grippe d'origine porcine recensés, que ce soit en élevage, en abattoir, ou encore dans des foires ou salons d'exposition. Toutefois, des cas d'infection par un swIAV sans exposition directe à des porcs dans les jours précédant les signes cliniques ont été décrits dans différents pays à plusieurs reprises, posant questions sur les sources et notamment sur de possibles contaminations par l'environnement.

Dans le cadre de cette saisine, un travail de modélisation a été réalisé afin d'évaluer la probabilité de transmission d'un swIAV à l'être humain.

La réceptivité de l'être humain à un virus influenza porcine dépend du virus considéré.

Pour le virus H1N1pdm09, la réceptivité a été considérée de 100 %. En effet, malgré le fait qu'il y ait une barrière d'espèces à franchir et même s'il est possible de distinguer des génogroupes de virus H1N1pdm09, les souches en circulation chez l'être humain et chez le porc restent proches d'un point de vue antigénique. Même si des différences en termes de capacité à se multiplier et se transmettre, ainsi qu'en terme de virulence ont pu être mises en évidence dans des études expérimentales menées parallèlement chez le porc et chez le furet (Kristensen *et al.* 2023), les experts n'ont pas considéré une potentielle baisse de réceptivité du porc au virus H1N1pdm09 contemporain chez l'être humain.

Pour les swIAV autres que le virus H1N1pdm09, l'incertitude est grande. Les experts ont choisi de tester quatre scénarios contrastés reflétant les variations de réceptivité : 5, 25, 50 et 75 %.

En conclusion des différents scénarios envisagés, il ressort que :

➤ **pour le virus porcine H1N1pdm09 :**

- la probabilité de transmission aéroportée du virus du porc à l'être humain est maximale quand aucune mesure de protection n'est prise. Ainsi, pour une activité en élevage de 15 min, si on considère la valeur basse de la HID_{50} , entre 91 % et 98 % des itérations correspondent à une transmission du virus H1N1pdm09 à l'être humain en fonction du scénario envisagé. Ce pourcentage se situe entre 50 % et 78 % si on tient compte de la valeur haute de la HID_{50} ;

- une vaccination des porcs avec un vaccin permettant d'atteindre un niveau de protection de 75 % contre les swIAV en circulation (réduction de la réplication et de l'excrétion de particules virales dans l'air) **couplée** au port d'un masque FFP2 sans valve et correctement porté par le personnel en contact avec les porcs, permet de réduire la probabilité de transmission d'un facteur d'environ 2 à 4. Les experts recommandent de produire des vaccins efficaces

permettant de réduire la circulation des virus influenza porcins et d'optimiser les protocoles de vaccination des porcs. Notons également que le port d'un masque FFP2 (sans valve) est efficace mais peu confortable. Il conviendrait de promouvoir des travaux de recherche/d'innovation pour le développement de nouveaux masques qui soient adaptés pour prévenir au mieux le risque d'infection par des swIAV pour les personnes qui travaillent au contact des animaux dans les élevages porcins (masques efficaces et confortables que les gens porteront plus facilement) ;

➤ **pour les autres swIAV :**

- de manière générale, les résultats obtenus pour les différents scénarios envisagés par les experts vont dans le même sens que pour le virus H1N1pdm09. Toutefois, les pourcentages d'itérations se traduisant par une transmission du porc à l'être humain sont inférieurs à ceux obtenus en comparaison avec le virus H1N1pdm09 ;

- les mesures les plus efficaces envisagées pour réduire le risque de transmission sont identiques aux mesures concernant le virus H1N1pdm09.

11.5 Recommandations visant à renforcer la capacité de détection précoce des souches à caractère panzootique, zoonotique et/ou pandémique marqué

Il existe une convergence dans la littérature scientifique sur le fait que des évènements de transmission de virus influenza A du porc vers l'être humain et de l'être humain vers le porc se produisent de façon régulière, même s'il demeure des déficits de connaissance majeurs sur la fréquence et les caractéristiques de ces évènements. Un seul cas humain a été détecté en France à ce jour, mais il est possible que des cas ne soient pas détectés en raison d'une insuffisance de la surveillance à l'interface animal/être humain.

Dans une approche intégrée, le GT recommande en premier lieu que les dispositifs de surveillance évoluent en concertation avec tous les acteurs de la surveillance humaine et de la surveillance animale, en impliquant les acteurs de terrain.

Les experts précisent qu'il existe des regroupements entre les différentes recommandations émises ci-dessous, mais que pour une question de lisibilité, elles ont été classées et organisées en axes.

Axe 1 Renforcer la surveillance évènementielle/passive chez le porc et chez l'être humain

➤ **Chez le porc**

- Pérenniser et élargir les missions du réseau national public-privé de surveillance évènementielle Résavip : lui permettre, notamment, de déléguer le sous-typage de routine des swIAV réalisé par le LNR Influenza Porcin à un ou des laboratoires de diagnostic vétérinaire, et de financer le génotypage (par séquençage des génomes complets) de toutes les souches de swIAV détectées dans les élevages, ainsi que le sous-typage antigénique (par tests d'inhibition de l'hémagglutination à l'aide de sérums de référence) d'une sélection de souches ;

- Permettre au LNR Influenza Porcin d'accéder aux coordonnées GPS des élevages de porcs prélevés dans le cadre de Résavip aux fins de réalisation d'études de phylodynamique, lesquelles conduiront à mieux comprendre la propagation et la dispersion des souches de swIAV sur le territoire ;
 - Encourager et organiser la mise en commun des données issues de divers dispositifs contribuant à la détection et l'identification des swIAV en France, afin de les cumuler avec les données du réseau national Résavip (analyses diagnostiques demandées hors Résavip, dans des laboratoires de diagnostic vétérinaire, au LNR IP, dans des laboratoires de recherche, etc.).
- Chez l'être humain
- Renforcer l'information sur le risque et la conduite à tenir en cas de symptômes. La plaquette réalisée par SPF¹¹⁷, avec le concours de l'Anses, de l'OFB et de la MSA, est à diffuser largement auprès des personnes exposées aux porcs en France (éleveurs, vétérinaires, techniciens d'élevage, techniciens des services vétérinaires, personnel en élevage, abattoir, équarrissage, etc) ; travailler étroitement entre acteurs de la santé animale et de la santé humaine (y compris des acteurs de la santé au travail et des sociologues/anthropologues) pour mettre en place un/des réseau(x) collaboratif(s) visant à communiquer ensemble de façon régulière, à promouvoir des actions de sensibilisation et de prévention du risque à l'interface animal/être humain, à évaluer les dispositifs existants (surveillance, prévention) ;
 - Sensibiliser de façon large et régulière l'ensemble des professionnels de santé humaine à recueillir de façon systématique, lorsqu'un patient consulte et a fortiori lorsqu'un prélèvement est réalisé, l'information sur une éventuelle exposition à des animaux devant toute infection respiratoire aiguë, avec ou sans notion de gravité ;
 - Prévoir la prise en charge par la collectivité des tests RT-PCR grippe avec sous-typage systématique à toute personne présentant une infection respiratoire aiguë et exposition à risque (contact direct ou indirect avec des porcs vivants), quelle que soit la période de l'année, y compris en médecine de ville ;
 - Travailler avec le secteur hospitalier pour viser à la réalisation systématique du sous-typage grippe chez tout cas grave de grippe A hospitalisé, quelle que soit la période de l'année et la notion d'exposition à risque à des porcs/oiseaux/animaux d'autres espèces animales.

Ces quatre étapes sont complémentaires et nécessaires pour être en capacité de renforcer la surveillance de la grippe zoonotique chez l'être humain.

Les experts recommandent de mettre en place une plateforme unique et commune, pour le partage des données (avec des accès différents et sécurisés, par exemple accès à toutes les données pour les institutions et accès limité pour les éleveurs).

Axe 2 : Renforcer la surveillance active chez le porc et l'être humain

- Chez le porc
- Promouvoir des enquêtes sérologiques nationales et/ou régionales chez le porc en croissance, afin de compléter la surveillance virologique événementielle qui ne détecte pas forcément tous les événements, notamment les cas d'infection

¹¹⁷ [Les bons réflexes face aux grippez aviaire et porcine \(santepubliquefrance.fr\)](https://www.santepubliquefrance.fr) lien vérifié le 18/06/24.

- pauci- ou asymptomatique, et pour pouvoir donner des indications sur la prévalence des infections à swIAV, ceci à intervalles de temps réguliers (sur une base pluriannuelle établie) et en cas d'évènements particuliers détectés par le réseau de surveillance Résavip ;
- Promouvoir le développement de tests rapides pour la détection des swIAV dans des prélèvements de suidés, pour tester des animaux avant leur départ de l'élevage, notamment lorsqu'il s'agit d'un mouvement vers un autre élevage ;
- Chez l'être humain : mettre en place une surveillance active des personnes exposées à des porcs dans un contexte professionnel, en lien avec la médecine du travail
- Equiper les professionnels exposés volontaires (et leur famille si elle réside sur le lieu de l'élevage) de kits d'auto-prélèvements non invasifs (écouvillons nasaux, écouvillons oro-pharyngés, prélèvement de salive, mouchoirs, etc.) afin qu'ils puissent se prélever en cas d'IRA, aux fins d'analyses virologiques par un laboratoire compétent (CNR, laboratoire hospitalier, laboratoire d'analyse médicale - à définir). Ces dépistages devront être organisés en lien avec tous les acteurs concernés par la surveillance de la grippe humaine, mais également en lien avec les acteurs de la surveillance des virus influenza chez les porcs ;
 - Augmenter les interactions et les synergies entre les différents acteurs, y compris de terrain ;
 - Mettre en œuvre des enquêtes sérologiques régulières dans la population professionnellement exposée aux porcs (comparativement à la population non exposée). Ces enquêtes sérologiques peuvent être réalisées selon différentes approches : études de séroprévalence, cohortes prospectives, etc ;
 - Impliquer les laboratoires de diagnostic vétérinaire. Ceux-ci sont équipés de façon à pouvoir travailler sur des grandes quantités de prélèvements, ce qui n'est pas le cas en médecine humaine. Il serait intéressant que, dans certains cas, les laboratoires vétérinaires puissent analyser des échantillons humains (en France, contrairement à d'autres pays, ce n'est actuellement pas possible d'un point de vue réglementaire). Le GT suggère la mutualisation des dispositifs d'analyses (dépistage et diagnostic)
 - Recommander de mettre en place une surveillance des virus influenza dans les eaux usées des villages/zones de forte densité porcine où il y a plus de risque que des êtres humains soient contaminés, et d'élargir la surveillance dans les stations d'épuration (Minodier *et al.* 2015) actuellement essentiellement centrée sur le SARS-CoV-2 aux autres virus respiratoires.

Axe 3 : Renforcer la collaboration entre le CNR Virus des infections respiratoires et le LNR Influenza porcine sur l'identification des virus influenza humains et porcins et sur l'évaluation du risque posé par les swIAV pour la santé publique

- Mettre en place un dispositif de partage des séquences des souches virales détectées chez l'être humain et chez les animaux. Ce dispositif pourrait inclure le dépôt des séquences dans une base de données internationale, l'information réciproque sur les séquences soumises, l'interprétation conjointe des données à intervalles de temps réguliers et la diffusion commune des résultats d'analyses partagées.

- Mettre en œuvre des investigations concertées et coordonnées dans les deux types de populations (humaine et animale) dans différentes situations considérées à risque ou à l'occasion de la diffusion d'une nouvelle souche virale au sein de la population de porcs. Il conviendra de définir les paramètres qui devraient mobiliser systématiquement de telles investigations, y compris en dehors de situations d'alerte évoquées dans l'axe 4 (voir ci-dessous), de façon à anticiper de telles situations d'émergence d'un swIAV à potentiel épidémique/pandémique
- Promouvoir des projets de recherche entre CNR et LNR sur la mise au point des méthodes analytiques (choix des réactifs, des antigènes, des globules rouges, etc.) de façon à estimer et optimiser leurs performances.

Axe 4 : identifier des critères d'alerte évoquant l'émergence et/ou la transmission sur le territoire national d'un swIAV à potentiel épidémique / pandémique

Les experts précisent qu'il est nécessaire de définir des seuils d'alerte pour les critères (notamment déterminer les unités de temps et de lieu, le nombre de cas, etc.).

Les critères d'alerte pourraient reposer sur :

- la multiplication de la détection de cas humains de grippe d'origine porcine avec une exposition avérée à des porcs, et dus à un même virus/sous-type/clade/sous-clade ;
- des détections rapprochées dans le temps et l'espace de cas humains de grippe d'origine porcine avec ou sans lien épidémiologique (contact étroit) apparent entre eux ni source apparente d'exposition commune ;
- la détection d'une ou plusieurs chaînes de transmission secondaire autour de cas humains de grippe d'origine porcine ;
- la prise en compte des critères évalués au niveau international (voir 9.1.2). Les critères doivent être harmonisés (importance/ nécessité d'un consensus international pour appliquer les mêmes pratiques en terme de surveillance) ;
- les caractères génétiques et phénotypiques des swIAV (identification de certains marqueurs moléculaires, de certaines propriétés virales, tels que ceux évalués à l'aide de l'outil TIPRA (voir section 9.1.2.2).

Axe 5 : promouvoir des projets de recherche sur le risque d'émergence d'un swIAV à potentiel pandémique à l'interface animal/être humain en France

Les experts recommandent de :

- promouvoir des projets exploratoires ou des études pilotes en surveillance active (par exemple : tester la sensibilité et la validité des auto-prélèvements, écouvillons naseaux, prélèvement salivaire) ;
- développer de nouveaux tests sérologiques pour la détection spécifique d'anticorps anti-swIAV chez l'être humain ;
- mener des enquêtes sérologiques comparées, dans la population humaine à risque exposée et dans la population citadine pour évaluer les prévalences des infections par les différents swIAV en circulation sur le territoire. Ces enquêtes permettraient de mieux comprendre la dynamique d'infection dans l'espace et dans le temps et de confirmer qu'il s'agit d'un indicateur pertinent pour les populations à risque ainsi qu'un indicateur d'un accroissement de la circulation virale dans la population générale ou l'apparition d'un nouveau clade ;

- conduire des projets de recherche sur la viabilité et la persistance des virus influenza (humains et porcins) dans l'air et leur transmission par la voie aéroportée (choix du matériel, savoir si le virus est viable ou non) ;
- promouvoir des projets de recherche portant sur le passage des barrières d'espèces, visant à déterminer si certains virus ont un potentiel plus élevé de transmission à l'être humain, notamment en testant la capacité des virus influenza porcins circulant en France (et notamment des nouveaux réassortants qui émergeraient chez cette espèce) à infecter le furet et à se transmettre de furet à furet. L'évaluation de risque TIPRA nécessite un certain nombre de données, dont des données sur le modèle furet, qui sont indispensables pour réaliser cet exercice sur les virus porcins (cette espèce étant considérée comme le meilleur modèle animal actuel pour évaluer le risque zoonotique associé aux virus influenza animaux). De même, compte tenu du rôle pouvant être joué par d'autres espèces dans la circulation, la genèse de mutants et de réassortants et dans la transmission des virus influenza de source au moins partiellement porcine à l'être humain, l'exploration d'autres barrières d'espèces (telles que porc/canard, porc/dinde) pourrait s'avérer judicieuse ;
- encourager des projets de recherche visant à évaluer la capacité de modèles d'organoïdes humains ou de systèmes cellulaires humains à l'interface air/liquide à évaluer le risque zoonotique associé aux swIAV;
- encourager des projets collaboratifs entre les acteurs de la santé animale et de la santé humaine, y compris à l'échelle européenne et internationale ;
- encourager les projets de modélisations transversaux « Une Seule Santé » (*One Health*) ;
- financer des projets de recherche sur la phylodynamique et la phylogéographie, en incitant à la collaboration entre épidémiologistes, modélisateurs, phylogénéticiens et les scientifiques et professionnels de la filière porcine ;
- encourager les autorités françaises à soutenir et à faire remonter auprès de la commission européenne le besoin de coordonner la surveillance au niveau européen, même si l'influenza porcine n'est pas une maladie réglementée (ring test, standardisation, etc.). Pour le moment, une action COST (ESFLU) (2022 - 2026) a été mise en place pour permettre de formaliser un cadre d'échange de compétences et d'informations au niveau européen ;
- mener des projets de développement et de validation d'outils et de tests rapides chez le porc (avec une sensibilité suffisante) pour tester les animaux et limiter les mouvements à risque (les tests rapides aviaires ne fonctionnent pas pour effectuer de la détection chez le porc) ;
- promouvoir des projets de développement de nouveaux vaccins pour les porcs et pour l'être humain avec des souches adaptées aux souches circulantes ;
- considérer l'intérêt d'une vaccination « pré pandémique » anti-virus aviaire (2.3.4.4b) pour les êtres humains qui seront au contact des volailles, voire des porcs ;
- promouvoir des recherches sur les marqueurs potentiels des virus porcins à potentiel épidémique/pandémique, ce qui pourrait conduire à une surveillance en amont de l'infection humaine, ou du moins plus précoce.

12 Conclusion

Les porcs vivants constituent la source de plus haute priorité pour l'introduction des swIAV en élevage. Les mouvements d'animaux entre élevages, régions, pays sont donc des événements à l'origine de la diffusion de ces virus. Connaître le statut des animaux introduits (et notamment des cochettes), ce qui n'est pas le cas actuellement, pourrait contribuer à la gestion de ce risque. En complément, la mise en place de mesures de biosécurité (quarantaine à l'introduction des cochettes en premier lieu) ainsi que leur observance au quotidien sont primordiales car une fois les swIAV introduits en élevage, leur persistance dépend de plusieurs caractéristiques/facteurs de conduite des élevages et liée à l'immunité des animaux qui y résident.

Les êtres humains sont également des sources de haute priorité d'introduction d'IAV dans les élevages porcins. Ces IAV peuvent être d'origine porcine, les êtres humains étant eux-mêmes sensibles aux swIAV. Il convient donc de mettre en œuvre des mesures pour éviter la transmission de ces virus entre porcs et êtres humains dans les deux sens. En outre, les mesures prioritaires à préconiser sont notamment la non entrée en élevage de personnes avec des signes cliniques de grippe, le port du masque en cas de doute sur son statut ou si l'entourage est infecté, ainsi que la vaccination contre la grippe saisonnière des personnes intervenant en élevages porcins.

Enfin, renforcer les surveillances événementielle/passive et active chez le porc et l'être humain ainsi que la collaboration et les échanges permanents d'information entre scientifiques et acteurs professionnels des deux secteurs (aux niveaux local, national, et également à l'échelle européenne et internationale) permettrait d'être en mesure de mieux évaluer le risque posé par les swIAV pour la santé publique. En particulier, des travaux de recherche sont nécessaires afin d'identifier des critères pour évaluer le potentiel épidémique/pandémique de ces virus. Ces virus ont la possibilité d'infecter de nombreuses espèces animales de mammifères mais également d'oiseaux dont la dinde, particulièrement sensible. La plus grande vigilance est nécessaire face au risque d'émergence d'IAV réassortants zoonotiques. Les différentes recommandations sont indiquées dans les réponses aux questions.

Date de validation du rapport d'expertise collective par le groupe de travail « Grippe Porcine » et par le CES SABA le 2 juillet 2024.

13 Bibliographie

- **Sources** : Scopus, *corpus* bibliographique personnel des experts, recherches plus générales réalisées dans des revues et des sites Web jugés pertinents pour les questions de la saisine (bulletins épidémiologiques santé animale-alimentation de l'Anses, présentations aux Journées de la Recherche Porcine, site de Santé Publique France, etc.).
- **Date de début** : février 2022
- **Date de fin** : juin 2024

13.1 Publications

- Abdelwhab, Elsayed M. et Thomas C. Mettenleiter. 2023. "Zoonotic Animal Influenza Virus and Potential Mixing Vessel Hosts." *Viruses* 15 (4): 980.
- Abente, E. J., P. C. Gauger, R. R. Walia, D. S. Rajao, J. Zhang, K. M. Harmon, M. L. Killian et A. L. Vincent. 2017. "Detection and characterization of an H4N6 avian-lineage influenza A virus in pigs in the Midwestern United States." *Virology* 511: 56-65. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2017.08.021>.
- Abente, E. J., P. Kitikoon, K. M. Lager, P. C. Gauger, T. K. Anderson et A. L. Vincent. 2017. "A highly pathogenic avian-derived influenza virus H5N1 with 2009 pandemic H1N1 internal genes demonstrates increased replication and transmission in pigs." *Journal of General Virology* 98 (1): 18-30. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.000678>.
- Adeola, O. A., B. O. Olugasa, B. O. Emikpe et R. D. Folitse. 2019. "Syndromic survey and molecular analysis of influenza viruses at the human–swine interface in two West African cosmopolitan cities suggest the possibility of bidirectional interspecies transmission." *Zoonoses and Public Health* 66 (2): 232-247. <https://doi.org/10.1111/zph.12559>.
- Agüero, M., I. Monne, A. Sánchez, B. Zecchin, A. Fusaro, M. J. Ruano, M. Del Valle Arrojo, R. Fernández-Antonio, A. M. Souto, P. Tordable, J. Cañas, F. Bonfante, E. Giussani, C. Terregino et J. J. Orejas. 2023. "Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, Spain, October 2022." *Euro Surveill* 28 (3). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.Es.2023.28.3.2300001>.
- Alarcón, Laura Valeria, Alberto Allepuz et Enric Mateu. 2021. "Biosecurity in pig farms: a review." *Porcine Health Management* 7 (1): 5. <https://doi.org/10.1186/s40813-020-00181-z>.
- Albayrak, H., E. Ozan et A. Cavunt. 2013. "A serological survey of selected pathogens in wild boar (*Sus scrofa*) in northern Turkey." *European Journal of Wildlife Research* 59 (6): 893-897. <https://doi.org/10.1007/s10344-013-0743-6>.
- Alford, R. H., J. A. Kasel, P. J. Gerone et V. Knight. 1966. "Human influenza resulting from aerosol inhalation." *Proc Soc Exp Biol Med* 122 (3): 800-4. <https://doi.org/10.3181/00379727-122-31255>.
- Alonso, C., P. C. Raynor, P. R. Davies et M. Torremorell. 2015. "Concentration, size distribution, and infectivity of airborne particles carrying swine viruses." *PLoS ONE* 10 (8). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0135675>.
- Andersen, K. M., L. S. Vestergaard, J. N. Nissen, S. J. George, P. Ryt-Hansen, C. K. Hjulsager, J. S. Krog, M. N. Skov, S. Alexandersen, L. E. Larsen et R. Trebbien. 2022. "Severe

- Human Case of Zoonotic Infection with Swine-Origin Influenza A Virus, Denmark, 2021." *Emerg Infect Dis* 28 (12): 2561-2564. <https://doi.org/10.3201/eid2812.220935>.
- Anderson, T. K., J. Chang, Z. W. Arendsee, D. Venkatesh, C. K. Souza, J. B. Kimble, N. S. Lewis, C. T. Davis et A. L. Vincent. 2021. "Swine influenza A viruses and the tangled relationship with humans." *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine* 11 (3): 1-25. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a038737>.
- Anderson, T. K., C. A. Macken, N. S. Lewis, R. H. Scheuermann, K. Van Reeth, I. H. Brown, S. L. Swenson, G. Simon, T. Saito, Y. Berhane, J. Ciacci-Zanella, A. Pereda, C. T. Davis, R. O. Donis, R. J. Webby et A. L. Vincent. 2016. "A phylogenybased global nomenclature system and automated annotation tool for H1 hemagglutinin genes from swine influenza A viruses." *mSphere* 1 (6). <https://doi.org/10.1128/mSphere.00275-16>.
- Andral, B., D. Toquin, F. Madec, M. Aymard, J. M. Gourreau, C. Kaiser, M. Fontaine et M. H. Metz. 1985. "Disease in turkeys associated with H1N1 influenza virus following an outbreak of the disease in pigs." *Vet Rec* 116 (23): 617-8. <https://doi.org/10.1136/vr.116.23.617>.
- Andraud, Mathieu, S Hervé, S Gorin, N Barbier, S Quéguiner, F Paboeuf, G Simon et N Rose. 2023. "Evaluation of early single dose vaccination on swine influenza A virus transmission in piglets: From experimental data to mechanistic modelling." *Vaccine* 41 (19): 3119-3127.
- Arruda, B. 2024. "Divergent pathology & transmission among avian and mammalian isolates of highly pathogenic avian influenza A (H5N1) strains in swine."
- Arruda, B., A. L. V. Baker, A. Buckley, T. K. Anderson, M. Torchetti, N. H. Bergeson, M. L. Killian et K. Lantz. 2024a. "Divergent Pathogenesis and Transmission of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) in Swine." *Emerg Infect Dis* 30 (4): 738-751. <https://doi.org/10.3201/eid3004.231141>.
- Arruda, Bailey, Amy L. Vincent Baker, Alexandra Buckley, Tavis Anderson, Mia Torchetti, Nichole Hines Bergeson, Mary Lea Killian et Kristina Lantz. 2024b. "Divergent Pathogenesis and Transmission of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) in Swine." *Emerging Infectious Disease journal* 30 (4): 738. <https://doi.org/10.3201/eid3004.231141>.
- Beare, A. S., T. S. Hall, G. C. Schild et W. D. Kundin. 1971. "ANTIGENIC CHARACTERISTICS OF SWINE INFLUENZA VIRUS CLOSELY RELATED TO HUMAN HONG KONG STRAIN AND RESULTS OF EXPERIMENTAL INFECTION IN VOLUNTEERS." *The Lancet* 297 (7694): 305-308. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(71\)91039-7](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0140-6736(71)91039-7).
- Belongia, E. A., M. D. Simpson, J. P. King, M. E. Sundaram, N. S. Kelley, M. T. Osterholm et H. Q. McLean. 2016. "Variable influenza vaccine effectiveness by subtype: a systematic review and meta-analysis of test-negative design studies." *Lancet Infect Dis* 16 (8): 942-51. [https://doi.org/10.1016/s1473-3099\(16\)00129-8](https://doi.org/10.1016/s1473-3099(16)00129-8).
- Berhane, Y., D. Ojkic, J. Neufeld, M. Leith, T. Hisanaga, H. Kehler, A. Ferencz, H. Wojcinski, C. Cottam-Birt, M. Suderman, K. Handel, S. Alexandersen et J. Pasick. 2010. "Molecular characterization of pandemic H1N1 influenza viruses isolated from Turkeys and pathogenicity of a human pH1N1 isolate in Turkeys." *Avian Diseases* 54 (4): 1275-1285. <https://doi.org/10.1637/9422-061410-Reg.1>.
- Biondo, N., R. Schaefer, D. Gava, M. E. Cantão, S. Silveira, M. A. Z. Mores, J. R. Ciacci-Zanella et D. E. S. N. Barcellos. 2014. "Genomic analysis of influenza A virus from captive wild boars in Brazil reveals a human-like H1N2 influenza virus." *Veterinary Microbiology* 168 (1): 34-40. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2013.10.010>.
- Bischoff, W. E., K. Swett, I. Leng et T. R. Peters. 2013. "Exposure to influenza virus aerosols during routine patient care." *J Infect Dis* 207 (7): 1037-46. <https://doi.org/10.1093/infdis/jis773>.

- Bonfante, F., A. Fusaro, L. Tassoni, L. V. Patrono, A. Milani, S. Maniero, A. Salviato et C. Terregino. 2016. "Spillover transmission of European H1N1 avian-like swine influenza viruses to turkeys: A strain-dependent possibility?" *Veterinary Microbiology* 186: 102-110. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2016.02.025>.
- Borkenhagen, L. K., K. A. Mallinson, R. W. Tsao, S. J. Ha, W. H. Lim, T. H. Toh, B. D. Anderson, J. K. Fieldhouse, S. E. Philo, K. S. Chong, W. G. Lindsley, A. Ramirez, J. F. Lowe, K. K. Coleman et G. C. Gray. 2018. "Surveillance for respiratory and diarrheal pathogens at the human-pig interface in Sarawak, Malaysia." *PLoS ONE* 13 (7). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0201295>.
- Borkenhagen, L. K., M. D. Salman, M. J. Ma et G. C. Gray. 2019. "Animal influenza virus infections in humans: A commentary." *International Journal of Infectious Diseases* 88: 113-119. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2019.08.002>.
- Bøtner, A. et G. J. Belsham. 2012. "Virus survival in slurry: Analysis of the stability of foot-and-mouth disease, classical swine fever, bovine viral diarrhoea and swine influenza viruses." *Veterinary Microbiology* 157 (1-2): 41-49. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2011.12.010>.
- Bowman, A. S., S. W. Nelson, S. L. Page, J. M. Nolting, M. L. Killian, S. Sreevatsan et R. D. Slemons. 2014. "Swine-to-human transmission of influenza A(H3N2) virus at agricultural fairs, Ohio, USA, 2012." *Emerging Infectious Diseases* 20 (9): 1472-1480. <https://doi.org/10.3201/eid2009.131082>.
- Bowman, A. S., R. R. Walia, J. M. Nolting, A. L. Vincent, M. L. Killian, M. M. Zentkovich, J. N. Lorbach, S. E. Lauterbach, T. K. Anderson, C. T. Davis, N. Zanders, J. Jones, Y. Jang, B. Lynch, M. R. Rodriguez, L. Blanton, S. E. Lindstrom, D. E. Wentworth, J. Schiltz, J. J. Averill et T. Forshey. 2017. "Influenza A(H3N2) virus in swine at agricultural fairs and transmission to humans, Michigan and Ohio, USA, 2016." *Emerging Infectious Diseases* 23 (9): 1551-1555. <https://doi.org/10.3201/eid2309.170847>.
- Brochu, Pierre, Jean-François Ducre-Robitaille et Jules Brodeur. 2006. "Physiological Daily Inhalation Rates for Free-Living Individuals Aged 1 Month to 96 Years, Using Data from Doubly Labeled Water Measurements: A Proposal for Air Quality Criteria, Standard Calculations and Health Risk Assessment." *Human and Ecological Risk Assessment: An International Journal* 12 (4): 675-701. <https://doi.org/10.1080/10807030600801550>.
- Brookes, S. M., A. Núñez, B. Choudhury, M. Matrosovich, S. C. Essen, D. Clifford, M. J. Slomka, G. Kuntz-Simon, F. Garçon, B. Nash, A. Hanna, P. M. H. Heegaard, S. Quéguiner, C. Chiapponi, M. Bublot, J. M. Garcia, R. Gardner, E. Foni, W. Loeffen, L. Larsen, K. Van Reeth, J. Banks, R. M. Irvine et I. H. Brown. 2010. "Replication, pathogenesis and transmission of pandemic (H1N1) 2009 virus in non-immune pigs." *PLoS ONE* 5 (2). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0009068>.
- Brown, I. H. 2013. History and epidemiology of swine influenza in Europe. Dans *Current Topics in Microbiology and Immunology*, édité par J. Richt et R. J. Webby.
- Brown, I. H., P. A. Harris, J. W. McCauley et D. J. Alexander. 1998. "Multiple genetic reassortment of avian and human influenza A viruses in European pigs, resulting in the emergence of an H1N2 virus of novel genotype." *The Journal of general virology* 79 (Pt 12): 2947-2955. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-79-12-2947>.
- Burrough, E. R., D. R. Magstadt, B. Petersen, S. J. Timmermans, P. C. Gauger, J. Zhang, C. Siepker, M. Mainenti, G. Li, A. C. Thompson, P. J. Gorden, P. J. Plummer et R. Main. 2024. "Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b Virus Infection in Domestic Dairy Cattle and Cats, United States, 2024." *Emerg Infect Dis* 30 (7): 1335-1343. <https://doi.org/10.3201/eid3007.240508>.
- Bussey, K. A., T. L. Bousse, E. A. Desmet, B. Kim et T. Takimoto. 2010. "PB2 residue 271 plays a key role in enhanced polymerase activity of influenza A viruses in mammalian host cells." *J Virol* 84 (9): 4395-406. <https://doi.org/10.1128/jvi.02642-09>.

- Cador, C., M. Andraud et N. Rose. 2017. "Contribution of modelling in the study of transmission dynamics of virus in metapopulations: Application to swine influenza A viruses in pig herds." *Virologie* 21 (4): 173-187. <https://doi.org/10.1684/vir.2017.0703>.
- Cador, C., M. Andraud, L. Willem et N. Rose. 2017. "Control of endemic swine flu persistence in farrow-to-finish pig farms: A stochastic metapopulation modeling assessment." *Veterinary Research* 48 (1). <https://doi.org/10.1186/s13567-017-0462-1>.
- Cador, C., S. Hervé, M. Andraud, S. Gorin, F. Paboeuf, N. Barbier, S. Quéguiner, C. Deblanc, G. Simon et N. Rose. 2016. "Maternally-derived antibodies do not prevent transmission of swine influenza A virus between pigs." *Veterinary Research* 47 (1). <https://doi.org/10.1186/s13567-016-0365-6>.
- Cador, C., N. Rose, L. Willem et M. Andraud. 2016. "Maternally derived immunity extends swine influenza A virus persistence within farrow-to-finish pig farms: Insights from a stochastic event-driven metapopulation model." *PLoS ONE* 11 (9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0163672>.
- Cano-Manuel, F. J., J. López-Olvera, P. Fandos, R. C. Soriguer, J. M. Pérez et J. E. Granados. 2014. "Long-term monitoring of 10 selected pathogens in wild boar (*Sus scrofa*) in Sierra Nevada National Park, southern Spain." *Veterinary Microbiology* 174 (1-2): 148-154. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2014.06.017>.
- Cao, N., W. Zhu, Y. Chen, L. Tan, P. Zhou, Z. Cao, C. Ke, Y. Li, J. Wu, W. Qi, P. Jiao et G. Zhang. 2013. "Avian influenza A (H5N1) virus antibodies in pigs and residents of swine farms, southern China." *Journal of Clinical Virology* 58 (4): 647-651. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2013.09.017>.
- Chastagner, A., E. Bonin, C. Fablet, S. Quéguiner, E. Hirchaud, P. Lucas, S. Gorin, N. Barbier, V. Béven, E. Garin, Y. Blanchard, N. Rose, S. Hervé et G. Simon. 2019. "Virus persistence in pig herds led to successive reassortment events between swine and human influenza A viruses, resulting in the emergence of a novel triple-reassortant swine influenza virus." *Veterinary Research* 50 (1). <https://doi.org/10.1186/s13567-019-0699-y>.
- Chastagner, A., V. Enouf, D. Peroz, S. Hervé, P. Lucas, S. Quéguiner, S. Gorin, V. Beven, S. Behillil, P. Leneveu, E. Garin, Y. Blanchard, S. Van Der Werf et G. Simon. 2019. "Bidirectional human-swine transmission of seasonal influenza A(H1N1)pdm09 virus in Pig Herd, France, 2018." *Emerging Infectious Diseases* 25 (10): 1940-1943. <https://doi.org/10.3201/eid2510.190068>.
- Chastagner, A., S. Hervé, E. Bonin, S. Quéguiner, E. Hirchaud, D. Henritzi, V. Béven, S. Gorin, N. Barbier, Y. Blanchard et G. Simona. 2018. "Spatiotemporal distribution and evolution of the A/H1N1 2009 pandemic influenza virus in pigs in France from 2009 to 2017: Identification of a potential swine-specific lineage." *Journal of Virology* 92 (24). <https://doi.org/10.1128/JVI.00988-18>.
- Chauhan, R. P. et M. L. Gordon. 2021. "Deciphering transmission dynamics and spillover of avian influenza viruses from avian species to swine populations globally." *Virus Genes* 57 (6): 541-555. <https://doi.org/10.1007/s11262-021-01873-6>.
- Chauhan, R. P. et M. L. Gordon. 2022. "A systematic review of influenza A virus prevalence and transmission dynamics in backyard swine populations globally." *Porcine Health Management* 8 (1). <https://doi.org/10.1186/s40813-022-00251-4>.
- Chavoix, Chloé, François-Xavier Briand, Katell Louboutin, Carole Guillemoto, Rachel Busson, Florent Souchaud, Isabelle Pierre, Martine Cherbonnel-Pansart, Claire Martenot, Pascale Massin, Michel Amelot, Yannick Blanchard, Séverine Hervé, Gaëlle Simon, Axelle Scoizec, Sophie Le Bouquin-Leneveu, Ronan Le Goffic, Eric Niqueux, Audrey Schmitz et Béatrice Grasland. 2023. "Characterization of a new A(H1N2) influenza virus in turkeys originating from swine in France." XXIIInd Congress of the WVPA, Verona, Italy, 4-8 September 2023.

- Chen, Y., N. S. Trovão, G. Wang, W. Zhao, P. He, H. Zhou, Y. Mo, Z. Wei, K. Ouyang, W. Huang, A. García-Sastre et M. I. Nelson. 2018. "Emergence and evolution of novel reassortant influenza A viruses in canines in southern China." *mBio* 9 (3). <https://doi.org/10.1128/mBio.00909-18>.
- Chiapponi, C., E. Ebranati, E. Pariani, S. Faccini, A. Luppi, L. Baioni, R. Manfredi, V. Carta, M. Merenda, P. Affanni, M. E. Colucci, L. Veronesi, G. Zehender et E. Foni. 2018. "Genetic analysis of human and swine influenza A viruses isolated in Northern Italy during 2010–2015." *Zoonoses and Public Health* 65 (1): 114-123. <https://doi.org/10.1111/zph.12378>.
- Cho, Y. Y., S. I. Lim, H. Y. Jeoung, Y. K. Kim, J. Y. Song, J. B. Lee et D. J. An. 2015. "Serological evidence for influenza virus infection in Korean wild boars." *Journal of Veterinary Medical Science* 77 (1): 109-112. <https://doi.org/10.1292/jvms.14-0290>.
- Chowell, G., S. Echevarría-Zuno, C. Viboud, L. Simonsen, J. Tamerius, M. A. Miller et V. H. Borja-Aburto. 2011. "Characterizing the epidemiology of the 2009 influenza A/H1N1 pandemic in Mexico." *PLoS Med* 8 (5): e1000436. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1000436>.
- Clavijo, A., A. Nikooienejad, M. S. Esfahani, R. P. Metz, S. Schwartz, E. Atashpaz-Gargari, T. J. Deliberto, M. W. Lutman, K. Pedersen, L. R. Bazan, L. G. Koster, M. Jenkins-Moore, S. L. Swenson, M. Zhang, T. Beckham, C. D. Johnson et M. Bounpheng. 2013. "Identification and analysis of the first 2009 pandemic H1N1 influenza virus from U.S. feral swine." *Zoonoses and Public Health* 60 (5): 327-335. <https://doi.org/10.1111/zph.12006>.
- Cleveland, C. A., A. DeNicola, J. P. Dubey, D. E. Hill, R. D. Berghaus et M. J. Yabsley. 2017. "Survey for selected pathogens in wild pigs (*Sus scrofa*) from Guam, Marianna Islands, USA." *Veterinary Microbiology* 205: 22-25. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.05.001>.
- Closa-Sebastià, F., E. Casas-Díaz, R. Cuenca, S. Lavín, G. Mentaberre et I. Marco. 2011. "Antibodies to selected pathogens in wild boar (*Sus scrofa*) from Catalonia (NE Spain)." *European Journal of Wildlife Research* 57 (4): 977-981. <https://doi.org/10.1007/s10344-010-0491-9>.
- Cogdale, J., B. Kele, R. Myers, R. Harvey, A. Lofts, T. Mikael, K. Hoschler, A. C. Banyard, J. James, B. C. Mollett, A. M. Byrne, J. Lopez-Bernal, C. H. Watson, M. Chand, W. Welfare, D. A. Williamson, I. Oliver, S. Padfield, A. Lee, S. Calvert, M. A. Bewley, L. Wallace, S. deLusignan, N. S. Lewis, I. H. Brown et M. Zambon. 2024. "A case of swine influenza A(H1N2)v in England, November 2023." *Euro Surveill* 29 (3). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.Es.2024.29.3.2400002>.
- Corn, J. L., J. C. Cumbee, R. Barfoot et G. A. Erickson. 2009. "Pathogen exposure in feral swine populations geographically associated with high densities of transitional swine premises and commercial swine production." *Journal of Wildlife Diseases* 45 (3): 713-721. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-45.3.713>.
- Correia, Vanessa, Luis A. Santos, Marta Gíria, Maria M. Almeida-Santos et Helena Rebelo-de-Andrade. 2015. "Influenza A(H1N1)pdm09 resistance and cross-decreased susceptibility to oseltamivir and zanamivir antiviral drugs." *Journal of medical virology* 87 (1): 45-56. <https://doi.org/10.1002/jmv.23986>.
- Corzo, C. A., M. Culhane, S. Dee, R. B. Morrison et M. Torremorell. 2013. "Airborne Detection and Quantification of Swine Influenza A Virus in Air Samples Collected Inside, Outside and Downwind from Swine Barns." *PLoS ONE* 8 (8). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0071444>.
- Cox, R., C. W. Revie, D. Hurnik et J. Sanchez. 2016. "Use of Bayesian Belief Network techniques to explore the interaction of biosecurity practices on the probability of porcine disease occurrence in Canada." *Preventive Veterinary Medicine* 131: 20-30. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2016.06.015>.

- da Costa, V. G., M. V. Saivish, D. E. R. Santos, R. F. de Lima Silva et M. L. Moreli. 2020. "Comparative epidemiology between the 2009 H1N1 influenza and COVID-19 pandemics." *J Infect Public Health* 13 (12): 1797-1804. <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2020.09.023>.
- da Silva Andrade, J., M. R. Loiko, C. Schmidt, M. R. Vidaletti, B. C. Lopes, C. Cerva, A. P. M. Varela, C. Tochetto, A. L. G. Maciel, A. C. Bertagnolli, R. O. Rodrigues, P. M. Roehe, V. R. Lunge et F. Q. Mayer. 2022. "Molecular survey of porcine respiratory disease complex pathogens in Brazilian wild boars." *Prev Vet Med* 206: 105698. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2022.105698>.
- Dalziel, A. E., H. A. Peck, A. C. Hurt, J. Cooke et P. Cassey. 2016. "Proposed Surveillance for Influenza A in Feral Pigs." *EcoHealth* 13 (2): 410-414. <https://doi.org/10.1007/s10393-016-1126-8>.
- David, S. C., O. Vadas, I. Glas, A. Schaub, B. Luo, G. D'Angelo, J. P. Montoya, N. Bluvshstein, W. Hugentobler, L. K. Klein, G. Motos, M. Pohl, K. Violaki, A. Nenes, U. K. Krieger, S. Stertz, T. Peter et T. Kohn. 2023. "Inactivation mechanisms of influenza A virus under pH conditions encountered in aerosol particles as revealed by whole-virus HDX-MS." *mSphere* 8 (5): e0022623. <https://doi.org/10.1128/msphere.00226-23>.
- De Marco, M. A., C. Cotti, E. Raffini, M. Frasnelli, A. Prosperi, I. Zanni, C. Romanini, M. R. Castrucci, C. Chiapponi et M. Delogu. 2022. "Long-Term Serological Investigations of Influenza A Virus in Free-Living Wild Boars (*Sus scrofa*) from Northern Italy (2007-2014)." *Microorganisms* 10 (9). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10091768>.
- De Marco, M. A., S. Porru, P. Cordioli, B. M. Cesana, A. Moreno, L. Calzoletti, L. Bonfanti, A. Boni, A. S. Di Carlo, C. Arici, A. Carta, M. R. Castrucci, I. Donatelli, P. Tomao, V. M. Peri, L. Di Trani et N. Vonesch. 2013. "Evidence of Cross-Reactive Immunity to 2009 Pandemic Influenza A Virus in Workers Seropositive to Swine H1N1 Influenza Viruses Circulating in Italy." *PLoS ONE* 8 (2). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057576>.
- De Vleeschauwer, A., K. Atanasova, S. Van Borm, T. van den Berg, T. B. Rasmussen, Å Uttenthal et K. Van Reeth. 2009. "Comparative pathogenesis of an avian H5N2 and a swine H1N1 influenza virus in pigs." *PLoS ONE* 4 (8). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006662>.
- De Vleeschauwer, A., S. Van Poucke, D. Braeckmans, J. Van Doorselaere et K. Van Reeth. 2009. "Efficient transmission of swine-adapted but not wholly avian influenza viruses among pigs and from pigs to ferrets." *Journal of Infectious Diseases* 200 (12): 1884-1892. <https://doi.org/10.1086/648475>.
- Deblanc, C., S. Hervé, S. Gorin, C. Cador, M. Andraud, S. Quéguiner, N. Barbier, F. Paboeuf, N. Rose et G. Simon. 2018. "Maternally-derived antibodies do not inhibit swine influenza virus replication in piglets but decrease excreted virus infectivity and impair post-infectious immune responses." *Veterinary Microbiology* 216: 142-152. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2018.01.019>.
- Deblanc, C., S. Quéguiner, S. Gorin, A. Chastagner, S. Hervé, F. Paboeuf et G. Simon. 2020. "Evaluation of the pathogenicity and the escape from vaccine protection of a new antigenic variant derived from the european human-like reassortant swine H1N2 influenza virus." *Viruses* 12 (10). <https://doi.org/10.3390/v12101155>.
- Deblanc, C., S. Quéguiner, S. Gorin, S. Hervé, A. Moro, G. Richard, G. Le Diguerher, F. Paboeuf et G. Simon. 2023. "Study of the outcomes of infection with a new H1avN2 genotype of swine influenza virus that emerged in France and evaluation of vaccine protection." 14th European Symposium of Porcine Health Management (ESPHM), Thessaloniki, Greece, 31st May - 2nd June 2023.
- Deblanc, C., S. Quéguiner, S. Gorin, G. Richard, A. Moro, N. Barbier, G. Le Diguerher, F. Paboeuf, S. Hervé et G. Simon. 2024. "Pathogenicity and escape to pre-existing immunity of a new genotype of swine influenza H1N2 virus that emerged in France in 2020." *Vet Res* 55 (1): 65. <https://doi.org/10.1186/s13567-024-01319-5>.

- Delogu, M., C. Cotti, G. Vaccari, E. Raffini, M. Frasnelli, S. Nicoloso, V. Biacchessi, A. Boni, E. Foni, M. R. Castrucci et M. A. De Marco. 2019. "Serologic and virologic evidence of influenza A viruses in wild boars (*Sus scrofa*) from two different locations in Italy." *Journal of Wildlife Diseases* 55 (1): 158-163. <https://doi.org/10.7589/2017-11-285>.
- Dourmad, Jean-Yves, Y Salaün, Bénédicte Lebret et Juliette Riquet. 2018. "Diversité des productions porcines en France." *Innovations Agronomiques* 68: 151-170.
- Dublineau, Amélie, Christophe Batéjat, Anthony Pinon, Ana Maria Burguière, India Leclercq et Jean-Claude Manuguerra. 2011. "Persistence of the 2009 Pandemic Influenza A (H1N1) Virus in Water and on Non-Porous Surface." *PLOS ONE* 6 (11): e28043. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0028043>.
- Duwell, M. M., D. Blythe, M. W. Radebaugh, E. M. Kough, B. Bachaus, D. A. Crum, K. A. Perkins, Jr., L. Blanton, C. T. Davis, Y. Jang, A. Vincent, J. Chang, D. E. Abney, L. Gudmundson, M. G. Brewster, L. Polsky, D. C. Rose et K. A. Feldman. 2018. "Influenza a(H3n2) variant virus outbreak at three fairs — Maryland, 2017." *Morbidity and Mortality Weekly Report* 67 (42): 1169-1173. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6742a1>.
- Elderfield, R. A., S. J. Watson, A. Godlee, W. E. Adamson, C. I. Thompson, J. Dunning, M. Fernandez-Alonso, D. Blumenkrantz, T. Hussell, M. Zambon, P. Openshaw, P. Kellam et W. S. Barclay. 2014. "Accumulation of human-adapting mutations during circulation of A(H1N1)pdm09 influenza virus in humans in the United Kingdom." *J Virol* 88 (22): 13269-83. <https://doi.org/10.1128/jvi.01636-14>.
- European Food Safety Authority, John Berezowski, Katinka de Balogh, Fernanda C Dórea, Simon Rüegg, Alessandro Broglia, Andrea Gervelmeyer et Lisa Kohnle. 2023. "Prioritisation of zoonotic diseases for coordinated surveillance systems under the One Health approach for cross-border pathogens that threaten the Union." *EFSA Journal* 21 (3): e07853. <https://doi.org/https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.7853>.
- Everett, H. E., B. Nash, B. Z. Londt, M. D. Kelly, V. Coward, A. Nunez, P. M. Van Diemen, I. H. Brown et S. M. Brookes. 2020. "Interspecies transmission of reassortant swine influenza A virus containing genes from swine influenza A(H1N1)pdm09 and A(H1N2) viruses." *Emerging Infectious Diseases* 26 (2): 273-281. <https://doi.org/10.3201/eid2602.190486>.
- Everts, J. 2013. "Announcing swine flu and the interpretation of pandemic anxiety." *Antipode* 45 (4): 809-825. <https://doi.org/10.1111/j.1467-8330.2012.01021.x>.
- Fabian, P., J. J. McDevitt, W. H. DeHaan, R. O. Fung, B. J. Cowling, K. H. Chan, G. M. Leung et D. K. Milton. 2008. "Influenza virus in human exhaled breath: an observational study." *PLoS One* 3 (7): e2691. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002691>.
- Fablet, C., G. Simon, V. Dorenlor, F. Eono, E. Eveno, S. Gorin, S. Quéguiner, F. Madec et N. Rose. 2013. "Different herd level factors associated with H1N1 or H1N2 influenza virus infections in fattening pigs." *Preventive Veterinary Medicine* 112 (3-4): 257-265. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2013.07.006>.
- Feng, Z., J. A. Baroch, L. P. Long, Y. Xu, F. L. Cunningham, K. Pedersen, M. W. Lutman, B. S. Schmit, A. S. Bowman, T. J. DeLiberto et X. F. Wan. 2014. "Influenza A subtype H3 viruses in feral swine, United States, 2011-2012." *Emerging Infectious Diseases* 20 (5): 843-846. <https://doi.org/10.3201/eid2005.131578>.
- Fobian, K., T. P. Fabrizio, S. W. Yoon, M. S. Hansen, R. J. Webby et L. E. Larsen. 2015. "New reassortant and enzootic european swine influenza viruses transmit efficiently through direct contact in the ferret model." *Journal of General Virology* 96 (7): 1603-1612. <https://doi.org/10.1099/vir.0.000094>.
- Foni, E., C. Garbarino, C. Chiapponi, L. Baioni, I. Zanni et P. Cordioli. 2013. "Epidemiological survey of swine influenza A virus in the wild boar population of two Italian provinces." *Influenza and other Respiratory Viruses* 7 (SUPPL.4): 16-20. <https://doi.org/10.1111/irv.12198>.

- Forst, Christian V., Laura Martin-Sancho, Shashank Tripathi, Guojun Wang, Luiz Gustavo Dos Anjos Borges, Minghui Wang, Adam Geber, Lauren Lashua, Tao Ding, Xianxiao Zhou, Chalise E. Carter, Giorgi Metreveli, Ariel Rodriguez-Frandsen, Matthew D. Urbanowski, Kris M. White, David A. Stein, Hong Moulton, Sumit K. Chanda, Lars Pache, Megan L. Shaw, Ted M. Ross, Elodie Ghedin, Adolfo Garcia-Sastre et Bin Zhang. 2022. "Common and species-specific molecular signatures, networks, and regulators of influenza virus infection in mice, ferrets, and humans." *Science Advances* 8 (40): eabm5859. <https://doi.org/doi:10.1126/sciadv.abm5859>.
- FranceAgriMer. Février 2021 2021a. *Les marchés des produits laitiers, carnés et avicoles. Bilan 2020 - Perspectives 2021.* <https://www.franceagrimer.fr/fam/content/download/66150/document/BIL-VIA-LAI-Bilan2020-Perspectives2021.pdf?version=5>.
- FranceAgriMer. 2021b. *Viande porcine - fiche filière.* <https://www.franceagrimer.fr/content/download/66428/document/FICHE%20FILIERE%20PORCINE%202021.pdf>.
- Freidl, G S, A Meijer, E de Bruin, M de Nardi, O Munoz, I Capua, A C Breed, K Harris, A Hill, R Kosmider, J Banks, S von Dobschuetz, K Stark, B Wieland, K Stevens, S van der Werf, V Enouf, K van der Meulen, K Van Reeth, G Dauphin, M Koopmans et FLURISK Consortium. 2014. "Influenza at the animal–human interface: a review of the literature for virological evidence of human infection with swine or avian influenza viruses other than A(H5N1)." *Eurosurveillance* 19 (18): 20793. <https://doi.org/doi:https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2014.19.18.20793>.
- Freidl, G. S., A. Meijer, E. de Bruin, M. de Nardi, O. Munoz, I. Capua, A. C. Breed, K. Harris, A. Hill, R. Kosmider, J. Banks, S. von Dobschuetz, K. Stark, B. Wieland, K. Stevens, S. van der Werf, V. Enouf, K. van der Meulen, K. Van Reeth, G. Dauphin et M. Koopmans. 2014. "Influenza at the animal-human interface: A review of the literature for virological evidence of human infection with swine or avian influenza viruses other than A(H5N1)." *Eurosurveillance* 19 (18). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2014.19.18.20793>.
- French, A. J., N. C. Rockey, V. Le Sage, K. Mueller Brown, M. J. Shephard, S. Frizzell, M. M. Myerburg, N. L. Hiller et S. S. Lakdawala. 2023. "Detection of influenza virus and *Streptococcus pneumoniae* in air sampled from co-infected ferrets and analysis of their influence on pathogen stability." *mSphere* 8 (4): e0003923. <https://doi.org/10.1128/msphere.00039-23>.
- Fu, X., Y. Huang, B. Fang, Y. Liu, M. Cai, R. Zhong, J. Huang, Q. Wenbao, Y. Tian et G. Zhang. 2020. "Evidence of H10N8 influenza virus infection among swine in southern China and its infectivity and transmissibility in swine." *Emerging Microbes and Infections* 9 (1): 88-94. <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1708811>.
- Fujimoto, Y., H. Inoue, M. Ozawa et A. Matsuu. 2019. "Serological survey of influenza A virus infection in Japanese wild boars (*Sus scrofa leucomystax*)." *Microbiology and Immunology* 63 (12): 517-522. <https://doi.org/10.1111/1348-0421.12750>.
- Gagnon, C. A., G. Spearman, A. Hamel, D. L. Godson, A. Fortin, G. Fontaine et D. Tremblay. 2009. "Characterization of a Canadian mink H3N2 influenza A virus isolate genetically related to triple reassortant swine influenza virus." *Journal of Clinical Microbiology* 47 (3): 796-799. <https://doi.org/10.1128/JCM.01228-08>.
- Garten, R. J., C. T. Davis, C. A. Russell, B. Shu, S. Lindstrom, A. Balish, W. M. Sessions, X. Xu, E. Skepner, V. Deyde, M. Okomo-Adhiambo, L. Gubareva, J. Barnes, C. B. Smith, S. L. Emery, M. J. Hillman, P. Rivaille, J. Smagala, M. De Graaf, D. F. Burke, R. A. M. Fouchier, C. Pappas, C. M. Alpuche-Aranda, H. López-Gatell, H. Olivera, I. López, C. A. Myers, D. Faix, P. J. Blair, C. Yu, K. M. Keene, P. D. Dotson Jr, D. Boxrud, A. R. Sambol, S. H. Abid, K. St. George, T. Bannerman, A. L. Moore, D. J. Stringer, P. Blevins, G. J. Demmler-Harrison, M. Ginsberg, P. Kriner, S. Waterman, S. Smole, H. F. Guevara, E. A. Belongia, P. A. Clark, S. T. Beatrice, R. Donis, J. Katz, L. Finelli, C.

- B. Bridges, M. Shaw, D. B. Jernigan, T. M. Uyeki, D. J. Smith, A. I. Klimov et N. J. Cox. 2009. "Antigenic and genetic characteristics of swine-origin 2009 A(H1N1) influenza viruses circulating in humans." *Science* 325 (5937): 197-201. <https://doi.org/10.1126/science.1176225>.
- Gaydos, J. C., F. H. Top Jr, R. A. Hodder et P. K. Russell. 2006. "Swine influenza A outbreak, Fort Dix, New Jersey, 1976." *Emerging Infectious Diseases* 12 (1): 23-28. <https://doi.org/10.3201/eid1201.050965>.
- Glud, Helena Aagaard, Sophie George, Kerstin Skovgaard et Lars Erik Larsen. 2021. "Zoonotic and reverse zoonotic transmission of viruses between humans and pigs." *APMIS* 129 (12): 675-693. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/apm.13178>.
- Gomaa, Mokhtar R., Ahmed Kandeil, Rabeh El-Shesheny, Mahmoud M. Shehata, Pamela P. McKenzie, Richard J. Webby, Mohamed A. Ali et Ghazi Kayali. 2018. "Evidence of infection with avian, human, and swine influenza viruses in pigs in Cairo, Egypt." *Archives of Virology* 163 (2): 359-364. <https://doi.org/10.1007/s00705-017-3619-3>.
- Graaf, Annika, Ronja Piesche, Julia Sehl-Ewert, Christian Grund, Anne Pohlmann, Martin Beer et Timm Harder. 2023. "Low Susceptibility of Pigs against Experimental Infection with HPAI Virus H5N1 Clade 2.3.4.4b." *Emerging Infectious Disease journal* 29 (7): 1492. <https://doi.org/10.3201/eid2907.230296>.
- Gray, G. C., J. B. Bender, C. B. Bridges, R. F. Daly, W. S. Krueger, M. J. Male, G. L. Heil, J. A. Friary, R. B. Derby et N. J. Cox. 2012. "Influenza A(H1N1) pdm09 virus among healthy show pigs, United States." *Emerging Infectious Diseases* 18 (9): 1519-1521. <https://doi.org/10.3201/eid1809.120431>.
- Gray, G. C., T. McCarthy, A. W. Capuano, S. F. Setterquist, C. W. Olsen, M. C. Alavanja et C. F. Lynch. 2007. "Swine workers and swine influenza virus infections." *Emerging Infectious Diseases* 13 (12): 1871-1878. <https://doi.org/10.3201/eid1312.061323>.
- Gray, G. C., D. W. Trampel et J. A. Roth. 2007. "Pandemic influenza planning: Shouldn't swine and poultry workers be included?" *Vaccine* 25 (22): 4376-4381. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2007.03.036>.
- Grech-Angelini, S., S. Hervé, N. Rose, N. Barbier, F. Casabianca, O. Maestrini, A. Falchi et G. Simon. 2018. "Serological survey of influenza A viruses in domestic and wild Suidae in Corsica (France), a Mediterranean island environment." *Preventive Veterinary Medicine* 157: 94-98. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2018.06.004>.
- Greenbaum, A., C. Quinn, J. Bailer, S. Su, F. Havers, L. O. Durand, V. Jiang, S. Page, J. Budd, M. Shaw, M. Biggerstaff, S. De Fijter, K. Smith, C. Reed, S. Epperson, L. Brammer, D. Feltz, K. Sohner, J. Ford, S. Jain, P. Gargiullo, E. Weiss, P. Burg, M. DiOrio, B. Fowler, L. Finelli et M. A. Jhung. 2015. "Investigation of an Outbreak of Variant Influenza A(H3N2) Virus Infection Associated with an Agricultural Fair - Ohio, August 2012." *Journal of Infectious Diseases* 212 (10): 1592-1599. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiv269>.
- Guimon, M. 2019. *Les appareils de protection respiratoire. Choix et utilisation*. INRS, 64.
- Hälli, O., E. Ala-Kurikka, T. Nokireki, T. Skrzypczak, M. Raunio-Saarnisto, O. A. T. Peltoniemi et M. Heinonen. 2012. "Prevalence of and risk factors associated with viral and bacterial pathogens in farmed European wild boar." *Veterinary Journal* 194 (1): 98-101. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2012.03.008>.
- Hammer, B., B. Wöchtel, U. F. Braun, B. Hartmann, F. Schmoll, A. Ladinig et M. Dippel. 2020. "Detection rate of antibodies against seven pathogens in wild boar (*Sus scrofa*) in baden-wuerttemberg." *Berliner und Munchener Tierarztliche Wochenschrift* 133 (3-4): 138-144. <https://doi.org/10.2376/0005-9366-19034>.
- Hancock, K., V. Veguilla, X. Lu, W. Zhong, E. N. Butler, H. Sun, F. Liu, L. Dong, J. R. DeVos, P. M. Gargiullo, T. L. Brammer, N. J. Cox, T. M. Tumpey et J. M. Katz. 2009. "Cross-reactive antibody responses to the 2009 pandemic H1N1 influenza virus." *New England Journal of Medicine* 361 (20): 1945-1952. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa0906453>.

- Hara, K., Y. Nakazono, T. Kashiwagi, N. Hamada et H. Watanabe. 2013. "Co-incorporation of the PB2 and PA polymerase subunits from human H3N2 influenza virus is a critical determinant of the replication of reassortant ribonucleoprotein complexes." *J Gen Virol* 94 (Pt 11): 2406-2416. <https://doi.org/10.1099/vir.0.053959-0>.
- HCSP. 2021. *Avis relatif à la prévention de la transmission à l'Homme des virus influenza porcins et aviaires*. HCSP.
- He, L., G. Zhao, L. Zhong, Q. Liu, Z. Duan, M. Gu, X. Wang, X. Liu et X. Liu. 2013. "Isolation and characterization of two H5N1 influenza viruses from swine in Jiangsu Province of China." *Archives of Virology* 158 (12): 2531-2541. <https://doi.org/10.1007/s00705-013-1771-y>.
- Hellec, E., G. Richard, S. Hervé, C. Fablet, Thiroux S., C. Deblanc, M. Andraud, E. Hirschaud, P. Lucas, R. Fonseca, N. Barbier, S. Gorin, S. Quéguiner, E. Eveno, F. Eono, G. Poulain, S. Kerphérique, Y. Blanchard, N. Rose et G. Simon. 2024. "Longitudinal study of two farrow-to-finish pig herds permanently infected with swine influenza A viruses revealed viral maintenance or successive introductions depending on the genotype." Proceedings of the 9th International Influenza Meeting, Münster, Germany, 5-7 September 2024.
- Hennig, Christin, Annika Graaf, Philipp P. Petric, Laura Graf, Martin Schwemmler, Martin Beer et Timm Harder. 2022. "Are pigs overestimated as a source of zoonotic influenza viruses?" *Porcine Health Management* 8 (1): 30. <https://doi.org/10.1186/s40813-022-00274-x>.
- Henritzi, D., P. P. Petric, N. S. Lewis, A. Graaf, A. Pessia, E. Starick, A. Breithaupt, G. Strebelow, C. Luttermann, L. M. K. Parker, C. Schröder, B. Hammerschmidt, G. Herrler, E. G. Beilage, D. Stadlbauer, V. Simon, F. Krammer, S. Wacheck, S. Pesch, M. Schwemmler, M. Beer et T. C. Harder. 2020. "Surveillance of European Domestic Pig Populations Identifies an Emerging Reservoir of Potentially Zoonotic Swine Influenza A Viruses." *Cell Host and Microbe* 28 (4): 614-627.e6. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.07.006>.
- Hervé, S., E. Garin, D. Calavas, L. Lecarpentier, D. Ngwa-Mbot, S. Poliak, S. Wendling, N. Rose et G. Simon. 2019. "Virological and epidemiological patterns of swine influenza A virus infections in France: Cumulative data from the RESAVIP surveillance network, 2011–2018." *Veterinary Microbiology* 239. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108477>.
- Hervé, S., A. Schmitz, F. X. Briand, S. Gorin, S. Quéguiner, É Niqueux, F. Paboeuf, A. Scoizec, S. L. Bouquin-Leneveu, N. Etteradossi et G. Simon. 2021. "Serological evidence of backyard pig exposure to highly pathogenic avian influenza h5n8 virus during 2016–2017 epizootic in France." *Pathogens* 10 (5). <https://doi.org/10.3390/pathogens10050621>.
- Hervé, Séverine, Amélie Chastagner, Stéphane Quéguiner, Nicolas Barbier, Stéphane Gorin, Yannick Blanchard, Nicolas Rose, Agnès Jardin, Laure Dommergues et Gaëlle Simon. 2021. "Diffusion en 2020, dans les élevages de porcs du nord-ouest de la France, d'un virus influenza porcine H1avN2 d'un génotype nouvellement introduit en Bretagne." *Bulletin Épidémiologique, Santé Animale et Alimentation* 92 (2).
- Hu, M., J. C. Jones, B. Banoth, C. R. Ojha, J. C. Crumpton, L. Kercher, R. G. Webster, R. J. Webby et C. J. Russell. 2022. "Swine H1N1 Influenza Virus Variants with Enhanced Polymerase Activity and HA Stability Promote Airborne Transmission in Ferrets." *Journal of Virology* 96 (7). <https://doi.org/10.1128/jvi.00100-22>.
- Husain, M. 2024. "Influenza Virus Host Restriction Factors: The ISGs and Non-ISGs." *Pathogens* 13 (2). <https://doi.org/10.3390/pathogens13020127>.
- IFIP. 2023. *Le porc par les chiffres 2023-2024*. 35.
- Isomura, R., M. Matsuda et K. Sugiura. 2018. "An epidemiological analysis of the level of biosecurity and animal welfare on pig farms in Japan and their effect on the use of

- veterinary antimicrobials." *J Vet Med Sci* 80 (12): 1853-1860. <https://doi.org/10.1292/jvms.18-0287>.
- Jallow, Mamadou Malado, Mamadou Aliou Barry, Amary Fall, Ndiendé Koba Ndiaye, Davy Kiori, Sara Sy, Déborah Goudiaby, Mbayame Ndiaye Niang, Gamou Fall, Malick Fall et Ndongo Dia. 2023. "Influenza A Virus in Pigs in Senegal and Risk Assessment of Avian Influenza Virus (AIV) Emergence and Transmission to Human." *Microorganisms* 11 (8): 1961.
- Jhung, M. A., S. Epperson, M. Biggerstaff, D. Allen, A. Balish, N. Barnes, A. Beaudoin, L. Berman, S. Bidol, L. Blanton, D. Blythe, L. Brammer, T. D'Mello, R. Danila, W. Davis, S. De Fijter, M. Diorio, L. O. Durand, S. Emery, B. Fowler, R. Garten, Y. Grant, A. Greenbaum, L. Gubareva, F. Havers, T. Haupt, J. House, S. Ibrahim, V. Jiang, S. Jain, D. Jernigan, J. Kazmierczak, A. Klimov, S. Lindstrom, A. Longenberger, P. Lucas, R. Lynfield, M. McMorro, M. Moll, C. Morin, S. Ostroff, S. L. Page, S. Y. Park, S. Peters, C. Quinn, C. Reed, S. Richards, J. Scheffel, O. Simwale, B. Shu, K. Soyemi, J. Stauffer, C. Steffens, S. Su, L. Torso, T. M. Uyeki, S. Vetter, J. Villanueva, K. K. Wong, M. Shaw, J. S. Bresee, N. Cox et L. Finelli. 2013. "Outbreak of variant influenza A(H3N2) virus in the United States." *Clinical Infectious Diseases* 57 (12): 1703-1712. <https://doi.org/10.1093/cid/cit649>.
- Kaden, V., E. Lange, A. Hänel, A. Hlinak, L. Mewes, G. Hergarten, B. Irsch, J. Dedek et W. Bruer. 2009. "Retrospective serological survey on selected viral pathogens in wild boar populations in Germany." *European Journal of Wildlife Research* 55 (2): 153-159. <https://doi.org/10.1007/s10344-008-0229-0>.
- Kaplan, B. S., T. K. Anderson, J. Chang, J. Santos, D. Perez, N. Lewis et A. L. Vincent. 2021. "Evolution and antigenic advancement of N2 neuraminidase of swine influenza A viruses circulating in the United States following two separate introductions from human seasonal viruses." *Journal of Virology* 95 (20). <https://doi.org/10.1128/JVI.00632-21>.
- Kaplan, B. S., J. Brian Kimble, J. Chang, T. K. Anderson, P. C. Gauger, A. Janas-Martindale, M. L. Killian, A. S. Bowman et A. L. Vincent. 2020. "Aerosol transmission from infected swine to ferrets of an H3N2 virus collected from an agricultural fair and associated with human variant infections." *Journal of Virology* 94 (16).
- Kaplan, B. S., M. K. Torchetti, K. M. Lager, R. J. Webby et A. L. Vincent. 2017. "Absence of clinical disease and contact transmission of HPAI H5N1 clade 2.3.4.4 from North America in experimentally infected pigs." *Influenza and other Respiratory Viruses* 11 (5): 464-470. <https://doi.org/10.1111/irv.12463>.
- Kimble, B., G. R. Nieto et D. R. Perez. 2010. "Characterization of influenza virus sialic acid receptors in minor poultry species." *Virology Journal* 7. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-7-365>.
- Kitikoon, P., D. Sreta, R. Tuanudom, A. Amonsin, S. Suradhat, K. Oraveerakul, Y. Poovorawan et R. Thanawongnuwech. 2011. "Serological evidence of pig-to-human influenza virus transmission on Thai swine farms." *Veterinary Microbiology* 148 (2-4): 413-418. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.09.019>.
- Kobayashi, D., T. Hiono, O. Ichii, S. Nishihara, S. Takase-Yoden, K. Yamamoto, H. Kawashima, N. Isoda et Y. Sakoda. 2022. "Turkeys possess diverse Sia2-3Gal glycans that facilitate their dual susceptibility to avian influenza viruses isolated from ducks and chickens." *Virus Res* 315: 198771. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198771>.
- Koçer, Z. A., J. Obenauer, H. Zaraket, J. Zhang, J. E. Rehg, C. J. Russell et R. G. Webster. 2013. "Fecal influenza in mammals: selection of novel variants." *J Virol* 87 (21): 11476-86. <https://doi.org/10.1128/jvi.01544-13>.
- Kong, W., Q. Liu, Y. Sun, Y. Wang, H. Gao, L. Liu, Z. Qin, Q. He, H. Sun, J. Pu, D. Wang, X. Guo, H. Yang, K. C. Chang, Y. Shu et J. Liu. 2016. "Transmission and pathogenicity of novel reassortants derived from Eurasian avian-like and 2009 pandemic H1N1

- influenza viruses in mice and Guinea pigs." *Scientific Reports* 6. <https://doi.org/10.1038/srep27067>.
- Kovalenko, G., A. Molozhanova, I. Halka et S. Nychyk. 2017. "Antibody Prevalence to Influenza Type A in Wild Boar of Northern Ukraine." *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 17 (12): 836-839. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2118>.
- Kristensen, Charlotte, Lars E. Larsen, Ramona Trebbien et Henrik E. Jensen. 2024. "The avian influenza A virus receptor SA- α 2,3-Gal is expressed in the porcine nasal mucosa sustaining the pig as a mixing vessel for new influenza viruses." *Virus Research* 340: 199304. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.virusres.2023.199304>.
- Kristensen, Charlotte, Helena A. Laybourn, Jeri-Carol Crumpton, Karen Martiny, Ashley Webb, Pia Ryt-Hansen, Ramona Trebbien, Henrik E. Jensen, Jakob N. Nissen, Kerstin Skovgaard, Richard J. Webby et Lars E. Larsen. 2023. "Experimental infection of pigs and ferrets with "pre-pandemic," human-adapted, and swine-adapted variants of the H1N1pdm09 influenza A virus reveals significant differences in viral dynamics and pathological manifestations." *PLOS Pathogens* 19 (12): e1011838. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1011838>.
- Krog, J. S., C. K. Hjulsager, M. A. Larsen et L. E. Larsen. 2017. "Triple-reassortant influenza A virus with H3 of human seasonal origin, NA of swine origin, and internal A(H1N1) pandemic 2009 genes is established in Danish pigs." *Influenza and other Respiratory Viruses* 11 (3): 298-303. <https://doi.org/10.1111/irv.12451>.
- Kuntz-Simon, G. et F. Madec. 2009. "Genetic and antigenic evolution of swine influenza viruses in Europe and evaluation of their zoonotic potential." *Zoonoses and Public Health* 56 (6-7): 310-325. <https://doi.org/10.1111/j.1863-2378.2009.01236.x>.
- Kuroda, Moegi, Tatsufumi Usui, Chiharu Shibata, Haruka Nishigaki et Tsuyoshi Yamaguchi. 2022. "Possible bidirectional human–swine and subsequent human–human transmission of influenza virus A(H1N1)/2009 in Japan." *Zoonoses and Public Health* 69 (6): 721-728. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/zph.12960>.
- Laanen, M., D. Persoons, S. Ribbens, E. de Jong, B. Callens, M. Strubbe, D. Maes et J. Dewulf. 2013. "Relationship between biosecurity and production/antimicrobial treatment characteristics in pig herds." *The Veterinary Journal* 198 (2): 508-512. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2013.08.029>.
- Lagan, Paula, Michael Hamil, Susan Cull, Anthony Hanrahan, Rosanna M Wregor et Ken Lemon. 2024. "Swine influenza A virus infection dynamics and evolution in intensive pig production systems." *Virus Evolution* 10 (1). <https://doi.org/10.1093/ve/veae017>.
- Larsen, P.F., S. H. Møller, T. Clausen, A. S. Hammer, T. M. Lássen, V. H. Nielsen, A. H. Tauson, L.L. Jeppesen, S. W. Hansen, J. Elnif et J. Malmkvist. 2012. Proceedings of the Xth International Scientific Congress in Fur Animal Production.
- Le Clerc, Lisa, Zohra Bouamra, Sabine Duvaleix-Treguer, Pascale Magdelaine, Christine Roguet et Gérard You. 2019. *Rôles des organisations de producteurs dans les filières animales: négociation, conseil, commercialisation et création de valeur*.
- Leung, N. H. L., D. K. W. Chu, E. Y. C. Shiu, K. H. Chan, J. J. McDevitt, B. J. P. Hau, H. L. Yen, Y. Li, D. K. M. Ip, J. S. M. Peiris, W. H. Seto, G. M. Leung, D. K. Milton et B. J. Cowling. 2020. "Respiratory virus shedding in exhaled breath and efficacy of face masks." *Nat Med* 26 (5): 676-680. <https://doi.org/10.1038/s41591-020-0843-2>.
- Levasseur, P. et S. Dutreme. 2007. *Hygiénisation des effluents de porcs*.
- Liber, M.; et B.; Ridremont. 2022. "Le vétérinaire face aux nouveaux défis de la filière porcine." *Bull. Acad. Vét. France*: 9. <https://doi.org/10.3406/bavf.2022.70986>.
- Linares, M., C. Hicks, A. S. Bowman, A. Hoet et J. W. Stull. 2018. "Infectious agents in feral swine in Ohio, USA (2009-2015): A low but evolving risk to agriculture and public health." *Veterinary and Animal Science* 6: 81-85. <https://doi.org/10.1016/j.vas.2018.06.002>.

- Lindh, E., H. Lounela, N. Ikonen, T. Kantala, C. Savolainen-Kopra, A. Kauppinen, P. Österlund, L. Kareinen, A. Katz, T. Nokireki, J. Jalava, L. London, M. Pitkäpaasi, J. Vuolle, A. L. Punto-Luoma, R. Kaarto, L. Voutilainen, R. Holopainen, L. Kalin-Mänttari, T. Laaksonen, H. Kiviranta, A. Pennanen, O. Helve, I. Laamanen, M. Melin, N. Tammiranta, R. Rimhanen-Finne, T. Gadd et M. Salminen. 2023. "Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection on multiple fur farms in the South and Central Ostrobothnia regions of Finland, July 2023." *Euro Surveill* 28 (31). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.Es.2023.28.31.2300400>.
- Liu, J., Z. Li, Y. Cui, H. Yang, H. Shan et C. Zhang. 2020. "Emergence of an Eurasian avian-like swine influenza A (H1N1) virus from mink in China." *Veterinary Microbiology* 240. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108509>.
- Loeb, M., N. Dafoe, J. Mahony, M. John, A. Sarabia, V. Glavin, R. Webby, M. Smieja, D. J. Earn, S. Chong, A. Webb et S. D. Walter. 2009. "Surgical mask vs N95 respirator for preventing influenza among health care workers: a randomized trial." *Jama* 302 (17): 1865-71. <https://doi.org/10.1001/jama.2009.1466>.
- Loeffen, W. L. A., P. P. Heinen, A. T. J. Bianchi, W. A. Hunneman et J. H. M. Verheijden. 2003. "Effect of maternally derived antibodies on the clinical signs and immune response in pigs after primary and secondary infection with an influenza H1N1 virus." *Veterinary Immunology and Immunopathology* 92 (1-2): 23-35. [https://doi.org/10.1016/S0165-2427\(03\)00019-9](https://doi.org/10.1016/S0165-2427(03)00019-9).
- Loeffen, Willie, Els de Boer et Guus Koch. 2004. "Transmission of a highly pathogenic avian influenza virus to swine in the Netherlands." Proceedings of the in-between congress of the International Society for Animal Hygiene, St. Malo, France.
- López-Cervantes, M., A. Venado, A. Moreno, R. L. Pacheco-Domínguez et G. Ortega-Pierres. 2009. "On the spread of the novel influenza A (H1N1) virus in Mexico." *Journal of Infection in Developing Countries* 3 (5): 327-330. <https://doi.org/10.3855/jidc.238>.
- Lopez-Moreno, G., P. Davies, M. Yang, M. R. Culhane, C. Corzo, C. Li, A. Rendahl et M. Torremorell. 2022. "Evidence of influenza A infection and risk of transmission between pigs and farmworkers." *Zoonoses and Public Health*. <https://doi.org/10.1111/zph.12948>.
- Luo, Beiping, Aline Schaub, Irina Glas, Liviana K. Klein, Shannon C. David, Nir Bluvshstein, Kalliopi Violaki, Ghislain Motos, Marie O. Pohl, Walter Hugentobler, Athanasios Nenes, Ulrich K. Krieger, Silke Stertz, Thomas Peter et Tamar Kohn. 2023. "Expiratory Aerosol pH: The Overlooked Driver of Airborne Virus Inactivation." *Environmental Science & Technology* 57 (1): 486-497. <https://doi.org/10.1021/acs.est.2c05777>.
- Luo, J., G. Dong, K. Li, Z. Lv, X. Huo et H. He. 2013. "Exposure to swine H1 and H3 and avian H5 and H9 influenza A viruses among feral swine in Southern China, 2009." *Journal of Wildlife Diseases* 49 (2): 375-380. <https://doi.org/10.7589/2012-03-079>.
- Lurette, A., S. Touzeau, P. Ezanno, T. Hoch, H. Seegers, C. Fourichon et C. Belloc. 2011. "Within-herd biosecurity and Salmonella seroprevalence in slaughter pigs: A simulation study." *Journal of Animal Science* 89 (7): 2210-2219. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-2916>.
- Lutz Iv, M. M., M. M. Dunagan, Y. Kurebayashi et T. Takimoto. 2020. "Key Role of the Influenza A Virus PA Gene Segment in the Emergence of Pandemic Viruses." *Viruses* 12 (4). <https://doi.org/10.3390/v12040365>.
- Lycett, S. J., F. Duchatel et P. Digard. 2019. "A brief history of bird flu." *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 374 (1775): 20180257. <https://doi.org/10.1098/rstb.2018.0257>.
- Ma, M., B. D. Anderson, T. Wang, Y. Chen, D. Zhang, G. C. Gray et J. Lu. 2015. "Serological evidence and risk factors for swine influenza infections among Chinese swine workers in guangdong province." *PLoS ONE* 10 (5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0128479>.

- Ma, M. J., G. L. Wang, B. D. Anderson, Z. Q. Bi, B. Lu, X. J. Wang, C. X. Wang, S. H. Chen, Y. H. Qian, S. X. Song, M. Li, J. A. Lednicky, T. Zhao, M. N. Wu, W. C. Cao et G. C. Gray. 2018. "Evidence for cross-species influenza A virus transmission within swine farms, china: A one health, prospective cohort study." *Clinical Infectious Diseases* 66 (4): 533-540. <https://doi.org/10.1093/cid/cix823>.
- Ma, W. 2020. "Swine influenza virus: Current status and challenge." *Virus Research* 288. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2020.198118>.
- Makison Booth, C., M. Clayton, B. Crook et J. M. Gawn. 2013. "Effectiveness of surgical masks against influenza bioaerosols." *J Hosp Infect* 84 (1): 22-6. <https://doi.org/10.1016/j.jhin.2013.02.007>.
- Malmsten, A., U. Magnusson, F. Ruiz-Fons, D. González-Barrio et A. M. Dalin. 2018. "A serologic survey of pathogens in wild boar (*Sus scrofa*) in Sweden." *Journal of Wildlife Diseases* 54 (2): 229-237. <https://doi.org/10.7589/2017-05-120>.
- Mänz, Benjamin, Dominik Dornfeld, Veronika Götz, Roland Zell, Petra Zimmermann, Otto Haller, Georg Kochs et Martin Schwemmle. 2013. "Pandemic Influenza A Viruses Escape from Restriction by Human MxA through Adaptive Mutations in the Nucleoprotein." *PLOS Pathogens* 9 (3): e1003279. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003279>.
- Martin, B. E., H. Sun, M. Carrel, F. L. Cunningham, J. A. Baroch, K. C. Hanson-Dorr, S. G. Young, B. Schmit, J. M. Nolting, K. J. Yoon, M. W. Lutman, K. Pedersen, K. Lager, A. S. Bowman, R. D. Slemons, D. R. Smith, T. DeLiberto et X. F. Wan. 2017. "Feral swine in the United States have been exposed to both avian and swine influenza A viruses." *Applied and Environmental Microbiology* 83 (19). <https://doi.org/10.1128/AEM.01346-17>.
- Massin, P., G. Kuntz-Simon, C. Barbezange, C. Deblanc, A. Oger, E. Marquet-Blouin, S. Bougeard, S. van der Werf et V. Jestin. 2010. "Temperature sensitivity on growth and/or replication of H1N1, H1N2 and H3N2 influenza A viruses isolated from pigs and birds in mammalian cells." *Veterinary Microbiology* 142 (3-4): 232-241. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.10.012>.
- Mavit, Ludovic. 2006. "Control of bacteriologic safety of pig effluents
Maîtrise de la sécurité bactériologique des effluents de porcherie." <https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-04562790>.
- McKellar, J., A. Rebendenne, M. Wencker, O. Moncorgé et C. Goujon. 2021. "Mammalian and Avian Host Cell Influenza A Restriction Factors." *Viruses* 13 (3). <https://doi.org/10.3390/v13030522>.
- Mena, I., M. I. Nelson, F. Quezada-Monroy, J. Dutta, R. Cortes-Fernández, J. H. Lara-Puente, F. Castro-Peralta, L. F. Cunha, N. S. Trovão, B. Lozano-Dubernard, A. Rambaut, H. Van Bakel et A. García-Sastre. 2016. "Origins of the 2009 H1N1 influenza pandemic in swine in Mexico." *eLife* 5 (JUN2016). <https://doi.org/10.7554/eLife.16777>.
- Meng, Fei, Huanliang Yang, Zhiyuan Qu, Yan Chen, Yijie Zhang, Yaping Zhang, Liling Liu, Xianying Zeng, Chengjun Li, Yoshihiro Kawaoka et Hualan Chen. 2022. "A Eurasian avian-like H1N1 swine influenza reassortant virus became pathogenic and highly transmissible due to mutations in its PA gene." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 119 (34): e2203919119. <https://doi.org/doi:10.1073/pnas.2203919119>.
- Meseko, C., A. Globig, J. Ijomanta, T. Joannis, C. Nwosuh, D. Shamaki, T. Harder, D. Hoffman, A. Pohlmann, M. Beer, T. Mettenleiter et E. Starick. 2018. "Evidence of exposure of domestic pigs to Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in Nigeria." *Scientific Reports* 8 (1). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-24371-6>.
- Minodier, Laetitia, Remi N. Charrel, Pierre-Emmanuel Ceccaldi, Sylvie van der Werf, Thierry Blanchon, Thomas Hanslik et Alessandra Falchi. 2015. "Prevalence of gastrointestinal symptoms in patients with influenza, clinical significance, and pathophysiology of

- human influenza viruses in faecal samples: what do we know?" *Virology Journal* 12 (1): 215. <https://doi.org/10.1186/s12985-015-0448-4>.
- Munoz, Olga, Marco De Nardi, Karen van der Meulen, Kristien van Reeth, Marion Koopmans, Kate Harris, Sophie von Dobschuetz, Gudrun Freidl, Adam Meijer, Andrew Breed, Andrew Hill, Rowena Kosmider, Jill Banks, Katharina D. C. Stärk, Barbara Wieland, Kim Stevens, Sylvie van der Werf, Vincent Enouf, Gwenaëlle Dauphin, William Dundon, Giovanni Cattoli, Ilaria Capua et Flurisk Consortium The. 2016. "Genetic Adaptation of Influenza A Viruses in Domestic Animals and Their Potential Role in Interspecies Transmission: A Literature Review." *EcoHealth* 13 (1): 171-198. <https://doi.org/10.1007/s10393-014-1004-1>.
- Myatt, T. A., M. H. Kaufman, J. G. Allen, D. L. MacIntosh, M. P. Fabian et J. J. McDevitt. 2010. "Modeling the airborne survival of influenza virus in a residential setting: the impacts of home humidification." *Environ Health* 9: 55. <https://doi.org/10.1186/1476-069x-9-55>.
- Myers, K. P., C. W. Olsen, S. F. Setterquist, A. W. Capuano, K. J. Donham, E. L. Thacker, J. A. Merchant et G. C. Gray. 2006. "Are swine workers in the United States at increased risk of infection with zoonotic influenza virus." *Clinical Infectious Diseases* 42 (1): 14-20. <https://doi.org/10.1086/498977>.
- Neira, V., P. Rabinowitz, A. Rendahl, B. Paccha, S. G. Gibbs et M. Torremorell. 2016. "Characterization of viral load, viability and persistence of influenza a virus in air and on surfaces of swine production facilities." *PLoS ONE* 11 (1). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0146616>.
- Nelli, R. K., S. V. Kuchipudi, G. A. White, B. B. Perez, S. P. Dunham et K. Chang. 2010. "Comparative distribution of human and avian type sialic acid influenza receptors in the pig." *BMC Veterinary Research* 6. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-6-4>.
- Nelson, M. I., J. Stratton, M. L. Killian, A. Janas-Martindale et A. L. Vincent. 2015. "Continual reintroduction of human pandemic H1N1 influenza A viruses into swine in the United States, 2009 to 2014." *Journal of Virology* 89 (12): 6218-6226. <https://doi.org/10.1128/JVI.00459-15>.
- Nelson, M. I., K. M. Stucker, S. A. Schobel, N. S. Trovão, S. R. Das, V. G. Dugan, S. W. Nelson, S. Sreevatsan, M. L. Killian, J. M. Nolting, D. E. Wentworth et A. S. Bowman. 2016. "Introduction, evolution, and dissemination of influenza A viruses in exhibition swine in the United States during 2009 to 2013." *Journal of Virology* 90 (23): 10963-10971. <https://doi.org/10.1128/JVI.01457-16>.
- Nelson, M. I. et A. L. Vincent. 2015. "Reverse zoonosis of influenza to swine: New perspectives on the human-animal interface." *Trends in Microbiology* 23 (3): 142-153. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.12.002>.
- Nemanichvili, N., A. J. Berends, I. Tomris, K. N. Barnard, C. R. Parrish, A. Gröne, J. M. Rijks, M. H. Verheije et R. P. de Vries. 2022. "Influenza D binding properties vary amongst the two major virus clades and wildlife species." *Veterinary Microbiology* 264. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2021.109298>.
- Neumann, G., T. Noda et Y. Kawaoka. 2009. "Emergence and pandemic potential of swine-origin H1N1 influenza virus." *Nature* 459 (7249): 931-939. <https://doi.org/10.1038/nature08157>.
- Newman, A. P., E. Reisdorf, J. Beinemann, T. M. Uyeki, A. Balish, B. Shu, S. Lindstrom, J. Achenbach, C. Smith et J. P. Davis. 2008. "Human case of swine influenza A (H1N1) triple reassortant virus infection, Wisconsin." *Emerging Infectious Diseases* 14 (9): 1470-1472. <https://doi.org/10.3201/eid1409.080305>.
- Nissen, J. N., S. J. George, C. K. Hjulsager, J. S. Krog, X. C. Nielsen, T. V. Madsen, K. M. Andersen, T. G. Krause, L. S. Vestergaard, L. E. Larsen et R. Trebbien. 2021. "Reassortant influenza A(H1N1)pdm09 virus in elderly woman, Denmark, January 2021." *Emerging Infectious Diseases* 27 (12): 3202-3205. <https://doi.org/10.3201/eid2712.211361>.

- Nöremark, Maria, Ann Lindberg, Ivar Vågsholm et Susanna Sternberg Lewerin. 2009. "Disease awareness, information retrieval and change in biosecurity routines among pig farmers in association with the first PRRS outbreak in Sweden." *Preventive Veterinary Medicine* 90 (1): 1-9. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2009.03.008>.
- Otake, Satoshi, Scott Dee, Cesar Corzo, Simone Oliveira et John Deen. 2010. "Long-distance airborne transport of infectious PRRSV and Mycoplasma hyopneumoniae from a swine population infected with multiple viral variants." *Veterinary Microbiology* 145 (3): 198-208. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.03.028>.
- Paules, C. et K. Subbarao. 2017. "Influenza." *Lancet* 390 (10095): 697-708. [https://doi.org/10.1016/s0140-6736\(17\)30129-0](https://doi.org/10.1016/s0140-6736(17)30129-0).
- Payne, A., S. Rossi, S. A. Lacour, I. Vallée, B. Garin-Bastuji, G. Simon, S. Hervé, N. Pavio, C. Richomme, C. Dunoyer, A. Bronner et J. Hars. 2011. "Bilan sanitaire du sanglier vis-à-vis de la trichinellose, de la maladie d'Aujeszky, de la brucellose, de l'hépatite E et des virus influenza porcins en France." *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 44.
- Perry, K. A., A. D. Coulliette, L. J. Rose, A. M. Shams, J. R. Edwards et J. A. Noble-Wang. 2016. "Persistence of Influenza A (H1N1) Virus on Stainless Steel Surfaces." *Appl Environ Microbiol* 82 (11): 3239-3245. <https://doi.org/10.1128/aem.04046-15>.
- Petit, K., C. Dunoyer, C. Fischer, J. Hars, E. Baubet, J. R. López-Olvera, S. Rossi, E. Collin, M. F. Le Potier, C. Belloc, C. Peroz, N. Rose, J. P. Vaillancourt et C. Saegerman. 2020. "Assessment of the impact of forestry and leisure activities on wild boar spatial disturbance with a potential application to ASF risk of spread." *Transbound Emerg Dis* 67 (3): 1164-1176. <https://doi.org/10.1111/tbed.13447>.
- Picault, S., Y. L. Huang, V. Sicard, S. Arnoux, G. Beaunée et P. Ezanno. 2019. "EMULSION: Transparent and flexible multiscale stochastic models in human, animal and plant epidemiology." *PLoS Comput Biol* 15 (9): e1007342. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1007342>.
- Pillai, S. P. S., M. Pantin-Jackwood, H. M. Yassine, Y. M. Saif et C. W. Lee. 2010. "The high susceptibility of Turkeys to influenza viruses of different origins implies their importance as potential intermediate hosts." *Avian Diseases* 54 (SUPPL. 1): 522-526. <https://doi.org/10.1637/8770-033109-Review.1>.
- Poulson, Rebecca, Stephen Tompkins, Roy Berghaus, J. Brown et D. Stallknecht. 2016. "Environmental Stability of Swine and Human Pandemic Influenza Viruses in Water Under Variable Conditions of Temperature, Salinity, and pH." *Applied and Environmental Microbiology* 82: AEM.00133-16. <https://doi.org/10.1128/AEM.00133-16>.
- Prosperi, Alice, Laura Soliani, Elena Canelli, Laura Baioni, Valentina Gabbi, Camilla Torreggiani, Roberta Manfredi, Irene Calanchi, Giovanni Pupillo, Filippo Barsi, Patrizia Bassi, Laura Fiorentini, Matteo Frasnelli, Maria Cristina Fontana, Andrea Luppi et Chiara Chiapponi. 2022. "Influenza A in Wild Boars: Viral Circulation in the Emilia-Romagna Region (Northern Italy) between 2017 and 2022." *Animals* 12 (12): 1593.
- Pulit-Penalzoza, J. A., J. A. Belser, T. M. Tumpey et T. R. Maines. 2019. "Swine-origin H1 influenza viruses isolated from humans exhibit sustained infectivity in an aerosol state." *Applied and Environmental Microbiology* 85 (10). <https://doi.org/10.1128/AEM.00210-19>.
- Rabalski, L., M. Kosinski, P. Cybulski, T. Stadejek et K. Lepek. 2023. "Genetic Diversity of Type A Influenza Viruses Found in Swine Herds in Northwestern Poland from 2017 to 2019: The One Health Perspective." *Viruses* 15 (9). <https://doi.org/10.3390/v15091893>.
- Raghunath, S., R. S. Pudupakam, J. Deventhiran, R. Tevatia et T. Leroith. 2017. "Pathogenicity and transmission of triple reassortant H3N2 swine influenza A viruses is attenuated following Turkey embryo propagation." *Veterinary Microbiology* 201: 208-215. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.01.030>.

- Rajao, D. S., A. L. Vincent et D. R. Perez. 2019. "Adaptation of human influenza viruses to swine." *Frontiers in Veterinary Science* 5 (JAN). <https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00347>.
- Renault, Véronique, Marie-France Humblet, Phuong N. Pham et Claude Saegerman. 2021. "Biosecurity at Cattle Farms: Strengths, Weaknesses, Opportunities and Threats." *Pathogens* 10 (10): 1315.
- Renault, Véronique, Marie-France Humblet et Claude Saegerman. 2022. "Biosecurity Concept: Origins, Evolution and Perspectives." *Animals* 12 (1): 63.
- Richard, G. et A. Byrne. 2024. *European swine influenza network report on swine influenza A virus evolution and diversity from october 2022 to september 2023*. (Zenodo).
- Richard, Gautier, Séverine Hervé, Amélie Chastagner, Stéphane Quéguiner, Véronique Beven, Edouard Hirschaud, Nicolas Barbier, Stéphane Gorin, Yannick Blanchard et Gaëlle Simon. 2024. "Major change in swine influenza virus diversity in France owing to emergence and widespread dissemination of a newly introduced H1N2 1C genotype in 2020." *bioRxiv*.
- Rimondi, A., R. E. T. Vanstreels, V. Olivera, A. Donini, M. M. Lauriente et M. M. Uhart. 2024. "Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Viruses from Multispecies Outbreak, Argentina, August 2023." *Emerg Infect Dis* 30 (4): 812-814. <https://doi.org/10.3201/eid3004.231725>.
- Robinson, J. L., B. E. Lee, J. Patel, N. Bastien, K. Grimsrud, R. F. Seal, R. King, F. Marshall et Y. Li. 2007. "Swine influenza (H3N2) infection in a child and possible community transmission, Canada." *Emerging Infectious Diseases* 13 (12): 1865-1870. <https://doi.org/10.3201/eid1312.070615>.
- Roic, B., L. Jemersic, S. Terzic, T. Keros, J. Balatinec et T. Florijancic. 2012. "Prevalence of antibodies to selected viral pathogens in wild boars (*Sus scrofa*) in Croatia in 2005-06 and 2009-10." *Journal of Wildlife Diseases* 48 (1): 131-137. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-48.1.131>.
- Romagosa, A., M. Allerson, M. Gramer, H. S. Joo, J. Deen, S. Detmer et M. Torremorell. 2011. "Vaccination of influenza a virus decreases transmission rates in pigs." *Vet Res* 42 (1): 120. <https://doi.org/10.1186/1297-9716-42-120>.
- Rose, N. et M. Andraud. 2017. "The use of vaccines to control pathogen spread in pig populations." *Porcine Health Manag* 3: 8. <https://doi.org/10.1186/s40813-017-0053-6>.
- Rose, N., S. Hervé, E. Eveno, N. Barbier, F. Eono, V. Dorenlor, M. Andraud, C. Camsusou, F. Madec et G. Simon. 2013. "Dynamics of influenza a virus infections in permanently infected pig farms: Evidence of recurrent infections, circulation of several swine influenza viruses and reassortment events." *Veterinary Research* 44 (1). <https://doi.org/10.1186/1297-9716-44-72>.
- Rosone, F., F. Bonfante, M. G. Sala, S. Maniero, A. Cersini, I. Ricci, L. Garofalo, D. Caciolo, A. Denisi, A. Napolitan, M. Parente, B. Zecchin, C. Terregino et M. T. Scicluna. 2023. "Seroconversion of a Swine Herd in a Free-Range Rural Multi-Species Farm against HPAI H5N1 2.3.4.4b Clade Virus." *Microorganisms* 11 (5). <https://doi.org/10.3390/microorganisms11051162>.
- Ruiz-Fons, F. 2015. "A Review of the Current Status of Relevant Zoonotic Pathogens in Wild Swine (*Sus scrofa*) Populations: Changes Modulating the Risk of Transmission to Humans." *Transboundary and Emerging Diseases* 64 (1): 68-88. <https://doi.org/10.1111/tbed.12369>.
- Ryt-Hansen, P., J. S. Krog, S. O. Breum, C. K. Hjulsager, A. G. Pedersen, R. Trebbien et L. E. Larsen. 2021. "Co-circulation of multiple influenza a reassortants in swine harboring genes from seasonal human and swine influenza viruses." *eLife* 10. <https://doi.org/10.7554/eLife.60940>.

- Ryt-Hansen, P., I. Larsen, C. S. Kristensen, J. S. Krog et L. E. Larsen. 2019. "Limited impact of influenza A virus vaccination of piglets in an enzootic infected sow herd." *Research in Veterinary Science* 127: 47-56. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2019.10.015>.
- Sagripanti, Jose-Luis et C. David Lytle. 2007. "Inactivation of Influenza Virus by Solar Radiation." *Photochemistry and Photobiology* 83 (5): 1278-1282. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1751-1097.2007.00177.x>.
- Sattler, T., E. Sailer, E. Wodak et F. Schmoll. 2012. "Serological detection of emerging viral infections in wild boars from different hunting regions of Southern Germany." *Tierärztliche Praxis Ausgabe G: Grosstiere - Nutztiere* 40 (1): 27-32. <https://doi.org/10.1055/s-0038-1623095>.
- Schicker, R. S., J. Rossow, S. Eckel, N. Fisher, S. Bidol, L. Tatham, J. Matthews-Greer, K. Sohner, A. S. Bowman, J. Avrill, T. Forshey, L. Blanton, C. T. Davis, J. Schiltz, S. Skorupski, L. Berman, Y. Jang, J. S. Bresee, S. Lindstrom, S. C. Trock, D. Wentworth, A. M. Fry, S. de Fijter, K. Signs, M. DiOrio, S. J. Olsen et M. Biggerstaff. 2016. "Outbreak of influenza a(H3N2) variant virus infections among persons attending agricultural fairs housing infected swine — Michigan and Ohio, July–August 2016." *Morbidity and Mortality Weekly Report* 65 (42): 1157-1160. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6542a1>.
- Schuit, M., S. Gardner, S. Wood, K. Bower, G. Williams, D. Freeburger et P. Dabisch. 2020. "The Influence of Simulated Sunlight on the Inactivation of Influenza Virus in Aerosols." *J Infect Dis* 221 (3): 372-378. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiz582>.
- Schüleïn, A., M. Ritzmann, J. Christian, K. Schneider et A. Neubauer-Juric. 2021. "Exposure of wild boar to Influenza A viruses in Bavaria: Analysis of seroprevalences and antibody subtype specificity before and after the panzootic of highly pathogenic avian influenza viruses A (H5N8)." *Zoonoses and Public Health* 68 (5): 503-515. <https://doi.org/10.1111/zph.12841>.
- Scollo, Annalisa, Pierre Levallois, Christine Fourichon, Ambra Motta, Alessandro Mannelli, Francesco Lombardo et Paolo Ferrari. 2022. "Monitoring Means and Results of Biosecurity in Pig Fattening Farms: Systematic Assessment of Measures in Place and Exploration of Biomarkers of Interest." *Animals* 12 (19): 2655.
- Serafini Poeta Silva, A. P., E. de Freitas Costa, G. Sousa e Silva, C. K. Souza, R. Schaefer, I. da Silva Vaz, Jr. et L. G. Corbellini. 2019. "Biosecurity practices associated with influenza A virus seroprevalence in sows from southern Brazilian breeding herds." *Preventive Veterinary Medicine* 166: 1-7. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2019.02.013>.
- Severo, D. R. T., R. A. Werlang, A. P. Mori, K. R. A. Baldi, R. E. Mendes, S. R. S. Surian, A. Coldebella, B. Kramer, I. M. Trevisol, T. M. A. Gomes et V. S. Silva. 2021. "Health profile of free-range wild boar (*Sus scrofa*) subpopulations hunted in Santa Catarina State, Brazil." *Transboundary and Emerging Diseases* 68 (2): 857-869. <https://doi.org/10.1111/tbed.13752>.
- Shimoda, H., D. Van Nguyen, K. Yonemitsu, S. Minami, N. Nagata, N. Hara, R. Kuwata, S. Murakami, Y. Kodera, T. Takeda, Y. Yoshikawa, T. Horimoto et K. Maeda. 2017. "Influenza a virus infection in Japanese wild boars (*Sus scrofa leucomystax*)." *Journal of Veterinary Medical Science* 79 (5): 848-851. <https://doi.org/10.1292/jvms.17-0052>.
- Shinde, V., C. B. Bridges, T. M. Uyeki, B. Shu, A. Balish, X. Xu, S. Lindstrom, L. V. Gubareva, V. Deyde, R. J. Garten, M. Harris, S. Gerber, S. Vagasky, F. Smith, N. Pascoe, K. Martin, D. Dufficy, K. Ritger, C. Conover, P. Quinlisk, A. Klimov, J. S. Bresee et L. Finelli. 2009. "Triple-reassortant swine influenza A (H1) in humans in the United States, 2005-2009." *New England Journal of Medicine* 360 (25): 2616-2625. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa0903812>.

- Sicard, V., M. Andraud et S. Picault. 2021. "Organization as a Multi-level Design Pattern for Agent-based Simulation of Complex Systems." 13th International Conference on Agents and Artificial Intelligence ICAART, Vienna, Austria, February 4 - 6, 2021
- Sicard, V., S. Picault et M. Andraud. 2022. "Coupling spatial and temporal structure in batch rearing modelling for understanding the spread of swine influenza A virus." Annual conference of the Society of Veterinary Epidemiology and Preventive Medicine SVEPM, Belfast, 23- 25 March 2022.
- Sicard, Vianney, Mathieu Andraud et Sébastien Picault. 2022. "A Declarative Modelling Language for the Design of Complex Structured Agent-Based Epidemiological Models." Advances in Practical Applications of Agents, Multi-Agent Systems, and Complex Systems Simulation. The PAAMS Collection, Cham, 2022//.
- Sikkema, R. S., G. S. Freidl, E. de Bruin et M. Koopmans. 2016. "Weighing serological evidence of human exposure to animal influenza viruses – A literature review." *Eurosurveillance* 21 (44). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2016.21.44.30388>.
- Silva, Gustavo S., Luis G. Corbellini, Daniel L. C. Linhares, Kimberlee L. Baker et Derald J. Holtkamp. 2018. "Development and validation of a scoring system to assess the relative vulnerability of swine breeding herds to the introduction of PRRS virus." *Preventive Veterinary Medicine* 160: 116-122. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2018.10.004>.
- Simon-Grifé, M., G. E. Martín-Valls, M. J. Vilar, I. García-Bocanegra, M. Martín, E. Mateu et J. Casal. 2013. "Biosecurity practices in Spanish pig herds: Perceptions of farmers and veterinarians of the most important biosecurity measures." *Preventive Veterinary Medicine* 110 (2): 223-231. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2012.11.028>.
- Simon, G. 2010. "The pig, the intermediate host for the appearance of influenza virus reassorting with zoonotic possibility." *Virologie* 14 (6): 407-422. <https://doi.org/10.1684/vir.2010.0326>.
- Simon G., Bernard-Stoecklin S., Behillil S., Hervé S., Donati F., Enouf V., Briand F.-X., Thibault V., Fillatre P., Pivette M., Conan G., Rose N. et van der Werf S. 2022. "Cas d'infection humaine par un virus influenza porcine de sous-type H1N2 ayant émergé chez le porc en 2020 en France métropolitaine." XXIVèmes Journées Francophones de Virologie.
- Simon, G., L. E. Larsen, R. Dürrwald, E. Foni, T. Harder, K. Van Reeth, I. Markowska-Daniel, S. M. Reid, A. Dan, J. Maldonado, A. Huovilainen, C. Billinis, I. Davidson, M. Agüero, T. Vila, S. Hervé, SØ Breum, C. Chiapponi, K. Urbaniak, C. S. Kyriakis, I. H. Brown et W. Loeffen. 2014. "European surveillance network for influenza in pigs: surveillance programs, diagnostic tools and Swine influenza virus subtypes identified in 14 European countries from 2010 to 2013." *PLoS One* 9 (12): e115815. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0115815>.
- Smith, G. J. D., J. Bahl, D. Vijaykrishna, J. Zhang, L. L. M. Poon, H. Chen, R. G. Webster, J. S. M. Peiris et Y. Guan. 2009. "Dating the emergence of pandemic influenza viruses." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 106 (28): 11709-11712. <https://doi.org/10.1073/pnas.0904991106>.
- Smith, G. J. D., D. Vijaykrishna, J. Bahl, S. J. Lycett, M. Worobey, O. G. Pybus, S. K. Ma, C. L. Cheung, J. Raghvani, S. Bhatt, J. S. M. Peiris, Y. Guan et A. Rambaut. 2009. "Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic." *Nature* 459 (7250): 1122-1125. <https://doi.org/10.1038/nature08182>.
- Soler, V., E. Casas, F. Closa-Sebastià, A. Sanz et J. Martorell. 2022. "Health status of free-ranging pure and cross-mixed miniature swine population from Northeast Spain." *Veterinary Medicine and Science* 8 (1): 170-176. <https://doi.org/10.1002/vms3.665>.
- Song, M. S., P. N. Pascua et Y. K. Choi. 2011. "Virulence of pandemic (H1N1) 2009 influenza A polymerase reassortant viruses." *Virulence* 2 (5): 422-6. <https://doi.org/10.4161/viru.2.5.17267>.

- Song, X. H., H. Xiao, Y. Huang, G. Fu, B. Jiang, Y. Kitamura, W. Liu, D. Liu et G. F. Gao. 2010. "Serological surveillance of influenza A virus infection in swine populations in Fujian province, China: No evidence of naturally occurring H5N1 infection in pigs." *Zoonoses and Public Health* 57 (4): 291-298. <https://doi.org/10.1111/j.1863-2378.2009.01270.x>.
- Souza, C. K., J. B. Kimble, T. K. Anderson, Z. W. Arendsee, D. E. Hufnagel, K. M. Young, P. C. Gauger, N. S. Lewis, C. T. Davis, S. Thor et A. L. Vincent Baker. 2023. "Swine-to-Ferret Transmission of Antigenically Drifted Contemporary Swine H3N2 Influenza A Virus Is an Indicator of Zoonotic Risk to Humans." *Viruses* 15 (2). <https://doi.org/10.3390/v15020331>.
- Stadejek, Wojciech, Koen Chiers et Kristien Van Reeth. 2023. "Infectivity and transmissibility of an avian H3N1 influenza virus in pigs." *Veterinary Research* 54 (1): 4. <https://doi.org/10.1186/s13567-022-01133-x>.
- Starick, E., S. R. Fereidouni, E. Lange, C. Grund, T. Vahlenkamp, M. Beer et T. C. Harder. 2011. "Analysis of influenza A viruses of subtype H1 from wild birds, turkeys and pigs in Germany reveals interspecies transmission events." *Influenza and other Respiratory Viruses* 5 (4): 276-284. <https://doi.org/10.1111/j.1750-2659.2011.00201.x>.
- Stephenson, R. J., B. R. Tribble, Y. Wang, M. A. Kerrigan, S. M. Goldstein et R. R. R. Rowland. 2015. "Multiplex serology for common viral infections in feral pigs (*Sus scrofa*) in Hawaii between 2007 and 2010." *Journal of Wildlife Diseases* 51 (1): 239-243. <https://doi.org/10.7589/2013-09-242>.
- Subbarao, K. 2019. "The Critical Interspecies Transmission Barrier at the Animal-Human Interface." *Trop Med Infect Dis* 4 (2). <https://doi.org/10.3390/tropicalmed4020072>.
- Suess, T., C. Remschmidt, S. B. Schink, B. Schweiger, A. Nitsche, K. Schroeder, J. Doellinger, J. Milde, W. Haas, I. Koehler, G. Krause et U. Buchholz. 2012. "The role of facemasks and hand hygiene in the prevention of influenza transmission in households: results from a cluster randomised trial; Berlin, Germany, 2009-2011." *BMC Infect Dis* 12: 26. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-12-26>.
- Sun, H., F. L. Cunningham, J. Harris, Y. Xu, L. P. Long, K. Hanson-Dorr, J. A. Baroch, P. Fioranelli, M. W. Lutman, T. Li, K. Pedersen, B. S. Schmit, J. Cooley, X. Lin, R. G. Jarman, T. J. Deliberto et X. F. Wan. 2015. "Dynamics of virus shedding and antibody responses in influenza A virus-infected feral swine." *Journal of General Virology* 96 (9): 2569-2578. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.000225>.
- Sun, H., W. Kong, L. Liu, Y. Qu, C. Li, Y. Shen, Y. Zhou, Y. Wang, S. Wu, J. Pu, J. Liu et Y. Sun. 2015. "The infection of turkeys and chickens by reassortants derived from pandemic H1N1 2009 and avian H9N2 influenza viruses." *Sci Rep* 5: 10130. <https://doi.org/10.1038/srep10130>.
- Sun, W., S. S. M. Cheng, K. N. T. Lam, T. C. Kwan, R. W. K. Wong, L. H. K. Lau, G. Y. Z. Liu, L. L. H. Luk, J. K. C. Li, H. Gu, M. Peiris et L. L. M. Poon. 2022. "Natural Reassortment of Eurasian Avian-Like Swine H1N1 and Avian H9N2 Influenza Viruses in Pigs, China." *Emerg Infect Dis* 28 (7): 1509-1512. <https://doi.org/10.3201/eid2807.220642>.
- Sun, X., J. A. Pulit-Penalosa, J. A. Belser, C. Pappas, M. B. Pearce, N. Brock, H. Zeng, H. M. Creager, N. Zanders, Y. Jang, T. M. Tumpey, C. T. Davis et T. R. Maines. 2018. "Pathogenesis and transmission of genetically diverse swine-origin H3N2 variant influenza A viruses from multiple lineages isolated in the United States, 2011- 2016." *Journal of Virology* 92 (16). <https://doi.org/10.1128/JVI.00665-18>.
- Swindle, M.M. 2016. *Swine in the Laboratory: Surgery, Anesthesia, Imaging, and Experimental Techniques*. Edité par 3rd edition. 2nd ed.: CRC Press.
- Szablewski, Christine M., Dillon S. McBride, Susan C. Trock, Gregory G. Habing, Armando E. Hoet, Sarah W. Nelson, Jacqueline M. Nolting et Andrew S. Bowman. 2024. "Evolution of influenza A viruses in exhibition swine and transmission to humans, 2013–2015." *Zoonoses and Public Health* 71 (3): 281-293. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/zph.13104>.

- Takahashi, T., J. Song, T. Suzuki et Y. Kawaoka. 2013. "Mutations in NA That Induced Low pH-Stability and Enhanced the Replication of Pandemic (H1N1) 2009 Influenza A Virus at an Early Stage of the Pandemic." *PLoS ONE* 8 (5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0064439>.
- Taubenberger, J. K., A. H. Reid, R. M. Lourens, R. Wang, G. Jin et T. G. Fanning. 2005. "Characterization of the 1918 influenza virus polymerase genes." *Nature* 437 (7060): 889-93. <https://doi.org/10.1038/nature04230>.
- Tellier, R. 2009. "Aerosol transmission of influenza A virus: A review of new studies." *Journal of the Royal Society Interface* 6 (SUPPL. 6): S783-S790. <https://doi.org/10.1098/rsif.2009.0302.focus>.
- Terebuh, Pauline, Christopher W. Olsen, Jennifer Wright, Alexander Klimov, Alexander Karasin, Karla Todd, Hong Zhou, Henrietta Hall, Xiyan Xu, Tim Kniffen, David Madsen, Rebecca Garten et Carolyn B. Bridges. 2010. "Transmission of influenza A viruses between pigs and people, Iowa, 2002–2004." *Influenza and Other Respiratory Viruses* 4 (6): 387-396. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1750-2659.2010.00175.x>.
- Thompson, K. A. et A. M. Bennett. 2017. "Persistence of influenza on surfaces." *J Hosp Infect* 95 (2): 194-199. <https://doi.org/10.1016/j.jhin.2016.12.003>.
- Touloudi, A., G. Valiakos, L. V. Athanasiou, P. Birtsas, A. Giannakopoulos, K. Papaspyropoulos, C. Kalaitzis, C. Sokos, C. N. Tsokana, V. Spyrou, L. Petrovska et C. Billinis. 2015. "A serosurvey for selected pathogens in Greek European wild boar." *Veterinary Record Open* 2 (2). <https://doi.org/10.1136/vetreco-2014-000077>.
- Trebbien, R., K. Bragstad, L. E. Larsen, J. Nielsen, A. Bøtner, P. M. Heegaard, A. Fomsgaard, B. Viuff et C. K. Hjulsgaard. 2013. "Genetic and biological characterisation of an avian-like H1N2 swine influenza virus generated by reassortment of circulating avian-like H1N1 and H3N2 subtypes in Denmark." *Virology Journal* 10. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-10-290>.
- Trebbien, R., L. E. Larsen et B. M. Viuff. 2011. "Distribution of sialic acid receptors and influenza A virus of avian and swine origin in experimentally infected pigs." *Virology Journal* 8. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-8-434>.
- Tu, J., H. Zhou, T. Jiang, C. Li, A. Zhang, X. Guo, W. Zou, H. Chen et M. Jin. 2009. "Isolation and molecular characterization of equine H3N8 influenza viruses from pigs in China." *Archives of Virology* 154 (5): 887-890. <https://doi.org/10.1007/s00705-009-0381-1>.
- Urbaniak, K., A. Kowalczyk, M. Pomorska-Mól, K. Kwit et I. Markowska-Daniel. 2022. "Effect of serial in vivo passages on the adaptation of H1N1 avian influenza virus to pigs." *Journal of Veterinary Research (Poland)* 66 (1): 9-19. <https://doi.org/10.2478/jvetres-2022-0013>.
- Van Poucke, S. G. M., J. M. Nicholls, H. J. Nauwynck et K. Van Reeth. 2010. "Replication of avian, human and swine influenza viruses in porcine respiratory explants and association with sialic acid distribution." *Virology Journal* 7. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-7-38>.
- Van Reeth, K. et A. L. Vincent. 2019. "Influenza viruses." Dans *Diseases of Swine*, 576-593. : wiley.
- Vincent, A., L. Awada, I. Brown, H. Chen, F. Claes, G. Dauphin, R. Donis, M. Culhane, K. Hamilton, N. Lewis, E. Mumford, T. Nguyen, S. Parchariyanon, J. Pasick, G. Pavade, A. Pereda, M. Peiris, T. Saito, S. Swenson, K. Van Reeth, R. Webby, F. Wong et J. Ciacci-Zanella. 2014. "Review of Influenza A Virus in Swine Worldwide: A Call for Increased Surveillance and Research." *Zoonoses and Public Health* 61 (1): 4-17. <https://doi.org/10.1111/zph.12049>.
- Vincent, A. L., S. L. Swenson, K. M. Lager, P. C. Gauger, C. Loiacono et Y. Zhang. 2009. "Characterization of an influenza A virus isolated from pigs during an outbreak of respiratory disease in swine and people during a county fair in the United States." *Veterinary Microbiology* 137 (1-2): 51-59. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.01.003>.

- Vittecoq, M., V. Grandhomme, G. Simon, S. Herve, T. Blanchon, F. Renaud, F. Thomas, M. Gauthier-Clerc et S. van der Werf. 2012. "Study of influenza A virus in wild boars living in a major duck wintering site." *Infection, Genetics and Evolution* 12 (2): 483-486. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2011.12.003>.
- Wang, G., L. G. dos Anjos Borges, D. Stadlbauer, I. Ramos, M. C. Bermúdez González, J. He, Y. Ding, Z. Wei, K. Ouyang, W. Huang, V. Simon, A. Fernandez-Sesma, F. Krammer, M. I. Nelson, Y. Chen et A. García-Sastre. 2019. "Characterization of swine-origin H1N1 canine influenza viruses." *Emerging Microbes and Infections* 8 (1): 1017-1026. <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1637284>.
- Wang, Z., H. Yang, Y. Chen, S. Tao, L. Liu, H. Kong, S. Ma, F. Meng, Y. Suzuki, C. Qiao et H. Chen. 2017. "A single-amino-acid substitution at position 225 in hemagglutinin alters the transmissibility of Eurasian avian-like H1N1 swine influenza virus in guinea pigs." *Journal of Virology* 91 (21). <https://doi.org/10.1128/JVI.00800-17>.
- Watson, S. J., P. Langat, S. M. Reid, T. T. Lam, M. Cotten, M. Kelly, K. Van Reeth, Y. Qiu, G. Simon, E. Bonin, E. Foni, C. Chiapponi, L. Larsen, C. Hjulsgager, I. Markowska-Daniel, K. Urbaniak, R. Dürrwald, M. Schlegel, A. Huovilainen, I. Davidson, A. Dán, W. Loeffen, S. Edwards, M. Bublot, T. Vila, J. Maldonado, L. Valls, I. H. Brown, O. G. Pybus, P. Kellam et Esnip Consortium. 2015. "Molecular epidemiology and evolution of influenza viruses circulating within European swine between 2009 and 2013." *Journal of Virology* 89 (19): 9920-9931. <https://doi.org/10.1128/JVI.00840-15>.
- Webby, R. J., S. L. Swenson, S. L. Krauss, P. J. Gerrish, S. M. Goyal et R. G. Webster. 2000. "Evolution of swine H3N2 influenza viruses in the United States." *Journal of Virology* 74 (18): 8243-8251. <https://doi.org/10.1128/JVI.74.18.8243-8251.2000>.
- Wood, J. P., Y. W. Choi, D. J. Chappie, J. V. Rogers et J. Z. Kaye. 2010. "Environmental persistence of a highly pathogenic avian influenza (H5N1) virus." *Environ Sci Technol* 44 (19): 7515-20. <https://doi.org/10.1021/es1016153>.
- Xu, J., H. A. Zhong, A. Madrahimov, T. Helikar et G. Lu. 2014. "Molecular phylogeny and evolutionary dynamics of influenza A nonstructural (NS) gene." *Infection, Genetics and Evolution* 22: 192-200. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.10.011>.
- Yuan, Z., W. Zhu, Y. Chen, P. Zhou, Z. Cao, J. Xie, C. Zhang, C. Ke, W. Qi, S. Su et G. Zhang. 2013. "Serological surveillance of H5 and H9 avian influenza A viral infections among pigs in southern China." *Microbial Pathogenesis* 64: 39-42. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2013.08.001>.
- Zell, R., M. Groth, A. Krumbholz, J. Lange, A. Philipps et R. Dürrwald. 2020. "Displacement of the Gent/1999 human-like swine H1N2 influenza A virus lineage by novel H1N2 reassortants in Germany." *Archives of Virology* 165 (1): 55-67. <https://doi.org/10.1007/s00705-019-04457-w>.
- Zhou, H., Z. Cao, L. Tan, X. Fu, G. Lu, W. Qi, C. Ke, H. Wang, L. Sun et G. Zhang. 2014. "Avian-like a (H1N1) swine influenza virus antibodies among swine farm residents and pigs in Southern China." *Japanese Journal of Infectious Diseases* 67 (3): 184-190. <https://doi.org/10.7883/yoken.67.184>.

13.2 Normes

NF X 50-110 « Qualité en expertise – prescriptions générales de compétence pour une expertise (mai 2003) ».

13.3 Législation et réglementation

Règlement (CE) n° 1/2005 du Conseil du 22 décembre 2004 relatif à la protection des animaux pendant le transport et les opérations annexes et modifiant les directives 64/432/CEE et 93/119/CE et le règlement (CE) n° 1255/97

Arrêté du 25 septembre 2023 relatif aux mesures de surveillance, de prévention, de lutte et de vaccination contre l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP).

Arrêté du 16 octobre 2018 relatif aux mesures de biosécurité applicables dans les exploitations détenant des suidés dans le cadre de la prévention de la peste porcine africaine et des autres dangers sanitaires réglementés

Arrêté du 29 avril 2019 relatif aux mesures de prévention de la propagation des dangers sanitaires réglementés via le transport par véhicules routiers de suidés vivants

Instruction technique DGAL/SDPAL/2021-148 du 25/02/2021

ANNEXES

Annexe 1 : Lettre de saisine

**GOVERNEMENT***Liberté
Égalité
Fraternité*

SOUS-DIRECTION VEILLE ET SECURITE SANITAIRE
BUREAU DES RISQUES INFECTIEUX EMERGENTS ET DES VIGILANCES
Dossier suivi par Bruno Vion
Bruno.Vion@sante.gouv.fr
N° Pégase : D-21-027751

Paris, le 03 NOV. 2021

SOUS-DIRECTION DE LA SANTE ET DU BIEN-ETRE ANIMAL
BUREAU DE LA SANTE ANIMALE
Mél. : bsa.sdsbea.dgal@agriculture.gouv.fr
Réf : 2109045

Le Directeur général de la santé

Le Directeur général de l'alimentation

à

Monsieur le Directeur général de l'ANSES

Objet : Saisine de l'Anses relative à une évaluation des risques pour la santé publique et la santé animale liés à la transmission inter-espèces (Homme - animal et animal - Homme) des virus influenza en élevage porcin et les mesures de surveillance et de prévention à mettre en œuvre

Conformément aux articles L. 1313-1 et 1313-3 du Code de la santé publique, nous avons l'honneur de solliciter l'avis de l'Anses, dans le cadre d'une co-saisine des Ministères de l'agriculture et de l'alimentation (MAA) et des solidarités et de la santé (MSS), sur le sujet en objet.

Contexte :

Les virus influenza de type A sont des virus à ARN d'une grande diversité. Ils ont une propension importante à évoluer, notamment par mutations ou par réassortiments. Ces virus sont isolés chez de nombreuses espèces animales, sauvages comme domestiques, ainsi que chez l'Homme. Certaines souches sont hautement pathogènes pour leurs hôtes et/ou sont capables de passer la barrière d'espèces. Ces virus peuvent ainsi avoir un impact sanitaire et économique majeur tant en santé publique humaine que vétérinaire. Ils peuvent en effet être zoonotiques et présenter un potentiel pandémique et panzootique comme en témoignent les épidémies des dernières décennies.

La grippe du porc est une maladie respiratoire virale fréquente dans les élevages de porcs français, qui ne présente pas de saisonnalité marquée. Elle est généralement bénigne, mais peut être exacerbée ou se répéter au sein d'un élevage, ce qui entraîne des problèmes sanitaires et des pertes économiques importantes. Tous les virus influenza porcins sont à potentiel zoonotique. Le porc peut être infecté par des virus influenza porcins mais également par des virus influenza humains ou aviaires. Il peut donc devenir un hôte intermédiaire pour la transmission de virus influenza aviaires à l'Homme, mais aussi servir de « creuset », où, à la faveur des co-infections, de nouveaux virus réassortants peuvent émerger. Certains éleveurs choisissent de vacciner volontairement certains de leurs porcs, en particulier les cochettes et les truies, mais la couverture vaccinale de l'élevage français n'est pas connue précisément. La vaccination réduit les formes symptomatiques (dans la mesure où les souches vaccinales correspondent aux souches circulant dans l'élevage), sans empêcher la circulation virale. Les porcelets issus de mères vaccinées bénéficient d'une protection passive partielle.

Les souches de grippe porcine circulant actuellement en Europe ne sont pas réglementées au titre du règlement 2016-429 (dit « loi de santé animale »). Ce règlement prévoit toutefois un cadre pour la gestion des maladies émergentes.

Les souches circulantes chez le porc font l'objet d'une surveillance événementielle en France par le Réseau national de surveillance des virus influenza porcins (Resavip [https://www.plateforme-](https://www.plateforme-14.avenue.Duquesne-75350.Paris.07.SP)

14 avenue Duquesne – 75350 Paris 07 SP
Tél. 01 40 56 60 00 - www.social-sante.gouv.fr

Le traitement de vos données est nécessaire à la gestion de votre demande et entre dans le cadre des missions confiées aux ministères sociaux. Conformément au règlement général sur la protection des données (RGPD), vous pouvez exercer vos droits à l'adresse dgs-rpdl@sante.gouv.fr ou par voie postale. Pour en savoir plus : <https://solidarites-sante.gouv.fr/ministere/article/donnees-personnelles-et-cookies>

esa.fr/page/thematique-virus-influenza-chez-le-porc), qui a été mis en place par le Ministère en charge de l'agriculture et les professionnels de la filière porcine suite à la pandémie de 2009 due à un virus H1N1 incluant des gènes issus de plusieurs virus influenza porcins. Une entreprise pharmaceutique privée intervenant dans le domaine vétérinaire conduit par ailleurs une surveillance de ces virus influenza porcins, une collaboration existant depuis peu entre ces deux dispositifs. Ces dispositifs permettent de suivre la diversité des virus influenza porcins circulant en France, et contribue à la connaissance de leur épidémiologie, propre à chaque souche. Le LNR/anses de Ploufragan mène également des activités de recherche sur ces virus. Au vu notamment d'une étude de séroprévalence récente conduites par le LNR, la circulation de virus influenza en élevage porcin s'avère être un événement fréquent.

Les lieux de détention (élevages, abattoirs...) de suidés et de volailles sont des lieux de circulation de virus animaux dans des conditions de grande proximité avec l'Homme. Des cas de transmission de virus influenza d'origine porcine à l'Homme ont été mis en évidence à plusieurs reprises à l'étranger et très récemment en France. Un risque de réassortiment, chez l'animal ou l'Homme co-infecté par des virus animal et humain existe et est possiblement accentué lors de la saison de circulation des virus grippaux humains.

Objet de la saisine :

Dans ce contexte, nous sollicitons l'avis de l'Anses pour :

Question 1 : Evaluer le risque de transmission à l'Homme d'un virus influenza circulant actuellement en France chez les porcins, ainsi que les risques associés à cette transmission pour l'Homme tant à l'échelle individuelle que collective. Les circonstances favorisant ces transmissions seront précisées.

Question 2 : Evaluer le risque d'introduction d'un virus influenza en élevages porcins, ainsi que les risques associés à cette introduction à l'échelle du troupeau, dans un contexte d'observance des règles de biosécurité prévues par la réglementation (arrêté du 16 octobre 2018 en ce qui concerne la biosécurité en élevages, arrêté du 29 avril 2019 en ce qui concerne la biosécurité dans les transports). Seront étudiés dans ce cadre les possibilités d'introductions en élevages porcins de virus influenza humains, de virus influenza porcins ou de virus influenza issus d'autres espèces animales. Pour chacune de ces modalités, les facteurs de risque d'introduction devront être présentés et évalués et des recommandations devront être formulées pour atténuer ce risque.

Question 3 : Présenter et évaluer les facteurs favorisant la persistance de la circulation d'un ou de plusieurs virus influenza au sein d'un même élevage. Des recommandations visant à prévenir le maintien de la circulation virale en élevage devront être formulées. Devront notamment être abordés la vaccination, les aspects structurels en élevages (en particulier la circulation d'air) et la conduite d'élevage.

Il est attendu que les conditions permettant d'aboutir à un assainissement d'un élevage infecté par un ou des virus influenza porcins à l'origine de gripes récurrentes, hors contexte d'urgence, soient développées.

Question 4 : Réaliser une évaluation du risque d'émergence dans le contexte de l'élevage porcin français d'un virus influenza porcin présentant un caractère zoonotique, panzootique (en élevages porcins) et/ou pandémique marqué. Il est attendu que les facteurs favorisant ces émergences soient développés et que des propositions visant à prévenir ce risque soient formulées.

Question 5 : Formuler des recommandations visant à renforcer la capacité de détection précoce des souches à caractères zoonotique, panzootique (en élevages porcins) et/ou pandémique marquées dans l'objectif d'émissions d'alertes précoces à destination des décideurs. Ces recommandations

devront notamment s'appuyer sur les possibilités de synergies entre les différents dispositifs de surveillance existants. Les critères d'alerte devront être précisés.

La Haute Autorité de santé (HAS) et le Haut conseil de la santé publique (HCSP) sont saisis concomitamment concernant les questions respectivement de la vaccination contre la grippe saisonnière des personnes exposées aux virus influenza porcins et des mesures de protection des intervenants dans les lieux de détention de porcins.

Nous souhaitons pouvoir disposer des résultats de votre expertise pour le 31/12/2022. Nos services se tiennent à votre disposition pour apporter toute information complémentaire.

Jérôme SALOMON



Bruno FERREIRA

BRUNO
FERREIRA
ID

Signature
numérique de
BRUNO FERREIRA ID
Date : 2021.10.21
18:55:41 +02'00'

Copies: HAS, HCSP

Annexe 2 : Recherches Scopus®

Recherches uniquement dans les onglets titre et résumé

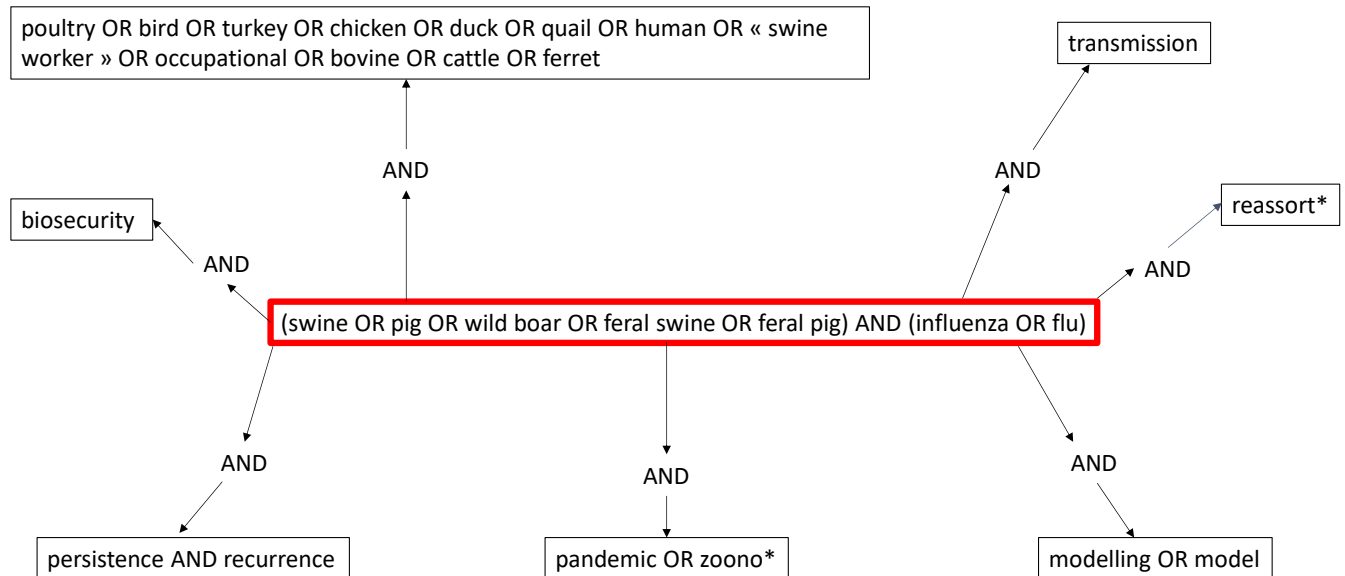


Figure 23 : mots clés utilisés pour les différentes recherches bibliographiques

- requête R1: (swine OR pig OR {wild boar} OR {feral swine} OR {feral pig}) AND (influenza OR flu): 7023 références

- requête R2: transmission : 1 519 448 références

- requête R3: R1 AND R2: 1092 références

- requête R4: poultry OR bird OR turkey OR chicken OR duck OR quail OR human OR {swine worker} OR occupational OR bovine OR cattle OR ferret: 5 619 974 références

- requête R5: R1 AND R4: 3409 références

- requête R6 : biosecurity: 6446 références

- requête R7: R1 AND R6: 82 références

- requête R8: reassort*: 5559 références

- requête R9: R1 AND R8: 866 références

- requête R10 : persistence AND recurrence: 4231 références

- requête R11 : R1 AND R10: 0 référence

- requête R12 : pandemic OR zoono*: 238 840 références

- requête R13 : R1 AND R12: 2691 références

- requête R14: modelling OR model: 12 312 371 références

- requête R15: R1 AND R14: 882 références

➤ Total requêtes R1 + R3 + R5 + R7 + R9 + R11 +R13 + R15 : 16 045 références

En supprimant les doublons : 5 716 articles

Actualisation en janvier 2024

Annexe 3 : Grille de lecture analyse bibliographique

Tableau 33 : grille de lecture

ARTICLE					Intérêt pour le traitement de la saisine: 0/N	Introduction/généralités (revues, book): 0 ou 1	Biosécurité: 0 ou 1	Risque d'introduction : 0 ou 1						Risque de persistance : 0 ou 1	Cas rapporté de transmission être humain : 0 ou 1	Risque d'émergence d'un virus pandémique et zoonotique (virologie, modèle furet, marqueurs de transmission): 0 ou 1	Système de surveillance (dont approche one health): 0 ou 1
Auteur	Date	Titre	Revue	Résumé				Porcs vivants	Contact direct et autres espèces animales domestiques	Contact direct faune sauvage et nuisibles	Etre humain	Environnement/voie aéroportée	Matériel				
Aasen,	2016	Occup	Current	Infectio													
Abdus	2011	The	BMC	Backgro													
Abe, H.	2015	Co-	Virolog	Followi													
Abenté	2016	The	Influen	Equine-													
Abenté	2017	Detec	Virolog	H4Nx													
Abenté	2017	A	Journal	This													
Abenté	2019	Alpha	Vaccin	Influenz													
Abenté	2018	Comp	Journal	Influenz													

ARTICLE					Intérêt pour le traitement de la saisine: 0/N	Introduction/généralités (revues, book): 0 ou 1	Article pertinent au regard de la saisine (zone géographique, mode d'élevage): O/N	Probabilité de biais 1 "très probable" 2 "possible" 3 "peu probable" 4 "très faiblement probable" (biais méthodologique, affiliation des auteurs, financement de la publication, etc.)	Note qualité globale 1 "mauvaise" 2 "moyenne" 3 "bonne" 4 "excellente" Note de 2 max. pour littérature grise (thèse vété, livres, rapports, documents techniques, etc....)	Commentaires	Initiales experts
Auteur	Date	Titre	Revue	Résumé							
Aasen,	2016	Occup	Current	Infectio							
Abduss	2011	The	BMC	Backgro							
Abe, H	2015	Co-	Virolog	Followi							
Abenté	2016	The	Influen	Equine-							
Abenté	2017	Detec	Virolog	H4Nx							
Abenté	2017	A	Journal	This							
Abenté	2019	Alpha	Vaccin	Influenz							
Abenté	2018	Comp	Journal	Influenz							

Annexe 4 : Diagramme Prisma

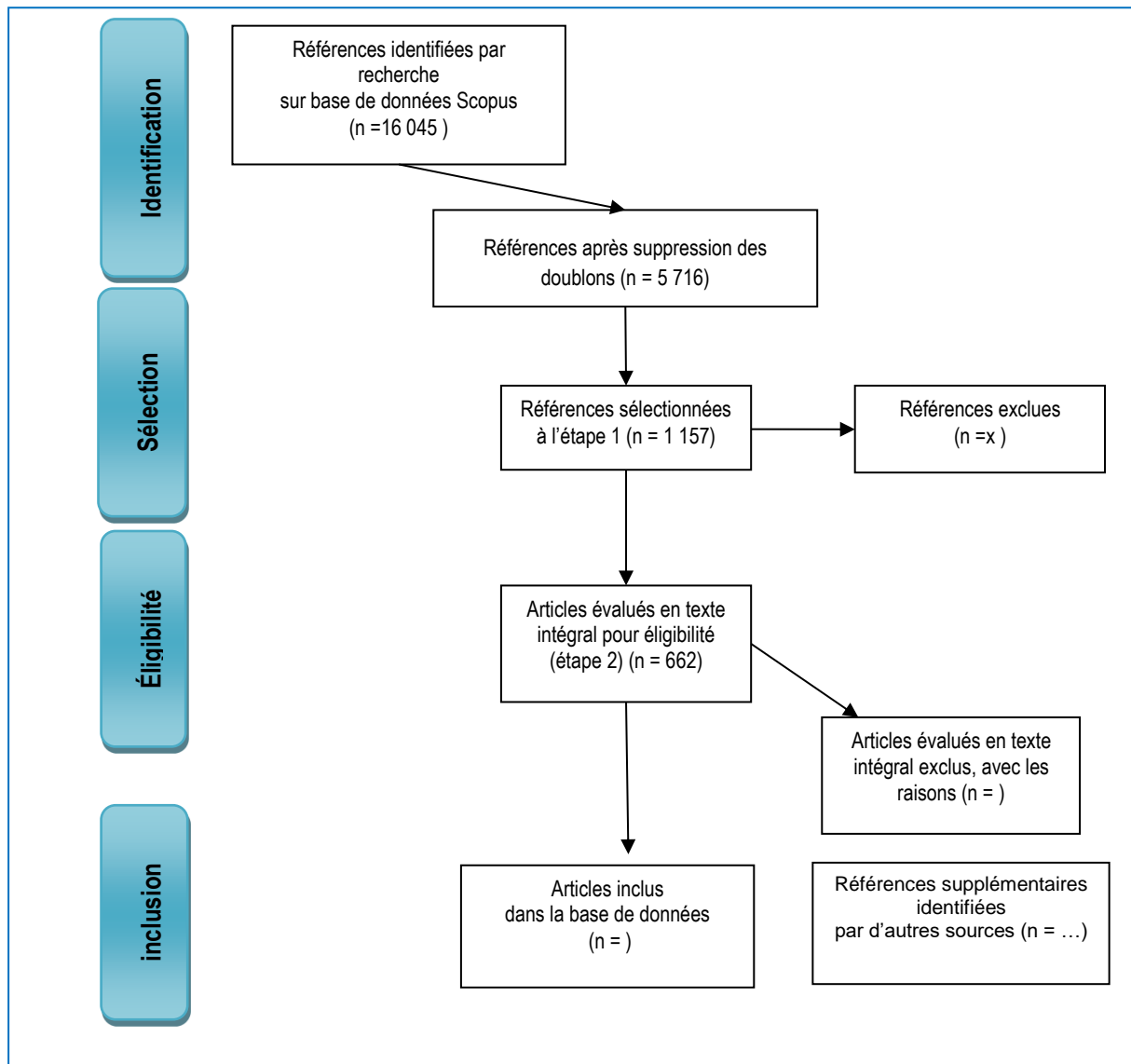


Figure 24 : Gedda M. (2015). Traduction française des lignes directrices PRISMA pour l'écriture et la lecture des revues systématiques et des méta-analyses. *Kinésithérapie* 15(

Gedda M. (2015). Traduction française des lignes directrices PRISMA pour l'écriture et la lecture des revues systématiques et des méta-analyses. *Kinésithérapie* 15(157):39-44. [doi:10.1016/j.kine.2014.11.004](https://doi.org/10.1016/j.kine.2014.11.004)

Annexe 5 : Méthodologie de l'élicitation d'experts

❖ Déroulement de l'élicitation

L'objectif de l'élicitation de connaissance d'experts était de permettre un ordonnancement (hiérarchisation) des différentes sources d'introduction de virus influenza de type A en élevage de porcs. Pour se faire, une liste de 40 sources d'introduction à prendre en compte pour évaluer le risque d'introduction de virus influenza en élevage de porcs a été établie par les experts du GT « grippe porcine ».

Les sources d'introduction de virus influenza de type A étaient les suivantes :

- aliments pour porcs
- eaux d'abreuvement (réseau, puits, forage)
- cochettes qui sont introduites dans l'élevage porcin
- porcelets de 8kg qui sont introduits dans l'élevage porcin
- porcelets de 25kg qui sont introduits dans l'élevage porcin
- animaux domestiques susceptibles de rentrer dans la zone professionnelle* (ZP)- chat
- animaux domestiques susceptibles de rentrer dans la ZP- chien
- animaux domestiques susceptibles de rentrer dans la ZP- cheval
- autres animaux domestiques susceptibles de rentrer dans la ZP (ex furet, hamster, etc.)
- volailles susceptibles de rentrer dans la ZP
- bovins et petits ruminants susceptibles de rentrer dans la ZP
- faune péri-domestique (rongeurs) et insectes susceptibles de rentrer dans la ZP
- faune sauvage - sangliers susceptibles de rentrer dans la ZP
- faune sauvage - mammifères autres que sangliers susceptibles de rentrer dans la ZP
- faune sauvage- oiseaux susceptibles de rentrer dans la ZP
- retour d'animaux de l'élevage ayant participé à un concours/rassemblement
- lisier (résiduel sous les caillebotis, pas nécessairement vidé entre chaque bande notamment pour les stades gestation et engraissement)
- air (proximité avec des élevages de porcs voisins très proches (0 et 500m))
- air (proximité avec des élevages de porcs voisins plus éloignés (entre 500m et 2km))
- camions chargés de porcs vivants passant à proximité de l'élevage (0 à 500m)
- proximité avec autres espèces de production de bovins et petits ruminants (NB : influenza D non pris en compte dans la saisine) (élevages mixtes ou présents dans un rayon de 500 m au-delà de la ZP)
- proximité avec autres espèces de production de volailles (canards) (élevages mixtes ou présents dans un rayon de 500 m au-delà de la ZP)
- proximité avec autres espèces de production de volailles (dindes, cailles) (élevages mixtes ou présents dans un rayon de 500 m au-delà de la ZP)
- proximité avec autres espèces de production de volailles (Gallus gallus) (élevages mixtes ou présents dans un rayon de 500 m au-delà de la ZP)
- eaux de ruissellement
- litière/paille
- matériel partagé entre ateliers au sein d'un élevage mixte (ex Manitou)
- matériel partagé entre différents élevages de porcs (tonne à lisier)

- artisans intervenant dans la zone d'élevage* (ZE) (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
 - commerciaux intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
 - dératiseurs intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
 - éleveurs et salariés de l'élevage
 - famille des éleveurs et des salariés de l'élevage (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
 - société de lavage intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases vides)
 - techniciens intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
 - vétérinaires intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
 - enfants et accompagnants lors de visites pédagogiques intervenant dans la ZE (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)
 - camions d'équarrissage qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage
 - camions de transport d'aliment qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage
 - camions transportant des animaux vivants qui entrent dans la zone professionnelle de l'élevage (les animaux ne sortent pas du camion)
- * les zones de l'élevage sont définies dans un document intitulé "sectorisation de l'élevage" joint avec le questionnaire d'élicitation (voir ci-dessous).

En vue de standardiser la démarche et de faire en sorte que celle-ci soit basée sur des preuves scientifiques, deux documents de support ont été fournis aux experts sollicités en plus du questionnaire : un manuel d'élicitation expliquant la démarche à suivre et un document précisant la sectorisation des élevages porcins.

Le questionnaire, préparé par les membres du GT, sous la forme d'un fichier Excel était constitué de deux onglets intitulés comme suit :

« **Etape 1 – L'expert** », pour caractériser brièvement chacun des experts élicités répondants ;

« **Etape 2 - Notation des critères** », pour recueillir l'avis de chaque expert en attribuant un nombre de points en regard de chaque source d'introduction. Pour chaque source, il était également demandé de donner une note d'incertitude comprise entre 0 (incertitude minimale) et 5 (incertitude maximale).

De manière concomitante, en regard de chaque notation, chaque expert avait la possibilité d'ajouter un élément de justification.

Le poids relatif attribué à chaque source a été matérialisé en répartissant une quantité donnée de points entre les différentes sources. Pour cela, chaque expert disposait de 400 points à répartir en fonction de l'importance donnée à chacun des 40 sources prises en considération. Si une source avait plus de poids dans l'estimation de l'introduction d'un virus influenza de type A en élevage de porcs, l'expert attribuait plus de points. L'expert devait utiliser les 400 points, ni plus ni moins et les répartir en fonction de son avis d'expert.

❖ **Experts sollicités**

Les membres du GT « grippe porcine » ont constitué une liste de 24 experts susceptibles de participer à l'élicitation. Le profil d'expert recherché était en lien avec une connaissance des élevages porcins et des pathologies porcines. Les experts du GT, excepté Claude Saegerman et F. Etoré, ont également participé à cet exercice.

❖ **Éléments de calendrier**

Les experts ont été élicités du 16 février au 6 mars 2023, du 6 au 15 mars 2023 puis du 15 au 28 mars pour les experts ayant exprimé leur intention de participer à l'exercice. Certains experts ont été recontactés ensuite pour préciser quelques valeurs manquantes (omissions) ou suite à leur demande de précisions. L'analyse des résultats de l'élicitation a été réalisée entre mars et avril 2023. Le 7 avril, les résultats préliminaires ont été présentés aux experts du GT « grippe porcine » afin de les discuter, puis de les valider (voir le paragraphe 7.1)

Annexe 6 : Enquêtes relatives à l'infection de sangliers ou de cochons sauvages par des virus influenza de type A (IAV), publiées depuis 2009

Les prélèvements analysés sont issus de sangliers sauvages sauf mention particulière : *sangliers d'élevage (captifs) ; §porcs miniatures dont 30/211 sont des animaux hybrides entre porcs miniatures et sangliers sauvages ; &cochons sauvages. IHA : test d'inhibition de l'hémagglutination ; NI : test d'inhibition de la neuraminidase ; NV : test de neutralisation virale ; IV : isolement viral.

Tableau 34 Résultats des enquêtes relatives à l'infection de sangliers ou de cochons sauvages par des IAV depuis 2009

Continent	Pays	Région(s)	Période d'étude	Analyses sérologiques	Analyses virologiques	Résultats - Remarques	Références
Europe	Allemagne	Mecklenburg–Western Pomerania ; Saxony–Anhalt ; Brandenburg (Nord-Est) Baden–Wuerttemberg ; Rhineland–Palatinate (Sud-Ouest)	1997-2005	IHA (<i>swine</i> IAV : H1 _{av} N1, H1 _{hu} N2, H3N2)	Sans objet	7,84% séropositifs IAV (44/561) Valences H1 _{av} N1 (majoritairement) et H3N2	(Kaden <i>et al.</i> 2009)
		Bavaria, Rhineland-Palatinate, Baden-Württemberg (Sud)	?	ELISA H1N1	Sans objet	2,1% séropositifs H1N1 (2/94)	(Sattler <i>et al.</i> 2012)
		Baden-Wuerttemberg (Sud-Ouest)	2016	ELISA IAV	Sans objet	7,4% séropositifs IAV (n=219)	(Hammer <i>et al.</i> 2020)
	Bavière (Sud)	2014-2019	ELISA IAV + IHA (<i>swine</i> IAV : H1 _{av} N1, H1 _{hu} N2, H1N1pdm09, H1 _{pdm} N2, H3N2 ; <i>avian</i> IAV : H5N8 HP) + NV (<i>avian</i> IAV : H5N8 HP, H5N2 LP)	Sans objet	6,88% séropositifs IAV (96/1396) Valences H1 _{av} N1 (majoritairement) + H1 _{hu} N2 + H1 _{pdm} Nx – pas de H3N2 Pas de positif en IHA H5N8 HP, mais 1 positif en NV H5N8 HP + H5N3 LP Analyses complémentaires d'autres sérums en NV > 1,13% (3/265) positifs en H5N8 HP (négatifs en H5N3 LP)	(Schüle <i>et al.</i> 2021)	
	Croatie	Croatie continentale (Nord)	2005-2006 2009-2010	ELISA H1N1	Sans objet	9,7% séropositifs H1N1 (54/556)	(Roic <i>et al.</i> 2012)

	Espagne	Catalogne (Nord-Est)	2004-2007	ELISA IAV	<i>Sans objet</i>	6,4% séropositifs IAV (17/267)	(Closa-Sebastià <i>et al.</i> 2011)
		Sierra Nevada National Park (Sud)	2002-2010	IHA (valences antigéniques non précisées)	<i>Sans objet</i>	13.87% +/- 7.87 (selon les saisons de chasse) (n = 1102)	(Cano-Manuel <i>et al.</i> 2014)
		Catalogne (Nord-Est) [§]	2018-2020	ELISA IAV	<i>Sans objet</i>	5,3% séropositifs IAV (n=211)	(Soler <i>et al.</i> 2022)
	Finlande*	Territoire national	2005-2008	ELISA IAV	<i>Sans objet</i>	0% séropositifs IAV (0/272 issus de 32 élevages)	(Hälli <i>et al.</i> 2012)
	France	5 départements : Finistère, Ille-et-Vilaine (Ouest), Nord (Nord), Aveyron, Pyrénées-Atlantiques (Sud)	2009-2010	ELISA IAV + IHA (<i>swine</i> IAV : H1 _{av} N1, H1 _{hu} N2, H3N2, H1N1pdm09)	<i>Sans objet</i>	6,3% séropositifs IAV (51/807) répartis comme suit : 0% en Finistère (0/25) ; 8,2% (19/232) en Ille-et Vilaine ; 8,8% (31/351) dans le Nord ; 0,9% (1/110 en Aveyron) ; 0% (0/109) en Pyrénées-Atlantiques Valences H1 _{hu} N2 et H1 _{av} N1/H1N1pdm09 (50/50) en Ille-et Vilaine ; H1 _{av} N1/H1N1pdm09 uniquement dans le Nord ; pas de H3N2	(Payne <i>et al.</i> 2011)
		Camargue (Sud)	2009-2010	ELISA IAV	RT-qPCR gene M (n=315)	0% séropositifs IAV (0/20) 0% viro-positifs (0/315)	(Vittecoq <i>et al.</i> 2012)
		Corse (île)	2009-2014	ELISA IAV + IHA (<i>swine</i> IAV : H1 _{av} N1, H1 _{hu} N2, H1N1pdm09, H3N2)	<i>Sans objet</i>	1.4% séropositifs IAV (CI95%: 0.4–3.6%) (4/279) Valences H1 _{av} N1 et H1N1pdm (H1 _{hu} N2 douteux)	(Grech-Angelini <i>et al.</i> 2018)
	Grèce	Territoire national	2006-2010	ELISA IAV	<i>Sans objet</i>	1.1% [1.01-3.21 95%CI] séropositifs IAV (1/94)	(Touloudi <i>et al.</i> 2015)
	Italie	Emilia-Romagna (Nord)	2012	ELISA IAV + IHA (<i>swine</i> H1 _{hu} N2, H1 _{av} N1, H3N2 H1N1pdm09)	RT-qPCR gene M (+ IV + RT-qPCR gènes HA/NA) sur poumons	3,38% viro-positifs (12/334) > 3 souches isolées et séquencées > <i>swine</i> H1 _{av} N1 (proche souche porcine italienne) 3,9% séropositifs IAV (78/1977) Valences H1 _{av} N1 (souche porcine 58/78 + souche sanglier 9/78), H3N2 (1/78), 0 H1 _{hu} N2, quelques réactions croisées en H1pdm.	(Foni <i>et al.</i> 2013)
Nord (plateau = UL)		2012	ELISA IAV + IHA (<i>swine</i> IAV : H1 _{av} N1, H1 _{hu} N2, H1N1pdm09, H3N2)	RT-qPCR gene M sur écouvillons	Région UL : 5,2% séropositifs IAV (20/388)	(Delogu <i>et al.</i> 2019)	

		Centre (zone humide = WL)			nasaux (en WL uniquement)	Valences H1 _{hu} N2 (10/20), H1 _{av} N1 (1/20), H3N2 (1/20) ; pas de H1N1pdm09 Région WL : 0% séropositifs IAV (0/35) mais 2,9% viro-positifs (1/35, virus non identifié)	
		Emilia-Romagna (Nord)	2007-2014	ELISA IAV + IHA (<i>swine</i> IAV : H1 _{av} N1, H1 _{hu} N2, H1N1pdm09, H3N2)	Sans objet	5,5% séropositifs IAV (145/2618) - 0,6% à 17,6% positifs en fonction des années Valences H1 _{av} et H1pdm surtout en 2009 + H3N2 certaines années + H1 _{hu} N2 en 2012	(De Marco <i>et al.</i> 2022)
		Emilia-Romagna (Nord)	2017-2022	Sans objet	RT-qPCR gene M sur poumons (+ IV + NGS)	0,37% viro-positifs IAV (17/4605) 7 souches sous-typées : 3 H1pdm, 3 H1 _{av} et 1 H1 _{hu} 3 souches séquencées : 2 génotypes de H1 _{av} N1, 1 H1 _{pdm} N1 (proches souches déjà identifiées chez le porc dans la région)	(Prosperi <i>et al.</i> 2022)
	Suède	Sud	2013-2015	ELISA IAV	Sans objet	4% [CI 95% 2-7] séropositifs IAV (n=286)	(Malmsten <i>et al.</i> 2018)
	Turquie	Samsun, Gumushane (Nord)	2012	ELISA IAV	Sans objet	0% séropositifs IAV (0/93)	(Albayrak, Ozan et Cavunt 2013)
	Ukraine	Volyn, Rivne, Zhytomyr, Chernihiv (Nord)	2014	ELISA IAV	Sans objet	22,5% [16.0-30.8 95% CI] séropositifs IAV (27/120)	(Kovalenko <i>et al.</i> 2017)
Amérique	USA	Caroline du Sud (hébergements transitoires de porcs) et Caroline du Nord (zone de forte production porcine)	2006-2007	IHA (<i>swine</i> H1N1, H1N2, H3N2 USA)	Sans objet	0% séropositifs IAV (0/49) en Caroline du Sud 90,7% séropositifs IAV (108/119) en Caroline du Nord	(Corn <i>et al.</i> 2009)
		Texas	2011	Sans objet	RT-qPCR gènes M et N1pdm sur écouvillons nasaux (+ IV + NGS)	Identification et isolement de 2 souches H1N1pdm	(Clavijo <i>et al.</i> 2013)
		31 Etats	2011-2012	ELISA IAV + IHA et NV (<i>swine</i> H1N1pdm09 et 22	RT-qPCR gène M sur	0,4% viro-positifs (9/1983)	(Feng <i>et al.</i> 2014)

				souches H3 de diverses origines)	écouvillons nasaux (+ IV)	1 IV positif = souche H3N2 (Texas) similaire à un H3N2v isolé chez l'Homme (Indiana) et d'origine porcine (gène M du H1N1pdm) 9,15% séropositifs IAV (182/1989) Parmi eux, 60,5% (46/76) positifs pour au moins 1 valence H3 (souches porcines, souches humaines d'origine porcine et souches humaines récentes) ; 6,6% (5/76) positifs pour H1N1pdm09	
		Non précisé	2009-2014	ELISA IAV	Sans objet	7.58 % séropositifs IAV (585/7714)	(H. Sun, Cunningham, et al. 2015)
		35 Etats	2010-2013	ELISA IAV + IHA (45 IAVs, H1 à H14, divers clusters antigéniques de souches aviaires, porcines et humaines) + NV pour confirmation	Sans objet	4,9% séropositifs IAV (406/8239) dans 23/35 Etats ; séroprévalences les plus fortes en Caroline du Nord (16,1% [34/211 sérums] et au Texas (10,5% [164/1561 sérums]) Valences antigéniques : 38,4% positifs en swH1 (113/294) et 53,7% en swH3 (158/294) (17,7% de doubles positifs) ; 36,1% (106/294) et 79,3% (233/294) positifs en huH1 et huH3, respectivement ; 5,4% (16/294) positifs vis-à-vis d'un des 4 antigènes aviaires utilisés : 13 (4,4%) en H1, 1 (0,3%) en H3, 1 (0,3%) en H6 et 1 (0,3%) en H7 virus (résultats confirmés en NV).	(Martin et al. 2017)
		Ohio	2009-2015	ELISA IAV	RT-qPCR gène M sur écouvillons nasaux et LBA	1% [95%CI 0-4] séropositifs IAV (2/176) Pas de résultats de virologie	(Linares et al. 2018)
	Brésil	Rio Grande do Sul (Sud)*	2011	Sans objet	RT-qPCR gènes M et Mpdm sur poumons (+ IV + NGS)	18,3% viro-positifs IAV (11/60 issus de 2 élevages ; dont 7/11 H1N1pdm) IV négatifs mais séquençage d'1 souche H1N2 multi-réassortante proche de souches porcines décrites aux USA.	(Biondo et al. 2014)
		Santa Catarina	2017-2018	ELISA IAV	Sans objet	9,8% séropositifs IAV (n=61)	(Severo et al. 2021)
		Rio Grande do Sul (Sud)	2013-2015	IHA (swine H1N2, H1N1pdm09)	RT-qPCR gène M sur poumons	35,5% séropositifs H1N1pdm09 (16/45), 0% en H1N2 0% viro-positifs (0/80)	(da Silva Andrade et al. 2022)
Asie	Chine	Guangdong (Sud)	2009	IHA (swine H1N1, H3N2 + avian H5N1, H9N2) + NI	Sans objet	74% séropositifs H3N2 (23/31), dont 61% (14/23) également positifs en H1N1.	(J. Luo et al. 2013)

						0% séropositifs (0/31) H5 et H9	
	Corée du Sud	Provinces de Seoul, Gyeonggi, Chungchung, Jeonra, Gyeongsang, Gangwon	2012	ELISA IAV + IHA (swine cH1N1, H1N1pdm09, H1N2, H3N2 + avian H9N2), puis NI (swine H1N1pdm09, avian H9N2)	Sans objet	1.6% séropositifs IAV (16/1011) Valences cH1N1 (2/16), H1N1pdm09 (9/16), H1 _{hu} N2 (1/16) comme chez les porcs ; pas de positif H9N2	(Cho <i>et al.</i> 2015)
	Japon	Tochigi, Yamaguchi, Oita (Est et Ouest des îles Honshu et Kyushu)	2010-2013	ELISA IAV + NV (human H1N1pdm09, H1N1 saisonnier pré-pdm + swine H1N1 H1N2, H3N2 + avian H5N1 HP (clade 2.5))	Sans objet	3,4% séropositifs IAV (13/385) Valences H1N1pdm09 à Yamaguchi où pas de porcs ; swine cH1N1 à Tochigi (comme chez les porcs)	(Shimoda <i>et al.</i> 2017)
		Kagoshima (Sud)	2014-2017	ELISA IAV + NV (swine H1N1pdm09, cH1N2 ; human H3N2) ; avian H5N8 HP, H5N6 HP	Sans objet	25,4% séropositifs H1N1pdm09 (15/59) + 1 double positif H1N2/H3N2 0% séropositifs valences H5 aviaires	(Fujimoto <i>et al.</i> 2019)
Océanie	Australie	Kingston SE and Innamincka Regional Reserve (Ramsar listed wetlands) (Sud)	2014	ELISA IAV, puis IHA (human H1N1pdm09, H1N1/76 + swine H1N1 et H3N2 Australie 2012 + 12 avian IAV)	RT-qPCR gène M sur écouvillons nasaux	13% séropositifs IAV (3/23), mais valences antigéniques non déterminées 0% viro-négatifs (0/23)	(Dalziel <i>et al.</i> 2016)
	USA	Îles d'Oahu et Hawaii	2007-2010	Fluorescent microsphere immunoassay (FMIA) IAV	Sans objet	7,8% séropositifs IAV (26/344) (0% en 2007 > 19% en 2010) Valences antigéniques non déterminées	(Stephenson <i>et al.</i> 2015)
	USA	Guam, Marianna Islands	2015	ELISA IAV	Sans objet	0% séropositifs IAV (0/47)	(Cleveland <i>et al.</i> 2017)

Annexe 7 : Logigramme des principaux marqueurs des IAV aviaries identifiés comme (potentiellement) associés à une adaptation aux mammifères

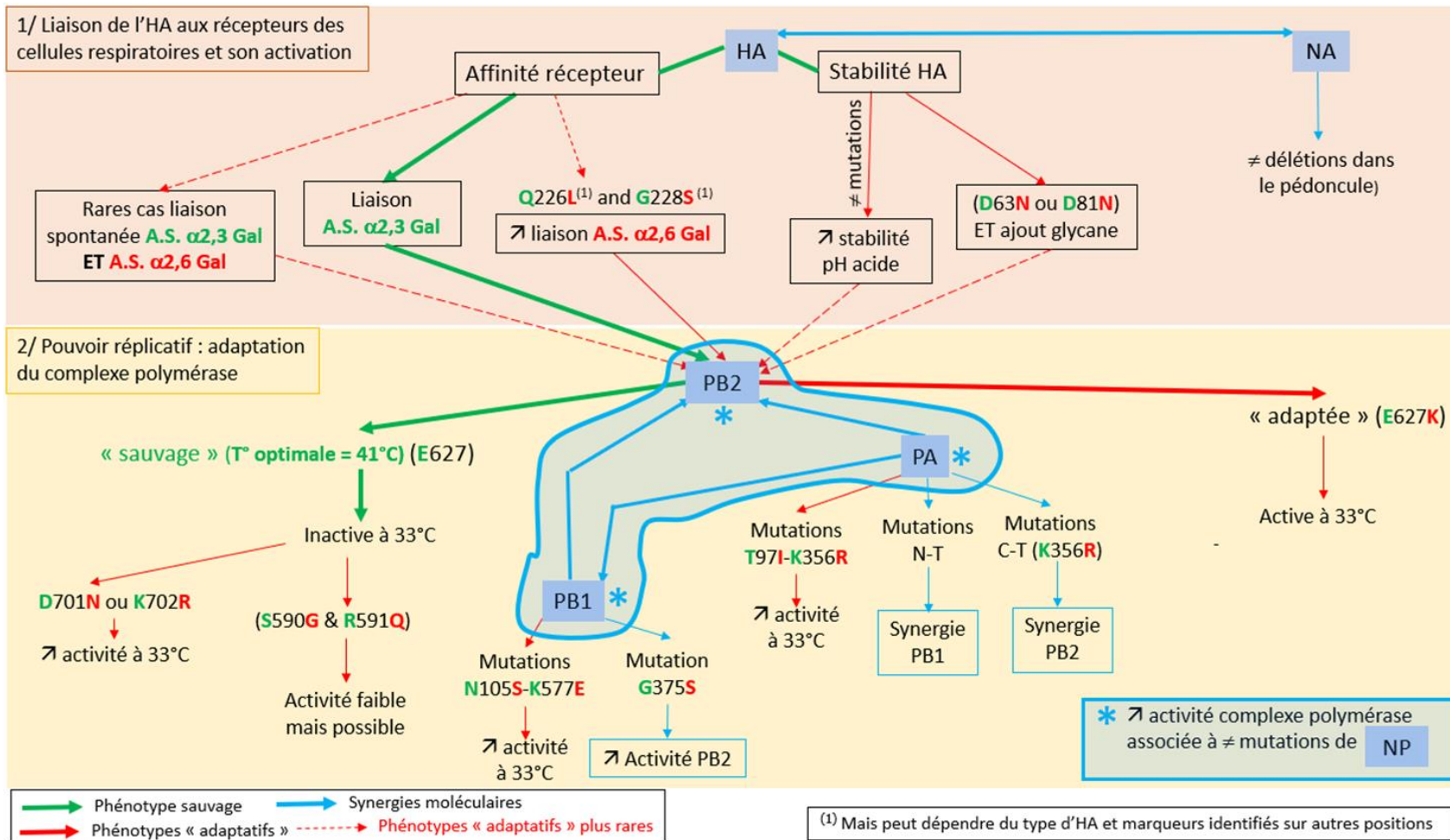


Figure 25 : Logigramme des principaux marqueurs des IAV aviaries identifiés comme (potentiellement) associés à une adaptation aux mammifères

Quelques précisions :

- ❖ HA : ↗ stabilité pH acide : peut être importante car l'activation de la HA des IAV humains et son changement conformationnel (nécessaire à la fusion entre la membrane virale et la membrane endosomale et donc à la libération des ribonucléoprotéines hors du compartiment endosomal) se produit à un pH généralement plus faible (5,0-5,5) que pour les IAV aviaires (5,5-5,8).
- ❖ PB2 : Polymorphisme E627 : noter que la position 627 est en surface et correspond à une zone d'interactions avec des molécules partenaires.
- ❖ Les mutations représentées sur ce schéma ne sont pas exhaustives, en effet :
 - d'autres mutations de HA sont signalées comme ayant les effets suivants chez les virus H5, avec parfois des effets contradictoires selon les auteurs sur l'infection des mammifères (le même effet a été observé chez d'autres HA mais la numérotation des acides aminés est différente):
 - ↗ liaison aux récepteurs A.S. α 2,6 Gal : D94N – E75K – S121N – S123P – L129V – S133A – G139R – A134V – N154D – I151T – S155N – T156A – G182V – N182K/D/G – V182N – D183G – E183G – T185A – T186V – E186D/G – T188I – G188R – K189T/S/R – K218Q – Q192R/H – N193K – V210I – N220K – G221D – Q222L/E – D222G – S223N/R – G224A/S – P235S – N244D/K – E251K – T315I – R497K
 - ↗ stabilité pH acide : H103Y – K387I ;
 - d'autres mutations de PB2 sont identifiées (notamment chez H1N1pdm et IAV aviaires) qui augmentent l'efficacité de la réplication virale : T271A (observée chez H1N1pdm, dont PB2 est d'origine aviaire...) – L89V – G309D – T339K – R477G – I495V – A526K – A588V – Q591K – E627V – K627E – A676T – D701N/V – D/S714 ;
 - d'autres mutations de PB1 sont identifiées, associées à une augmentation de virulence chez la souris et/ou de l'activité polymérase : D3V – D622G ;
 - d'autres mutations de PA sont identifiées, associées à une augmentation de virulence chez la souris : K142N/E – M311I – A343S – K356R – N383D – S421I – R443K – K615N – V63I – T97I ;
 - d'autres mutations de NP sont identifiées, associées à une augmentation de l'activité des polymérases chez des mammifères : I41V – R91K – I109T – R198K – E210D – K227R – K229R – N319K – E434K – K470R.
- ❖ Des études mentionnent aussi le rôle des protéines M, mais seule M1 a été étudiée (4 mutations associées à la virulence chez la souris (N30D – I43M – T139A – T215A) mais dont le rôle n'est pas encore clairement défini).

Annexe 8 : Description des systèmes de surveillance de la grippe chez le porc sur le continent américain

Le Canada, les États-Unis et le Mexique partagent à l'image des pays membres de l'UE, un continent commun avec des frontières terrestres autorisant une circulation transfrontalière importante liée aux échanges commerciaux et humains. Ces trois pays œuvrent pour collaborer et proposer des investigations et interventions coordonnées notamment pour la gestion d'urgence de potentielle éclosion à caractère pandémique. Ils s'appuient tout comme l'Europe sur les normes et les lignes directrices de l'OMSA, ainsi que les orientations et les cadres de l'OMS (y compris le Règlement Sanitaire International - 2005) et les dispositions de l'Organisation mondiale du commerce et de l'Accord Canada–États-Unis–Mexique (ACEUM - 2020). À ce jour, l'influenza porcine ne fait pas partie des maladies à déclaration obligatoire mais sa circulation et son évolution génétique font l'objet de surveillances événementielle et programmée en cas d'émergence de foyers porcins susceptibles d'exposer à risque épidémique voire pandémique.

➤ Au Canada

Le système de surveillance au sein des populations animales au Canada en matière d'agents pathogènes des voies respiratoires émergents dont les swIAV, s'organise sur deux échelles. La première échelle est provinciale et exerce un rôle de surveillance et de contrôle de plusieurs maladies animales ciblées, y compris celles transmissibles aux humains. Elle orchestre les investigations et les interventions visant à protéger la santé animale, la santé publique et l'accès aux marchés. La seconde échelle est fédérale et a pour mission de croiser l'ensemble des informations recueillies au niveau provincial avec les indicateurs de surveillance des événements actifs de santé publique à l'échelle mondiale affectant l'être humain (en lien avec l'OMS).

Par exemple, dans la province du Québec, il existe un *Réseau d'Alerte et d'Information ZOosanitaire* (RAIZO) qui met en œuvre le déploiement de programmes de surveillance pour la protection et le contrôle de la santé des animaux de production au Québec. Le principal objectif de ce réseau provincial est de permettre la détection et la déclaration rapide et facilitée de toute situation pouvant avoir un effet néfaste à court et moyen terme sur la santé des animaux d'élevage ou la santé publique. Le RAIZO s'assure de collecter et de diffuser les informations aux différents acteurs du secteur concerné, à savoir : les mesures sanitaires préventives à mettre en place et le suivi des investigations et interventions en cours. Il existe sept réseaux sentinelles au Québec dont le *Réseau porcine*¹¹⁸ ayant pour mandat de surveiller l'état de santé du cheptel porcine. Ce réseau regroupe des médecins vétérinaires praticiens porcins et des médecins vétérinaires spécialistes de la Faculté de Médecine Vétérinaire de l'Université de Montréal et du Centre de développement du porc du Québec¹¹⁹.

En vertu du règlement sur la désignation des maladies contagieuses ou parasitaires, des agents infectieux et des syndromes¹²⁰, les vétérinaires et les laboratoires doivent signaler au *Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation* (MAPAQ) certaines maladies dont l'influenza porcine lorsqu'ils en suspectent la présence ou peuvent la confirmer au sein d'un cheptel. Cette obligation vise à améliorer la rapidité d'intervention si cela s'avère nécessaire et à préserver ainsi le statut sanitaire du cheptel et la santé publique. Elle a également comme

¹¹⁸ [Réseau porcine et Groupe vétérinaire de petits élevages porcins | Gouvernement du Québec \(quebec.ca\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹¹⁹ <https://www.cdpq.ca/> lien vérifié le 18/06/24.

¹²⁰ <https://www.legisquebec.gouv.qc.ca/fr/document/rc/P-42.%20r.%204.2> lien vérifié le 18/06/24.

objectif d'améliorer la surveillance de maladies enzootiques qui sont préoccupantes pour la collectivité.

Les vétérinaires praticiens en médecine porcine bénéficient d'un programme pour soumettre des prélèvements au *Laboratoire de Santé Animale*¹²¹ (LSA) pour la recherche à titre gracieux de virus influenza par PCR lors d'observation de manifestations cliniques pouvant être associées à la grippe. Ce programme vise à produire des connaissances sur les souches de swIAV circulant au Québec. Des rapports trimestriels émis par le *Réseau porcine* fournissent des informations sur le nombre de cas diagnostiqués positifs et sur l'identification de nouvelles souches. De plus, les autorités de la santé publique peuvent être avisées si une nouvelle souche est identifiée ou si des cas humains y sont associés. Le bilan du *Réseau porcine* présente un bilan des activités de surveillance et des diagnostics posés en laboratoire (exemple bilan *Réseau porcine* 2022¹²²).

➤ Aux États-Unis

Aux États-Unis, l'*United States Department of Agriculture* (USDA) a pour rôle de surveiller les maladies des animaux d'élevage, y compris l'influenza porcine¹²³. Il existe un certain nombre de ressources financées par l'USDA pour guider les vétérinaires dans les options de diagnostic et de vaccination¹²⁴ (Sandbulte et al. 2015). D'autres ressources sont disponibles à l'attention des producteurs: *National Pork Board Factsheet*¹²⁵; *Influenza Vaccine Selection for Pigs*¹²⁶; *Information for Pork Producers and People Who Work with or Raise Pigs*¹²⁷ (CDC).

Depuis 2015, des évaluations du programme fédéral de surveillance des swIAV ont vu le jour dans le but de fournir un programme plus efficace et budgéter les coûts de prévention (vaccination entre autres). Ce programme a pour principales missions : (i) de surveiller l'évolution génétique des virus enzootiques afin de mieux appréhender l'écologie des virus grippaux enzootiques et émergents (rapport trimestriel) ; (ii) de mettre à disposition des laboratoires de recherche des isolats de swIAV avec une transmission simplifiée des données pour faciliter l'analyse génétique des souches ; (iii) de sélectionner les isolats appropriés pour le développement de réactifs de diagnostic pertinents ou la mise à jour de tests de diagnostic et des stocks pour la production de vaccins. Ce programme récent s'inscrit dans une approche non réglementaire d'une maladie enzootique, qui pourrait évoluer vers un statut de maladie réglementée. Ce programme bénéficie largement du soutien et de l'engagement de l'ensemble des acteurs de la filière porcine aux États-Unis.

¹²¹ <https://www.quebec.ca/agriculture-environnement-et-ressources-naturelles/sante-animale/maladies-animales/surveillance-contrôle/laboratoire-sante-animale> lien vérifié le 18/06/24.

¹²² [RA_bilan_reseau_porcin_2022_MAPAQ.pdf \(quebec.ca\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹²³ <https://www.aphis.usda.gov/aphis/ourfocus/animalhealth/animal-disease-information/swine-disease-information/influenza-a-virus> lien vérifié le 18/06/24.

¹²⁴ [A Review of Optimal Use of Diagnostics and Vaccines for Control of Influenza A Virus Infection in Swine](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹²⁵ [npbfs-influenza-pigs-people.pdf \(usda.gov\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹²⁶ [influenza-vaccine-selection-for-pigs-producer-brochure \(iastate.edu\)](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹²⁷ [CDC Interim Guidance for Workers who are Employed at Commercial Swine Farms: Preventing the Spread of Influenza A Viruses | CDC](#) lien vérifié le 18/06/24.

Annexe 9 : Description des systèmes de surveillance de la grippe chez les humains sur le continent américain

➤ Au Canada

Le mandat de la santé de l'être humain est porté par l'*Agence de la Santé Publique du Canada* (ASPC). Le système national Épigrippe a été développé pour la surveillance de l'activité grippale au sein de la population humaine et regroupe l'ensemble des acteurs provinciaux et fédéraux de la santé. Épigrippe permet la centralisation des données portant sur (i) la propagation géographique de l'activité grippale et des syndromes grippaux, (ii) l'analyse des tendances en matière de circulation des souches, (iii) la surveillance des émergences et des cas sévères et (iv) les tests de caractérisation des souches grippales et de résistance aux antiviraux. Un rapport hebdomadaire est publié et est librement consultable sur internet. Plus spécifiquement, le *Centre des Infections Émergentes et Respiratoires et de la Préparation aux Pandémies* (CIERPP) de l'ASPC élabore mensuellement un bulletin portant sur les *Agents Pathogènes humains des voies Respiratoires Émergents* (APRE). Le bulletin APRE apporte des informations sur les indicateurs de surveillance des événements actifs de santé publique à l'échelle mondiale touchant les humains en matière d'agents pathogènes des voies respiratoires émergents. Dans ce bulletin sont notamment rapportés les cas humains de grippe d'origine porcine (voir Bulletin APRE Août 2023¹²⁸).

➤ Aux Etats-Unis

La surveillance de la grippe chez l'être humain aux États-Unis est gérée par plusieurs agences et organisations de santé publique qui collaborent pour mettre en œuvre des mesures de prévention, de contrôle et de communication. L'organisation de cette surveillance est proche de ce qui existe en France, au Canada ou dans de nombreux pays.

L'acteur principal sont les *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC) qui constituent l'agence fédérale chargée de la surveillance des maladies et de la promotion de la santé et à ce titre sont donc responsables de la surveillance de la grippe aux États-Unis chez l'être humain¹²⁹. Les CDC ont développé et gèrent une application connu sous le nom de FluView qui collecte des données provenant des laboratoires d'analyses, de cabinets médicaux, d'hôpitaux et d'autres sources pour évaluer l'activité grippale dans le pays¹³⁰.

Il existe notamment (i) un réseau sentinelles correspondant à un réseau de professionnels de la santé (médecins libéraux) et des laboratoires d'analyses qui signalent régulièrement des cas de maladies respiratoires (ILINet), y compris la grippe, aux CDC¹³¹. Ces données aident les CDC à suivre la dynamique spatio-temporelle de la grippe et à détecter les épidémies ; (ii) les laboratoires de santé publique qui sont implantés à travers le pays effectuent les tests de diagnostic pour confirmer les cas de grippe chez les êtres humains et font remonter ces informations aux CDC pour centraliser les données de surveillance ; (iii) le système de surveillance hospitalière de la grippe (FluSurv-NET) qui fait partie du réseau de surveillance des hospitalisations liées aux virus respiratoires (RESP-NET) est présent dans certains États et grandes villes et a pour missions de recueillir des informations cliniques et démographiques

¹²⁸ <https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/surveillance/bulletin-agents-pathogenes-voies-respiratoires-emergents/2023/aout.html> lien vérifié le 18/06/24.

¹²⁹ <https://www.cdc.gov/flu/weekly/fluactivitysurv.htm> lien vérifié le 18/06/24.

¹³⁰ <https://www.cdc.gov/flu/weekly/fluviewinteractive.htm> lien vérifié le 18/06/24.

¹³¹ <https://gis.cdc.gov/grasp/fluview/main.html> lien vérifié le 18/06/24.

des patients admis pour la grippe¹³². À partir de ces données, les CDC publient régulièrement des rapports sur l'évolution de la circulation des IAV¹³³ (dont les IAv d'origine porcine).

De plus, les CDC collaborent avec des équipes de recherche pour développer des outils de prédiction en temps réel de la grippe basés sur de la modélisation¹³⁴. Ces modèles utilisent des données de surveillance pour estimer l'évolution à court terme de l'activité grippale au sein de la population humaine pour aider les CDC et les autorités sanitaires à anticiper une potentielle épidémie et mieux se préparer pour réduire potentiellement l'impact de la grippe au sein de la population¹³⁵. Enfin, les CDC travaillent en collaboration avec d'autres agences fédérales, les États et les partenaires internationaux pour collecter, analyser et diffuser des informations sur les IAV quelle que soit l'origine de la souche. Ainsi, les CDCs travaillent en étroite collaboration avec le Département de l'Agriculture des États-Unis (USDA) et les réseaux de surveillance de l'influenza aviaire et de l'influenza porcine pour comprendre les risques potentiels pour la santé humaine. Finalement, les CDCs sont de par leur rôle central les interlocuteurs privilégiés après de l'OMS.

¹³² <https://www.cdc.gov/flu/weekly/influenza-hospitalization-surveillance.htm> lien vérifié le 18/06/24.

¹³³ <https://www.cdc.gov/flu/weekly/index.htm> lien vérifié le 18/06/24.

¹³⁴ ex : FluSight : <https://www.cdc.gov/flu/weekly/flusight/index.html> lien vérifié le 18/06/24.

¹³⁵ https://gis.cdc.gov/grasp/fluview/Novel_Influenza.html lien vérifié le 18/06/24.

Annexe 10 : Niveau d'incertitude attribué par les 32 experts concernant la contribution de chaque source d'introduction du virus influenza A dans un élevage porcin en France

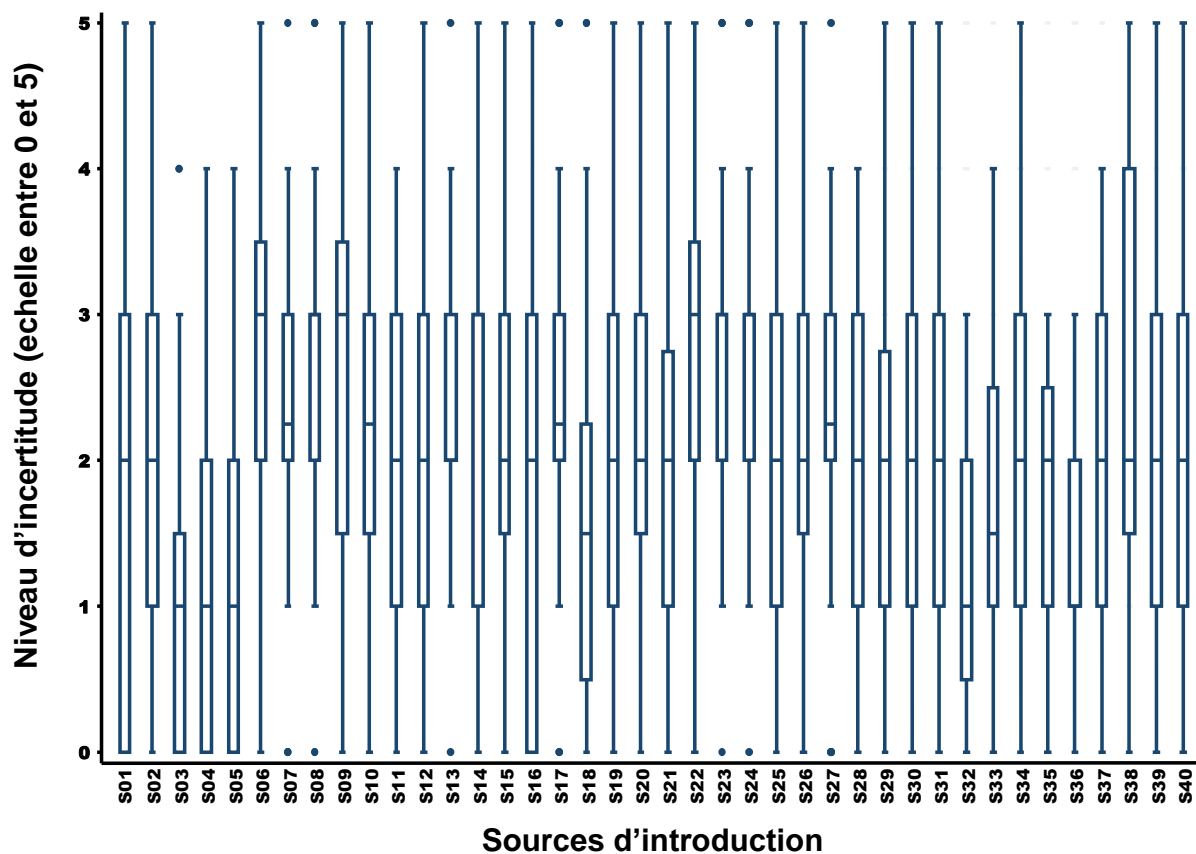


Figure 26 : Niveau d'incertitude attribué par les 32 experts concernant la contribution de chaque source d'introduction du virus influenza A dans un élevage porcin en France

Les résultats sont présentés sous forme de boîtes à moustaches.

Légende : S01 à S040, se référer au tableau 1 de codification de chaque source d'introduction du virus influenza de type A. Niveau d'incertitude allant de 0 (aucune incertitude) à 5 (incertitude maximale).

Annexe 11 : Arbre de régression

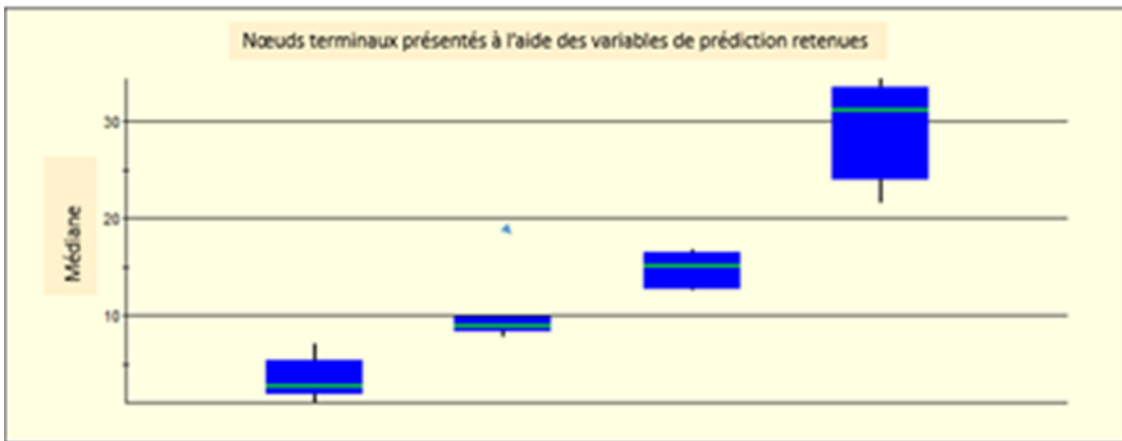
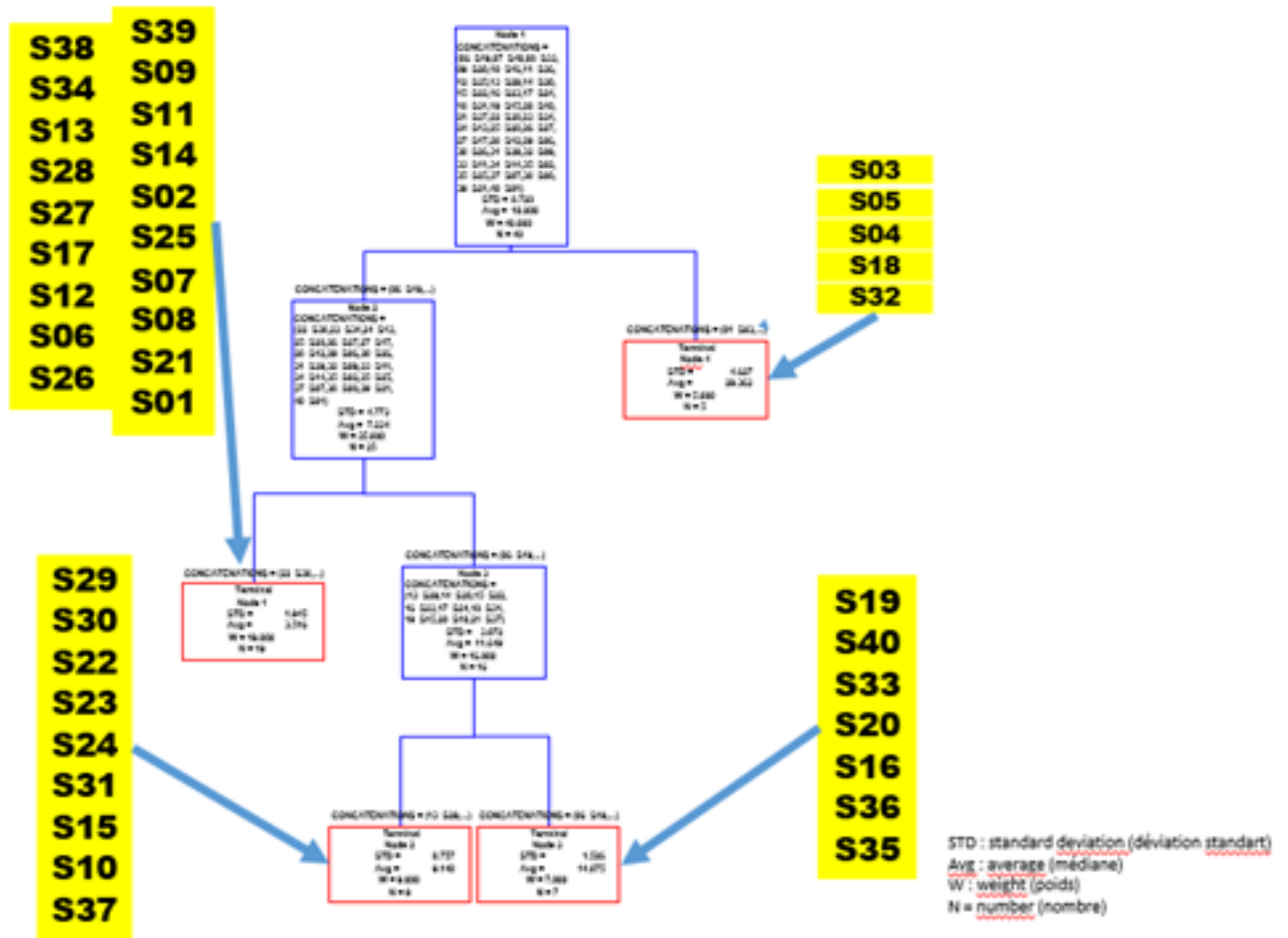


Figure 27 : Arbre de régression

Annexe 12 : Liste des mesures de biosécurité mobilisables en regard des principales sources d'introduction d'un virus influenza de type A (source : audit Pig Connect)

Tableau 35 : Liste des mesures de biosécurité

Type de mesure	Rubrique	Question	Sous-question	Mesures de biosécurité traduite sous forme de question
Spécifiques aux cochettes qui sont introduites dans l'élevage porcin		Q1	q1a	Présence d'une quarantaine et passage systématique des reproducteurs par la quarantaine ?
			q1b	Accès à la quarantaine sans passer par un autre secteur de l'élevage ?
			q1c	Quarantaine isolée des autres bâtiments de l'élevage ?
			q1d	Quarantaine conduite en tout plein tout vide ?
		Q2	q2a	Connaissance sur le statut sanitaires des cochettes introduites, notamment vis-à-vis des infections à virus influenza ?
			q2b	Prise en compte du statut virologique du lot de cochette (excrétrices de virus influenza A ou non excrétrices) ?
			q2c	Prise en compte du statut sérologique de l'élevage d'origine des cochettes (test régulier dans l'élevage, sur les 6 derniers mois) ?
			Q3	q3a
		q3b		Respect des mesures de biosécurité par le chauffeur (ne rentre pas dans la quarantaine ou port d'EPI) ?
		q3c		Transport sous air filtré ?
		q3d		Absence de chargements de diverses origines dans le camion ?
		Spécifiques aux porcelets de 8kg qui sont introduits dans l'élevage porcin		Q4
Q5	q5a			Biosécurité liée au transport et à la livraison : Nettoyage et désinfection du camion ?

		q5b	Respect des mesures de biosécurité par le chauffeur (ne rentre pas dans les bâtiments ou port d'EPI) ?	
		q5c	Absence de chargement de diverses origines dans le camion ?	
Spécifiques aux porcelets de 25kg qui sont introduits dans l'élevage porcin	Q6	q6a	Connaissance sur le statut virologique des porcelets introduits (excréteurs de virus influenza A ou non excréteurs) ?	
	Q7	q7a	Achat de porcelets efficacement et correctement vaccinés contre la grippe du porc ?	
	Q8	q8a	Nettoyage et désinfection du camion ?	
		q8b	Respect des mesures de biosécurité par le chauffeur (ne rentre pas dans les bâtiments ou port d'EPI) ?	
		q8c	Absence de chargements de diverses origines dans le camion ?	
Générales	Retour d'animaux de l'élevage ayant participé à un concours/rassemblement ?	Q9	q9a	Isolement de l'animal avant réintroduction dans le troupeau (15 jours) ?
		Q10	q10a	Test RT-PCR (virus influenza A) négatif de l'animal avant réintroduction ?
	Quelle est la distance entre votre élevage et l'élevage de porcs voisin le plus proche ?	Q11	q11a	[0 à 500 mètres] ?
			q11b	[500 mètres à 2 kilomètres] ?
			q11c	Plus de 2 kilomètres ?
	Air (proximité avec des élevages de porcs voisins les plus proches)	Q12	q12a	Présence de filtration ?
		q12b	Filtration poussières/particules ?	

		q12c	Filtre HEPA ?	
	Q13	q13a	Orientation des entrées d'air à l'opposé des extractions de l'élevage voisin ?	
	Q14	q14a	Haies, barrières physiques autour de l'élevage, obstacles naturels (>2m, densité ++,) ?	
Eleveurs et salariés	Q15	q15a	Présence d'un sas sanitaire ?	
		q15b	Procédures d'entrée dans l'élevage disponibles et utilisées (marche en avant, deux zones, tenue spécifique) ?	
		q15c	Lavage des mains/charlotte/port de gants ?	
		Q16	q16a	Port de masque (FFP1 ou FFP2) ?
	Q17	q17a	Vaccination annuelle contre la grippe (recommandations de la Haute Autorité de Santé) ?	
	Q18	q18a	Auto isolement si syndrome grippal ?	
Famille des éleveurs et des salariés de l'élevage (peuvent intervenir dans les salles/cases où sont présents les animaux)	Q19	q19a	Présence d'un sas sanitaire ?	
		q19b	Procédure d'entrée dans l'élevage disponible et utilisée (marche en avant, deux zones, tenue spécifique) ?	
		q19c	Lavage des mains/charlotte/port de gants ?	
		Q20	q20a	Port de masque (FFP1 ou FFP2) ?
		Q21	q21a	Vaccination annuelle contre la grippe saisonnière (recommandation HAS) ?
	Q22	q22a	Auto isolement si syndrome grippal ?	
	Q23	q23a	Limiter autant que possible les entrées dans l'élevage entre novembre et mars (saison grippe humaine) ?	
Techniciens intervenant dans la	Q24	q24a	Présence d'un sas sanitaire ?	

zone d'élevage
(peuvent intervenir
dans les salles/cases
où sont présents les
animaux)

q24b Procédure d'entrée dans l'élevage disponible et utilisée (marche en avant, deux zones, tenue spécifique) ?

q24c Lavage des mains/charlotte/port de gants ?

Q25 q25a Port de masque (FFP1 ou FFP2) ?

Q26 q26a Vaccination annuelle contre la grippe saisonnière (recommandation HAS) ?

Q27 q27a Auto isolement si syndrome grippal ?

Vétérinaires
intervenant dans la
zone d'élevage
(peuvent intervenir
dans les salles/cases
où sont présents les
animaux)

Q28 q28a Présence d'un sas sanitaire ?

q28b Procédure d'entrée dans l'élevage disponible et utilisée (marche en avant, deux zones, tenue spécifique) ?

q28c Lavage des mains/charlotte/port de gants ?

Q29 q29a Port de masque (FFP1 ou FFP2) ?

Q30 q30a Vaccination annuelle contre la grippe saisonnière (recommandation HAS) ?

Q31 q31a Auto isolement si syndrome grippal ?

Camions
transportant des
animaux vivants qui
entrent dans la zone
professionnelle de
l'élevage (les

Q32 q32a Présence de filtration (prérequis) ?

animaux ne sortent
pas du camion)

	q32b	Filtration poussières/particules ?
	q32c	Filtre HEPA ?
Q33	q33a	Absence de communication entre l'aire de stockage et la zone d'élevage lors de l'embarquement ?
Q34	q34a	Entrées d'air non positionnées à proximité du quai d'embarquement ?
Q35	q35a	Entrées d'air non positionnées à proximité de la zone de stationnement ?

Annexe 13 : Outil biosécurité

Les experts ont développé un outil d'évaluation (sous le format d'un fichier Excel®) des mesures de biosécurité mobilisables pour éviter ou limiter l'introduction d'un IAV en élevage porcin (voir section 7.2).

Pour cela, les experts du GT ont listé, pour chacune des sources d'introduction les plus importantes (les cinq sources de très haute priorité), les mesures de biosécurité à mettre en place (sur la base de celles mentionnées dans l'audit Pig Connect, l'audit Porc Protect et des opinions des experts du GT) et indiquent pour chaque mesure son efficacité théorique¹³⁶ (efficacité intrinsèque de la mesure, ce n'est pas une efficacité relative par rapport aux autres mesures).

En fonction des mesures de biosécurité mises en pratique dans l'élevage, l'outil permet de générer en temps réel des diagrammes (Figure 28) permettant à l'éleveur de connaître son niveau de biosécurité (protection) actuel par rapport aux principales voies d'introduction des IAV.

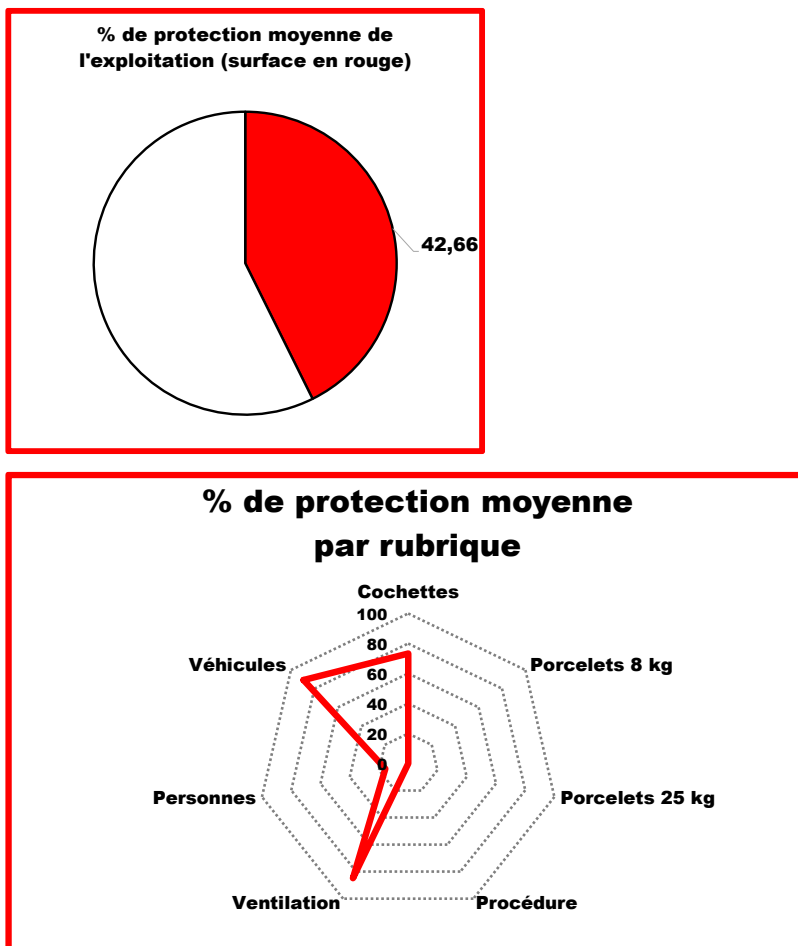


Figure 28 : Exemples de sorties/résultats du modèle

¹³⁶ L'efficacité théorique correspond au terme anglais *efficacy*, à différencier du terme *effectiveness* (efficacité réelle tenant compte de la faisabilité et de l'observance de la mesure).

Toujours en tenant compte de l'efficacité de toutes les mesures de biosécurité et de la faisabilité (estimée par chaque éleveur en utilisant une échelle à cinq niveaux : pas du tout faisable, faisabilité très faible, faible, modérée ou élevée) des différentes mesures qui ne sont pas déjà mises en œuvre dans le contexte de l'élevage concerné, l'outil propose une liste de mesures complémentaires qu'il serait possible de mettre en place afin d'augmenter le niveau de biosécurité de l'exploitation. Cette liste permet à l'éleveur de discuter avec son vétérinaire et *in fine*, d'identifier des mesures qu'il pourrait mettre en place dans son exploitation. Les résultats (toujours sous forme de diagrammes) d'une simulation de l'effet de l'adoption de ces nouvelles mesures sont également produits en temps réel. Ceci pourrait contribuer à motiver l'éleveur à réellement mettre en place ces mesures additionnelles.

Cet outil, accompagné d'un mode d'emploi (Figure 29), a été testé dans sept exploitations porcines par des vétérinaires volontaires en vue d'en vérifier l'opérationnalité (quatre exploitations françaises et trois exploitations belges). Un retour très positif des binômes éleveurs/vétérinaires a été constaté et la durée d'un audit a été estimée à environ une heure.


 anses	<p>L'outil proposé a été développé par les experts du groupe de travail "Grippe porcine" de l'Anses. L'originalité de l'outil réside dans le fait qu'il intègre le contexte de chaque élevage pour les choix des mesures d'amélioration de la biosécurité au sein de celui-ci. Son utilisation est actuellement dans une phase "pilote" afin d'en vérifier l'opérationnalité. A cette fin, nous remercions d'emblée les vétérinaires qui participent à cette étude pilote.</p>
Quelques éléments à considérer avant l'usage du formulaire d'enquête :	
<ol style="list-style-type: none"> Dans cette enquête, le niveau de protection d'une exploitation porcine est définie comme sa capacité à éviter une introduction du virus influenza de type A. L'enquête vise à estimer le niveau de protection d'une exploitation porcine et à identifier les mesures de biosécurité sur lesquelles il serait possible de travailler afin d'améliorer ce niveau de protection en regard des sources d'introduction des virus influenza de type A. Pour répondre, vous devez considérer la situation moyenne sur l'année au sein de l'exploitation. En fonction du type d'exploitation, vous devez remplir avec l'éleveur les parties [A - cochettes], [B - porcelets de 8 kg] ou [C - porcelets de 25 kg] et dans tous les cas, la partie [D - mesures générales]. Les réponses aux questions doivent être inscrites dans les cellules surlignées en jaune. Pour la question "La mesure citée est-elle actuellement mise en œuvre dans votre exploitation ?", répondre Oui ou Non via le menu déroulant (pour certaines questions, il y a aussi la possibilité de cocher "pas concerné". Il est nécessaire de répondre à chaque question de la liste pour que l'outil fonctionne. Si vous répondez "non" (= la mesure n'est pas mise en œuvre), alors vous devez répondre aux questions supplémentaires relatives à l'acceptabilité et la faisabilité. Pour les questions relatives à l'acceptabilité (la mesure est-elle acceptable/tolérable en dehors de toute considération pratique de mise en œuvre éventuelle) et à la faisabilité (la mesure est-elle réalisable dans l'exploitation), répondre via le menu déroulant (pas du tout, très faible, faible, modérée, élevée). Merci d'essayer de remplir, en fonction de vos possibilités, de 1 à 5 formulaires par vétérinaire. Un fichier Excel par exploitation est à renvoyer dès remplissage à l'adresse : enquetegrippeporcine@anses.fr En vue d'initier un échange entre le vétérinaire et l'éleveur et après remplissage du formulaire, quelques diagrammes (résultats) sont présentés à l'éleveur (feuille "résultats"). Les objectifs de ces diagrammes sont les suivants : 1/ montrer les résultats à l'éleveur pour qu'il prenne conscience de possibles lacunes dans son élevage et de leur impact sur les risques d'introduction des virus influenza A ; 2/ de proposer des mesures additionnelles de réduction du risque adaptées à sa situation ; 3/ de demander quelles mesures ils commenceraient à mettre en œuvre et de lui faire savoir quels bénéfices (feuille "simulation d'amélioration") il pourrait en tirer en termes de réduction du risque d'introduction des virus influenza A. Dans un but d'amélioration continue, il est aussi demandé de collecter l'avis de l'éleveur sur le questionnaire (utile, pas utile, proposition(s) d'amélioration). 	
Merci de remplir les éléments suivants avant de passer aux formulaires :	
Le département de l'éleveur (respect de l'anonymat) :	
Numéro de département :	
Type d'exploitation (menu déroulant) :	
Un grand merci pour votre précieuse collaboration.	

Figure 29 : Mode d'emploi pour compléter le fichier Excel®

Annexe 14 : Découpage de la France en quatre grandes régions géographiques



Figure 30 : Découpage de la France hexagonale en quatre grandes régions géographiques. NO = Nord-Ouest, NE = Nord-Est ; SO = Sud-Ouest, SE = Sud-Est

Annexe 15 : Qualitatifs des probabilités pour l'estimation qualitative du risque

Tableau 36 : Valeurs chiffrées proposées par chaque qualificatif de probabilité et correspondance avec les valeurs ordinales (Afssa 2008)

Echelle ordinale	Qualitatifs	Borne inférieure	Valeur médiane	Borne supérieure	Ordre de grandeur
0	Nulle	0	0	0	0
1	Quasi-nulle	> 0	2,5 10 ⁻⁶	1,3 10 ⁻⁵	10 ⁻⁶
2	Minime	2,5 10 ⁻⁶	1,3 10 ⁻⁵	6,4 10 ⁻⁵	10 ⁻⁵
3	Extrêmement faible	1,3 10 ⁻⁵	6,4 10 ⁻⁵	3,2 10 ⁻⁴	6,7 10 ⁻⁵
4	Très faible	6,4 10 ⁻⁵	3,2 10 ⁻⁴	1,6 10 ⁻³	3,3 10 ⁻⁴
5	Faible	3,2 10 ⁻⁴	1,6 10 ⁻³	8 10 ⁻³	2 10 ⁻³
6	Peu élevée	1,6 10 ⁻³	8 10 ⁻³	4 10 ⁻²	10 ⁻²
7	Assez élevée	8 10 ⁻³	4 10 ⁻²	2,5 10 ⁻¹	4 10 ⁻²
8	Elevée	4 10 ⁻²	2,5 10 ⁻¹	1	0,2
9	Très élevée	0,25	1	1	1

Annexe 16 : Analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de cochettes

Probabilité	Distribution de probabilité (axe des X = probabilité ; axe des Y = nombre d'itérations)	Analyse de sensibilité permettant de visualiser les paramètres d'entrée qui ont le plus d'influence sur le résultat
<p>P6 - Probabilité que des animaux contagieux introduits en provenance du NO transmettent un swIAV aux animaux de destination</p>		

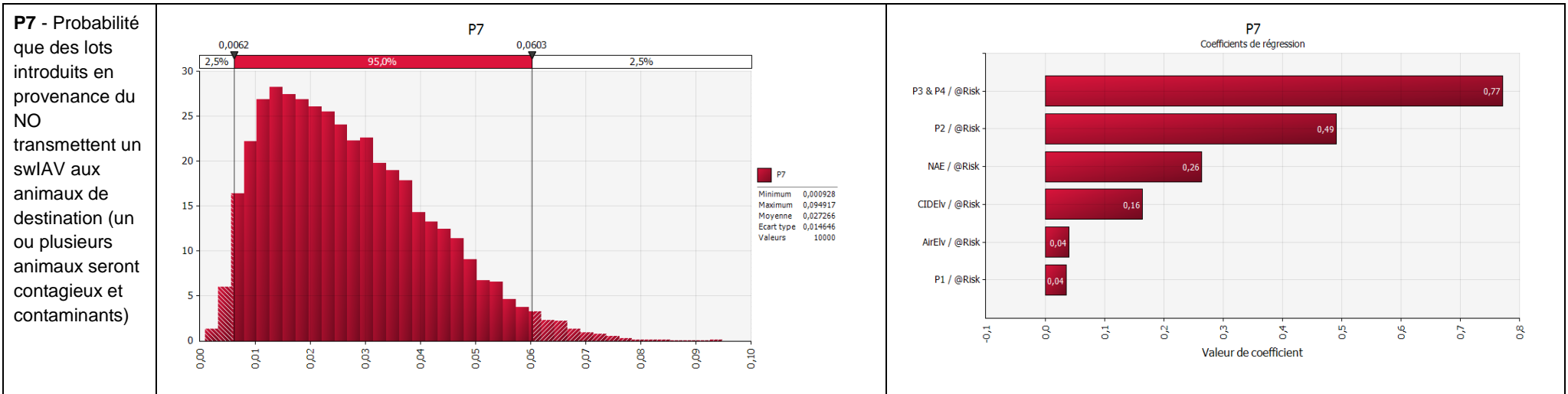


Figure 31 : Distribution de probabilité et analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de cochettes non vaccinées en provenance du NO de la France dans un élevage NE breton en bâtiment fermé contenant environ 200 truies vaccinées

Légende : P1 = probabilité que les cochettes introduites proviennent d'une région donnée ; P2 = probabilité que les cochettes introduites proviennent d'un élevage de multiplication infecté par des swIAV ; P3 & P4 = probabilité qu'une cochette de l'élevage (infecté) de provenance soit infectée et contagieuse et soit non détectée par le dispositif de surveillance ; NAE = nombre d'animaux introduits; NTE = nombre de lots d'animaux introduits; CIDElv = voie de transmission indirecte; AirElv = voie de transmission aéroportée

Annexe 17 : Analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de porcelets de 8kg

Probabilité	Distribution de probabilité (axe des X = probabilité ; axe des Y = nombre d'itérations)	Analyse de sensibilité permettant de visualiser les paramètres d'entrée qui ont le plus d'influence sur le résultat
<p>P6 - Probabilité que des animaux contagieux introduits en provenance du NO transmettent un swIAV aux animaux de destination</p>	<p>P6</p> <p>Minimum 0,41186 Maximum 1,00000 Moyenne 0,99353 Ecart type 0,03302 Valeurs 10000</p>	<p>P6 Coefficients de régression</p> <p>NAE / @Risk 0,24 NTE / @Risk -0,22 CIDElv / @Risk 0,06 P3 & P4 / @Risk 0,02</p> <p>Valeur de coefficient</p>

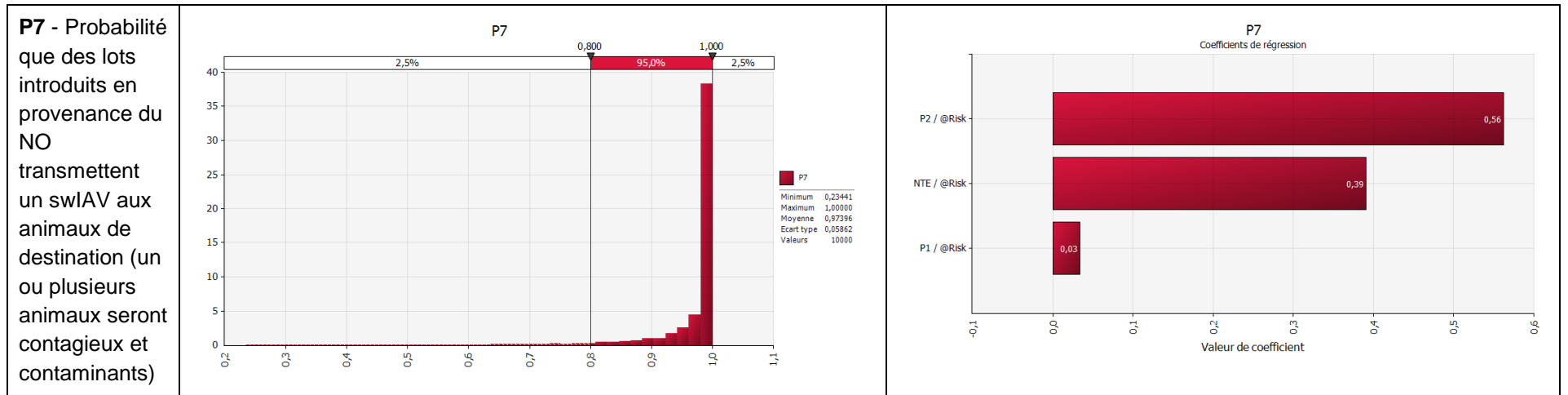


Figure 32_Distribution de probabilité et analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de porcelet de 8 kg en provenance du quart NO de la France dans un élevage naisseur engraisseur breton en bâtiment fermé contenant environ 200 truies vaccinées

Légende : P1 = probabilité que les porcelets introduits proviennent d'une région donnée ; P2 = probabilité que les porcelets introduits proviennent d'un élevage infecté par des swIAV ; P3 & P4 = probabilité qu'un porcelet de l'élevage (infecté) de provenance soit infectée et contagieux et soit non détecté par le dispositif de surveillance ; NAE = nombre d'animaux introduits; NTE = nombre de lots d'animaux introduits; CIDEIv = voie de transmission indirecte

Annexe 18 : Analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de porcelets de 25kg

Probabilité	Distribution de probabilité (axe des X = probabilité ; axe des Y = nombre d'itérations)	Analyse de sensibilité permettant de visualiser les paramètres d'entrée qui ont le plus d'influence sur le résultat
<p>P6 - Probabilité que des animaux contagieux introduits en provenance du nord-ouest transmettent un swIAV aux animaux de destination</p>	<p style="text-align: center;">P6</p> <p>Minimum 0,10390 Maximum 1,00000 Moyenne 0,88787 Ecart type 0,18120 Valeurs 10000</p>	<p style="text-align: center;">P6 Coefficients de régression</p> <p>NAE / @Risk 0,57 NTE / @Risk -0,38 CIDEIV / @Risk 0,09 P3 & P4 / @Risk 0,07 AirEIV / @Risk 0,03</p> <p style="text-align: center;">Valeur de coefficient</p>

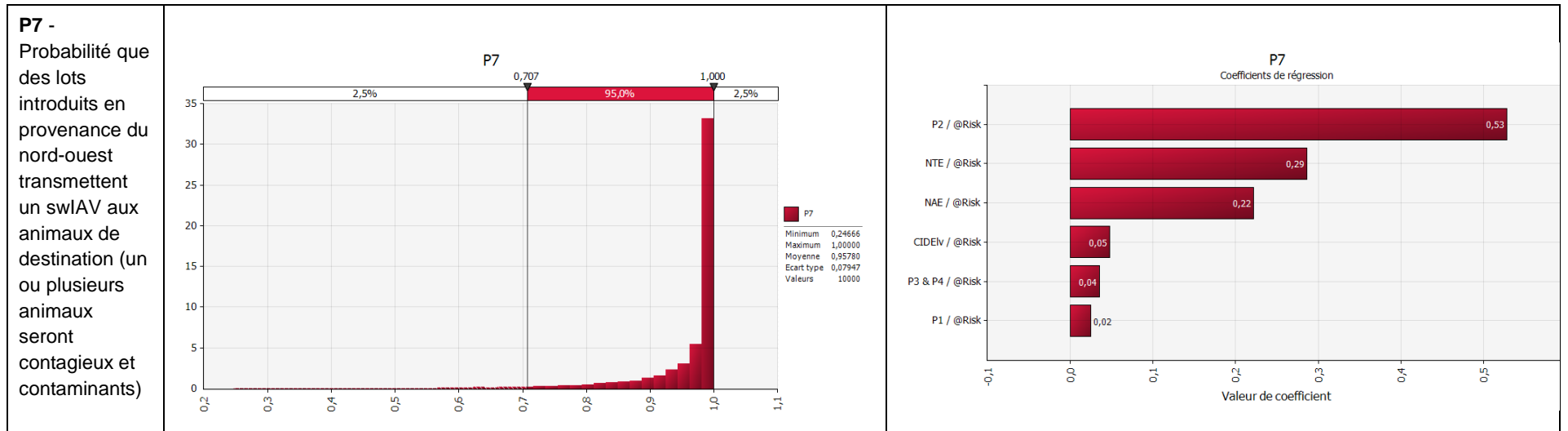


Figure 33 Distribution de probabilité et analyse de sensibilité concernant la probabilité d'introduction de swIAV par le biais de porcelet de 25 kg en provenance du Nord-Ouest de la France dans un élevage naisseur engraisseur breton en bâtiment fermé contenant environ 200 truies vaccinées

Légende : P1 = probabilité que les porcelets introduits proviennent d'une région donnée ; P2 = probabilité que les porcelets introduits proviennent d'un élevage infecté par des swIAV ; P3 & P4 = probabilité qu'un porcelet de l'élevage (infecté) de provenance soit infectée et contagieux et soit non détecté par le dispositif de surveillance ; NAE = nombre d'animaux introduits; NTE = nombre de lots d'animaux introduits; CIDELv = voie de transmission indirecte ; AirElv = voie de transmission aéroportée

Annexe 19 : Echanges de porcs avec les pays de l'Union Européenne (données TRACES 2017-2021)

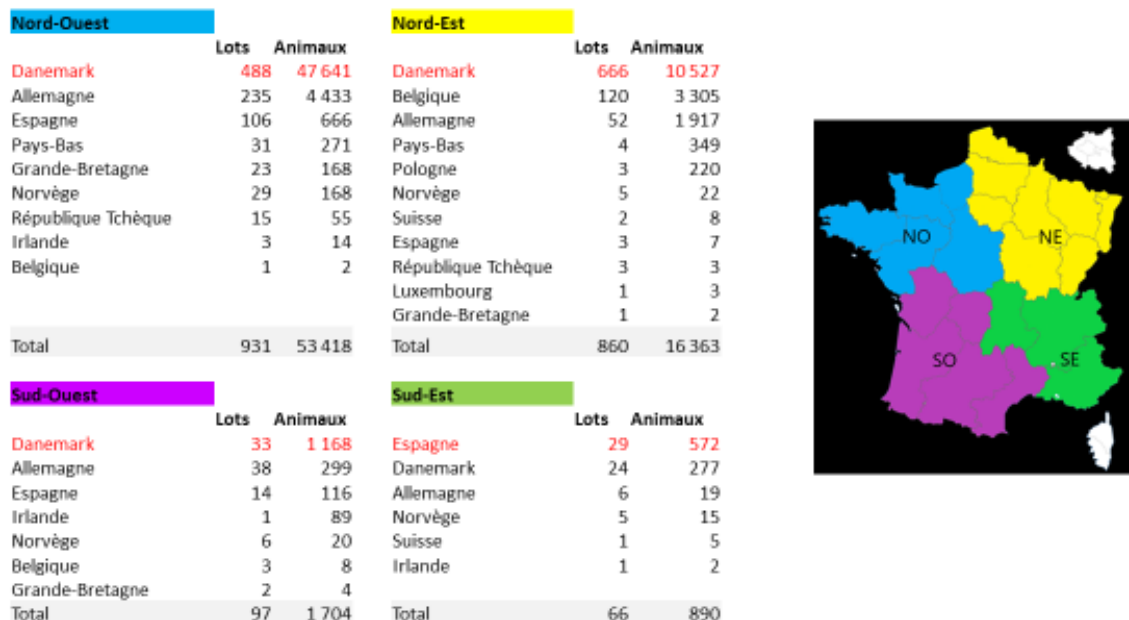


Figure 34 Nombre d'animaux et de lots de reproducteurs introduits sur le territoire national en provenance de pays membres de l'UE, par région (Exploitation données TRACES - Fichier 2017-2021 (hors Nov-Dec 2021), onglet « Elevage » : fourniture de porcs reproducteurs ou de porcs non destinés à l'abattage ou à l'engraissement)

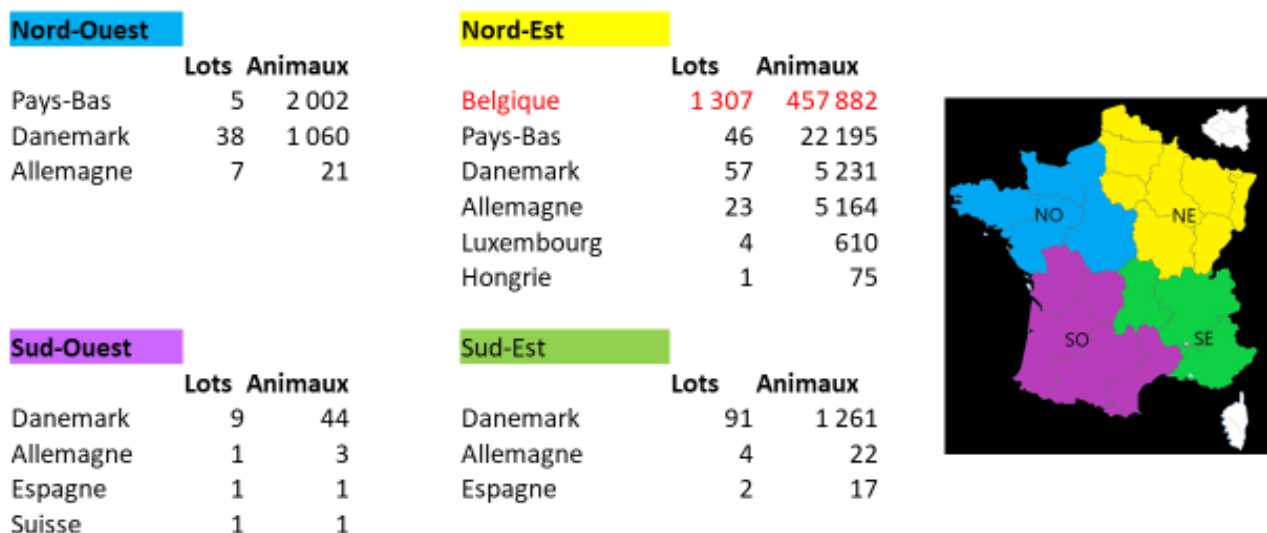


Figure 35 Nombre d'animaux et de lots de porcs destinés à l'engraissement introduits sur le territoire national en provenance de pays membres de l'UE, par région (Exploitation données TRACES - Fichier 2017-2021 (hors Nov-Dec 2021), onglet « Production » : fourniture d'animaux pour engraissement)

Annexe 20 : Profils de risque des différents intervenants en élevage porcin

Lors d'une première étape, les experts ont listé les êtres humains pouvant intervenir dans un élevage porcin et susceptibles de transmettre un IAV aux porcs : un éleveur et sa famille, un vétérinaire, un technicien, un dératiseur, une société de lavage, des commerciaux et des artisans. La personne qui fait le ramassage pour l'équarrissage (qui n'est pas en contact avec des animaux vivants) et le transporteur d'animaux (qui n'est pas censé rentrer dans l'élevage) ne sont pas pris en compte.

La probabilité d'introduction par les êtres humains est la somme des probabilités d'introduction que représente chaque personne intervenant dans l'élevage.

Lors de la seconde étape, les experts ont défini les différents facteurs pouvant influencer la transmission d'un IAV de l'être humain au porc pour évaluer la probabilité d'introduction d'un IAV par ces différents intervenants : le virus considéré, la voie de transmission, les visites successives de plusieurs élevages (par un vétérinaire par ex, qui peut entrer en contact avec d'autres porcs), la durée et la qualité du contact avec les animaux présents dans l'élevage, la formation à la biosécurité de la personne, la fréquence des interventions (temps passé dans l'élevage), le port du masque (les experts partent du postulat que le port du masque, qui est une des mesures de biosécurité spécifiques vis-à-vis de la grippe, ne fait pas partie des mesures préconisées dans l'audit Pig Connect et donc mises en œuvre en routine).

Plusieurs éléments sont pris en compte :

- d'après les informations remontées du terrain, le respect des mesures de biosécurité est davantage observé et accepté par le personnel présent tous les jours que par les intervenants ponctuels (artisans dépanneurs qui ont leurs propres outils et tenues par exemple),
- contrairement au technicien, le vétérinaire est en contact avec les animaux (examen clinique, prélèvement, etc.). Mais le technicien vient plus souvent dans l'élevage,
- les artisans peuvent entrer dans les salles et les cases où sont logés les animaux,
- le commercial ne reste pas forcément dans le bureau de l'éleveur, il peut passer du temps dans l'élevage et voir les animaux (et visiter plusieurs élevages dans la journée),
- le dératiseur passe tous les trois mois dans les bâtiments des élevages,
- la probabilité de transmission de l'être humain aux porcs sera différente selon que l'intervenant est infecté par un IAV (transmission directe et transmission aéroportée) ou s'il véhicule du virus (sur sa cote par ex. ; transmission indirecte). Les experts considèrent que lorsqu'un intervenant est infecté, il peut être excréteur (transmission directe et/ou transmission aéroportée selon la proximité) ou véhicule (transmission indirecte par des mains souillées par exemple). Dans ce cas, la transmission directe et la transmission aéroportée sont majoritaires,
- les modalités de maîtrise sont différentes en fonction des voies de transmission. Les gouttelettes ont une distance de propagation extrêmement limitée et vont avoir tendance à se déposer rapidement. Les aérosols sont des particules très fines qui peuvent rester longtemps en suspension dans l'air et donc être transportées à des distances qui sont plus importantes (voir paragraphes 4.3.2 et 5.1),
- les experts font l'hypothèse que l'incidence de la grippe saisonnière chez les intervenants en élevage de porcs est similaire à celle dans la population générale,

- l'intervenant pourrait retransmettre un swIAV après avoir été infecté, ou être porteur du virus (humain vecteur) après contact avec des porcs d'un autre élevage,
- la probabilité d'introduction d'un virus influenza aviaire par l'être humain est également prise en compte (être humain porteur) du fait du mode d'excrétion des IAV par les oiseaux (e.g. voie fécale en sus de la voie respiratoire) et de la persistance de ce virus dans l'environnement. Cette probabilité sera plus importante dans les élevages mixtes (porcs/volailles) pour ce qui concerne la transmission par le biais de l'éleveur (ce ne sont pas les mêmes vétérinaires et techniciens qui interviennent dans les deux secteurs de production).

Pour chaque facteur, les experts ont attribué un score à chaque intervenant, de façon à les classer les uns par rapport aux autres (classement en relatif). Les scores sont attribués sur une échelle de 1 à 8, le score le plus bas (1) étant attribué à l'intervenant qui est dans la situation la plus à risque, le plus élevé (8) pour celui qui est dans la situation la moins à risque, certains intervenants ont la même note lorsqu'il n'a pas été possible de les différencier.

Tableau 37 : scores attribués aux différents intervenants en élevage porcin en fonction des facteurs pouvant influencer la transmission d'un IAV de l'être humain

Intervenant	Intervenant infecté par la grippe saisonnière		Intervenant infecté ou porteur d'un swIAV suite à un contact avec porcs dans un autre élevage		Intervenant infecté ou porteur d'un influenza aviaire A		Contact (proximité et fréquence) avec les porcs de l'élevage	Défaut de formation en biosécurité	Temps passé dans l'élevage	EPI aérosol (port du masque)
	score	Transmission*	score	Transmission*	score	transmission				
Eleveur	1	directe	8	indirecte	1	Indirecte	1	6	1	2
		indirecte		directe		Directe				
		aéroportée		aéroportée		Aéroportée				
Famille de l'éleveur	1	directe	8	indirecte	2	Indirecte	2	5	2	2
		indirecte		directe		Directe				
		aéroportée		aéroportée		Aéroportée				
Technicien	1	directe	2	indirecte	8	Indirecte	4	7	3	2
		indirecte		directe		Directe				
		aéroportée		aéroportée		Aéroportée				
Vétérinaire	1	directe	1	indirecte	8	Indirecte	2	8	4	2
		indirecte		directe		Directe				
		aéroportée		aéroportée		Aéroportée				
Dératiseur	1	directe	5	indirecte	3	Indirecte	6	4	6	1
		indirecte		directe		Directe				
		aéroportée		aéroportée		Aéroportée				
Personnel de la société de lavage	1	directe	6	indirecte	4	Indirecte	8	3	5	1
		indirecte		directe		Directe				
		aéroportée		aéroportée		Aéroportée				
Commercial	1	directe	3	indirecte	6	Indirecte	5	2	7	1
		indirecte		directe		Directe				
		aéroportée		aéroportée		Aéroportée				
Artisan	1	directe	4	indirecte	5	Indirecte	7	1	8	1
		indirecte		directe		Directe				
		aéroportée		aéroportée		Aéroportée				

*en gras et grisé, le ou les voie(s) de transmission estimées majoritaire(s)

Annexe 21 : Renouvellement d'air des bâtiments en élevage de porcs

Tableau 38 : Estimation du temps nécessaires pour renouveler l'air des bâtiments d'un élevage de porcs (d'après EVEL'UP)

Stade physiologique	Débit minimum – par temps froid (m ³ /h/porc)	Débit maximum – par temps doux (m ³ /h/porc)	m ³ par salle	Minutes nécessaires, au minimum de ventilation	Minutes nécessaires, au maximum de ventilation
Gestante	30	200	1080 ^a	15	2,25
Maternité	30	350	317 ^b	35	3,02
Post-sevrage	3	40	530 ^c	22,55	1,69
Engraissement	8	80	400 ^d	19,23	1,92

Légende : ^a Gestante => 4 bandes de 36 truies soit 144 places; surface: 3,0 m²/place (couloir compris) ; hauteur sous plafond: 2,50m => 1080 m³/salle ; ^b Maternité => 2 bandes de 36 truies/salle soit 4 salles de 18 places; surface: 7,05 m²/place (couloir compris) => 317 m³/salle ; ^c Post-sevrage=> 3 bandes de 470 places/salle; surface: 0,45 m²/place (couloir compris) ; hauteur sous plafond: 2,50m => 530 m³/salle ; ^d Engraissement=> 5 bandes de 460 places, soit 3 salles de 156 places; surface: 0,95m²/place (couloir compris); hauteur sous plafond: 2,70m => 400 m³/salle. A noter que ces valeurs peuvent varier d'une configuration d'élevage à l'autre (ex. volume des salles, positionnement des ventilateurs, réglages des ventilateurs).

Annexe 22 : Résultats de la modélisation pour la transmission d'IAV de l'être humain au porc

Tableau 39 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H1N1pdm09 de l'être humain au porc et exprimés en nombre d'infections pour 1000 itérations et en pourcentage d'itérations correspondant à une infection

Scénario	Activité			Option de protection	Nombre d'infections pour 1000 itérations		Pourcentage d'itérations correspondant à une infection	
	Durée (min)	Distance (cm)	Ventilation Renouvellement (min)		HID ₅₀		HID ₅₀	
					Limite inférieure	Limite supérieure	Limite inférieure	Limite supérieure
					90 copies ARN	1950 copies ARN	90 copies ARN	1950 copies ARN
S01	15	30	15	Ne rien faire	971	387	97	39
S02	15	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S04	15	30	15	Masque FFP2	688	0	69	0
S05	15	30	15	Masque chirurgical	747	0	75	0
S06	15	30	15	Vaccination	889	0	89	0
S08	15	30	15	FFP2 + vaccination	8	0	1	0
S09	15	30	15	Masque chirurgical + vaccination	91	0	9	0
S10	15	30	10	Ne rien faire	958	125	96	13
S11	15	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S13	15	30	10	Masque FFP2	529	0	53	0
S14	15	30	10	Masque chirurgical	615	0	62	0
S15	15	30	10	Vaccination	839	0	84	0
S17	15	30	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S18	15	30	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0

S19	15	30	5	Ne rien faire	913	0	91	0
S20	15	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S22	15	30	5	Masque FFP2	90	0	9	0
S23	15	30	5	Masque chirurgical	243	0	24	0
S24	15	30	5	Vaccination	688	0	69	0
S26	15	30	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S27	15	30	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S28	15	30	2,5	Ne rien faire	827	0	83	0
S29	15	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S31	15	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S32	15	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S33	15	30	2,5	Vaccination	371	0	37	0
S35	15	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S36	15	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S37	15	90	15	Ne rien faire	970	333	97	33
S38	15	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S40	15	90	15	Masque FFP2	655	0	66	0
S41	15	90	15	Masque chirurgical	726	0	73	0
S42	15	90	15	Vaccination	894	0	89	0
S44	15	90	15	FFP2 + vaccination	1	0	0	0
S45	15	90	15	Masque chirurgical + vaccination	47	0	5	0
S46	15	90	10	Ne rien faire	955	50	96	5
S47	15	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S49	15	90	10	Masque FFP2	495	0	50	0
S50	15	90	10	Masque chirurgical	588	0	59	0

S51	15	90	10	Vaccination	830	0	83	0
S53	15	90	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S54	15	90	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S55	15	90	5	Ne rien faire	911	0	91	0
S56	15	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S58	15	90	5	Masque FFP2	50	0	5	0
S59	15	90	5	Masque chirurgical	191	0	19	0
S60	15	90	5	Vaccination	662	0	66	0
S62	15	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S63	15	90	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S64	15	90	2,5	Ne rien faire	812	0	81	0
S65	15	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S67	15	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S68	15	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S69	15	90	2,5	Vaccination	317	0	32	0
S71	15	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S72	15	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S73	15	180	15	Ne rien faire	862	0	86	0
S74	15	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S76	15	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S77	15	180	15	Masque chirurgical	3	0	0	0
S78	15	180	15	Vaccination	486	0	49	0
S80	15	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S81	15	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S82	15	180	10	Ne rien faire	788	0	79	0

S83	15	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S85	15	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S86	15	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S87	15	180	10	Vaccination	237	0	24	0
S89	15	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S90	15	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S91	15	180	5	Ne rien faire	592	0	59	0
S92	15	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S94	15	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S95	15	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S96	15	180	5	Vaccination	0	0	0	0
S98	15	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S99	15	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S100	15	180	2,5	Ne rien faire	166	0	17	0
S101	15	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S103	15	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S104	15	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S105	15	180	2,5	Vaccination	0	0	0	0
S107	15	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S108	15	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S109	90	30	15	Ne rien faire	972	381	97	38
S110	90	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S112	90	30	15	Masque FFP2	685	0	69	0
S113	90	30	15	Masque chirurgical	740	0	74	0
S114	90	30	15	Vaccination	895	0	90	0

S116	90	30	15	FFP2 + vaccination	8	0	1	0
S117	90	30	15	Masque chirurgical + vaccination	89	0	9	0
S118	90	30	10	Ne rien faire	957	114	96	11
S119	90	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S121	90	30	10	Masque FFP2	512	0	51	0
S122	90	30	10	Masque chirurgical	617	0	62	0
S123	90	30	10	Vaccination	844	0	84	0
S125	90	30	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S126	90	30	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S127	90	30	5	Ne rien faire	918	0	92	0
S128	90	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S130	90	30	5	Masque FFP2	87	0	9	0
S131	90	30	5	Masque chirurgical	238	0	24	0
S132	90	30	5	Vaccination	689	0	69	0
S134	90	30	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S135	90	30	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S136	90	30	2,5	Ne rien faire	834	0	83	0
S137	90	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S139	90	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S140	90	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S141	90	30	2,5	Vaccination	372	0	37	0
S143	90	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S144	90	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S145	90	90	15	Ne rien faire	969	320	97	32
S146	90	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0

S148	90	90	15	Masque FFP2	659	0	66	0
S149	90	90	15	Masque chirurgical	725	0	73	0
S150	90	90	15	Vaccination	889	0	89	0
S152	90	90	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S153	90	90	15	Masque chirurgical + vaccination	59	0	6	0
S154	90	90	10	Ne rien faire	952	64	95	6
S155	90	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S157	90	90	10	Masque FFP2	481	0	48	0
S158	90	90	10	Masque chirurgicale	588	0	59	0
S159	90	90	10	Vaccination	822	0	82	0
S161	90	90	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S162	90	90	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S163	90	90	5	Ne rien faire	908	0	91	0
S164	90	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S166	90	90	5	Masque FFP2	53	0	5	0
S167	90	90	5	Masque chirurgical	170	0	17	0
S168	90	90	5	Vaccination	665	0	67	0
S170	90	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S171	90	90	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S172	90	90	2,5	Ne rien faire	814	0	81	0
S173	90	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S175	90	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S176	90	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S177	90	90	2,5	Vaccination	311	0	31	0
S179	90	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0

S180	90	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S181	90	180	15	Ne rien faire	856	0	86	0
S182	90	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S184	90	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S185	90	180	15	Masque chirurgical	3	0	0	0
S186	90	180	15	Vaccination	484	0	48	0
S188	90	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S189	90	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S190	90	180	10	Ne rien faire	797	0	80	0
S191	90	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S193	90	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S194	90	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S195	90	180	10	Vaccination	243	0	24	0
S197	90	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S198	90	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S199	90	180	5	Ne rien faire	581	0	58	0
S200	90	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S202	90	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S203	90	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S204	90	180	5	Vaccination	0	0	0	0
S206	90	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S207	90	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S208	90	180	2,5	Ne rien faire	174	0	17	0
S209	90	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S211	90	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0

S212	90	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S213	90	180	2,5	Vaccination	0	0	0	0
S215	90	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S216	90	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0

Tableau 40 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H3N2 (souches proches de la souche vaccinale de référence) de l'être humain au porc et exprimés en nombre d'infections pour 1000 itérations

Scénario	Activité			Option de protection	Receptivité= 30% HID ₅₀		Receptivité = 5% HID ₅₀	
	Durée (min)	Distance (cm)	Ventilation Renouvellement d'air (min)		Limite inférieure	Limite supérieure	Limite inférieure	Limite supérieure
					90 copies ARN	1950 copies ARN	90 copies ARN	1950 copies ARN
S01	15	30	15	Ne rien faire	292	116	49	19
S02	15	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S04	15	30	15	Masque FFP2	206	0	34	0
S05	15	30	15	Masque chirurgical	223	0	37	0
S06	15	30	15	Vaccination	287	34	48	6
S08	15	30	15	FFP2 + vaccination	158	0	26	0
S09	15	30	15	Masque chirurgical + vaccination	187	0	31	0
S10	15	30	10	Ne rien faire	287	34	48	6
S11	15	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S13	15	30	10	Masque FFP2	153	0	26	0
S14	15	30	10	Masque chirurgical	186	0	31	0
S15	15	30	10	Vaccination	281	0	47	0
S17	15	30	10	FFP2 + vaccination	89	0	15	0
S18	15	30	10	Masque chirurgical + vaccination	127	0	21	0
S19	15	30	5	Ne rien faire	274	0	46	0

S20	15	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S22	15	30	5	Masque FFP2	26	0	4	0
S23	15	30	5	Masque chirurgical	70	0	12	0
S24	15	30	5	Vaccination	263	0	44	0
S26	15	30	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S27	15	30	5	Masque chirurgical + vaccination	4	0	1	0
S28	15	30	2,5	Ne rien faire	249	0	41	0
S29	15	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S31	15	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S32	15	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S33	15	30	2,5	Vaccination	226	0	38	0
S35	15	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S36	15	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S37	15	90	15	Ne rien faire	292	99	49	16
S38	15	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S40	15	90	15	Masque FFP2	194	0	32	0
S41	15	90	15	Masque chirurgical	219	0	36	0
S42	15	90	15	Vaccination	286	20	48	3
S44	15	90	15	FFP2 + vaccination	146	0	24	0
S45	15	90	15	Masque chirurgical + vaccination	176	0	29	0
S46	15	90	10	Ne rien faire	286	19	48	3
S47	15	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0

S49	15	90	10	Masque FFP2	145	0	24	0
S50	15	90	10	Masque chirurgical	176	0	29	0
S51	15	90	10	Vaccination	280	0	47	0
S53	15	90	10	FFP2 + vaccination	68	0	11	0
S54	15	90	10	Masque chirurgical + vaccination	117	0	20	0
S55	15	90	5	Ne rien faire	273	0	46	0
S56	15	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S58	15	90	5	Masque FFP2	13	0	2	0
S59	15	90	5	Masque chirurgical	56	0	9	0
S60	15	90	5	Vaccination	258	0	43	0
S62	15	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S63	15	90	5	Masque chirurgical + vaccination	1	0	0	0
S64	15	90	2,5	Ne rien faire	245	0	41	0
S65	15	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S67	15	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S68	15	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S69	15	90	2,5	Vaccination	220	0	37	0
S71	15	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S72	15	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S73	15	180	15	Ne rien faire	262	0	44	0
S74	15	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S76	15	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S77	15	180	15	Masque chirurgical	0	0	0	0

S78	15	180	15	Vaccination	238	0	40	0
S80	15	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S81	15	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S82	15	180	10	Ne rien faire	236	0	39	0
S83	15	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S85	15	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S86	15	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S87	15	180	10	Vaccination	208	0	35	0
S89	15	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S90	15	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S91	15	180	5	Ne rien faire	177	0	30	0
S92	15	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S94	15	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S95	15	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S96	15	180	5	Vaccination	116	0	19	0
S98	15	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S99	15	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S100	15	180	2,5	Ne rien faire	51	0	9	0
S101	15	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S103	15	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S104	15	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S105	15	180	2,5	Vaccination	1	0	0	0
S107	15	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0

S108	15	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S109	90	30	15	Ne rien faire	291	116	49	19
S110	90	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S112	90	30	15	Masque FFP2	205	0	34	0
S113	90	30	15	Masque chirurgical	224	0	37	0
S114	90	30	15	Vaccination	288	31	48	5
S116	90	30	15	FFP2 + vaccination	158	0	26	0
S117	90	30	15	Masque chirurgical + vaccination	189	0	32	0
S118	90	30	10	Ne rien faire	287	34	48	6
S119	90	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S121	90	30	10	Masque FFP2	155	0	26	0
S122	90	30	10	Masque chirurgical	185	0	31	0
S123	90	30	10	Vaccination	281	0	47	0
S125	90	30	10	FFP2 + vaccination	86	0	14	0
S126	90	30	10	Masque chirurgical + vaccination	129	0	21	0
S127	90	30	5	Ne rien faire	276	0	46	0
S128	90	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S130	90	30	5	Masque FFP2	26	0	4	0
S131	90	30	5	Masque chirurgical	70	0	12	0
S132	90	30	5	Vaccination	263	0	44	0
S134	90	30	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S135	90	30	5	Masque chirurgical + vaccination	3	0	1	0
S136	90	30	2,5	Ne rien faire	251	0	42	0

S137	90	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S139	90	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S140	90	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S141	90	30	2,5	Vaccination	223	0	37	0
S143	90	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S144	90	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S145	90	30	15	Ne rien faire	290	104	48	17
S146	90	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S148	90	90	15	Masque FFP2	198	0	33	0
S149	90	90	15	Masque chirurgical	218	0	36	0
S150	90	90	15	Vaccination	286	21	48	4
S152	90	90	15	FFP2 + vaccination	145	0	24	0
S153	90	90	15	Masque chirurgical + vaccination	174	0	29	0
S154	90	90	10	Ne rien faire	286	20	48	3
S155	90	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S157	90	90	10	Masque FFP2	146	0	24	0
S158	90	90	10	Masque chirurgical	178	0	30	0
S159	90	90	10	Vaccination	279	0	46	0
S161	90	90	10	FFP2 + vaccination	70	0	12	0
S162	90	90	10	Masque chirurgical + vaccination	117	0	19	0
S163	90	90	5	Ne rien faire	271	0	45	0
S164	90	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0

S166	90	90	5	Masque FFP2	15	0	3	0
S167	90	90	5	Masque chirurgical	58	0	10	0
S168	90	90	5	Vaccination	260	0	43	0
S170	90	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S171	90	90	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S172	90	90	2,5	Ne rien faire	243	0	41	0
S173	90	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S175	90	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S176	90	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S177	90	90	2,5	Vaccination	216	0	36	0
S179	90	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S180	90	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S181	90	90	15	Ne rien faire	258	0	43	0
S182	90	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S184	90	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S185	90	180	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S186	90	180	15	Vaccination	239	0	40	0
S188	90	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S189	90	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S190	90	180	10	Ne rien faire	238	0	40	0
S191	90	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S193	90	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S194	90	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0

S195	90	180	10	Vaccination	207	0	35	0
S197	90	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S198	90	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S199	90	180	5	Ne rien faire	174	0	29	0
S200	90	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S202	90	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S203	90	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S204	90	180	5	Vaccination	115	0	19	0
S206	90	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S207	90	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S208	90	180	2,5	Ne rien faire	53	0	9	0
S209	90	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S211	90	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S212	90	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S213	90	180	2,5	Vaccination	0	0	0	0
S215	90	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S216	90	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0

Tableau 41 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H3N2 (souches proches de la souche vaccinale de référence) de l'être humain au porc et exprimés en pourcentage d'infection réussie

Scénario	Activité				Réceptivité = 30% HID ₅₀		Réceptivité = 5% HID ₅₀	
	Durée (min)	Distance (cm)	Ventilation Renouvellement d'air (min)	Option de protection	Limite inférieure	Limite supérieure	Limite inférieure	Limite supérieure
					90 copies ARN	1950 copies ARN	90 copies ARN	1950 copies ARN
S01	15	30	15	Ne rien faire	29,2	11,6	4,9	1,9
S02	15	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S04	15	30	15	Masque FFP2	20,6	0	3,4	0
S05	15	30	15	Masque chirurgical	22,3	0	3,7	0
S06	15	30	15	Vaccination	28,7	3,4	4,8	0,6
S08	15	30	15	FFP2 + vaccination	15,8	0	2,6	0
S09	15	30	15	Masque chirurgical + vaccination	18,7	0	3,1	0
S10	15	30	10	Ne rien faire	28,7	3,4	4,8	0,6
S11	15	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S13	15	30	10	Masque FFP2	15,3	0	2,6	0
S14	15	30	10	Masque chirurgical	18,6	0	3,1	0
S15	15	30	10	Vaccination	28,1	0	4,7	0
S17	15	30	10	FFP2 + vaccination	8,9	0	1,5	0
S18	15	30	10	Masque chirurgical + vaccination	12,7	0	2,1	0
S19	15	30	5	Ne rien faire	27,4	0	4,6	0
S20	15	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S22	15	30	5	Masque FFP2	2,6	0	0,4	0

S23	15	30	5	Masque chirurgical	7	0	1,2	0
S24	15	30	5	Vaccination	26,3	0	4,4	0
S26	15	30	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S27	15	30	5	Masque chirurgical + vaccination	0,4	0	0,1	0
S28	15	30	2,5	Ne rien faire	24,9	0	4,1	0
S29	15	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S31	15	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S32	15	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S33	15	30	2,5	Vaccination	22,6	0	3,8	0
S35	15	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S36	15	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S37	15	90	15	Ne rien faire	29,2	9,9	4,9	1,6
S38	15	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S40	15	90	15	Masque FFP2	19,4	0	3,2	0
S41	15	90	15	Masque chirurgical	21,9	0	3,6	0
S42	15	90	15	Vaccination	28,6	2	4,8	0,3
S44	15	90	15	FFP2 + vaccination	14,6	0	2,4	0
S45	15	90	15	Masque chirurgical + vaccination	17,6	0	2,9	0
S46	15	90	10	Ne rien faire	28,6	1,9	4,8	0,3
S47	15	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S49	15	90	10	Masque FFP2	14,5	0	2,4	0
S50	15	90	10	Masque chirurgical	17,6	0	2,9	0
S51	15	90	10	Vaccination	28	0	4,7	0
S53	15	90	10	FFP2 + vaccination	6,8	0	1,1	0
S54	15	90	10	Masque chirurgical + vaccination	11,7	0	2	0

S55	15	90	5	Ne rien faire	27,3	0	4,6	0
S56	15	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S58	15	90	5	Masque FFP2	1,3	0	0,2	0
S59	15	90	5	Masque chirurgical	5,6	0	0,9	0
S60	15	90	5	Vaccination	25,8	0	4,3	0
S62	15	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S63	15	90	5	Masque chirurgical + vaccination	0,1	0	0	0
S64	15	90	2,5	Ne rien faire	24,5	0	4,1	0
S65	15	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S67	15	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S68	15	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S69	15	90	2,5	Vaccination	22	0	3,7	0
S71	15	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S72	15	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S73	15	180	15	Ne rien faire	26,2	0	4,4	0
S74	15	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S76	15	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S77	15	180	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S78	15	180	15	Vaccination	23,8	0	4	0
S80	15	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S81	15	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S82	15	180	10	Ne rien faire	23,6	0	3,9	0
S83	15	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S85	15	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S86	15	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0

S87	15	180	10	Vaccination	20,8	0	3,5	0
S89	15	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S90	15	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S91	15	180	5	Ne rien faire	17,7	0	3	0
S92	15	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S94	15	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S95	15	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S96	15	180	5	Vaccination	11,6	0	1,9	0
S98	15	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S99	15	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S100	15	180	2,5	Ne rien faire	5,1	0	0,9	0
S101	15	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S103	15	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S104	15	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S105	15	180	2,5	Vaccination	0,1	0	0	0
S107	15	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S108	15	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S109	90	30	15	Ne rien faire	29,1	11,6	4,9	1,9
S110	90	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S112	90	30	15	Masque FFP2	20,5	0	3,4	0
S113	90	30	15	Masque chirurgical	22,4	0	3,7	0
S114	90	30	15	Vaccination	28,8	3,1	4,8	0,5
S116	90	30	15	FFP2 + vaccination	15,8	0	2,6	0
S117	90	30	15	Masque chirurgical + vaccination	18,9	0	3,2	0
S118	90	30	10	Ne rien faire	28,7	3,4	4,8	0,6

S119	90	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S121	90	30	10	Masque FFP2	15,5	0	2,6	0
S122	90	30	10	Masque chirurgical	18,5	0	3,1	0
S123	90	30	10	Vaccination	28,1	0	4,7	0
S125	90	30	10	FFP2 + vaccination	8,6	0	1,4	0
S126	90	30	10	Masque chirurgical + vaccination	12,9	0	2,1	0
S127	90	30	5	Ne rien faire	27,6	0	4,6	0
S128	90	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S130	90	30	5	Masque FFP2	2,6	0	0,4	0
S131	90	30	5	Masque chirurgical	7	0	1,2	0
S132	90	30	5	Vaccination	26,3	0	4,4	0
S134	90	30	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S135	90	30	5	Masque chirurgical + vaccination	0,3	0	0,1	0
S136	90	30	2,5	Ne rien faire	25,1	0	4,2	0
S137	90	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S139	90	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S140	90	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S141	90	30	2,5	Vaccination	22,3	0	3,7	0
S143	90	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S144	90	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S145	90	30	15	Ne rien faire	29	10,4	4,8	1,7
S146	90	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S148	90	90	15	Masque FFP2	19,8	0	3,3	0
S149	90	90	15	Masque chirurgical	21,8	0	3,6	0
S150	90	90	15	Vaccination	28,6	2,1	4,8	0,4

S152	90	90	15	FFP2 + vaccination	14,5	0	2,4	0
S153	90	90	15	Masque chirurgical + vaccination	17,4	0	2,9	0
S154	90	90	10	Ne rien faire	28,6	2	4,8	0,3
S155	90	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S157	90	90	10	Masque FFP2	14,6	0	2,4	0
S158	90	90	10	Masque chirurgical	17,8	0	3	0
S159	90	90	10	Vaccination	27,9	0	4,6	0
S161	90	90	10	FFP2 + vaccination	7	0	1,2	0
S162	90	90	10	Masque chirurgical + vaccination	11,7	0	1,9	0
S163	90	90	5	Ne rien faire	27,1	0	4,5	0
S164	90	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S166	90	90	5	Masque FFP2	1,5	0	0,3	0
S167	90	90	5	Masque chirurgical	5,8	0	1	0
S168	90	90	5	Vaccination	26	0	4,3	0
S170	90	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S171	90	90	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S172	90	90	2,5	Ne rien faire	24,3	0	4,1	0
S173	90	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S175	90	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S176	90	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S177	90	90	2,5	Vaccination	21,6	0	3,6	0
S179	90	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S180	90	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S181	90	90	15	Ne rien faire	25,8	0	4,3	0
S182	90	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0

S184	90	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S185	90	180	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S186	90	180	15	Vaccination	23,9	0	4	0
S188	90	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S189	90	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S190	90	180	10	Ne rien faire	23,8	0	4	0
S191	90	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S193	90	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S194	90	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S195	90	180	10	Vaccination	20,7	0	3,5	0
S197	90	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S198	90	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S199	90	180	5	Ne rien faire	17,4	0	2,9	0
S200	90	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S202	90	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S203	90	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S204	90	180	5	Vaccination	11,5	0	1,9	0
S206	90	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S207	90	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S208	90	180	2,5	Ne rien faire	5,3	0	0,9	0
S209	90	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S211	90	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S212	90	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S213	90	180	2,5	Vaccination	0	0	0	0
S215	90	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0

S216	90	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
------	----	-----	-----	----------------------------------	---	---	---	---

Tableau 42 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H3N2 (souches distantes de la souche vaccinale de référence) de l'être humain au porc et exprimés en nombre d'infections pour 1000 itérations

Scénario	Activité			Option de protection	Réceptivité = 30% HID ₅₀		Réceptivité = 5% HID ₅₀	
	Durée (min)	Distance (cm)	Ventilation Renouvellement d'air (min)		Limite	Limite	Limite	Limite
					inférieure	supérieure	inférieure	supérieure
					90	1950	90	1950
					copies	copies	copies	copies
					ARN	ARN	ARN	ARN
S01	15	30	15	Ne rien faire	292	118	49	20
S02	15	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S04	15	30	15	Masque FFP2	204	0	34	0
S05	15	30	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S06	15	30	15	Vaccination	289	66	48	11
S08	15	30	15	FFP2 + vaccination	174	0	29	0
S09	15	30	15	Masque chirurgical + vaccination	200	0	33	0
S10	15	30	10	Ne rien faire	287	31	48	5
S11	15	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S13	15	30	10	Masque FFP2	157	0	26	0
S14	15	30	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S15	15	30	10	Vaccination	284	2	47	0
S17	15	30	10	FFP2 + vaccination	112	0	19	0
S18	15	30	10	Masque chirurgical + vaccination	152	0	25	0
S19	15	30	5	Ne rien faire	275	0	46	0
S20	15	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S22	15	30	5	Masque FFP2	26	0	4	0

S23	15	30	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S24	15	30	5	Vaccination	267	0	45	0
S26	15	30	5	FFP2 + vaccination	1	0	0	0
S27	15	30	5	Masque chirurgical + vaccination	21	0	3	0
S28	15	30	2,5	Ne rien faire	250	0	42	0
S29	15	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S31	15	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S32	15	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S33	15	30	2,5	Vaccination	234	0	39	0
S35	15	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S36	15	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S37	15	90	15	Ne rien faire	291	98	49	16
S38	15	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S40	15	90	15	Masque FFP2	196	0	33	0
S41	15	90	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S42	15	90	15	Vaccination	288	47	48	8
S44	15	90	15	FFP2 + vaccination	165	0	28	0
S45	15	90	15	Masque chirurgical + vaccination	192	0	32	0
S46	15	90	10	Ne rien faire	287	17	48	3
S47	15	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S49	15	90	10	Masque FFP2	146	0	24	0
S50	15	90	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S51	15	90	10	Vaccination	282	0	47	0
S53	15	90	10	FFP2 + vaccination	99	0	16	0
S54	15	90	10	Masque chirurgical + vaccination	141	0	23	0

S55	15	90	5	Ne rien faire	272	0	45	0
S56	15	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S58	15	90	5	Masque FFP2	14	0	2	0
S59	15	90	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S60	15	90	5	Vaccination	265	0	44	0
S62	15	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S63	15	90	5	Masque chirurgical + vaccination	8	0	1	0
S64	15	90	2,5	Ne rien faire	246	0	41	0
S65	15	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S67	15	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S68	15	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S69	15	90	2,5	Vaccination	229	0	38	0
S71	15	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S72	15	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S73	15	180	15	Ne rien faire	258	0	43	0
S74	15	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S76	15	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S77	15	180	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S78	15	180	15	Vaccination	246	0	41	0
S80	15	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S81	15	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S82	15	180	10	Ne rien faire	238	0	40	0
S83	15	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S85	15	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S86	15	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0

S87	15	180	10	Vaccination	223	0	37	0
S89	15	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S90	15	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S91	15	180	5	Ne rien faire	175	0	29	0
S92	15	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S94	15	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S95	15	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S96	15	180	5	Vaccination	138	0	23	0
S98	15	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S99	15	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S100	15	180	2,5	Ne rien faire	51	0	9	0
S101	15	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S103	15	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S104	15	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S105	15	180	2,5	Vaccination	10	0	2	0
S107	15	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S108	15	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S109	90	30	15	Ne rien faire	291	117	49	20
S110	90	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S112	90	30	15	Masque FFP2	205	0	34	0
S113	90	30	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S114	90	30	15	Vaccination	289	67	48	11
S116	90	30	15	FFP2 + vaccination	173	0	29	0
S117	90	30	15	Masque chirurgical + vaccination	203	0	34	0
S118	90	30	10	Ne rien faire	286	33	48	6

S119	90	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S121	90	30	10	Masque FFP2	157	0	26	0
S122	90	30	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S123	90	30	10	Vaccination	284	1	47	0
S125	90	30	10	FFP2 + vaccination	115	0	19	0
S126	90	30	10	Masque chirurgical + vaccination	150	0	25	0
S127	90	30	5	Ne rien faire	274	0	46	0
S128	90	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S130	90	30	5	Masque FFP2	25	0	4	0
S131	90	30	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S132	90	30	5	Vaccination	267	0	44	0
S134	90	30	5	FFP2 + vaccination	1	0	0	0
S135	90	30	5	Masque chirurgical + vaccination	18	0	3	0
S136	90	30	2,5	Ne rien faire	251	0	42	0
S137	90	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S139	90	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S140	90	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S141	90	30	2,5	Vaccination	235	0	39	0
S143	90	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S144	90	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S145	90	90	15	Ne rien faire	290	102	48	17
S146	90	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S148	90	90	15	Masque FFP2	196	0	33	0
S149	90	90	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S150	90	90	15	Vaccination	288	41	48	7

S152	90	90	15	FFP2 + vaccination	170	0	28	0
S153	90	90	15	Masque chirurgical + vaccination	192	0	32	0
S154	90	90	10	Ne rien faire	287	22	48	4
S155	90	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S157	90	90	10	Masque FFP2	144	0	24	0
S158	90	90	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S159	90	90	10	Vaccination	282	0	47	0
S161	90	90	10	FFP2 + vaccination	98	0	16	0
S162	90	90	10	Masque chirurgical + vaccination	137	0	23	0
S163	90	90	5	Ne rien faire	273	0	46	0
S164	90	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S166	90	90	5	Masque FFP2	12	0	2	0
S167	90	90	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S168	90	90	5	Vaccination	265	0	44	0
S170	90	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S171	90	90	5	Masque chirurgical + vaccination	10	0	2	0
S172	90	90	2,5	Ne rien faire	243	0	41	0
S173	90	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S175	90	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S176	90	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S177	90	90	2,5	Vaccination	230	0	38	0
S179	90	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S180	90	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S181	90	180	15	Ne rien faire	260	0	43	0
S182	90	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0

S184	90	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S185	90	180	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S186	90	180	15	Vaccination	248	0	41	0
S188	90	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S189	90	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S190	90	180	10	Ne rien faire	237	0	39	0
S191	90	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S193	90	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S194	90	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S195	90	180	10	Vaccination	221	0	37	0
S197	90	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S198	90	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S199	90	180	5	Ne rien faire	176	0	29	0
S200	90	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S202	90	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S203	90	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S204	90	180	5	Vaccination	140	0	23	0
S206	90	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S207	90	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S208	90	180	2,5	Ne rien faire	56	0	9	0
S209	90	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S211	90	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S212	90	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S213	90	180	2,5	Vaccination	11	0	2	0
S215	90	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0

S216	90	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
------	----	-----	-----	----------------------------------	---	---	---	---

Tableau 43 Résultats de la modélisation pour les différents scénarios envisagés par les experts pour la transmission du virus influenza A H3N2 (souches distantes de la souche vaccinale de référence) de l'être humain au porc et exprimés en pourcentage d'infection réussie

Scénario	Activité			Option de protection	Réceptivité = 30% HID ₅₀			
	Durée (min)	Distance (cm)	Ventilation Renouvellement d'air (min)		Limite	Limite	Limite	Limite
					inférieure	supérieure	inférieure	supérieure
					90	1950	90	1950
				copies	copies	copies	copies	
				ARN	ARN	ARN	ARN	
S01	15	30	15	Ne rien faire	29,2	11,8	4,9	2
S02	15	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S04	15	30	15	Masque FFP2	20,4	0	3,4	0
S05	15	30	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S06	15	30	15	Vaccination	28,9	6,6	4,8	1,1
S08	15	30	15	FFP2 + vaccination	17,4	0	2,9	0
S09	15	30	15	Masque chirurgical + vaccination	20	0	3,3	0
S10	15	30	10	Ne rien faire	28,7	3,1	4,8	0,5
S11	15	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S13	15	30	10	Masque FFP2	15,7	0	2,6	0
S14	15	30	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S15	15	30	10	Vaccination	28,4	0,2	4,7	0
S17	15	30	10	FFP2 + vaccination	11,2	0	1,9	0
S18	15	30	10	Masque chirurgical + vaccination	15,2	0	2,5	0
S19	15	30	5	Ne rien faire	27,5	0	4,6	0
S20	15	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S22	15	30	5	Masque FFP2	2,6	0	0,4	0

S23	15	30	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S24	15	30	5	Vaccination	26,7	0	4,5	0
S26	15	30	5	FFP2 + vaccination	0,1	0	0	0
S27	15	30	5	Masque chirurgical + vaccination	2,1	0	0,3	0
S28	15	30	2,5	Ne rien faire	25	0	4,2	0
S29	15	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S31	15	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S32	15	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S33	15	30	2,5	Vaccination	23,4	0	3,9	0
S35	15	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S36	15	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S37	15	90	15	Ne rien faire	29,1	9,8	4,9	1,6
S38	15	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S40	15	90	15	Masque FFP2	19,6	0	3,3	0
S41	15	90	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S42	15	90	15	Vaccination	28,8	4,7	4,8	0,8
S44	15	90	15	FFP2 + vaccination	16,5	0	2,8	0
S45	15	90	15	Masque chirurgical + vaccination	19,2	0	3,2	0
S46	15	90	10	Ne rien faire	28,7	1,7	4,8	0,3
S47	15	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S49	15	90	10	Masque FFP2	14,6	0	2,4	0
S50	15	90	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S51	15	90	10	Vaccination	28,2	0	4,7	0
S53	15	90	10	FFP2 + vaccination	9,9	0	1,6	0
S54	15	90	10	Masque chirurgical + vaccination	14,1	0	2,3	0

S55	15	90	5	Ne rien faire	27,2	0	4,5	0
S56	15	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S58	15	90	5	Masque FFP2	1,4	0	0,2	0
S59	15	90	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S60	15	90	5	Vaccination	26,5	0	4,4	0
S62	15	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S63	15	90	5	Masque chirurgical + vaccination	0,8	0	0,1	0
S64	15	90	2,5	Ne rien faire	24,6	0	4,1	0
S65	15	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S67	15	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S68	15	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S69	15	90	2,5	Vaccination	22,9	0	3,8	0
S71	15	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S72	15	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S73	15	180	15	Ne rien faire	25,8	0	4,3	0
S74	15	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S76	15	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S77	15	180	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S78	15	180	15	Vaccination	24,6	0	4,1	0
S80	15	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S81	15	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S82	15	180	10	Ne rien faire	23,8	0	4	0
S83	15	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S85	15	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S86	15	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0

S87	15	180	10	Vaccination	22,3	0	3,7	0
S89	15	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S90	15	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S91	15	180	5	Ne rien faire	17,5	0	2,9	0
S92	15	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S94	15	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S95	15	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S96	15	180	5	Vaccination	13,8	0	2,3	0
S98	15	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S99	15	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S100	15	180	2,5	Ne rien faire	5,1	0	0,9	0
S101	15	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S103	15	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S104	15	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S105	15	180	2,5	Vaccination	1	0	0,2	0
S107	15	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S108	15	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S109	90	30	15	Ne rien faire	29,1	11,7	4,9	2
S110	90	30	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S112	90	30	15	Masque FFP2	20,5	0	3,4	0
S113	90	30	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S114	90	30	15	Vaccination	28,9	6,7	4,8	1,1
S116	90	30	15	FFP2 + vaccination	17,3	0	2,9	0
S117	90	30	15	Masque chirurgical + vaccination	20,3	0	3,4	0
S118	90	30	10	Ne rien faire	28,6	3,3	4,8	0,6

S119	90	30	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S121	90	30	10	Masque FFP2	15,7	0	2,6	0
S122	90	30	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S123	90	30	10	Vaccination	28,4	0,1	4,7	0
S125	90	30	10	FFP2 + vaccination	11,5	0	1,9	0
S126	90	30	10	Masque chirurgical + vaccination	15	0	2,5	0
S127	90	30	5	Ne rien faire	27,4	0	4,6	0
S128	90	30	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S130	90	30	5	Masque FFP2	2,5	0	0,4	0
S131	90	30	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S132	90	30	5	Vaccination	26,7	0	4,4	0
S134	90	30	5	FFP2 + vaccination	0,1	0	0	0
S135	90	30	5	Masque chirurgical + vaccination	1,8	0	0,3	0
S136	90	30	2,5	Ne rien faire	25,1	0	4,2	0
S137	90	30	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S139	90	30	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S140	90	30	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S141	90	30	2,5	Vaccination	23,5	0	3,9	0
S143	90	30	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S144	90	30	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S145	90	90	15	Ne rien faire	29	10,2	4,8	1,7
S146	90	90	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S148	90	90	15	Masque FFP2	19,6	0	3,3	0
S149	90	90	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S150	90	90	15	Vaccination	28,8	4,1	4,8	0,7

S152	90	90	15	FFP2 + vaccination	17	0	2,8	0
S153	90	90	15	Masque chirurgical + vaccination	19,2	0	3,2	0
S154	90	90	10	Ne rien faire	28,7	2,2	4,8	0,4
S155	90	90	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S157	90	90	10	Masque FFP2	14,4	0	2,4	0
S158	90	90	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S159	90	90	10	Vaccination	28,2	0	4,7	0
S161	90	90	10	FFP2 + vaccination	9,8	0	1,6	0
S162	90	90	10	Masque chirurgical + vaccination	13,7	0	2,3	0
S163	90	90	5	Ne rien faire	27,3	0	4,6	0
S164	90	90	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S166	90	90	5	Masque FFP2	1,2	0	0,2	0
S167	90	90	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S168	90	90	5	Vaccination	26,5	0	4,4	0
S170	90	90	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S171	90	90	5	Masque chirurgical + vaccination	1	0	0,2	0
S172	90	90	2,5	Ne rien faire	24,3	0	4,1	0
S173	90	90	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S175	90	90	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S176	90	90	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S177	90	90	2,5	Vaccination	23	0	3,8	0
S179	90	90	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S180	90	90	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S181	90	180	15	Ne rien faire	26	0	4,3	0
S182	90	180	15	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0

S184	90	180	15	Masque FFP2	0	0	0	0
S185	90	180	15	Masque chirurgical	0	0	0	0
S186	90	180	15	Vaccination	24,8	0	4,1	0
S188	90	180	15	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S189	90	180	15	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S190	90	180	10	Ne rien faire	23,7	0	3,9	0
S191	90	180	10	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S193	90	180	10	Masque FFP2	0	0	0	0
S194	90	180	10	Masque chirurgical	0	0	0	0
S195	90	180	10	Vaccination	22,1	0	3,7	0
S197	90	180	10	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S198	90	180	10	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S199	90	180	5	Ne rien faire	17,6	0	2,9	0
S200	90	180	5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S202	90	180	5	Masque FFP2	0	0	0	0
S203	90	180	5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S204	90	180	5	Vaccination	14	0	2,3	0
S206	90	180	5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0
S207	90	180	5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
S208	90	180	2,5	Ne rien faire	5,6	0	0,9	0
S209	90	180	2,5	Non entrée porcherie si signes cliniques	0	0	0	0
S211	90	180	2,5	Masque FFP2	0	0	0	0
S212	90	180	2,5	Masque chirurgical	0	0	0	0
S213	90	180	2,5	Vaccination	1,1	0	0,2	0
S215	90	180	2,5	FFP2 + vaccination	0	0	0	0

S216	90	180	2,5	Masque chirurgical + vaccination	0	0	0	0
------	----	-----	-----	----------------------------------	---	---	---	---

Annexe 23 : Exemples de simulations pour le modèle des swIAV en élevage

➤ Transmission aéroportée continue par les flux d'air entre secteurs

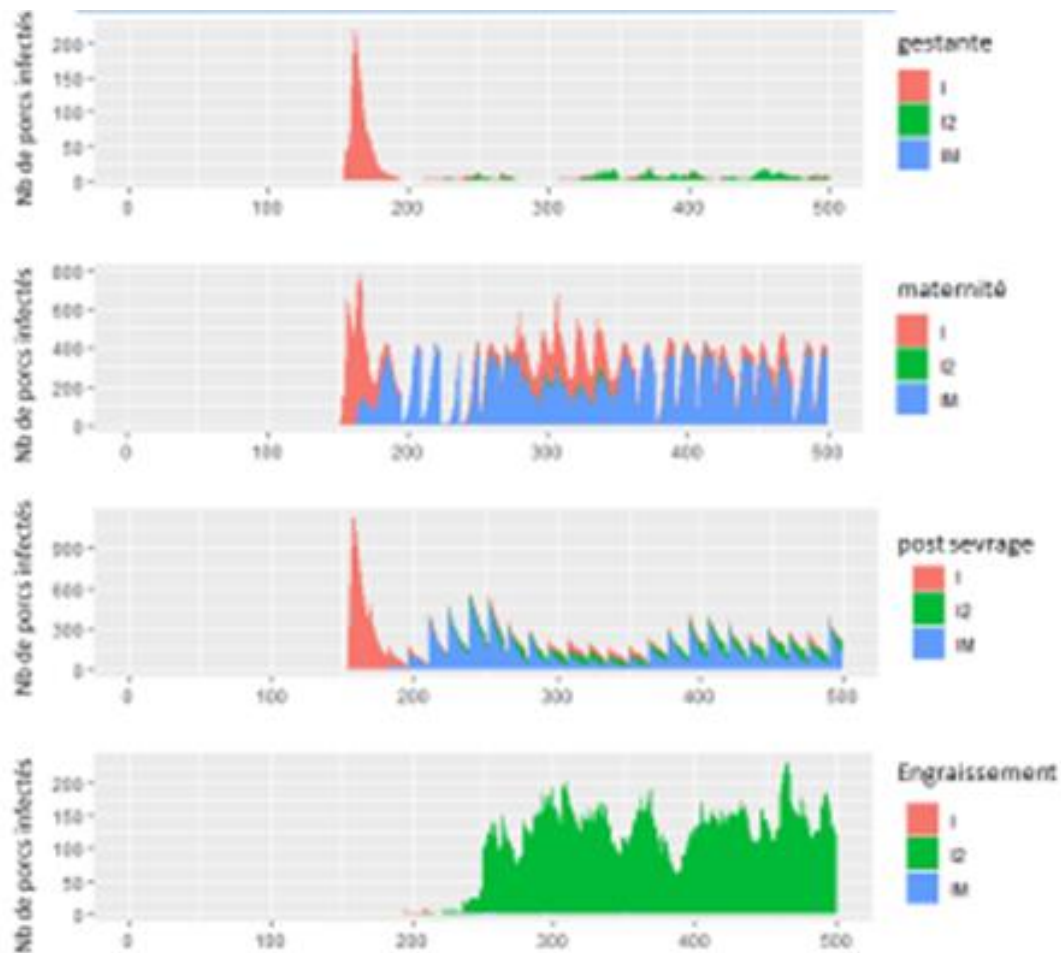


Figure 36 : Exemple de simulations illustrant les nombres d'animaux infectés dans les différents secteurs de l'élevage (gestante, maternité, post-sevrage, engraissement) selon l'hypothèse de transmission aéroportée continue.

I: infection primaire, I2 : infection secondaire, IM: infection sous immunité maternelle. Exemple de l'élevage B.

➤ Transmission aéroportée ponctuelle lié aux mouvements d'animaux

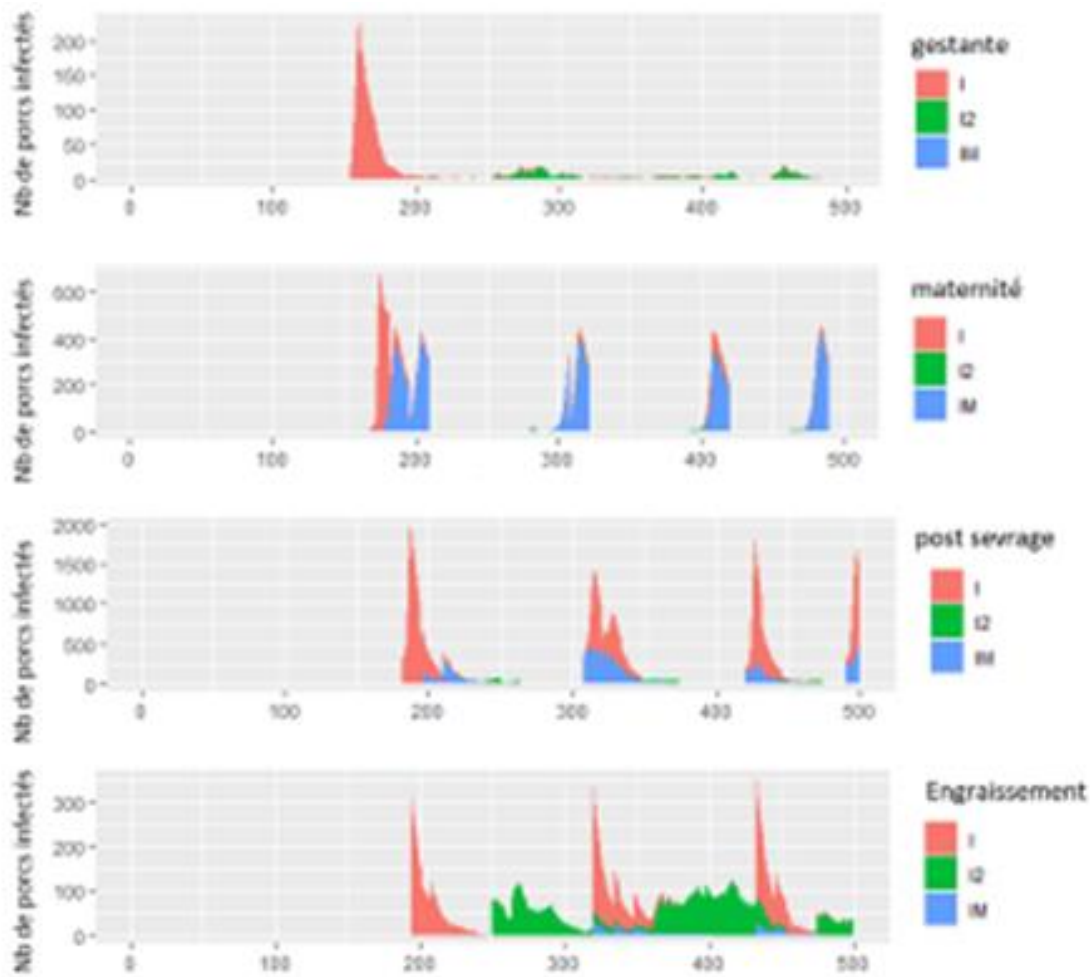


Figure 37 Exemple de simulations illustrant les nombres d'animaux infectés dans les différents secteurs de l'élevage (gestante, maternité, post-sevrage, engraissement) selon l'hypothèse de transmission aéroportée ponctuelle.

I: infection primaire, I2 : infection secondaire, IM: infection sous immunité maternelle. Exemple de l'élevage B.

Annexe 24 : Exercice TIPRA

L'outil TIPRA (*Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment*) a été mis au point pour fournir une approche normalisée et transparente en appui de l'évaluation du risque que des virus influenza soient susceptibles de provoquer une pandémie. Il s'inspire de l'outil IRAT (*Influenza risk assessment tool*) des *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC) des États-Unis¹³⁷.

Cet outil a été développé suite à consultations d'experts techniques et a été utilisé pour la première fois en 2016 après quatre essais pilotes. Les commentaires des experts recueillis lors des évaluations réalisées entre mai 2016 et mai 2019 ont guidé la révision de l'outil et la version 2 de TIPRA a été publiée en janvier 2020¹³⁸.

La version 2 de TIPRA comporte 10 éléments de risque :

« A. Propriétés du virus

- propriétés de liaison aux récepteurs
- caractéristiques génomiques
- transmission dans des modèles animaux
- sensibilité aux traitements antiviraux

B. Attributs dans la population humaine

- infection humaine
- gravité de la maladie
- immunité de la population (probabilité)
- immunité de la population (impact)

C. Écologie et épidémiologie du virus chez les hôtes non humains

- répartition géographique chez les animaux
- infections chez les animaux. »

Des experts techniques notent les éléments de risque conformément aux définitions établies pour la stratification des risques et sur la base des informations et des connaissances disponibles sur le virus au moment de l'évaluation. Ils documentent également leur confiance dans l'étendue et la qualité des informations utilisées pour évaluer les éléments de risque. Un modèle additif multi-attributs est ensuite utilisé pour combiner les scores des éléments de risque à l'aide d'un algorithme d'évaluation standardisé et d'un processus d'évaluation pour générer des scores (échelles de 1 à 10) de risque de probabilité et d'impact en cas de pandémie. La détermination de ces scores permet également de comparer entre eux les niveaux de risque estimés pour différents virus.

Les évaluations de risque sont effectuées par l'OMS via l'organisation de consultations associant des experts internationaux en santé publique, en santé animale et en recherche en virologie, en étroite collaboration avec le ou les États membres touchés par le virus considéré. Ces évaluations impliquent systématiquement des experts du Système mondial de surveillance de la grippe et d'intervention (GISRS), notamment des Centres collaborateurs de l'OMS (CC OMS), de l'Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), de l'Organisation mondiale de la santé animale (OMSA), des bureaux régionaux de l'OMS et

¹³⁷ [Influenza Risk Assessment Tool \(IRAT\) | Pandemic Influenza \(Flu\) | CDC](#) lien vérifié le 18/06/24.

¹³⁸ [https://www.who.int/publications-detail-redirect/tool-for-influenza-pandemic-risk-assessment-\(tipra\)-2nd-edition](https://www.who.int/publications-detail-redirect/tool-for-influenza-pandemic-risk-assessment-(tipra)-2nd-edition) lien vérifié le 18/06/24.

d'institutions universitaires partenaires. Ainsi, l'évaluation des risques s'appuie sur les informations les plus récentes et les plus complètes disponibles sur le virus étudié, l'étendue de sa circulation chez les animaux et le nombre et la gravité des infections chez l'être humain.

Annexe 25 : Méthode d'estimation du nombre de copies de gène M de virus influenza porcine présentes dans des prélèvements d'air



Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort
Unité Virologie Immunologie Porcines
Laboratoire National de Référence Influenza Porcine

Estimation du nombre de copies de gène M de virus influenza porcine présentes dans des prélèvements d'air

Objectif

Estimer, à partir des valeurs de Ct de RT-qPCR gène M *in house* obtenues suite à analyses qualitatives de prélèvements d'air (prélèvements réalisés avec le système « Coriolis Micro » ou avec le système « Biodisi », avec ou sans concentration du prélèvement liquide réceptionné ; 3 méthodes d'extraction des ARN viraux), le nombre de copies de ce gène M présentes par m³ d'air prélevé, ceci en utilisant l'équation d'une gamme standard obtenue par ailleurs via l'analyse, par cette même RT-qPCR gène M *in house*, de dilutions successives d'un ARN transcrit du gène M.

Méthode

Gamme standard : L'équation de la gamme standard retenue pour calculer le nombre de copies de gène M présent dans les prélèvements d'air est celle d'une gamme réalisée pour valider un nouveau lot d'ARN transcrit du gène M (lot produit par le LNR IP) avant inclusion dans la RT-qPCR gène M *in house* quantitative. Les huit points de gamme de raison 10 déposés en double cupule (dilutions 10⁻¹ à 10⁻⁸) ont été retenus pour obtenir l'équation de cette gamme standard.

Principe de calcul du nombre de copies d'ARN à partir de l'équation de la gamme standard :

$$Y = \text{Slope} * \text{LOG}(X) + \text{intercept}$$

$$Y = Ct ; X = \text{nb de copies}$$

$$Ct = \text{Slope} * \text{LOG}(\text{nb de copies}) + \text{intercept}$$

$$\text{LOG}(\text{nb de copies}) = (Ct - \text{intercept}) / \text{Slope}$$

$$\text{Nb de copies} = \text{PUISSANCE}(10, \text{LOG}(\text{nb de copies}))$$

L'équation de la gamme est :

$$Y = -3.444 * \text{LOG}(X) + 41.70$$

Efficacité 93,1% et R²=0,998

$$\text{LOG}(\text{nb de copies}) = (Ct - 41.70) / -3.444$$

$$\text{Nb de copies} = \text{PUISSANCE}(10, \text{LOG}(\text{nb de copies}))$$

Exemple

Prélèvement d'air réalisé avec le système Coriolis micro à raison de 300 l/min pendant 10 min : Volume total d'air prélevé = 3 m³

Le volume d'échantillon liquide récolté à la fin du prélèvement est de 12 ml.

Cet échantillon a été concentré et un volume de 1 ml a été récolté après concentration.

L'extraction d'ARN a été réalisée à partir de 200 µl de cet échantillon concentré (soit 1/3).

On récupère un extrait d'ARN de 75 µl.

La RT-qPCR est lancée sur 5 µl de cet extrait d'ARN (soit 1/15 de l'extrait).

Le Ct obtenu lors de la RT-PCR gène M est 32.

Calcul du nombre de copies :

$$\text{LOG (nb de copies)} = (32 - 41.70) / -3.444$$

$$\text{LOG (nb de copies)} = 2.82$$

$$\text{Nb de copies} = \text{PUISSANCE (10, LOG (nb de copies))}$$

$$\text{Nb de copies dans 5 µl d'extrait} = 655.38 \text{ copies}$$

$$\text{Nb de copies dans 75 µl d'extrait} > 655.38 * 15 = 9830.7 \text{ copies}$$

$$\text{Nb de copies dans le prélèvement d'air} > 9830.7 * 5 = 49153.42 \text{ copies}$$

Ici c'est un volume équivalent à 3 m³ d'air qui a été prélevé, donc :

$$\text{Nb de copies par m}^3 \text{ d'air} > 49153.42 / 3 = 1.64.10^4 \text{ copies/m}^3$$

Limites de cette estimation rétrospective

- **Liées aux prélèvements d'air (technologie utilisée, méthode de traitement)**

Les prélèvements d'air ont été réalisés avec deux technologies différentes (d'efficacités comparables ?) et dans des environnements différents. En fonction de la « qualité » du prélèvement, il n'est pas exclu qu'il puisse y avoir des phénomènes d'inhibition durant la RT-qPCR (ex. prélèvement très chargé en composants physiques/chimiques si issu d'un élevage avec un faible taux de renouvellement d'air, un environnement poussiéreux ?). Les prélèvements d'air peuvent être très hétérogènes en fonction de la technologie utilisée et du lieu de prélèvement et sont donc a priori assez difficiles à normaliser. L'étape de concentration peut, de plus, avoir un impact sur la qualité du prélèvement avant extraction.

Il faudrait pouvoir qualifier la « qualité » de l'air prélevé : température, hygrométrie, nombre de particules physiques/chimiques en suspension, nombre d'animaux par m³ d'air prélevé ?

- **Liées à l'extraction des ARN viraux**

Les méthodes d'extraction des ARN viraux n'ont pas toutes la même efficacité, laquelle peut dépendre de la matrice sur lesquelles elles sont appliquées. Trois méthodes d'extraction ont été utilisées, mais elles n'ont pas toutes le même « rendement » sur ces liquides récupérés et concentrés après prélèvements d'air.

- **Liées à la gamme standard**

La gamme utilisée n'a pas été testée lors de chaque expérience de RT-qPCR *in house* sur prélèvements d'air (théoriquement, quand on met en œuvre une RT-qPCR quantitative on analyse une gamme en parallèle des échantillons à tester).

La gamme utilisée (représentative des gammes régulièrement obtenues) couvre la zone de linéarité de la RT-qPCR *in house* correspondant à la gamme de dilution de 10^{-1} à 10^{-8} de l'ARN transcrit du gène M. Le Ct moyen obtenu pour le point de gamme 10^{-8} est de 34.04. Tous les Ct ayant une valeur supérieure sont donc en dehors de cette zone de linéarité vérifiée. Le calcul du nombre de copies pour des Ct > 34.04 se base donc sur une extrapolation de la portion de droite sur laquelle il est recommandé d'utiliser l'équation de la gamme standard. En dehors de cette zone de linéarité vérifiée, on ne peut présumer de l'efficacité de la RT-qPCR, laquelle est donc peut-être sur-estimée dans le calcul du nombre de copies.

Conclusion/recommandations

Nous avons calculé ici un nombre de copies du gène M du virus influenza de type A à partir de prélèvements d'air réalisés avec deux appareils de technologies différentes, avec des temps de prélèvements différents. Certains prélèvements ont subi une étape de concentration, d'autres non. Trois méthodes d'extraction ont été utilisées. Les RT-qPCR gène M *in house* qualitatives ont été réalisées à des moments différents. La RT-qPCR *in house* quantitative ayant donné l'équation permettant de calculer le nombre de copies a été réalisée séparément et les Ct situés en dehors de la zone de linéarité n'ont pas été exclus.

Il est donc recommandé d'estimer les incertitudes liées à tous ces paramètres et d'interpréter avec précaution l'ensemble de ces résultats.

Dans l'idéal, pour limiter les biais et pouvoir comparer des résultats, il conviendrait de sélectionner des élevages ayant des caractéristiques environnementales similaires, d'utiliser une seule technologie et une seule durée de prélèvement, une seule méthode d'extraction (regrouper les analyses), et de réaliser une gamme standard dans la même RT-qPCR que celle dans laquelle sont traités les échantillons et ne considérer que les Ct situés dans la zone de linéarité de la gamme étalon pour le calcul du nombre de copies.

Enfin, le nombre estimé de copies de gène M/m³ d'air ne présume pas de la quantité effective de particules virales infectieuses au moment du prélèvement.

Annexe 26 : Nombres d'itérations aboutissant à l'infection d'un être humain et pourcentages correspondants selon les différents scénarios envisagés par les experts

Tableau 44 : Nombres d'itérations (sur un total de 1000) aboutissant à l'infection d'un être humain et pourcentages correspondants selon les différents scénarios envisagés par les experts

Scénario	Durée de l'activité (min)	Ventilation Renouvellement de l'air (min)	Option de maîtrise	Sous-type de swIAV	Réceptivité de l'être humain	Nombre d'infections humaines pour 1000 itérations		% d'itérations correspondant à une infection humaine	
						HID ₅₀	HID ₅₀	HID ₅₀	HID ₅₀
						Limite inférieure 90 copies d'ARN	Limite supérieure 1950 copies d'ARN	Limite inférieure 90 copies d'ARN	Limite supérieure 1950 copies d'ARN
S01	15	15	Ne rien faire	H1N1pdm09	100%	981	784	98	78
S02	15	15	Port d'un masque FFP2	H1N1pdm09	100%	850	393	85	39
S03	15	15	Vaccination des porcs 25%	H1N1pdm09	100%	975	744	98	74
S04	15	15	Vaccination des porcs 50%	H1N1pdm09	100%	967	690	97	69
S05	15	15	Vaccination des porcs 75%	H1N1pdm09	100%	935	568	94	57
S06	15	15	FFP2 & Vacc 25%	H1N1pdm09	100%	825	341	83	34
S07	15	15	FFP2 & Vacc 50%	H1N1pdm09	100%	777	281	78	28
S08	15	15	FFP2 & Vacc 75%	H1N1pdm09	100%	674	190	67	19
S09	15	10	Ne rien faire	H1N1pdm09	100%	973	727	97	73
S10	15	10	Port d'un masque FFP2	H1N1pdm09	100%	818	325	82	33
S11	15	10	Vaccination des porcs 25%	H1N1pdm09	100%	963	688	96	69
S12	15	10	Vaccination des porcs 50%	H1N1pdm09	100%	949	615	95	62

S13	15	10	Vaccination des porcs 75%	H1N1pdm09	100%	913	493	91	49
S14	15	10	FFP2 & Vacc 25%	H1N1pdm09	100%	769	274	77	27
S15	15	10	FFP2 & Vacc 50%	H1N1pdm09	100%	722	222	72	22
S16	15	10	FFP2 & Vacc 75%	H1N1pdm09	100%	230	19	23	2
S17	15	5	Ne rien faire	H1N1pdm09	100%	946	607	95	61
S18	15	5	Port d'un masque FFP2	H1N1pdm09	100%	726	225	73	23
S19	15	5	Vaccination des porcs 25%	H1N1pdm09	100%	936	571	94	57
S20	15	5	Vaccination des porcs 50%	H1N1pdm09	100%	910	503	91	50
S21	15	5	Vaccination des porcs 75%	H1N1pdm09	100%	853	379	85	38
S22	15	5	FFP2 & Vacc 25%	H1N1pdm09	100%	677	188	68	19
S23	15	5	FFP2 & Vacc 50%	H1N1pdm09	100%	610	137	61	14
S24	15	5	FFP2 & Vacc 75%	H1N1pdm09	100%	484	83	48	8
S25	15	2,5	Ne rien faire	H1N1pdm09	100%	909	500	91	50
S26	15	2,5	Port d'un masque FFP2	H1N1pdm09	100%	607	140	61	14
S27	15	2,5	Vaccination des porcs 25%	H1N1pdm09	100%	886	451	89	45
S28	15	2,5	Vaccination des porcs 50%	H1N1pdm09	100%	848	377	85	38
S29	15	2,5	Vaccination des porcs 75%	H1N1pdm09	100%	767	271	77	27
S30	15	2,5	FFP2 & Vacc 25%	H1N1pdm09	100%	568	116	57	12
S31	15	2,5	FFP2 & Vacc 50%	H1N1pdm09	100%	486	88	49	9
S32	15	2,5	FFP2 & Vacc 75%	H1N1pdm09	100%	372	49	37	5
S33	15	15	Ne rien faire	Autre	5%	49	39	5	4
S34	15	15	Port d'un masque FFP2	Autre	5%	43	20	4	2
S35	15	15	Vaccination des porcs 25%	Autre	5%	49	37	5	4
S36	15	15	Vaccination des porcs 50%	Autre	5%	48	35	5	4
S37	15	15	Vaccination des porcs 75%	Autre	5%	47	28	5	3

S38	15	15	FFP2 & Vacc 25%	Autre	5%	41	17	4	2
S39	15	15	FFP2 & Vacc 50%	Autre	5%	39	14	4	1
S40	15	15	FFP2 & Vacc 75%	Autre	5%	34	10	3	1
S41	15	10	Ne rien faire	Autre	5%	49	36	5	4
S42	15	10	Port d'un masque FFP2	Autre	5%	41	16	4	2
S43	15	10	Vaccination des porcs 25%	Autre	5%	48	34	5	3
S44	15	10	Vaccination des porcs 50%	Autre	5%	47	31	5	3
S45	15	10	Vaccination des porcs 75%	Autre	5%	46	25	5	3
S46	15	10	FFP2 & Vacc 25%	Autre	5%	38	14	4	1
S47	15	10	FFP2 & Vacc 50%	Autre	5%	36	11	4	1
S48	15	10	FFP2 & Vacc 75%	Autre	5%	12	1	1	0
S49	15	5	Ne rien faire	Autre	5%	47	30	5	3
S50	15	5	Port d'un masque FFP2	Autre	5%	36	11	4	1
S51	15	5	Vaccination des porcs 25%	Autre	5%	47	29	5	3
S52	15	5	Vaccination des porcs 50%	Autre	5%	46	25	5	3
S53	15	5	Vaccination des porcs 75%	Autre	5%	43	19	4	2
S54	15	5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	5%	34	9	3	1
S55	15	5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	5%	31	7	3	1
S56	15	5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	5%	24	4	2	0
S57	15	2,5	Ne rien faire	Autre	5%	45	25	5	3
S58	15	2,5	Port d'un masque FFP2	Autre	5%	30	7	3	1
S59	15	2,5	Vaccination des porcs 25%	Autre	5%	44	23	4	2
S60	15	2,5	Vaccination des porcs 50%	Autre	5%	42	19	4	2
S61	15	2,5	Vaccination des porcs 75%	Autre	5%	38	14	4	1
S62	15	2,5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	5%	28	6	3	1

S63	15	2,5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	5%	24	4	2	0
S64	15	2,5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	5%	19	2	2	0
S65	15	15	Ne rien faire	Autre	25%	245	196	25	20
S66	15	15	Port d'un masque FFP2	Autre	25%	213	98	21	10
S67	15	15	Vaccination des porcs 25%	Autre	25%	244	186	24	19
S68	15	15	Vaccination des porcs 50%	Autre	25%	242	173	24	17
S69	15	15	Vaccination des porcs 75%	Autre	25%	234	142	23	14
S70	15	15	FFP2 & Vacc 25%	Autre	25%	206	85	21	9
S71	15	15	FFP2 & Vacc 50%	Autre	25%	194	70	19	7
S72	15	15	FFP2 & Vacc 75%	Autre	25%	169	48	17	5
S73	15	10	Ne rien faire	Autre	25%	243	182	24	18
S74	15	10	Port d'un masque FFP2	Autre	25%	205	81	21	8
S75	15	10	Vaccination des porcs 25%	Autre	25%	241	172	24	17
S76	15	10	Vaccination des porcs 50%	Autre	25%	237	154	24	15
S77	15	10	Vaccination des porcs 75%	Autre	25%	228	123	23	12
S78	15	10	FFP2 & Vacc 25%	Autre	25%	192	69	19	7
S79	15	10	FFP2 & Vacc 50%	Autre	25%	181	56	18	6
S80	15	10	FFP2 & Vacc 75%	Autre	25%	58	5	6	1
S81	15	5	Ne rien faire	Autre	25%	237	152	24	15
S82	15	5	Port d'un masque FFP2	Autre	25%	182	56	18	6
S83	15	5	Vaccination des porcs 25%	Autre	25%	234	143	23	14
S84	15	5	Vaccination des porcs 50%	Autre	25%	228	126	23	13
S85	15	5	Vaccination des porcs 75%	Autre	25%	213	95	21	10
S86	15	5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	25%	169	47	17	5
S87	15	5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	25%	153	34	15	3

S88	15	5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	25%	121	21	12	2
S89	15	2,5	Ne rien faire	Autre	25%	227	125	23	13
S90	15	2,5	Port d'un masque FFP2	Autre	25%	152	35	15	4
S91	15	2,5	Vaccination des porcs 25%	Autre	25%	222	113	22	11
S92	15	2,5	Vaccination des porcs 50%	Autre	25%	212	94	21	9
S93	15	2,5	Vaccination des porcs 75%	Autre	25%	192	68	19	7
S94	15	2,5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	25%	142	29	14	3
S95	15	2,5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	25%	122	22	12	2
S96	15	2,5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	25%	93	12	9	1
S97	15	15	Ne rien faire	Autre	50%	491	392	49	39
S98	15	15	Port d'un masque FFP2	Autre	50%	425	197	43	20
S99	15	15	Vaccination des porcs 25%	Autre	50%	488	372	49	37
S100	15	15	Vaccination des porcs 50%	Autre	50%	484	345	48	35
S101	15	15	Vaccination des porcs 75%	Autre	50%	468	284	47	28
S102	15	15	FFP2 & Vacc 25%	Autre	50%	413	171	41	17
S103	15	15	FFP2 & Vacc 50%	Autre	50%	389	141	39	14
S104	15	15	FFP2 & Vacc 75%	Autre	50%	337	95	34	10
S105	15	10	Ne rien faire	Autre	50%	487	364	49	36
S106	15	10	Port d'un masque FFP2	Autre	50%	409	163	41	16
S107	15	10	Vaccination des porcs 25%	Autre	50%	482	344	48	34
S108	15	10	Vaccination des porcs 50%	Autre	50%	475	308	48	31
S109	15	10	Vaccination des porcs 75%	Autre	50%	457	247	46	25
S110	15	10	FFP2 & Vacc 25%	Autre	50%	385	137	39	14
S111	15	10	FFP2 & Vacc 50%	Autre	50%	361	111	36	11
S112	15	10	FFP2 & Vacc 75%	Autre	50%	115	10	12	1

S113	15	5	Ne rien faire	Autre	50%	473	304	47	30
S114	15	5	Port d'un masque FFP2	Autre	50%	363	113	36	11
S115	15	5	Vaccination des porcs 25%	Autre	50%	468	286	47	29
S116	15	5	Vaccination des porcs 50%	Autre	50%	455	252	46	25
S117	15	5	Vaccination des porcs 75%	Autre	50%	427	190	43	19
S118	15	5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	50%	339	94	34	9
S119	15	5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	50%	305	69	31	7
S120	15	5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	50%	242	42	24	4
S121	15	2,5	Ne rien faire	Autre	50%	455	250	46	25
S122	15	2,5	Port d'un masque FFP2	Autre	50%	304	70	30	7
S123	15	2,5	Vaccination des porcs 25%	Autre	50%	443	226	44	23
S124	15	2,5	Vaccination des porcs 50%	Autre	50%	424	189	42	19
S125	15	2,5	Vaccination des porcs 75%	Autre	50%	384	136	38	14
S126	15	2,5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	50%	284	58	28	6
S127	15	2,5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	50%	243	44	24	4
S128	15	2,5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	50%	186	25	19	3
S129	15	15	Ne rien faire	Autre	75%	736	588	74	59
S130	15	15	Port d'un masque FFP2	Autre	75%	638	295	64	30
S131	15	15	Vaccination des porcs 25%	Autre	75%	731	558	73	56
S132	15	15	Vaccination des porcs 50%	Autre	75%	725	518	73	52
S133	15	15	Vaccination des porcs 75%	Autre	75%	701	426	70	43
S134	15	15	FFP2 & Vacc 25%	Autre	75%	619	256	62	26
S135	15	15	FFP2 & Vacc 50%	Autre	75%	583	211	58	21
S136	15	15	FFP2 & Vacc 75%	Autre	75%	506	143	51	14
S137	15	10	Ne rien faire	Autre	75%	730	545	73	55

S138	15	10	Port d'un masque FFP2	Autre	75%	614	244	61	24
S139	15	10	Vaccination des porcs 25%	Autre	75%	722	516	72	52
S140	15	10	Vaccination des porcs 50%	Autre	75%	712	461	71	46
S141	15	10	Vaccination des porcs 75%	Autre	75%	685	370	69	37
S142	15	10	FFP2 & Vacc 25%	Autre	75%	577	206	58	21
S143	15	10	FFP2 & Vacc 50%	Autre	75%	542	167	54	17
S144	15	10	FFP2 & Vacc 75%	Autre	75%	173	14	17	1
S145	15	5	Ne rien faire	Autre	75%	710	455	71	46
S146	15	5	Port d'un masque FFP2	Autre	75%	545	169	55	17
S147	15	5	Vaccination des porcs 25%	Autre	75%	702	428	70	43
S148	15	5	Vaccination des porcs 50%	Autre	75%	683	377	68	38
S149	15	5	Vaccination des porcs 75%	Autre	75%	640	284	64	28
S150	15	5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	75%	508	141	51	14
S151	15	5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	75%	458	103	46	10
S152	15	5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	75%	363	62	36	6
S153	15	2,5	Ne rien faire	Autre	75%	682	375	68	38
S154	15	2,5	Port d'un masque FFP2	Autre	75%	455	105	46	11
S155	15	2,5	Vaccination des porcs 25%	Autre	75%	665	338	67	34
S156	15	2,5	Vaccination des porcs 50%	Autre	75%	636	283	64	28
S157	15	2,5	Vaccination des porcs 75%	Autre	75%	575	203	58	20
S158	15	2,5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	75%	426	87	43	9
S159	15	2,5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	75%	365	66	37	7
S160	15	2,5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	75%	279	37	28	4
S161	90	15	Ne rien faire	H1N1pdm09	100%	980	783	98	78
S162	90	15	Port d'un masque FFP2	H1N1pdm09	100%	852	395	85	40

S163	90	15	Vaccination des porcs 25%	H1N1pdm09	100%	973	744	97	74
S164	90	15	Vaccination des porcs 50%	H1N1pdm09	100%	966	687	97	69
S165	90	15	Vaccination des porcs 75%	H1N1pdm09	100%	934	571	93	57
S166	90	15	FFP2 & Vacc 25%	H1N1pdm09	100%	825	349	83	35
S167	90	15	FFP2 & Vacc 50%	H1N1pdm09	100%	776	276	78	28
S168	90	15	FFP2 & Vacc 75%	H1N1pdm09	100%	676	190	68	19
S169	90	10	Ne rien faire	H1N1pdm09	100%	973	724	97	72
S170	90	10	Port d'un masque FFP2	H1N1pdm09	100%	811	323	81	32
S171	90	10	Vaccination des porcs 25%	H1N1pdm09	100%	967	689	97	69
S172	90	10	Vaccination des porcs 50%	H1N1pdm09	100%	949	618	95	62
S173	90	10	Vaccination des porcs 75%	H1N1pdm09	100%	911	506	91	51
S174	90	10	FFP2 & Vacc 25%	H1N1pdm09	100%	785	273	79	27
S175	90	10	FFP2 & Vacc 50%	H1N1pdm09	100%	721	224	72	22
S176	90	10	FFP2 & Vacc 75%	H1N1pdm09	100%	611	140	61	14
S177	90	5	Ne rien faire	H1N1pdm09	100%	951	618	95	62
S178	90	5	Port d'un masque FFP2	H1N1pdm09	100%	720	221	72	22
S179	90	5	Vaccination des porcs 25%	H1N1pdm09	100%	936	576	94	58
S180	90	5	Vaccination des porcs 50%	H1N1pdm09	100%	910	497	91	50
S181	90	5	Vaccination des porcs 75%	H1N1pdm09	100%	847	379	85	38
S182	90	5	FFP2 & Vacc 25%	H1N1pdm09	100%	680	191	68	19
S183	90	5	FFP2 & Vacc 50%	H1N1pdm09	100%	618	148	62	15
S184	90	5	FFP2 & Vacc 75%	H1N1pdm09	100%	490	83	49	8
S185	90	2,5	Ne rien faire	H1N1pdm09	100%	907	495	91	50
S186	90	2,5	Port d'un masque FFP2	H1N1pdm09	100%	612	143	61	14
S187	90	2,5	Vaccination des porcs 25%	H1N1pdm09	100%	889	450	89	45

S188	90	2,5	Vaccination des porcs 50%	H1N1pdm09	100%	849	385	85	39
S189	90	2,5	Vaccination des porcs 75%	H1N1pdm09	100%	771	269	77	27
S190	90	2,5	FFP2 & Vacc 25%	H1N1pdm09	100%	567	118	57	12
S191	90	2,5	FFP2 & Vacc 50%	H1N1pdm09	100%	491	89	49	9
S192	90	2,5	FFP2 & Vacc 75%	H1N1pdm09	100%	375	46	38	5
S193	90	15	Ne rien faire	Autre	5%	49	39	5	4
S194	90	15	Port d'un masque FFP2	Autre	5%	43	20	4	2
S195	90	15	Vaccination des porcs 25%	Autre	5%	49	37	5	4
S196	90	15	Vaccination des porcs 50%	Autre	5%	48	34	5	3
S197	90	15	Vaccination des porcs 75%	Autre	5%	47	29	5	3
S198	90	15	FFP2 & Vacc 25%	Autre	5%	41	17	4	2
S199	90	15	FFP2 & Vacc 50%	Autre	5%	39	14	4	1
S200	90	15	FFP2 & Vacc 75%	Autre	5%	34	10	3	1
S201	90	10	Ne rien faire	Autre	5%	49	36	5	4
S202	90	10	Port d'un masque FFP2	Autre	5%	41	16	4	2
S203	90	10	Vaccination des porcs 25%	Autre	5%	48	34	5	3
S204	90	10	Vaccination des porcs 50%	Autre	5%	47	31	5	3
S205	90	10	Vaccination des porcs 75%	Autre	5%	46	25	5	3
S206	90	10	FFP2 & Vacc 25%	Autre	5%	39	14	4	1
S207	90	10	FFP2 & Vacc 50%	Autre	5%	36	11	4	1
S208	90	10	FFP2 & Vacc 75%	Autre	5%	31	7	3	1
S209	90	5	Ne rien faire	Autre	5%	48	31	5	3
S210	90	5	Port d'un masque FFP2	Autre	5%	36	11	4	1
S211	90	5	Vaccination des porcs 25%	Autre	5%	47	29	5	3
S212	90	5	Vaccination des porcs 50%	Autre	5%	46	25	5	3

S213	90	5	Vaccination des porcs 75%	Autre	5%	42	19	4	2
S214	90	5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	5%	34	10	3	1
S215	90	5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	5%	31	7	3	1
S216	90	5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	5%	25	4	3	0
S217	90	2,5	Ne rien faire	Autre	5%	45	25	5	3
S218	90	2,5	Port d'un masque FFP2	Autre	5%	31	7	3	1
S219	90	2,5	Vaccination des porcs 25%	Autre	5%	44	23	4	2
S220	90	2,5	Vaccination des porcs 50%	Autre	5%	42	19	4	2
S221	90	2,5	Vaccination des porcs 75%	Autre	5%	39	13	4	1
S222	90	2,5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	5%	28	6	3	1
S223	90	2,5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	5%	25	4	3	0
S224	90	2,5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	5%	19	2	2	0
S225	90	15	Ne rien faire	Autre	25%	245	196	25	20
S226	90	15	Port d'un masque FFP2	Autre	25%	213	99	21	10
S227	90	15	Vaccination des porcs 25%	Autre	25%	243	186	24	19
S228	90	15	Vaccination des porcs 50%	Autre	25%	242	172	24	17
S229	90	15	Vaccination des porcs 75%	Autre	25%	234	143	23	14
S230	90	15	FFP2 & Vacc 25%	Autre	25%	206	87	21	9
S231	90	15	FFP2 & Vacc 50%	Autre	25%	194	69	19	7
S232	90	15	FFP2 & Vacc 75%	Autre	25%	169	48	17	5
S233	90	10	Ne rien faire	Autre	25%	243	181	24	18
S234	90	10	Port d'un masque FFP2	Autre	25%	203	81	20	8
S235	90	10	Vaccination des porcs 25%	Autre	25%	242	172	24	17
S236	90	10	Vaccination des porcs 50%	Autre	25%	237	155	24	16
S237	90	10	Vaccination des porcs 75%	Autre	25%	228	127	23	13

S238	90	10	FFP2 & Vacc 25%	Autre	25%	196	68	20	7
S239	90	10	FFP2 & Vacc 50%	Autre	25%	180	56	18	6
S240	90	10	FFP2 & Vacc 75%	Autre	25%	153	35	15	4
S241	90	5	Ne rien faire	Autre	25%	238	155	24	16
S242	90	5	Port d'un masque FFP2	Autre	25%	180	55	18	6
S243	90	5	Vaccination des porcs 25%	Autre	25%	234	144	23	14
S244	90	5	Vaccination des porcs 50%	Autre	25%	228	124	23	12
S245	90	5	Vaccination des porcs 75%	Autre	25%	212	95	21	10
S246	90	5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	25%	170	48	17	5
S247	90	5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	25%	155	37	16	4
S248	90	5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	25%	123	21	12	2
S249	90	2,5	Ne rien faire	Autre	25%	227	124	23	12
S250	90	2,5	Port d'un masque FFP2	Autre	25%	153	36	15	4
S251	90	2,5	Vaccination des porcs 25%	Autre	25%	222	113	22	11
S252	90	2,5	Vaccination des porcs 50%	Autre	25%	212	96	21	10
S253	90	2,5	Vaccination des porcs 75%	Autre	25%	193	67	19	7
S254	90	2,5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	25%	142	30	14	3
S255	90	2,5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	25%	123	22	12	2
S256	90	2,5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	25%	94	12	9	1
S257	90	15	Ne rien faire	Autre	50%	490	392	49	39
S258	90	15	Port d'un masque FFP2	Autre	50%	426	198	43	20
S259	90	15	Vaccination des porcs 25%	Autre	50%	487	372	49	37
S260	90	15	Vaccination des porcs 50%	Autre	50%	483	344	48	34
S261	90	15	Vaccination des porcs 75%	Autre	50%	467	286	47	29
S262	90	15	FFP2 & Vacc 25%	Autre	50%	413	175	41	18

S263	90	15	FFP2 & Vacc 50%	Autre	50%	388	138	39	14
S264	90	15	FFP2 & Vacc 75%	Autre	50%	338	95	34	10
S265	90	10	Ne rien faire	Autre	50%	487	362	49	36
S266	90	10	Port d'un masque FFP2	Autre	50%	406	162	41	16
S267	90	10	Vaccination des porcs 25%	Autre	50%	484	345	48	35
S268	90	10	Vaccination des porcs 50%	Autre	50%	475	309	48	31
S269	90	10	Vaccination des porcs 75%	Autre	50%	456	253	46	25
S270	90	10	FFP2 & Vacc 25%	Autre	50%	393	137	39	14
S271	90	10	FFP2 & Vacc 50%	Autre	50%	361	112	36	11
S272	90	10	FFP2 & Vacc 75%	Autre	50%	306	70	31	7
S273	90	5	Ne rien faire	Autre	50%	476	309	48	31
S274	90	5	Port d'un masque FFP2	Autre	50%	360	111	36	11
S275	90	5	Vaccination des porcs 25%	Autre	50%	468	288	47	29
S276	90	5	Vaccination des porcs 50%	Autre	50%	455	249	46	25
S277	90	5	Vaccination des porcs 75%	Autre	50%	424	190	42	19
S278	90	5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	50%	340	96	34	10
S279	90	5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	50%	309	74	31	7
S280	90	5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	50%	245	42	25	4
S281	90	2,5	Ne rien faire	Autre	50%	454	248	45	25
S282	90	2,5	Port d'un masque FFP2	Autre	50%	306	72	31	7
S283	90	2,5	Vaccination des porcs 25%	Autre	50%	445	225	45	23
S284	90	2,5	Vaccination des porcs 50%	Autre	50%	425	193	43	19
S285	90	2,5	Vaccination des porcs 75%	Autre	50%	386	135	39	14
S286	90	2,5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	50%	284	59	28	6
S287	90	2,5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	50%	246	45	25	5

S288	90	2,5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	50%	188	23	19	2
S289	90	15	Ne rien faire	Autre	75%	735	587	74	59
S290	90	15	Port d'un masque FFP2	Autre	75%	639	296	64	30
S291	90	15	Vaccination des porcs 25%	Autre	75%	730	558	73	56
S292	90	15	Vaccination des porcs 50%	Autre	75%	725	515	73	52
S293	90	15	Vaccination des porcs 75%	Autre	75%	701	428	70	43
S294	90	15	FFP2 & Vacc 25%	Autre	75%	619	262	62	26
S295	90	15	FFP2 & Vacc 50%	Autre	75%	582	207	58	21
S296	90	15	FFP2 & Vacc 75%	Autre	75%	507	143	51	14
S297	90	10	Ne rien faire	Autre	75%	730	543	73	54
S298	90	10	Port d'un masque FFP2	Autre	75%	608	242	61	24
S299	90	10	Vaccination des porcs 25%	Autre	75%	725	517	73	52
S300	90	10	Vaccination des porcs 50%	Autre	75%	712	464	71	46
S301	90	10	Vaccination des porcs 75%	Autre	75%	683	380	68	38
S302	90	10	FFP2 & Vacc 25%	Autre	75%	589	205	59	21
S303	90	10	FFP2 & Vacc 50%	Autre	75%	541	168	54	17
S304	90	10	FFP2 & Vacc 75%	Autre	75%	458	105	46	11
S305	90	5	Ne rien faire	Autre	75%	713	464	71	46
S306	90	5	Port d'un masque FFP2	Autre	75%	540	166	54	17
S307	90	5	Vaccination des porcs 25%	Autre	75%	702	432	70	43
S308	90	5	Vaccination des porcs 50%	Autre	75%	683	373	68	37
S309	90	5	Vaccination des porcs 75%	Autre	75%	635	284	64	28
S310	90	5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	75%	510	143	51	14
S311	90	5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	75%	464	111	46	11
S312	90	5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	75%	368	62	37	6

S313	90	2,5	Ne rien faire	Autre	75%	680	371	68	37
S314	90	2,5	Port d'un masque FFP2	Autre	75%	459	107	46	11
S315	90	2,5	Vaccination des porcs 25%	Autre	75%	667	338	67	34
S316	90	2,5	Vaccination des porcs 50%	Autre	75%	637	289	64	29
S317	90	2,5	Vaccination des porcs 75%	Autre	75%	578	202	58	20
S318	90	2,5	FFP2 & Vacc 25%	Autre	75%	425	89	43	9
S319	90	2,5	FFP2 & Vacc 50%	Autre	75%	368	67	37	7
S320	90	2,5	FFP2 & Vacc 75%	Autre	75%	281	35	28	4

Annexe 27 : Eléments révisés

Les éléments surlignés en gris ont été ajoutés/modifiés.

12 Conclusion

Page 176

Les êtres humains sont également une source de forte probabilité d'introduction d'I^{AV} dans les élevages porcins. Ces I^{AV} peuvent être d'origine porcine, les êtres humains étant eux-mêmes sensibles aux swI^{AV}.



anses

CONNAÎTRE, ÉVALUER, PROTÉGER

AGENCE NATIONALE DE SÉCURITÉ SANITAIRE
de l'alimentation, de l'environnement et du travail

14 rue Pierre et Marie Curie 94701 Maisons-Alfort Cedex
www.anses.fr — @Anses_fr