



**Rapport annuel d'activité, année 2023**

**Laboratoire National de Référence**

**Influenza porcin**

**Nom du responsable du LNR**

Gaëlle SIMON

**Nom du laboratoire où l'activité du LNR est mise en œuvre**

Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort - site de Ploufragan

**Nom de l'unité où l'activité du LNR est mise en œuvre**

Unité Virologie Immunologie Porcines

## **Dangers sanitaires tels que définis par l'article L.201-1 du code rural et de la pêche maritime couverts par le mandat**

Les virus influenza A porcins sont des dangers sanitaires non réglementés par le Règlement (UE) 2016/429 dit « Loi de Santé Animale ». Il n'existe donc pas de mesures sanitaires obligatoires pour les Etats membres. Pour autant, ces virus sont des agents pathogènes zoonotiques. Ils font l'objet d'une surveillance au plan national, laquelle est menée dans le cadre du réseau public-privé « Résavip », dont le LNR est membre. Les virus influenza porcins font également l'objet d'une vigilance particulière dans une approche One Health, dans le cadre de la surveillance d'écurrences de virus influenza animaux à potentiel pandémique.

### **Les faits marquants de l'année**

En 2023, la surveillance événementielle des infections à virus influenza A porcins (swIAV) a confirmé la circulation du virus H1<sub>av</sub>N2#E (HA de clade 1C.2.4) qui a émergé en 2020 et qui est depuis lors le swIAV majoritairement détecté dans les élevages porcins en France. La proportion de virus H1<sub>av</sub>N1#A (HA de clade 1C.2.1), qui avait ré-augmenté en 2022 après une très forte baisse en 2020-2021, s'est stabilisée, restant plus faible que celle du H1<sub>av</sub>N2#E. Comme en 2022, le virus H1N1pdm a été détecté dans l'Ouest, plus fréquemment que les années précédentes. En revanche, il n'a plus été détecté de virus H1<sub>hu</sub>N2 sur le territoire hexagonal, virus qui avait commencé à disparaître suite à l'installation du H1<sub>av</sub>N2#E. Il n'a pas non plus été détecté de virus H1<sub>pdm</sub>N2 dans le Nord comme précédemment, ni de virus H3N2. Cependant, quelques souches H1<sub>av</sub>N1#C (HA de clade 1C.2.2) ont été identifiées dans le département du Nord. Le LNR a également pu caractériser dans l'Ouest des souches virales H1<sub>av</sub>N1 et H1<sub>av</sub>N2 ayant des combinaisons inédites de gènes internes provenant de différents lignages, c'est-à-dire du H1<sub>av</sub>N1#A et/ou du H1<sub>av</sub>N2#E et/ou du H1N1pdm, révélant des réassortiments entre les trois génotypes en co-circulation dans cette région.

Ces nouveaux virus réassortants ont été détectés ponctuellement et ne semblent pas s'être propagés entre élevages, mais ils illustrent, une nouvelle fois, la capacité des swIAV à évoluer via l'échange de segments génomiques à l'occasion de co-infections.

Les virus enzootiques continuent par ailleurs d'évoluer suite aux modifications génétiques survenant lors des réplifications des génomes viraux. Même si aucun nouveau variant antigénique n'a été identifié courant 2023, les modifications génétiques accumulées dans les gènes N1pdm (du virus H1N1pdm) et N2 (du virus H1<sub>av</sub>N2#E) ont conduit à la révision des méthodes de RT-qPCR de sous-typage. La diversité virale toujours changeante a également conduit le LNR à accentuer ses efforts de génotypage via le séquençage systématique des génomes viraux complets, directement à partir des prélèvements biologiques. Un nouveau pipeline d'analyses bio-informatiques, robuste et permettant l'assignation automatique des lignages génétiques d'appartenance des différents segments génomiques a été développé.

Suite à un appel à manifestation d'intérêt, le LNR a accompagné un laboratoire de diagnostic vétérinaire dans le développement de son propre outil de génotypage des swIAVs. Les données obtenues par ce laboratoire à l'occasion de diagnostics demandés hors Résavip viennent compléter les bases de données du LNR et alimenter les bilans nationaux relatifs à la surveillance des swIAVs.

Suite aux passages des barrières d'espèces du virus H1<sub>av</sub>N2#E, du porc vers la dinde et vers l'être humain, et en raison du potentiel risque de transmission au porc du virus aviaire H5N1 hautement pathogène responsable de cas d'infections de plusieurs espèces de mammifères en 2023, les échanges se sont poursuivis avec les acteurs des surveillances des virus influenza aviaires et humains. Des actions ont été menées afin de continuer à sensibiliser les professionnels de la filière porcine et les acteurs de la santé publique sur les transmissions inter-espèces des IAVs et les risques associés à ces transmissions, avec le double objectif de les prévenir et/ou de mieux les détecter le cas échéant.

Enfin, les travaux encadrés et menés par le LNR Influenza Porcin au sein de la communauté scientifique européenne, notamment dans le cadre de l'Action COST ESFLU, ont conduit à la production de reconstructions phylogénétiques incluant des données de séquences de swIAV récoltées dans 16 pays européens. Une sélection de séquences de souches représentatives a pu être partagée avec le réseau international OFFLU (réseau OMSA/FAO pour l'influenza animal) pour intégration dans les analyses visant à sélectionner des souches de swIAV « candidats vaccins » en cas de transmission à l'être humain.

## **1. Méthodes développées ou révisées**

### **Activités relatives au développement de méthodes**

Un des deux kits commerciaux agréés pour la détection du gène M des virus influenza A porcins par RT-qPCR a fait l'objet d'une modification majeure par le fabricant, suite à l'ajout d'une amorce dans la solution d'amplification. Cela a conduit à la révision de ce kit : le LNR a étudié le dossier de validation du fabricant, amendé de nouvelles données de spécificité analytique et de limite de détection de la PCR, avant de procéder au contrôle du nouveau lot de ce kit.

Par ailleurs, le LNR a révisé les RT-qPCR N1pdm et N2 pour les adapter au mieux aux souches qui circulent actuellement dans la population porcine en France. Les dossiers de validation de ces deux méthodes internes ont été amendés en conséquence.

Le LNR a également développé un nouveau pipeline bio-informatique visant à améliorer l'analyse des données brutes de séquençage (NGS) des virus influenza porcins et l'assignation (automatisée) des lignages génétiques de chacun des huit segments génomiques (génotypage). Enfin, le LNR a développé une nouvelle méthode de détection du génome du virus influenza de type D (IDV) par RT-qPCR ciblant le gène NP. Celle-ci pourra être mise en œuvre en parallèle de la RT-qPCR gène PB1 déjà disponible pour le diagnostic moléculaire de l'infection IDV.

### **Nombre de méthodes développées ou révisées, prêtes à être mises en œuvre**

4 méthode(s)

### **Intitulé et brève description de chacune de ces méthodes**

- RT-PCR duplex N1/N2 en temps réel : Amplification des gènes NA des virus influenza porcins européens « avian-like swine H1N1 », « pandemic-like swine H1N1 », « human-like reassortant swine H1N2 » et « human-like reassortant swine H3N2 ». Elle est basée sur l'amplification des gènes N1 et N2 à l'aide de deux couples (forward/reverse) d'amorces et de deux sondes TaqMan. En 2020, la surveillance événementielle des infections à swIAV a mis en évidence l'émergence, en France, d'un nouveau virus H1avN2 qui a depuis diffusé rapidement sur le territoire. Ce virus H1avN2 possède une NA du lignage « Gent-84 » qui a continué d'évoluer au cours des dernières années. Pour améliorer la détection des virus portant une telle N2, l'étude bioinformatique a permis d'identifier des zones à modifier.

- RT-PCR en temps réel N1pdm : Amplification du gène N1pdm spécifique du virus pandémique A/H1N1 (2009) chez le porc. Le test est basé sur l'amplification du gène N1pdm à l'aide de trois amorces et d'une sonde Taqman adaptées aux souches qui circulent dans la population porcine en France.

- Séquençage (NGS) des génomes des virus influenza A porcins : génération de séquences consensus des huit segments génomiques et attribution des lignages génétiques (génotypage).

- Détection du gène NP du virus Influenza D par RT-qPCR à l'aide d'une sonde Taqman. La RT-qPCR est basée sur l'amplification d'un fragment du gène NP du virus influenza D dans des extraits d'ARN issus de prélèvements biologiques d'origine porcine grâce à trois amorces et une sonde Taqman.

### **Nombre total de méthodes transférées par le LNR à son réseau dans l'année**

0 méthode(s)

### **Intitulé de chacune des méthodes transférées**

3 Méthodes ont été transférées à des laboratoires de diagnostic vétérinaire les mettant en œuvre hors Résavip : RT-PCR duplex N1/N2 en temps réel, RT-PCR en temps réel N1pdm et Géotypage des virus influenza porcins (1 EILT)

### **2. Matériels biologiques ou chimiques, échantillons et souches d'intérêt**

Information disponible auprès du LNR.

### **3. Activités d'analyse**

#### **3.1 Analyses officielles de première intention**

##### **Nombre d'analyses officielles de première intention réalisées dans l'année**

0 analyse(s)

##### **Détail par type d'analyse de première intention**

Sans objet

#### **3.2 Analyses officielles de confirmation**

##### **Nombre d'analyses officielles de seconde intention réalisées dans l'année**

0 analyse(s)

##### **Détail par type d'analyse de confirmation**

Sans objet

#### **3.3 Autres analyses**

##### **Nombre estimé d'autres analyses (non officielles) réalisées dans l'année en lien avec le mandat de LNR**

6980 analyse(s)

##### **Détail par type d'autres analyses**

RT-qPCR gène M (IAV) - test qualitatif (détection) = 1827 (271 diagnostics hors Résavip et 1556 en recherche) ;

RT-qPCRs gènes H1pdm / N1pdm / H1av / H1av 1C.2.4 DK-EA / H1hu / H1hu variant / H3 / N1-N2 (sous-typage) = 2193 (1316 pour Résavip + 877 hors Résavip) ;

RT-qPCR gènes PB1 / NP (IDV) = 113 ;

IVM (isolement viral sur culture de cellules MDCK) = 154 ;

Sous-typages antigéniques par tests IHA multivalences = 85 ;

Séquençages de génomes entiers (8 segments génomiques/génome) = 272 ;

Tests sérologiques ELISA = 425 (diagnostic) + 992 (recherche) ;

Tests sérologiques IHA (multivalences IAV et IDV) = 919 (diagnostic). Le nombre de prélèvements positifs en RT-qPCR gène M reçus au LNR en 2023 pour RT-qPCRs de sous-typage des swIAV a été légèrement supérieur à celui de 2022 mais a tendance à se stabiliser pour recouvrir le niveau d'avant l'émergence du virus H1<sub>av</sub>N2 en 2020. Ainsi, le nombre de souches caractérisées a été comparable à celui de l'année précédente. Le LNR a mis l'accent sur le géotypage des virus avec la mise en œuvre systématique du séquençage des génomes à partir des prélèvements d'origine.

Les tests sérologiques pour la recherche d'anticorps anti-virus influenza ont surtout été réalisés dans le cadre d'investigations diagnostiques mais moins que les précédentes années dans le cadre d'enquêtes.

En 2023, les analyses sérologiques mises en œuvre dans le cadre de projets de recherche ont surtout concerné des études longitudinales menées dans des élevages sélectionnés pour caractériser la dynamique des infections grippales récurrentes.

**3.4 Essais interlaboratoires d'aptitude auxquels le LNR a participé dans l'année**  
**Détail des essais interlaboratoires d'aptitude (EILA) auxquels le LNR a participé dans l'année, dans le cadre : National; UE (en particulier les EILA organisés par le LRUE); International**

- National : 0

- UE (en particulier les EILA organisés par le LRUE) : 1

« Proficiency testing scheme for antibody and nucleic acid detection against Influenza D (Flu-D) viruses » ; essai organisé par le SVA (Suède) dans le cadre d'un Partnering Grant Project soutenu par l'EFSA ("Developing an integrated approach to assess the emergence threat associated with influenza D viruses' circulating in Europe")

- International : 0

**4. Activités de production et de contrôle de matériaux de référence et de réactifs biologiques**

**Le LNR produit des réactifs à usage du LNR uniquement**

Non

**Le LNR produit des réactifs à usage du LNR et du réseau**

Oui

**Types de réactifs produits et fournis (antigènes, kits, autres)**

Souches virales amplifiées en culture cellulaire, extraits d'ARN viraux, prélèvements biologiques, cellules, plasmides

**Nombre de lots produits dans l'année**

12 lots de souches virales amplifiées, 18 lots d'extrait d'ARN, 15 lots de prélèvements biologiques, 3 lots de cellules, 4 lots de plasmide

**Nombre d'unités distribuées au plan national**

18 lots d'extrait d'ARN, 15 lots de prélèvements biologiques, 3 lots de cellules, 4 lots de plasmide ; 12 lots de souches virales amplifiées ont été distribués au plan international.

**Analyse de l'évolution (augmentation, diminution) de l'activité sur les 5 dernières années**

Ces réactifs ont été fournis à des laboratoires de recherche et/ou de développement. Cette activité de production et de fourniture de réactifs fluctue d'une année sur l'autre en fonction des demandes extérieures et des projets de recherche. Par exemple, le nombre de souches fournies varie entre 5 et 13 unités depuis 5 ans.

**Le LNR produit des matériaux de référence à usage du LNR uniquement**

Non

**Le LNR produit des matériaux de référence à usage du LNR et du réseau**

Oui

**Types de matériaux de référence produits et fournis (MRE, MRI, contrôle positif ou négatif, autre)**

Sérums, antigènes, virus, contrôles positifs, contrôles négatifs

**Format (sérum, souche, produit chimique, autre) de ces matériaux de référence**

Sérums post-vaccinaux (SPV), post-infectieux (SPI) et hyper-immuns (SHI) : sérums de référence utilisés comme réactifs pour le sous-typage antigénique des virus influenza porcins ou comme contrôles positifs pour les tests sérologiques ;

Souches virales amplifiées (inactivées ou non) : antigènes de référence pour tests sérologiques (tests IHA notamment) ou inoculums pour des essais expérimentaux sur porcs EOPS, etc. ;

Virus inactivé calibré et dilué dans une matrice spécifique (contrôle positif pour la RT-qPCR de détection) ;

Extraits d'ARN de virus de référence (contrôles positifs pour les RT-qPCR de caractérisation virale) ;

Prélèvements de porcs EOPS (sérums, surnageants d'écouillons nasaux, poumons) non inoculés (contrôles négatifs) ou infectés (contrôles positifs). Ces matériaux sont demandés par des laboratoires de R&D et des laboratoires de diagnostic vétérinaires, agréés ou non. Ils sont tous largement utilisés par le LNR lui-même.

**Nombre de lots produits dans l'année**

0

**Nombre d'unités distribuées au plan national**

4 unités de souches virales, 11 unités de SHI, 15 contrôles positifs, 11 contrôles négatifs, 2 unités d'ARN

**Analyse de l'évolution (augmentation, diminution) de l'activité sur les 5 dernières années**

La production de matériaux de référence varie selon les propres besoins du LNR et les demandes extérieures. Le LNR a fourni des matériaux pour deux laboratoires de développement de kits PCR. Comme les années passées, des laboratoires de diagnostic vétérinaire, agréés ou non, ont sollicité le LNR pour leur fournir des contrôles positifs et négatifs pour la mise en œuvre des RT-qPCR gène M de détection à l'aide des kits commerciaux validés par le LNR. Un centre scientifique et technique, partenaire dans un projet de recherche, a également utilisé différents matériaux de référence pour adopter une méthode de détection des IAV. Un laboratoire de diagnostic a aussi demandé des matériaux pour la mise en œuvre de tests sérologiques par IHA. Le LNR a par ailleurs partagé des SHI avec un partenaire européen dans le cadre de travaux de recherche.

**Le LNR réalise des contrôles de réactifs commerciaux**

Oui

**Modalités de contrôle (contrôles initiaux, contrôles aléatoires de lots, contrôles lot par lot)**

Contrôles lot par lot

**Nombre de contrôles - ou de lots contrôlés - dans l'année**

3

**Analyse de l'évolution (augmentation, diminution) de l'activité sur les 5 dernières années**

Cette activité est stable.

## **5. Activités d'appui scientifique et technique**

### **5.1 Demandes d'appui scientifique et technique (AST) des ministères (de l'agriculture, de la santé ...) ou d'instances européennes ou internationales qui concernent le domaine de compétence du LNR**

#### **Nombre de demandes d'AST reçues dans l'année**

1 demande(s)

#### **Nombre de rapports d'AST rendus dans l'année, issus de demandes de l'année ou de l'année précédente**

1 rapport(s)

#### **Détail des demandes d'AST, le cas échéant numéro de saisine pour les demandes de portée nationale ayant fait l'objet d'un traitement en Comité de Traitement des Saisines, et noms des mandataires de ces demandes**

Bilan de la surveillance menée d'octobre 2022 à juin 2023 quant aux infections à virus influenza chez les porcins hébergés dans des élevages mixtes porcs/volailles en cas de foyer IAHP – Mandataire DGAI, en lien avec l'instruction technique DGAL/SDSPA/2021-148 relative aux mesures applicables à la suite de la confirmation d'un foyer IAHP dans un établissement.

## **5.2 Autres expertises**

### **Les membres de l'équipe du LNR peuvent avoir des activités d'expertise (internes : CES, GT ou externe : EFSA ...) ou des activités auprès de commissions de normalisation (Afnor ...).**

La responsable du LNR est membre du GT « Grippe porcine » de l'Anses (2,5 jours/mois en moyenne depuis le 2/01/2022 : une réunion plénière mensuelle + travail préparatoire), est membre du « Swine Influenza Virus Group » du réseau international OFFLU, réseau d'expertise OMSA/FAO pour les virus influenza animaux, et est experte auprès de la Plateforme d'Epidémiosurveillance en Santé Animale dans le cadre de la Veille Sanitaire Internationale (interrogations ponctuelles). En 2023, elle a également été sollicitée par l'OMS (WHO's Global Influenza Surveillance and Response System - GISRS) pour participer, avec d'autres experts internationaux, à un exercice d'évaluation du risque pandémique associé aux virus influenza porcins de sous-type H3N2 des lignages 1990.4 and 2010.1 (évaluation via TIPRA « Tool for Influenza Pandemic Risk Assessment »).

## **5.3 Dossiers de demande d'agrément**

### **Nombre de dossiers de demande d'agrément étudiés dans l'année**

0 dossier(s)

## **5.4 Activités d'appui**

### **Description de ces activités et estimation du temps consacré**

Un guide et un formulaire relatifs aux envois d'échantillons au LNR et aux demandes d'analyses sont disponibles sur le site internet de l'Anses. En moyenne le LNR Influenza porcine reçoit 2-3 appels téléphoniques ou courriels par semaine. Ces sollicitations sont le fait des laboratoires vétérinaires agréés ou non agréés, des animateurs régionaux du Résavip, des vétérinaires praticiens (volontaires du Résavip ou autres) ou encore de personnels des firmes du médicament vétérinaire, ceci pour des demandes de renseignements sur les méthodes d'analyses, sur l'interprétation des résultats de sous-typage ou de génotypage de souches, sur l'interprétation de résultats d'analyses sérologiques, sur les modalités de prélèvements en élevage, sur les virus influenza en circulation, sur l'épidémiologie de la grippe du porc en élevage, ou encore pour des avis sur des résultats de travaux de recherche, etc. Selon le cas, des rapports d'Expertise

Scientifique et Technique (EST) sont rédigés et fournis aux demandeurs (temps de traitement très variable).

## **6. Animation du réseau de laboratoires agréés ou reconnus**

### **6.1 Description du réseau**

#### **Animation d'un réseau de laboratoires agréés**

Oui

#### **Nombre de laboratoires agréés dans le réseau**

8 laboratoires

#### **Animation d'un réseau de laboratoires reconnus**

Non

### **6.2 Essais interlaboratoires d'aptitude**

#### **6.2.1 Organisation d'essais interlaboratoires d'aptitude**

##### **Nombre d'EILA organisés par le LNR au cours de l'année**

0 EILA

#### **6.2.2 Exploitation de résultats d'essais interlaboratoires d'aptitude organisé par un tiers**

##### **Le LNR exploite les résultats d'EILA organisé(s) par un (des) tiers (LRUE, autre...)**

Non

### **6.3 Autres actions visant à vérifier l'aptitude des laboratoires**

#### **Actions mises en œuvre**

Une évaluation de performance d'un laboratoire agréé pour la détection du génome des virus Influenza A chez le porc a été réalisée en 2023 suite à sa participation déclarée « non satisfaisante » lors du dernier EILA RT-qPCR gène M organisé en 2021. Pour cette évaluation, le LNR a organisé un essai en bilatéral à partir d'ESEA d'une précédente campagne.

### **6.4 Formation, organisation d'ateliers**

#### **Nombre de journées d'échange et de restitution rassemblant les laboratoires agréés du réseau, organisées dans l'année**

0,5 journée(s)

#### **Détail de ces activités et nombre de participants par journée**

Les acteurs du réseau de surveillance Résavip, dont le LNR et les 8 laboratoires agréés, se sont réunis la matinée du 8 novembre 2023 en visio-conférence. Cette réunion interne annuelle a rassemblé une soixantaine de personnes qui ont pu échanger sur le fonctionnement du réseau, sur les résultats de la surveillance (présentés par le LNR) et sur la surveillance des gripes zoonotiques, dont les infections par des virus influenza A d'origine porcine, telle que menée actuellement par les acteurs de la Santé Publique.

#### **Nombre de sessions de formation des personnels des laboratoires agréés aux méthodes utilisées pour les contrôles officiels, organisées dans l'année**

0 session(s) de formation

#### **Autres formations dans le cadre des activités du LNR**

Sans objet

## **6.5 Organisation d'autres essais interlaboratoires (EIL)**

**Nombre d'EIL de validation (EILV) organisés par le LNR au cours de l'année**

0 EILV

**Nombre d'EIL de transfert (EILT) organisés par le LNR au cours de l'année**

1 EILT

**Nom de l'EILT et détail du nombre de laboratoires ayant participé pour chaque EILT**

Génotypage par NGS des virus influenza A porcins, 1 participant

## **7. Surveillance, alertes**

**7.1 Surveillance programmée par l'autorité sanitaire, notamment PS/PC et prophylaxie officielle en santé animale**

**L'autorité sanitaire a mis en œuvre dans l'année une surveillance programmée dans le champ du LNR**

Non

**7.2 Autres activités de surveillance**

**Le LNR est impliqué dans des activités de surveillance autres que celle programmée par l'autorité sanitaire**

Oui

**Cadre de ces activités**

Résavip ; ESFLU (European Swine Influenza Network)

**Activités dans lesquelles le LNR a été impliqué dans le cadre de Résavip**

Animation/coordination ; Réalisation d'analyses de confirmation ; Appui scientifique et technique (analyses de données, etc...)

**Activités dans lesquelles le LNR a été impliqué dans le cadre d'ESFLU**

Animation/coordination ; Réalisation d'analyses de confirmation ; Appui scientifique et technique (analyses de données, etc...)

**7.3 Fiches d'alerte ou de signal**

**Le LNR a émis dans l'année des fiches d'alerte ou de signal dans Salsa (système d'alerte sanitaire de l'Anses)**

Non

## 8. Activités de recherche en lien avec l'activité de référence

Acronyme	Titre	Statut
EVOLSIV	Etude de l'évolution génétique et antigénique des virus influenza A détectés chez le porc en France	en cours
SOUTYPVIP22	Sous-typage des virus influenza A porcins hors réseau national de surveillance Résavip	en cours
IPEVOL2	Caractérisation génétique et antigénique de virus influenza porcins et étude de la séroprévalence de différents sous-types de swIAV chez les porcs à l'engrais dans le Grand-Ouest	en cours
SEROSIV	Séroprévalence des virus influenza porcins en France métropolitaine	en cours
VARDEL	Etude des propriétés fonctionnelles des swIAVs variants, notamment ceux portant délétion(s) dans HA	en cours
PIGAL	Opportunités et risques associés à la santé, au bien-être animal et à la biosécurité des élevages de porcs en système alternatif	en cours
FILTRA'R	Amélioration de la santé des animaux par le contrôle de l'air	en cours
PIGIE	Compréhension de la dynamique et de l'évolution des virus influenza porcins en Europe	en cours
RESAFLU	Groupement de Recherche (GDR) sur les virus influenza	en cours
QUALIF'R	Evaluation de deux nouveaux capteurs miniaturisés de bio-aérosols pour la caractérisation de l'infection par un virus influenza A porcin	en cours
DISPERS	Dynamique de survie des aéropathogènes dans les environnements bâtis : étude de la persistance de virus influenza dans l'air et caractérisation physique et biologique des exhalaisons de porcs infectés	en cours
ESFLU	European Swine Influenza Network (Action COST) - Echanges de données et analyses conjointes sur les swIAV détectés dans les élevages de porcs en Europe	en cours
IGEM	Infection grippale & entraînement des macrophages	en cours
GENOTYGRIP	Génotypage des virus influenza A porcins	en cours

## 9. Relations avec le CNR

**Existence d'un CNR dont le mandat recouvre au moins en partie celui du LNR**

Oui

### Intitulé du CNR

Virus des infections respiratoires (dont la grippe et le SARS-CoV-2)

### Organisme porteur du CNR

CNR-Laboratoire coordonnateur = Laboratoire de Virologie, Institut des Agents Infectieux, Hôpital de la Croix-Rousse, Groupement Hospitalier Nord, Hospices civils de Lyon, Lyon. ;

CNR-Laboratoires associés = Unité de Génomique évolutive des virus à ARN (GEVA), Département de Virologie, Institut Pasteur, Paris ; Laboratoire de Virologie, Institut Pasteur de Guyane, Cayenne, Guyane Française ; Laboratoire de Microbiologie, Centre Hospitalier Universitaire Saint Denis La Réunion, Saint Denis.

### Rencontre organisée dans l'année avec le CNR

Oui

**Collaboration avec le CNR dans le cadre de la surveillance**

Le LNR Influenza porcine et le CNR Virus des infections respiratoires (laboratoire coordonnateur et laboratoire associé de Paris), ainsi que le LNR Influenza aviaire et Santé Publique France, ont commencé à échanger sur le partage des données de séquences des virus influenza humains, porcins et aviaires et sur les activités d'analyses de risques liées aux études des évolutions des génomes viraux dans les différentes espèces. Cet échange a été initié dans le cadre du projet EMERGEN2.0 « Plateforme pour la surveillance moléculaire et la recherche sur les infections à pathogènes EMERgents via le séquençage GENomique » qui est en cours d'évaluation par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR).

**Collaboration avec le CNR dans le cadre de projets de recherche**

Voir ci-dessus

**Autres collaborations avec le CNR, le cas échéant**

Le LNR IP, le CNR coordonnateur et le CNR associé de Paris sont membres, avec 17 autres équipes françaises, du Groupement de recherche sur les virus influenza (GDR2073-CNRS, ResaFLU), réseau ayant pour objectif de fédérer la recherche française sur les virus influenza (humains et animaux).

**Transfert de matériel biologique**

Non

**10. Relations avec le LRUE****Détention d'un mandat LRUE qui recouvre au moins en partie celui du LNR**

Non

**Existence d'un LRUE dont le mandat recouvre au moins en partie celui du LNR**

Non

**11. Détention d'autres mandats de référence au niveau international****Autres mandats détenus par le LNR dans le même domaine de compétences**

Le LNR Influenza Porcine est Laboratoire expert (contributeur) pour le réseau OFFLU (Joint WOAHA-FAO Scientific network on animal influenza)

## ANNEXES

### Liste des publications et communications de l'année 2023 dans le cadre du mandat du LNR Influenza Porcin

*Les noms des auteurs appartenant au LNR sont soulignés. Les publications de cette liste sont sous presse ou publiées.*

- **Publications destinées aux professionnels ou au grand public**

Groupe de Suivi Virus Influenza Porcin de la Plateforme ESA. 2023. « Résavip - Bulletin d'information national trimestriel - 4<sup>ème</sup> trimestre 2022. » *BINT Résavip* 41. [BINT41 \(plateforme-esa.fr\)](#) (S. Hervé, G. Simon, membres du GS-VIP)

Groupe de Suivi Virus Influenza Porcin de la Plateforme ESA. 2023. « Résavip - Bulletin d'information national annuel - année 2022. » *BINA Résavip*. [BINA2022 \(plateforme-esa.fr\)](#) (S. Hervé, G. Simon, membres du GS-VIP)

Groupe de Suivi Virus Influenza Porcin de la Plateforme ESA. 2023. « Résavip - Bulletin d'information national trimestriel - 1<sup>er</sup> trimestre 2023. » *BINT Résavip* 42. [BINT42 \(plateforme-esa.fr\)](#) (S. Hervé, G. Simon, membres du GS-VIP)

Groupe de Suivi Virus Influenza Porcin de la Plateforme ESA. 2023. « Résavip - Bulletin d'information national trimestriel - 2<sup>ème</sup> trimestre 2023. » *BINT Résavip* 43. [BINT43 \(plateforme-esa.fr\)](#) (S. Hervé, G. Simon, membres du GS-VIP)

Groupe de Suivi Virus Influenza Porcin de la Plateforme ESA. 2023. « Résavip - Bulletin d'information national trimestriel - 3<sup>ème</sup> trimestre 2023. » *BINT Résavip* 44. [BINT44 \(plateforme-esa.fr\)](#) (S. Hervé, G. Simon, membres du GS-VIP)

- **Publications scientifiques nationales et internationales**

Andraud, Mathieu, Séverine Hervé, Stéphane Gorin, Nicolas Barbier, Stéphane Quéguiner, Frédéric Paboeuf, Gaëlle Simon, and Nicolas Rose. 2023. "Evaluation of early single dose vaccination on swine influenza A virus transmission in piglets: From experimental data to mechanistic modelling." *Vaccine* 41: 3119-3127. <https://doi.org/doi.org/10.1016/j.vaccine.2023.04.018>

Thiroux, Sarah, Pia Ryt-Hansen, Annika Graaf, Benjamin Mollett, Gerard E. M. Valls, Laura Soliani, Christelle Fablet, Marianne V. Agerlin, Shannon Leetham, Kathrin Lillie-Jaschniski, Séverine Hervé, Liani Coronado, Andrea Luppi, Gautier Richard, Céline Deblanc, Mathieu Andraud, Gwénaëlle Dauphin, Nicolas Rose, Timm Harder, Chiara Chiapponi, Helen E. Everett, Enrique M. M. de Antonio, Lars E. Larsen, and Gaëlle Simon. 2023. "Understanding the dynamics and evolution of swine influenza viruses in Europe: relevance for improved intervention in enzootically infected pig herds. International Coordination of Research on Infectious Animal Diseases (ICRAD) First Call." *GMPC TOP 3(2)*. pp. 1-12 (p10).  
<https://doi.org/10.51585/gtop.2023.2.0034>

Jardin, Agnès, Séverine Hervé, Nicolas Rose, Kathrin Lillie-Jaschniski, Gwénaëlle Dauphin, and Gaëlle Simon. 2023. "Séroprévalence de la grippe et des différents sous-types de virus influenza porcins dans le nord-ouest de la France en 2022." *Proceedings du congrès annuel de l'AFMVP*, pp74-75.

Moalic, Pierre-Yves, Séverine Hervé, Alexandre Flageul, Edouard Hirchaud, Gautier Richard, Mathieu Couteau, Yannick Blanchard, and Gaëlle Simon. 2023. "Le sous-typage des virus influenza A porcins par séquençage haut débit : Un outil de diagnostic au service d'une surveillance épidémiologique réactive." *Proceedings du congrès annuel de l'AFMVP*, pp30-31.

- **Communications nationales**

Boulbair, Amir, Lyes Ait Ali Yahia, Enric Robine, Thi-Lan Ha, Evelyne Gehin, Frederic Paboeuf, Gaëlle Simon, Séverine Hervé, Christelle Fablet, and Nicolas Rose. 2023. "Caractérisation des particules exhalées par des porcs infectés par un virus influenza porcine." *36<sup>ème</sup> Congrès Français sur les Aérosols*, Paris, 15-16 mars. Résumé publié dans les *Proceedings*. Poster.

Jardin, Agnès, Séverine Hervé, Nicolas Rose, Kathrin Lillie-Jaschniski, Gwénaëlle Dauphin, and Gaëlle Simon. 2023. "Séroprévalence de la grippe et des différents sous-types de virus influenza porcins dans le nord-ouest de la France en 2022." *Congrès annuel de l'AFMVP*, Rennes, 30 novembre-1<sup>er</sup> décembre. Poster.

Moalic, Pierre-Yves, Séverine Hervé, Alexandre Flageul, Edouard Hirchaud, Gautier Richard, Mathieu Couteau, Yannick Blanchard, and Gaëlle Simon. 2023. "Le sous-typage des virus influenza A porcins par séquençage haut débit : Un outil de diagnostic au service d'une surveillance épidémiologique réactive." *Congrès annuel de l'AFMVP*, Rennes, 30 novembre-1<sup>er</sup> décembre. Communication orale.

- **Communications internationales**

Deblanc, Céline, Stéphane Quéguiner, Stéphane Gorin, Séverine Hervé, Gautier Richard, Angélique Moro, Gérald Le Diguerher, Frédéric Paboeuf, and Gaëlle Simon. 2023. "Experimental study of infection with a new genotype of swine influenza virus that has spread in France and evaluation of vaccine protection." *14<sup>th</sup> European Symposium of Porcine Health Management*, Thessaloniki, Greece, May 31-June 2. Résumé publié dans les *Proceedings* p15, Communication orale.

Jardin, Agnès, Séverine Hervé, Nicolas Rose, K Lillie-Jaschniski, G Dauphin, and Gaëlle Simon. 2023. "Seroprevalence of swine influenza A Virus infections in pigs in Western France in 2022." *14<sup>th</sup> European Symposium of Porcine Health Management*, Thessaloniki, Greece, May 31-June 2. Résumé publié dans les *Proceedings* p320. Poster.

Simon, Gaëlle, Enric Mateu De Antonio, Helen Everett, Chiara Chiapponi, Timm Harder, Gwénaëlle Dauphin, Christelle Fablet, Pia Ryt-Hansen, Gerard Eduard Martin Valls, Ben Mollet, Laura Soliani, Annika Graaf, Séverine Hervé, Marianne Viuf Agerlin, Liana Coronado, Sharon Leetham, Andrea Luppi, Kathrin Lillie-Jaschniski, Sarah Thiroux, Gautier Richard, Céline Deblanc, Mathieu Andraud, Nicolas Rose, and Lars Erik Larsen. 2023. "Understanding the dynamics and evolution of swine influenza viruses in endemically infected pig herds: Coordinated longitudinal studies in six european countries." *14<sup>th</sup> European Symposium of Porcine Health Management*, Thessaloniki, Greece, May 31-June 2. Résumé publié dans les *Proceedings* p277. Poster.

Thiroux, Sarah, Séverine Hervé, Christelle Fablet, Gautier Richard, Céline Deblanc, Mathieu Andraud, Edouard Hirschaud, Pierrick Lucas, Roselyne Fonseca, Nicolas Barbier, Stéphane Gorin, Stéphane Quéguiner, Eric Eveno, Florent Eono, Gilles Poulain, Stéphane Kerphérique, Yannick Blanchard, Nicolas Rose, and Gaëlle Simon. 2023. "Longitudinal fields studies revealed co-circulation of several swine influenza virus subtypes and viral persistence in pig herds with pre-existing immunity." *14<sup>th</sup> European Symposium of Porcine Health Management*, Thessaloniki, Greece, May 31-June 2. Résumé publié dans les *Proceedings* p318. Poster.

Ait Ali Yahia, L, Amir Boulbair, Enric Robine, Thi-Lan Ha, Evelyne Géhin, Frédéric Paboeuf, Séverine Hervé, Gaëlle Simon, Nicolas Rose, and Christelle Fablet. 2023. "Characterization of particles exhaled by swine infected with an influenza virus." *European Aerosol Conference*, Malaga, Spain, September 3-8. Résumé publié dans les *Proceedings* p18. Poster.

Gorin, Stéphane, Gautier Richard, Séverine Hervé, Eric Eveno, Yannick Blanchard, Agnès Jardin, Nicolas Rose, and Gaëlle Simon. 2023. "First isolation of influenza D virus from fattening pigs in France in a mixed pig-beef breeding farm: characterization of a reassortant strain carrying potential host adaptation markers." *RESAFLU/FluResearchNet Joint Symposium, Lyon, France, October 4-6*. Résumé publié dans les *Proceedings* p38. Poster.

- **Conférences sur invitation**

Simon, Gaëlle. 2023. "Influenza viruses in pigs in Europe - Background virology and surveillance history." *European Swine Influenza Network (ESFLU) COST Action, Annual scientific meeting, Barcelona, Spain, 25-27 April*.

Simon, Gaëlle. 2023. "La grippe chez le porc : surveillance des virus influenza porcins." *Journée bi-académies (Académie Nationale de Médecine, Académie Vétérinaire de France) Infections à virus influenza A humaines, aviaires et porcines. Epidémiologie et vaccination, Maisons Alfort, France, 12 Octobre*. Résumé publié dans les *Proceedings* p4.

Simon, Gaëlle. 2023. "La vaccination contre la grippe du porc." *Journée bi-académies (Académie Nationale de Médecine, Académie Vétérinaire de France) Infections à virus influenza A humaines, aviaires et porcines. Epidémiologie et vaccination, Maisons Alfort, France, 12 Octobre*. Résumé publié dans les *Proceedings* p6.

Hervé, Séverine. 2023. "Résultats de la surveillance menée par Résavip en 2023." *Journée annuelle d'information Résavip, Paris, France, 8 novembre*.

Simon, Gaëlle. 2023. "Virus grippaux et interaction Homme-animal." *Master 2 Biologie-Santé, parcours Agents Infectieux - UE "One health" et pathogènes émergents, Université de Rennes 1, visioconférence, 14 novembre*.