



MISE À JOUR SUR
LE DIAGNOSTIC DE
L'INFLUENZA PORCIN

Mise à jour sur le diagnostic de l'influenza porcine

Les virus de l'influenza porcine font partie des principaux agents de pneumonie chez les porcs de tout âge. Les infections associées à ces virus peuvent entraîner des pertes économiques considérables (retards de croissance, mortalités, avortements).

Par ailleurs, elles présentent un danger non négligeable pour la santé humaine (certains virus sont des agents zoonotiques).

Le contexte épidémiologique de l'influenza porcine peut évoluer rapidement comme l'illustre l'apparition récente d'une nouvelle souche en Ontario.

Il nous a donc paru utile de faire le point sur les diverses options qui s'offrent en matière de diagnostic.

Voici les principaux tests offerts chez Biovet	Code	Délai
PCR influenza type A	DPOR-40138	1-2 jours
PCR influenza H1 (alpha, beta et pandémique) et H3 (IV-B, IV, IV-C et 2010.1)	DPOR-40211	1-2 jours
Séquençage influenza HA (Biovet)	DPOR-40210	10-15 jours
Séquençage influenza HA (Winnipeg) *	DPOR-70110	Jusqu'à 1 mois

* Durant les prochains mois, tous les cas d'influenza H3 seront soumis au laboratoire de l'ACIA à Winnipeg pour séquençage avec un délai court.

Détection du virus

L'immense majorité des souches d'influenza qui affectent le porc appartiennent au type A (au Canada, les souches de type B et C semblent rarissimes).

La détection de ces souches influenza repose habituellement sur l'utilisation d'une PCR en temps réel qui cible le gène de la matrice (M).

En effet, ce gène est bien conservé chez toutes les souches de virus Influenza de type A ce qui permet de l'utiliser pour détecter toutes les souches, peu importe le sous-type.

Pour rappel, les principaux échantillons utilisables pour détecter le virus sont les écouvillonnages nasaux, les « lingettes » nasales, les fluides oraux ou les poumons.

Sous-typage

Une fois le diagnostic d'influenza établi, il est intéressant de déterminer le sous-type de virus impliqué.

Au Canada, les principaux sous-types rencontrés sont H1N1, H3N2 et H1N2.

Ce dernier sous-type d'apparition relativement récente au Québec est de plus en plus rencontré.

Le sous-typage peut se faire au moyen de plusieurs PCR en temps réel qui ciblent les gènes de l'hémagglutinine (H1 et H3) et de la neuraminidase (N1 et N2).

En raison de l'évolution constante de ces gènes, les PCR de sous-typage doivent être régulièrement mises à jour afin de détecter les nouveaux variants en circulation.

Les PCR utilisées chez Biovet permettent d'identifier les principaux sous-types circulant actuellement au Canada (incluant la nouvelle souche ontarienne H3N2 2010.1).

Groupes phylogénétiques

Une première étape de caractérisation des souches peut consister à déterminer à quels groupes phylogénétiques (clades) elles appartiennent.

Au Canada, il s'agit essentiellement des clades alpha, beta et pandémique pour les souches H1 et des clades IV, IV-B et IV-C pour les souches H3.

La détermination du groupe phylogénétique (clade) se fait habituellement par séquençage du gène de l'hémagglutinine (voir plus loin).

Toutefois, chez Biovet, nous avons développé des PCR qui permettent d'identifier les principaux clades plus rapidement et à moindre coût que le séquençage, incluant le clade auquel appartient la nouvelle souche ontarienne (H3N2 2010.1).

Séquençage

Une caractérisation plus poussée des souches repose sur le séquençage du génome du virus.

Pour rappel, celui-ci est constitué de 8 brins d'ARN qui codent pour 11 protéines.

Pour des raisons économiques, le séquençage de routine se limite généralement au gène de l'hémagglutinine (HA).

Toutefois, dans le cadre de programmes de surveillance, il est parfois procédé également au séquençage du gène NA voire du génome complet du virus.

Le séquençage du génome complet est évidemment plus complexe, plus long et plus dispendieux que le séquençage du seul gène HA.

Les séquences du gène HA peuvent être utilisées à différentes fins.

Elles permettent de déterminer précisément à quels groupes phylogénétiques (clades) appartiennent les souches (voir plus haut).



Elles sont indispensables à l'élaboration de vaccins autogènes de type SEQUIVITY.

Elles permettent aussi de vérifier l'homologie des souches avec celles incluses dans des vaccins inactivés (vaccin régional par exemple).

Enfin, elles peuvent permettre de suivre l'épidémiologie du virus (apparition de nouvelles souches, succès ou pas de protocoles de contrôle ou d'éradication, etc.).

Il faut noter que le séquençage du gène HA doit être précédé par la détermination du sous-type H1 ou H3 (voir plus haut).

Par ailleurs, il faut souligner que le succès du séquençage dépend des charges virales (celles-ci doivent être assez élevées, on parle de Ct < 30).

Enfin, à charge virale équivalente, il faut savoir que le séquençage est plus facile à réaliser à partir d'écouvillonnages nasaux ou de poumons que de fluides oraux.

N'hésitez pas à nous contacter pour des informations complémentaires au besoin.

[André Broes](#), DMV, Ph. D., Responsable du support technique porc et ruminants

[Christian Savard](#), Ph.D., Directeur R&D biologie moléculaire

