



## Risques zoonotiques et de zoonose inverse pour les virus influenza porcins : recommandations aux autorités pour un monitoring visant à sensibiliser le secteur porcin.

Les virus influenza sont une préoccupation majeure pour la santé publique en raison de leur capacité à provoquer des épidémies saisonnières et des pandémies occasionnelles. L'Europe est actuellement confrontée à la pire épidémie de grippe aviaire hautement pathogène (HPAIV) jamais enregistrée chez les oiseaux. Le HPAIV est pratiquement devenu endémique dans la faune sauvage, entraînant des pertes importantes dans la population d'oiseaux sauvages ainsi qu'une contamination régulière du secteur de la volaille. Les virus influenza de type A (IAV) sont présents chez un large éventail d'hôtes, notamment les oiseaux (IAV aviaires), les humains (IAV humains) et les porcs (IAV porcins). Dans une perspective "One Health", une attention particulière doit être accordée au secteur porcin lors de toute période de circulation accrue des virus de la grippe (à la fois les IAV aviaires et/ou humains).

### ***Importance du monitoring dans le secteur porcin, en particulier en cas de période d'activité de HPAIV ou de IAV humain, dans une perspective One Health***

L'infection des porcs par le virus influenza n'est pas une maladie à déclaration obligatoire en Belgique et dans l'UE. La majeure partie de l'industrie porcine est localisée dans le nord de la Belgique et plusieurs laboratoires vétérinaires fournissent des capacités de diagnostic aux éleveurs et aux vétérinaires pour détecter, entre autres pathogènes, les virus de l'influenza A dans des échantillons (poumons, écouvillons nasaux) de porcs présentant des signes cliniques respiratoires. En outre, il existe des tests de diagnostic permettant de détecter les anticorps contre les virus de l'influenza A chez les porcs. Il existe des vaccins contre l'IAV porcin (Van Reeth et al. 2016).

Les IAV porcins sont enzootiques en Belgique et dans les pays producteurs de porcs du monde entier. Les porcs sont sensibles aux mêmes sous-types de virus influenza A que les humains : H1N1, H3N2 et H1N2. Cependant, les IAV porcins sont génétiquement et antigéniquement distincts de leurs homologues humains et plus diversifiés (Van Reeth et Vincent 2019). Une différence importante entre les humains et les porcs est la circulation simultanée de plusieurs lignées virales antigéniquement distinctes et de clades au sein de chaque sous-type dans les populations porcines (Anderson et al. 2016). Les souches d'IAV porcins dominantes diffèrent également d'une région géographique à l'autre. Contrairement aux IAV humains qui présentent un pic d'activité saisonnier, les IAV porcins circulent toute l'année.

Les IAV porcins restent souvent subcliniques (Bowman et al., 2012), mais peuvent entraîner des pertes économiques, notamment en combinaison avec d'autres agents pathogènes respiratoires. Le monitoring<sup>1</sup> des IAV porcins est lacunaire (Vincent et al., 2014 ; Borkenhagen et al., 2019 ; Henritzi et

---

<sup>1</sup> La mesure systématique (continue ou répétée), la collecte, la compilation, l'analyse et l'interprétation des données sur la santé et le bien-être des animaux au sein de populations définies, lorsque ces activités ne sont pas liées à un plan de prévention des risques prédéfini (bien que des changements extrêmes puissent entraîner des mesures).



al., 2020) et dépend des initiatives nationales individuelles. Le monitoring en Europe est également moindre par rapport à celle qui est effectuée aux États-Unis.

Comme d'autres virus influenza de type A, les IAV porcins sont spécifiques à l'espèce, mais ils peuvent occasionnellement infecter l'homme (Parys et al., 2021, Abdelwhab & Mettenleiter, 2023). Ces infections zoonotiques par les IAV porcins entraînent généralement des symptômes légers ou absents et les IAV porcins ont tendance à ne pas se propager davantage dans la population humaine. La seule exception connue était le virus de la grippe H1N1 pandémique de 2009, qui était d'origine porcine (Shinde et al., 2009). Cela démontre que la transmission zoonotique des IAV porcins peut entraîner une pandémie si (a) l'immunité de la population humaine contre le virus est insuffisante et (b) le virus est capable de s'adapter aux humains et de se propager entre eux, comme ce fut le cas en 2009.

Dans l'autre sens, les virus humains présentent également un risque pour la santé animale (zoonoses inverses). La transmission du virus influenza de l'homme au porc est en fait beaucoup plus fréquente que la transmission zoonotique du porc à l'homme et joue un rôle central dans l'émergence de nouveaux virus très divers dans les populations porcines. L'ampleur de la transmission mondiale du virus de la grippe pandémique H1N1 de 2009 de l'homme au porc représente la plus importante "zoonose inverse" d'un agent pathogène documentée à ce jour. Les humains sont à l'origine de la grande diversité génétique des virus influenza de type A chez les porcs. Cela souligne encore l'importance de l'interface homme-animal dans l'écologie des virus influenza (Nelson et Vincent, 2015).

Le réassortiment génétique entre les virus influenza est très fréquent chez les porcs. Le réassortiment est un mécanisme permettant l'échange de segments génétiques entre deux ou plusieurs virus grippaux. Les trois dernières pandémies de virus influenza ont été causées par des virus réassortants avec des segments génétiques d'origine aviaire (1957, 1968) ou porcine (2009) (Ma et al., 2009 ; Liu et al., 2012). Le virus de la grippe pandémique de 2009 était un réassortiment entre deux virus influenza porcine existant depuis longtemps (Mena et al. 2016). Ce virus pandémique s'est maintenant établi dans les populations porcines du monde entier. Cela a conduit à une multitude de nouveaux IAV porcins réassortants, dont une partie des segments génétiques est d'origine pandémique et donc potentiellement mieux adaptée à l'homme (Sun et al. 2020, Henritzi et al. 2020, Chepkwony et al. 2021, Parys et al. 2023).

Actuellement, le monde est confronté à une pandémie mondiale d'influenza aviaire chez les oiseaux, ce qui a entraîné une attention et un monitoring accrues des virus influenza aviaire. Comme décrit ci-dessus, outre les oiseaux, les porcs sont également une espèce animale très importante en ce qui concerne l'échange des IAV entre les humains et les animaux. **La transmission zoonotique et inversement zoonotique des virus influenza entre l'homme et le porc est avérée. Par conséquent, un monitoring du secteur porcin est conseillée pour des raisons de type 'One Health', en particulier en cas de période d'activité accrue du virus HPAIV ou du IAV humain.**

### ***Monitoring actuel des virus influenza porcins***

En Belgique, Sciensano a récemment lancé un projet pilote temporaire pour surveiller les personnes présentant un risque d'infection par des IAV aviaires ou porcins. Le suivi consiste en un monitoring



bihebdomadaire de « sentinelles », par prélèvement d'écouillons nasopharyngés (auto-écouvillonnage) des personnes en contact avec des animaux dans les élevages de volailles, les élevages de porcs et les centres de réhabilitation de la faune sauvage. En outre, dans les élevages de volailles, en cas d'épidémie d'HPAIV, les personnes en contact avec les animaux feront l'objet d'un monitoring étroit : écouvillonnage nasopharyngé tous les deux jours (auto-écouvillonnage) et prélèvements sanguins. Le projet a démarré au début de l'année 2023. Les résultats ne sont pas encore disponibles.

Le laboratoire de virologie de la faculté de médecine vétérinaire de l'université de Gand (Prof. Kristien Van Reeth) surveille les virus influenza chez les porcs depuis la fin des années 1990. Le laboratoire propose un diagnostic des infections par les influenza chez les porcs, ainsi que le sous-typage, la caractérisation génétique et antigénique et le séquençage du génome entier d'échantillons sélectionnés. Le groupe effectue des recherches sur l'évolution génétique des IAV porcins, le rôle des porcs dans la génération de virus influenza pandémiques et l'immunisation contre l'influenza. Les résultats du monitoring des IAV porcins sont partagés avec le réseau OFFLU et l'OMS. Il n'y a pas de financement structurel pour le monitoring, ce qui entraîne un nombre variable d'échantillons à analyser au fil des ans et des interruptions potentielles (monitoring non-pérenne).

La cellule de recherche contractuelle du Service public fédéral (SPF) Santé, Sécurité de la chaîne alimentaire et Environnement a financé plusieurs projets de recherche concernant la recherche scientifique sur les virus influenza chez les animaux en Belgique au cours des trois dernières années :

- FLUCART: Cartographie renouvelée des zones naturelles sensibles en Belgique et dynamique d'exposition des élevages de volailles industriels et hobbyistes aux virus influenza (vIA) faiblement et hautement pathogènes ;
- mRNAVIFLUE: Développement et évaluation in vivo d'un vaccin ARN auto-amplificateur contre l'influenza aviaire chez les volailles ;
- PREVENTER: Décrypter le rôle du virus influenza D dans les maladies respiratoires chez les bovins et les humains en Europe ;
- EMERDIA-H5 II: Développement de modèles expérimentaux permettant de mieux comprendre la biologie des virus influenza aviaire hautement pathogènes (HPAI) H5Nx récents et d'améliorer leur détection et leur contrôle.

Au niveau international, le réseau OFFLU (coopération entre la FAO et la WOA) suit de près l'évolution des virus influenza de type A chez les animaux depuis 2005 (<https://www.offlu.org>). Le réseau vise à échanger des données scientifiques et du matériel biologique (y compris des souches de virus) au sein du réseau, à analyser ces données et à partager ces informations avec l'ensemble de la communauté scientifique. Le groupe de l'OFFLU sur le virus influenza porcins de type A est composé de 20 experts du monde entier. En outre, le réseau OFFLU collabore avec l'OMS sur des questions relatives à l'interface entre l'animal et l'homme, y compris la préparation à une éventuelle pandémie pour le développement précoce d'un vaccin chez l'homme. Des experts belges sont représentés au sein du réseau OFFLU.

Par ailleurs, l'initiative GISAID (Global Initiative on Sharing All Influenza Data) promeut le partage rapide des données relatives à tous les virus influenza. Il s'agit notamment de la séquence génétique et des données cliniques et épidémiologiques associées aux virus humains, ainsi que des données



géographiques et spécifiques aux espèces associées aux virus aviaires et aux virus d'autres animaux, afin d'aider les chercheurs à comprendre comment les virus évoluent et se propagent pendant les épidémies et les pandémies.

Au niveau européen, le laboratoire de virologie de la faculté de médecine vétérinaire de l'université de Gand participe à l'action COST ESFLU (European swine influenza network, 2022-25). Ce réseau comprend des participants de 26 pays européens et vise à devenir le pendant européen de l'OFFLU.

En France, un système de monitoring des virus influenza chez les porcs est en place depuis 2011 (RESAVIP = Réseau national de surveillance des virus influenza A chez le porc). Le programme est volontaire et vise les élevages de porcs présentant des signes clinique d'une possible infection par le virus influenza. Les objectifs du programme sont d'améliorer les connaissances virologiques et épidémiologiques et de se préparer à une action ciblée si nécessaire.

### ***Recommandations pour un monitoring dans le secteur porcin***

Récemment, l'EFSA a publié plusieurs avis destinés à guider les États membres dans le monitoring des agents pathogènes zoonotiques (EFSA et al., 2023). Les IAV porcins ont été considérés dans ce document comme un agent pathogène très important à suivre par les autorités sanitaires. Les détails d'un système de monitoring dans le secteur porcin ont été proposés. Le RAG-V-EZ est d'avis que le monitoring proposée constitue une bonne base.

- Population animale cible :
  - **élevages de porcs présentant une incidence élevée de maladies respiratoires**
  - **élevages de porcs ayant accès à un parcours extérieur**
  - **les élevages mixtes volailles/porcs** (en particulier en cas de forte circulation de l'influenza aviaire)
  - **les élevages de porcs dans lesquels les personnes qui s'occupent des animaux (humains) sont infectées par l'influenza**
  - la faune sauvage : les virus de l'influenza porcins peuvent également circuler chez les sangliers. En outre, les sangliers peuvent démontrer un comportement charognard sur les carcasses d'oiseaux. Ils courent donc un plus grand risque d'être infectés par l'influenza aviaire. Il est conseillé d'effectuer un monitoring des sangliers pendant la prochaine saison de chasse et d'inclure des diagnostics d'influenza sur les sangliers trouvés morts.
- Échantillonnage : la matrice d'échantillonnage doit inclure les sécrétions nasales et muqueuses prélevées à l'aide d'un écouvillon. De plus, en cas de mortalité, des échantillons de tissus provenant des poumons et/ou des voies respiratoires supérieures peuvent être utilisés pour la détection du virus. En outre, d'autres matrices d'échantillonnage telles que l'échantillonnage de l'air et le fluide oral collecté par de minces cordes pourraient être utilisées (Decorte et al., 2015). Les vétérinaires de terrain devraient être incités à collecter et à soumettre des échantillons de cas suspects.

- Méthode de diagnostic : Les échantillons peuvent être analysés par PCR. Les échantillons positifs confirmés pour l'influenza doivent être caractérisés en déterminant le sous-type et les caractéristiques génétiques et antigéniques des protéines de surface hémagglutinine (HA) et neuraminidase (NA). Cela n'est possible que dans des laboratoires spécialisés. Le séquençage du génome entier d'une sélection d'échantillons positifs est recommandé pour détecter de nouveaux réassortiments.
- Dépôt de données : les séquences détectées chez les humains, les oiseaux et les porcs en Belgique devraient être téléchargées dans des bases de données pertinentes (de préférence dans des bases de données internationales déjà existantes, par exemple GISEAD) : cela pourra faciliter les analyses phylogénétiques/phylogéographiques, permettra de suivre les changements dans les sous-types et génotypes dominants (De Vleeschauwer et Van den Berg, 2009) et d'identifier les changements génétiques qui peuvent être importants pour l'adaptation des virus influenza animale (y compris les souches aviaires) à l'homme. Le dépôt des données sur des plateformes accessibles au public pour l'analyse et l'interprétation des données en conjonction avec les informations épidémiologiques permettrait également de soutenir et d'accélérer l'avancement général des connaissances sur le risque zoonotique et pandémique lié aux virus influenza.
- Mise en œuvre : l'application d'une approche intégrée devrait permettre à toutes les parties prenantes (éleveurs, vétérinaires, laboratoires, évaluateurs et gestionnaires de risques) de tirer le plus grand profit. Celle-ci devrait comprendre l'élaboration et la mise en œuvre d'outils et d'approches harmonisés, l'échange de données de séquence et l'amélioration de la coordination et de la diffusion des résultats des réseaux humain, porcin et aviaire, ainsi que d'autres espèces, le cas échéant.
- Aspects liés à la santé humaine : Il est fortement recommandé de développer une collaboration étroite entre les autorités chargées de la santé animale et celles chargées de la santé humaine.  
L'infection de l'homme par des virus influenza de type A non saisonniers doit être notifiée. Les infections confirmées par des virus influenza chez des personnes travaillant dans des élevages de porcs ou de volailles doivent être communiquées afin de permettre un suivi des animaux dans l'exploitation.  
Il est conseillé d'organiser régulièrement des réunions/workshops pour discuter de l'épidémiologie des virus influenza, tant du côté humain que du côté animal. Il est également conseillé de mettre en place un organe consultatif qui recueille toutes les données pertinentes et publie un rapport annuel.
- Accroître la sensibilisation : Les médecins et les vétérinaires doivent être régulièrement informés des risques d'infection par la grippe et des possibilités/de l'importance du monitoring de l'influenza.



### ***Nécessité de renforcer les mesures de biosécurité et de protection dans le secteur porcin en cas de période d'activité accrue des virus HPAIV ou IAV humain***

Les virus influenza **se transmettent principalement par les aérosols et les gouttelettes respiratoires**, et un contact étroit avec des animaux infectés peut augmenter le risque de transmission zoonotique (Organisation mondiale de la santé animale, 2009). En outre, les personnes qui travaillent avec des porcs (vivants), comme les éleveurs et les vétérinaires, peuvent être exposées à un risque accru de transmission zoonotique ou de transmission zoonotique inverse.

#### Mesures visant à réduire le risque de transmission zoonotique (de l'animal à l'homme) :

- Éviter les contacts étroits avec les porcs.
- Portez un masque lorsque vous manipulez ou prenez soin de porcs présentant des signes cliniques respiratoires.
- Respecter les règles d'hygiène de base lors de la manipulation des animaux : se laver régulièrement les mains avec du savon, séparer les vêtements et les chaussures utilisés uniquement lors des contacts avec les animaux, ...
- Éviter tout contact des muqueuses (yeux, nez) avec des mains non lavées lors des contacts avec les porcs.
- Appeler un vétérinaire lorsque les porcs développent des signes cliniques respiratoires.
- Les chasseurs qui entrent en contact avec des sangliers doivent adopter une bonne hygiène afin de prévenir toute infection potentielle. L'éviscération sur le terrain n'est pas non plus recommandée.

#### Mesures visant à réduire le risque de transmission zoonotique inverse (de l'homme à l'animal) :

- Toute personne travaillant avec des porcs et développant des signes cliniques respiratoires doit éviter tout contact avec les porcs ou porter un masque pendant les activités avec les porcs ; seuls les masques FFP2 sont reconnus comme réduisant suffisamment les risques de transmission par les gouttelettes lors des contacts étroits.
- Inclusion des travailleurs du secteur porcin et avicole dans la catégorie A de la recommandation annuelle du Conseil Supérieur de la Santé pour la vaccination contre la grippe saisonnière (voir plus loin).

#### Mesures visant à réduire le risque d'infection par HPAIV chez les porcs :

- Prévenir tout contact avec des oiseaux sauvages, des volailles ou d'autres animaux susceptibles d'être porteurs de HPAIV ; de ce point de vue, il convient d'accorder une attention particulière à la gestion des porcs en plein air ou des porcs bénéficiant d'un accès temporaire à un parcours extérieur.
- De plus amples informations concernant les risques d'infection d'autres espèces par le HPAIV et les mesures de protection recommandées sont disponibles dans le document suivant du RAG-V-EZ : [https://www.fav-afsca.be/professionnels/productionanimale/ragvez/\\_documents/Zoonotic-risk-of-avian-influenza\\_V9.pdf](https://www.fav-afsca.be/professionnels/productionanimale/ragvez/_documents/Zoonotic-risk-of-avian-influenza_V9.pdf)



### ***Vaccination***

La vaccination humaine contre la grippe saisonnière n'est pas destinée à prévenir l'infection par les virus influenza animaux. Cependant, elle peut réduire le risque de transmission de virus humains de l'homme au porc. C'est pourquoi il est recommandé d'inclure les travailleurs du secteur porcin et de la volaille dans la catégorie A dans la recommandation annuelle du Conseil supérieur de la santé concernant la vaccination contre la grippe saisonnière.

Les données issues du monitoring et de la caractérisation antigénique/génétique des IAV porcins sont nécessaires pour suivre l'évolution de ces virus et pour faciliter la sélection des souches vaccinales contre la grippe porcine.

### ***Conclusion et recommandations finales***

La circulation des virus influenza à l'interface homme/animal peut potentiellement conduire à l'émergence de nouvelles souches à potentiel pandémique. Dans le cadre de l'initiative "One health, one medicine", les autorités de santé publique et de santé animale doivent s'attaquer aux risques liés aux virus influenza animale à leur source. Il est donc recommandé de mettre en place des programmes de monitoring du virus influenza chez les porcs. Les programmes de monitoring peuvent contribuer à identifier les virus influenza circulant dans les populations porcines. Le monitoring peut également aider à identifier les facteurs de risque potentiels de transmission zoonotique et contribuer à l'élaboration d'interventions visant à prévenir ou à contrôler la propagation des virus influenza dans les populations porcines. Les données de monitoring peuvent fournir une alerte précoce sur l'émergence de nouvelles souches de virus de l'influenza chez les porcs et contribuer à informer les autorités de santé publique afin d'élaborer des mesures appropriées pour prévenir ou contrôler la propagation du virus (Smith et al., 2009). **Le RAG-V-EZ recommande la mise en place d'un tel système de monitoring dans le secteur porcin, ciblé sur tous les élevages de porcs où une incidence élevée de maladies respiratoires est observée, sur les élevages de porcs ayant accès à un parcours extérieur, sur les élevages mixtes volaille/porc (en particulier en cas de forte circulation de l'influenza aviaire), sur les élevages de porcs où les soignants (humains) sont atteints d'une infection grippale, ainsi que sur les sangliers.** À cette fin, il est possible de développer les structures et les canaux existants plutôt que de lancer de nouvelles initiatives. Il est toutefois très important de disposer d'un système centralisé de monitoring pérenne. Un tel système de monitoring permettrait de mieux comprendre l'évolution des IAV porcins au niveau national et mondial et d'établir une base de référence pour étayer les alertes relatives à l'émergence de nouveaux réassortiments. Pour atteindre un nombre élevé d'élevages de porcs atteints de maladies respiratoires aiguës, ce volet de monitoring pourrait s'accompagner d'une **campagne de sensibilisation à la maladie et d'incitations pour que les éleveurs et les vétérinaires soumettent des échantillons.**

En outre, le RAG-V-EZ recommande de **renforcer les mesures de protection et de biosécurité à l'interface animal/porc et d'augmenter la couverture vaccinale contre la grippe saisonnière** des personnes susceptibles d'être exposées à des animaux infectés, afin de réduire le risque de recombinaison.



Enfin, il est vivement recommandé de développer une **collaboration étroite entre les autorités chargées de la santé animale et celles chargées de la santé humaine**. Cela devrait inclure le développement d'un réseau influenza et la mise en œuvre d'outils et d'approches harmonisés, l'échange de données séquentielles et l'amélioration de la coordination et de la diffusion des résultats des réseaux humains, porcins et aviaires, ainsi que d'autres espèces, le cas échéant. L'objectif ultime est de détecter à un stade précoce les infections zoonotiques et les infections zoonotiques inverses.

### Références

Abdelwhab EM, Mettenleiter TC. Zoonotic Animal Influenza Virus and Potential Mixing Vessel Hosts. *Viruses*. 2023; 15(4):980.

Anderson TK, Macken CA, Lewis NS, Scheuermann RH, Van Reeth K, Brown IH, Swenson SL, Simon G, Saito T, Berhane Y, Ciacci-Zanella J, Pereda A, Davis CT, Donis RO, Webby RJ, Vincent AL. A Phylogeny-Based Global Nomenclature System and Automated Annotation Tool for H1 Hemagglutinin Genes from Swine Influenza A Viruses. *mSphere*. 2016 Dec 14;1(6):e00275-16.

Borkenhagen L.K., Salman M.D., Ma M.J., Gray G.C. 2019 – Animal influenza virus infections in humans: A commentary. *Int J Infect Dis*, 88, 113-119.

Bowman AS, Nolting JM, Nelson SW, Slemons RD. Subclinical influenza virus A infections in pigs exhibited at agricultural fairs, Ohio, USA, 2009-2011. *Emerg Infect Dis*. 2012;18(12):1945-1950.

Chepkwony S., Parys A., Vandoorn E., Stadejek W., Xie J., King J., Graaf A., Pohlmann A., Beer M., Harder T., Van Reeth K. 2021 – Genetic and antigenic evolution of H1 swine influenza A viruses isolated in Belgium and the Netherlands from 2014 through 2019. *Sci Rep*, 11(1), 11276.

Decorte I, Steensels M, Lambrecht B, Cay AB, De Regge N. Detection and Isolation of Swine Influenza A Virus in Spiked Oral Fluid and Samples from Individually Housed, Experimentally Infected Pigs: Potential Role of Porcine Oral Fluid in Active Influenza A Virus Surveillance in Swine. *PLoS One*. 2015 Oct 2;10(10):e0139586.

De Vleeschauwer A, Van den Berg T. 2009. Epidemiology and control of influenza A viruses in pigs. *Rev Sci Tech*. 28(1): 113-122.

European Food Safety Authority (EFSA); Berezowski J, De Balogh K, Dórea FC, Ruegg S, Broglia A, Zancanaro G, Gervelmeyer A. Coordinated surveillance system under the One Health approach for cross-border pathogens that threaten the Union - options for sustainable surveillance strategies for priority pathogens. *EFSA J*. 2023 Mar 8;21(3):e07882.

Henritzi D., et al. 2020 – Surveillance of European domestic pig populations identifies an emerging reservoir of potentially zoonotic swine influenza A Viruses. *Cell Host Microbe*, 28, 614-627.

Ma W, Lager KM, Vincent AL, et al. The role of swine in the generation of novel influenza viruses. *Zoonoses Public Health*. 2009;56(6-7):326-337.





Mena I., et al. 2016 – Origins of the 2009 H1N1 influenza pandemic in swine in Mexico. *Elife*, 5, e16777.

Nelson MI, Vincent AL. Reverse zoonosis of influenza to swine: new perspectives on the human-animal interface. *Trends Microbiol.* 2015;23(3):142-153.

Parys A, Vandoorn E, King J, Graaf A, Pohlmann A, Beer M, Harder T, Van Reeth K. Human Infection with Eurasian Avian-Like Swine Influenza A(H1N1) Virus, the Netherlands, September 2019. *Emerg Infect Dis.* 2021 Mar;27(3):939-943.

Parys A., Vereecke N., Vandoorn E., Theuns S., Van Reeth K. 2023 – Virological surveillance and genomic characterization of influenza A and D viruses in swine in Belgium and the Netherlands from 2019 through 2021. *Emerg Infect Dis*, 29(7), 1459-1464.

Smith, G. J., Vijaykrishna, D., Bahl, J., Lycett, S. J., Worobey, M., Pybus, O. G., ... & Chen, H. (2009). Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic. *Nature*, 459(7250), 1122-1125.

Sun H., et al. 2020 – Prevalent Eurasian avian-like H1N1 swine influenza virus with 2009 pandemic viral genes facilitating human infection. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 117, 17204-17210.

Van Reeth K., Vincent A., Lager K. 2016 – Vaccines and vaccination for swine influenza: differing situations in Europe and the US. *Animal Influenza*, 2<sup>nd</sup> edition, Wiley-Blackwell Publishing Company, Ames, Iowa, 480-501.

Van Reeth K., Vincent A. 2019 – Influenza viruses. In: Zimmerman J.J., Karriker L.A., Ramirez A., Schwartz K.J., Stevenson G.W., Zhang J., eds. *Diseases of Swine*, 11<sup>th</sup> edition, Wiley-Blackwell Publishing Company, Hoboken NJ, 576-593.

World Organization for Animal Health. 2009. Disease card: Swine Influenza. [https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Animal Health in the World/docs/pdf/Disease cards /SWINE INFLUENZA.pdf](https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/Disease_cards/SWINE_INFLUENZA.pdf)