



Un projet d'analyse génomique a permis de révéler une diversité génétique dans la bactérie *Staphylococcus hyicus*, une première éta... 

3 JUIN 2024

Projet d'analyse génomique de la bactérie responsable du « cochon gras »

ANTONY VINCENT

Université Laval

STEVE CHARRETTE

Université Laval

MARTINE DENICOURT

Université de Montréal

MARIE-ÈVE LAMBERT

Université de Montréal

La bactérie *Staphylococcus hyicus* peut entraîner des problèmes de santé et de bien-être chez les porcelets, provoquant une affection cutanée connue sous le nom d'épidermite exsudative ou de « cochon gras ». Bien que cette bactérie soit couramment retrouvée dans les troupeaux de porcs à travers le monde, peu de données génétiques sont disponibles à son sujet. Dans le but d'améliorer notre compréhension de cette bactérie, des chercheurs du Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA) provenant de l'Université Laval et de l'Université de Montréal ont entrepris un projet visant l'étude de souches de cette bactérie isolées de porcs de l'est du Canada, dont quatre pour lesquelles une analyse de leur bagage génétique a été réalisée.

Ces quatre souches ont été identifiées à partir d'échantillons de porcelets présentant des signes d'épidermite exsudative et/ou de boiterie. Après leur isolation et identification, le génome de chaque souche a été séquencé. Les données obtenues ont révélé des informations précieuses sur leur génétique.

L'étude révèle une diversité génétique des *Staphylococcus hyicus* même au sein d'une même région. D'autre part, l'analyse des gènes de résistance aux antibiotiques indique que ces quatre souches sont résistantes à la tétracycline, un antibiotique couramment utilisé dans l'industrie porcine.

« Deux gènes distincts de résistance à la tétracycline ont été identifiés dans les souches étudiées, ce qui illustre une adaptation »

de ces bactéries aux traitements antibiotiques et confirme les suspicions des vétérinaires sentinelles du Réseau d'alerte et d'information zoosanitaire (RAIZO) porcin mentionnant les échecs de traitement et les cas récurrents observés en 2022. »

Ce projet d'analyse génomique est une première étape dans une initiative de plus grande ampleur cherchant à acquérir une connaissance approfondie de *Staphylococcus hyicus* au Québec. Ce travail est rendu possible grâce au soutien du ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec (MAPAQ), du Conseil de recherches en sciences naturelles et en génie du Canada (CRSNG) et du programme Nouvelle initiative du CRIPA. Nous invitons les éleveurs à participer à cette première initiative s'attaquant à l'épidermite exsudative et à en discuter avec leur vétérinaire traitant. Une compensation financière est prévue pour les participants. Ces avancées dans la compréhension de la génétique de *Staphylococcus hyicus* ouvriront la voie à de nouvelles stratégies de lutte plus efficaces contre cette bactérie chez les porcs.

En collaboration avec :

T



Malgré l'existence de vaccins, la diversité des souches du coronavirus de la bronchite infectieuse complique la protection totale des él... ⊕

26 AOÛT 2024

Bronchite infectieuse : décryptage de la réponse immunitaire des poulets

NEDA BARJESTEH
Université de Montréal

FAIZAL CAREEM
Université de Calgary

KELSEY O'DOWD
Université de Calgary

MARTINE BOULIANNE
Université de Montréal

CHARLES M. DOZOIS

Institut national de la recherche scientifique

CARL A. GAGNON

Université de Montréal

Le coronavirus de la bronchite infectieuse (ou virus BI) représente une menace majeure pour les élevages aviaires, entraînant des infections des voies respiratoires chez les poulets, des problèmes de ponte ou de fausses pontes. La gravité de la maladie dépend de plusieurs facteurs, notamment la souche de virus, les conditions environnementales et le statut vaccinal des poulets.

Lorsqu'un poulet est infecté par le virus BI, il peut présenter des symptômes tels qu'une perte d'appétit, des éternuements, de la toux et des difficultés respiratoires, avec une incidence plus marquée chez les poulettes. La transmission du virus se fait rapidement, généralement en moins de deux jours, par voie aérienne ou par contact direct.

Malgré l'existence de vaccins, la diversité des souches du virus BI complique la protection totale des élevages contre cette maladie. Parfois, même après avoir été infecté par une souche du virus, un poulet peut encore contracter une autre souche. L'émergence d'une nouvelle variante, le virus BI Delmarva (DMV/1639), observé principalement dans l'est du Canada, accentue les défis auxquels sont confrontés les éleveurs. Or cette variante est reconnue pour entraîner des problèmes tels que des troubles de la ponte ou le syndrome de la fausse pondeuse.

Pour mieux comprendre l'interaction entre le virus BI et les poulettes, les scientifiques se sont penchés sur la réponse immunitaire des animaux face

à l'infection virale. Lorsque le virus pénètre dans les voies respiratoires des oiseaux, les mécanismes de défense innés sont activés, notamment la libération de substances antivirales. Cependant, le virus BI est capable de contrecarrer ces défenses, d'où l'importance de comprendre les mécanismes d'action pour développer des stratégies de lutte efficaces. Cette étude se concentre particulièrement sur les cellules spécifiques des poumons appelées cellules épithéliales trachéales, qui sont les premières cellules en contact avec le virus BI. Celles-ci agissent comme des gardiens protégeant les poumons des poulettes contre les virus. En examinant deux souches du virus BI, DMV/1639 et Mass41, les scientifiques ont observé que ces cellules réagissent différemment selon la souche du virus et le moment de l'infection. Afin de confirmer les données de transcriptomiques permettant de décrire les réactions des cellules aviaires face aux virus BI, l'équipe a réalisé en premier des infections expérimentales *in vitro* sur les cellules trachéales de poulets, et également des infections chez des poussins Leghorn afin de comparer les données.

Ils ont remarqué que l'expression de gènes (transcriptome) des cellules trachéales différait en fonction de la souche virale du virus BI DMV/1639 ou du virus BI Mass41 et de la période post-infection (naïve à l'état antiviral activé). Cela montre que différentes souches du virus BI peuvent déclencher des réactions distinctes dans les poumons des poussins. Toutefois, dans les deux cas, plus l'infection progresse, plus elle perturbe l'homéostasie des poussins et donc plus de gènes sont « sollicités » pour se défendre contre le virus.

De cette étude, les chercheurs ont identifié 14 gènes qui sont affectés aussi bien dans les infections *in vivo* qu'*in vitro*, et 5 autres gènes qui sont exclusivement affectés dans le modèle d'infection *in vivo*, soit dans les poulettes.

L'étude de la réponse immunitaire des poulets contre les virus BI représente un domaine de recherche crucial pour la santé avicole. En combinant les approches *in vitro* et *in vivo*, les scientifiques ont identifié des signatures moléculaires spécifiques à chaque souche du virus, offrant ainsi des pistes pour mieux comprendre la pathogenèse de la maladie et développer des interventions plus efficaces. Les travaux futurs devront approfondir ces découvertes, notamment en validant les résultats au niveau protéique et en explorant davantage les interactions entre le virus et l'hôte.

En collaboration avec :