

Épidémiologie du virus du syndrome reproducteur et respiratoire porcin (SRRP) dans les troupeaux porcins, un programme de recherche appliquée en soutien aux projets de contrôle du SRRP

► Sylvie D'Allaire et Marie-Ève Lambert, Université de Montréal

Les chercheurs du Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine (LEMP) :

- Ont géré une banque de données de séquences de virus du SRRP de plus de 6000 séquences.
- Ont développé un système de classification des souches virales du SRRP et ont identifié tout près de 40 groupes différents, ce qui a permis d'étudier la répartition géographique de la maladie au fil du temps.
- Ont développé un système de surveillance basé sur les données de séquençage afin de détecter les nouvelles introductions de virus du SRRP dans les troupeaux.
- Ont recueilli une quantité importante de données sur les mouvements signalés dans les troupeaux ayant connu une nouvelle introduction de virus du SRRP.
 - Un grand nombre de personnes (employés, visiteurs) et de véhicules (pour des livraisons, la gestion des aliments et du fumier, le transport des porcs) ont circulé sur les sites porcins. Par conséquent, si des mesures de biosécurité sont transgressées, le virus du SRRP pourrait s'introduire sur la ferme.
 - Le partage des employés d'un site à l'autre pourrait représenter un risque accru d'introduction du virus du SRRP. En effet, le protocole d'entrée a été moins bien respecté par les employés que par les visiteurs.

Pourquoi cette étude a-t-elle été effectuée?

Le SRRP a un impact économique majeur sur le secteur porcin. Le séquençage des virus représente un outil essentiel pour mieux gérer le SRRP au Canada. Ce projet de recherche visait à développer et à appliquer une nouvelle méthodologie intégrant des données traditionnelles et moléculaires pour évaluer les différents aspects de la transmission du virus du SRRP.

Qu'est-ce qui a été fait et quels sont les résultats?

Banque de données des séquences de virus du SRRP

Pendant ce projet, plus de 2500 séquences supplémentaires, ainsi que des informations sur leurs localisations et les caractéristiques de troupeaux, ont été intégrées à la banque de données de séquences de virus du SRRP en temps quasi réel. Présentement, avec plus de 6000 séquences d'une certaine partie du génome du virus, cette base de données est particulièrement utile pour appuyer le contrôle du SRRP et les projets de recherche.

Allaitement
des porcelets.
Source : Université
de Montréal

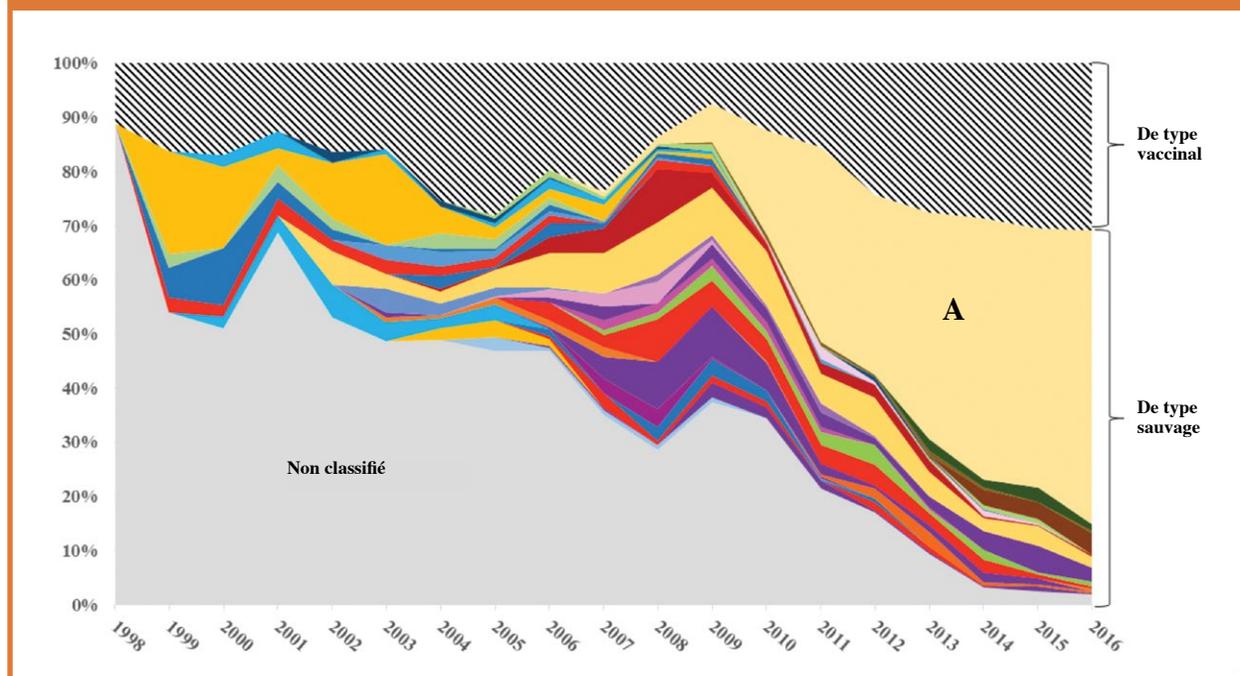


Système de classification des souches de virus du SRRP pour une surveillance continue

Près de 40 grands groupes génétiques de virus ont été identifiés à l'aide du système développé par l'équipe de recherche. Ce système de classification a servi dans l'évaluation de la répartition spatio-temporelle

des souches (Figure 1). Cette répartition montre qu'un groupe s'est considérablement déployé et qu'il faudra le répartir en sous-groupes (A). Pour le contrôle régional du SRRP, connaître le type de souches circulant dans les régions et entre les régions pourrait s'avérer utile pour éviter l'introduction d'une nouvelle souche au sein d'une région spécifique.

Figure 1 : Variation temporelle des groupes génétiques (barres de couleur) mise en évidence par la classification.



Premières données provinciales sur les introductions de virus du SRRP dans les troupeaux

Dans cette étude (2014-2107), les chercheurs ont identifié 165 sites de production où une souche de virus du SRRP s'était récemment introduite. Le nombre de cas a été le plus élevé pendant l'année 2015-2016 (Figures 2 et 3). Il est recommandé que ce système soit maintenu à l'avenir afin de continuer à évaluer et à suivre l'évolution de ces cas.

Figure 2 : Nouvelles introductions du virus SRRP dans les maternités au Québec

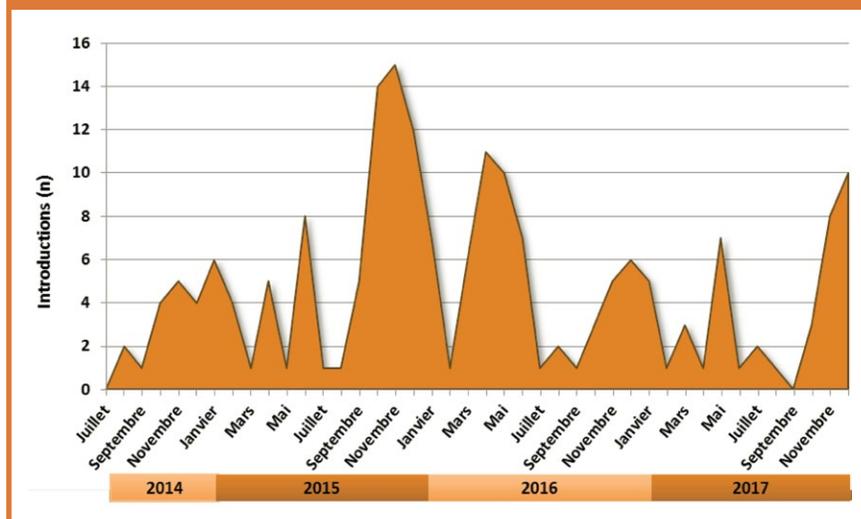
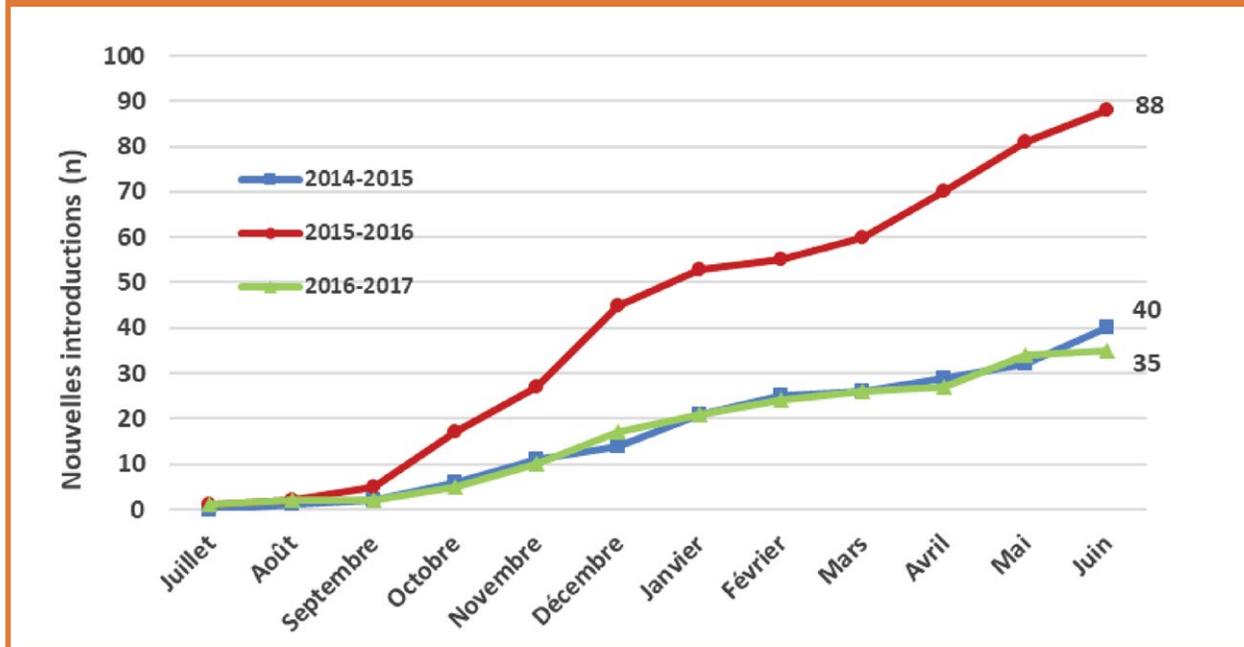


Figure 3 : Cumulatif des nouvelles introductions du virus SRRP dans les maternités au Québec selon les années



Source d'introduction des virus la plus probable

La plupart des troupeaux où une nouvelle souche du virus du SRRP a été introduite ont également été analysés pour établir la source la plus probable de cette infection. Pour chaque « nouvelles » souche de virus apparue dans le troupeau, les chercheurs ont vérifié la banque de données de séquences de virus du SRRP et ont pu identifier et étudier de deux à trois autres troupeaux ayant des souches de virus du SRRP similaires. Les résultats préliminaires ont montré que la plupart de ces troupeaux partagent soit le même propriétaire de porcs (30 %), le même propriétaire de site (19 %) ou sont localisés dans un rayon de 2,5 km l'un de l'autre (25 %). De plus, les troupeaux reliés examinés étaient, pour la plupart, localisés dans la même région que le troupeau dans lequel une nouvelle souche a été introduite (68 %).

Dans la majorité des cas, la fréquence élevée de mouvements observés avait un lien soit avec des gens, des livraisons, des déplacements pour transporter du fumier ou des porcs ou encore l'élimination d'animaux morts. Par exemple, il y a eu une moyenne de

7 déplacements de porcs (et un maximum de 16) dans le mois précédant l'introduction d'une nouvelle souche de virus du SRRP. De plus, pendant le même mois, 8 personnes en moyenne (et un maximum de 29) ont eu accès au site. Pour la même période, dans plus de la moitié des cas, au moins un employé ou un visiteur a visité au moins un autre site d'élevage porcin, et même jusqu'à 4 autres sites d'élevage porcin. Donc, le partage d'employés pour différents sites peut augmenter le risque d'introduire des virus du SRRP. Selon cette analyse, les employés respectaient moins les mesures de biosécurité (particulièrement le protocole d'entrée) que les visiteurs.

Les données seront analysées de manière plus approfondie afin d'en apprendre davantage sur les sources de contamination des troupeaux les plus fréquentes.

Collaborateurs

Julie Arsenault

Université de Montréal

Zvonimir Poljak

Université de Guelph



Information additionnelle

Cliquez sur les liens ci-dessous pour obtenir plus d'information sur ce projet.

Articles de vulgarisation - par Geoff Geddes pour Swine Innovation Porc:

Les articles se trouvent sur notre site Web au : <http://www.innovationporc.ca/ressources-articles.php>

- [Recherche en santé porcine : des progrès intéressants](#)
- Août 2019 (Vol. 4, No. 12)
- [Chercher à divertir les porcs](#)
- Juin 2019 (Vol. 4, No. 6.)

Entrevues Farmscape :

- [Sur la piste du SRRP](#)
- le 10 janvier 2018
- [La recherche développe des moyens pour réduire la propagation du SRRP](#)
- le 23 décembre 2014

D'autres ressources :

2019

- LEMP (2019) [Nouvelles introductions de virus SRRP dans les maternités au Québec](#). Site Web. *Université de Montréal, Laboratoire D'Épidémiologie et de Médecine Porcine*.
Obtenu de : <https://www.medvet.umontreal.ca/lemp/index.php>

2017

- LEMP members (2017) [Nouvelles introductions de virus SRRP dans les maternités au Québec](#). Article. CDPQ Bulletin VSP, Septembre 2017, No. 4: p. 2.
Obtenu de : [https://www.cdpq.ca/dossiers-thematiques/veille-sanitaire-provinciale-\(vsp\)/demeurer-informe.aspx](https://www.cdpq.ca/dossiers-thematiques/veille-sanitaire-provinciale-(vsp)/demeurer-informe.aspx)

2016

- D'Allaire, S. et al. (2016) [Contrôle du SRRP : l'importance des séquences](#). Présentation. *Soirée d'information : Clé Santé Lanaudière et veille sanitaire*. St-Liguori, Québec : le 17 mars 2016.
Obtenu de : <http://www.medvet.umontreal.ca/lemp/index.php/site/page/view/publications>

2015

- D'Allaire, S. (2015) [Contrôle du SRRP : l'importance des séquences](#). Présentation. *Soirée d'information sur la veille sanitaire – région Beauce-Québec*. Ste-Marie, Québec : le 16 septembre 2015.
Obtenu de : <http://www.medvet.umontreal.ca/lemp/index.php/site/page/view/publications>

Information additionnelle

Cliquez sur les liens ci-dessous pour obtenir plus d'information sur ce projet.

2015

- D'Allaire, S. (2015) [De la recherche appliquée à la recherche fondamentale et au développement et transfert technologique : l'exemple du SRRP au LEMP](http://www.medvet.umontreal.ca/lemp/index.php/site/page/view/publications). Présentation. 8ème Symposium du Centre de Recherche en Infectiologie Porcine et Avicole (CRIPA). St-Hyacinthe, Québec : le 20 mai 2015.
Obtenu de : <http://www.medvet.umontreal.ca/lemp/index.php/site/page/view/publications>

Soutien financier

Ce projet est financé par Swine Innovation Porc, dans le cadre du programme de recherche de la Grappe porcine 2 (2013-2018). Le financement de ce dernier provient du programme Agri-innovation d'Agriculture et Agroalimentaire Canada, de huit associations provinciales de producteurs de porcs et de plus de 30 partenaires de l'industrie. [Cliquez ici pour obtenir plus d'information sur les partenaires financiers de la Grappe porcine 2.](#)

