



Analyse d'*Escherichia coli*, marqueur microbiologique des modes de transmission de pathogènes entériques, dans un réseau de production porcine

Gabriel Desmarais¹, A. Letellier¹; J.-M. Fairbrother¹, A.-E. Henry¹, V. Lachapelle^{1,2}, P. Fravallo¹

(1) Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal (2) Agence canadienne d'inspection des aliments (ACIA)

Plusieurs études démontrent qu'il existe un lien entre la détection de souches potentiellement pathogènes d'*Escherichia coli* et des pertes économiques dans l'industrie porcine. La transmission de ces souches d'*E. coli* entre les élevages et l'abattoir provenant d'un même réseau de production n'est pas bien caractérisée. Une meilleure compréhension des mouvements des souches d'*E. coli* à travers les différents paliers de la production alimentaire peut mener à un meilleur statut sanitaire de l'élevage et à un meilleur contrôle de la contamination dans le processus d'abattage. Les souches d'*E. coli* appartiennent à différents groupes clonaux pouvant être commensaux ou pathogènes. Les groupes pathogènes sont caractérisés par la présence de gènes de virulence spécifiques. La présence de certains de ces gènes, détectée par des techniques moléculaires, peut être utilisée comme indicateur de contamination entre les élevages et l'abattoir. L'objectif de cette étude est de mieux comprendre les modes de transmission des souches d'*E. coli* dans un réseau de production. Pour ce faire, 10 fermes d'engraissement, un abattoir ainsi qu'un réseau de transport d'animaux ont été choisis dans une même région géographique. Des échantillons ont été collectés de façon périodique sur différents sites à la ferme (3 visites), à l'abattoir (2 visites) et sur les véhicules des intervenants associés au réseau, comme les transporteurs d'animaux et les vétérinaires. Trois lots de production ont été suivis sur une période de 8 mois. La présence des gènes de virulence (*eltB*, *estA*, *estB*, *faeG*, *stxA*, *stx2A*, *eae*, *cnf*, *papC*, *iucD*, *tsh*) a été détectée dans les échantillons à l'aide d'une PCR multiplexe. Le suivi temporel et spatial des profils de gènes de virulence peut être utile pour mieux comprendre l'évolution de la contamination par *E. coli* dans un réseau de production.