

Analyse préliminaire de la distribution des gènes de virulence d'*Escherichia coli*, marqueurs microbiologiques, dans un réseau de production porcine.

**Gabriel DESMARAIS¹, John M. Fairbrother¹, Alexandra Henri¹,
Virginie Lachapelle¹⁻², Nadia Bergeron¹, Ann Letellier¹, Philippe Fravallo¹**

1- Groupe de recherche et d'enseignement en salubrité alimentaire (GRESA)

2- Agence canadienne d'inspection des aliments (ACIA)

Plusieurs études démontrent un lien entre la détection de souches potentiellement pathogènes d' *Escherichia coli* et des pertes économiques dans l'industrie porcine. Cependant, la distribution des gènes de virulence appartenant à des souches pathogènes entre les élevages dans un même réseau de production n'est pas bien caractérisée. Mieux comprendre la distribution des gènes de virulence entre différents élevages peut mener à un meilleur statut sanitaire de l'élevage et à un meilleur contrôle de la contamination dans tous les paliers de production.

L'objectif de cette étude préliminaire est de décrire la distribution des gènes de virulence présents dans l'environnement de différentes fermes d'engraissement dans un réseau de production porcine. Un réseau comprenant 10 fermes d'engraissement a été sélectionné à l'intérieur d'une région géographique définie. Quinze échantillons composites de matières fécales ont été collectés périodiquement dans chacune des fermes lors de trois visites sur une période d'un an. La présence des gènes de virulence (*eltB*, *estA*, *estB*, *faeG*, *stxA*, *stx2A*, *eae*, *cnf*, *papC*, *iucD*, *tsh*, *F18*) souvent associés à des souches *E. coli* pathogènes a été détecté dans les échantillons par PCR multiplexe. L'analyse de 150 échantillons démontre une variabilité des profils de virulence dans les fermes. La proportion d'échantillons positifs pour le facteur LT est significativement différente entre les fermes A et B (Fisher; $p = 0.014$). Certains facteurs de virulences comme STb, Tsh et PapC sont retrouvés en grande proportion dans une majorité d'établissements. Tandis que certains comme eae et F18 sont rarement détecté dans les échantillons voire jamais.

En conclusion, la distribution des gènes de virulence entre les fermes est non-homogène dans un même réseau de production. L'isolation et la caractérisation de souches *E. coli* positives pour les différents gènes de virulence permettra de documenter la distribution des virotypes dans un réseau de production porcine.