



RESEARCHERS
69

INSTITUTIONS
15

CHAIRS
12

Centre de Recherche en
Infectiologie Porcine et Avicole
Swine and Poultry Infectious
Diseases Research Center

Symposium annuel 2021

Résumés/Abstracts

Portrait des souches du virus du syndrome reproducteur et respiratoire porcin en circulation entre 2014 et 2021 au Québec

Michael Bérubé¹, Julie Arsenault^{1,2}, Sylvie D’Allaire^{1,2}, Marie-Ève Lambert^{1,2}

¹ Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine (LEMP), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

² Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA-FQRNT), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

Le syndrome reproducteur et respiratoire porcin (SRRP) est une maladie endémique extrêmement coûteuse pour l'industrie porcine. La diversité des souches, combinée au manque de protection croisée face aux souches hétérologues, rendent le contrôle particulièrement difficile. Au Québec, le séquençage de l'ORF5 est largement utilisé. Les séquences issues des différents laboratoires sont centralisées dans une perspective de surveillance. L'objectif de cette étude était de décrire la diversité des souches du virus du SRRP au Québec de juillet 2014 à avril 2021 inclusivement. Les séquences collectées dans la base de données du LEMP (n=7143, 1er janvier 1998 – 30 avril 2021) et celles des souches de référence de trois vaccins commerciaux utilisés sur le terrain ont été alignées avec Clustal Omega. Un arbre phylogénétique a été inféré par maximum de vraisemblance et les groupements génétiques (≥ 15 séquences, ≥ 70 bootstrap) ont été identifiés. Un total de 3319 séquences (65% sauvages, 35% vaccinales) ont été soumises de juillet 2014 à avril 2021. Parmi les souches sauvages, 19 groupements majeurs ont été identifiés et un de ceux-ci (CL-29) s'est divisé en 18 groupements mineurs au fil du temps. Les groupements génétiques prédominants étaient différents entre les régions et années. Certains groupements, très actifs entre 2014 et 2018, ont par la suite laissé place à d'autres groupements prédominants. La surveillance moléculaire est essentielle à la compréhension de l'épidémiologie et les analyses ultérieures permettront d'évaluer plus précisément la dispersion des souches.

Immunological evaluation of an autogenous vaccine used in sows to protect piglets against *Streptococcus suis* infections

Alison Jeffery¹, Mélina Gilbert¹, Corsaut Lorelei¹, Simon Cloutier², Marie-Christine Frenette², Charles Surprenant³, Marcelo Gottschalk¹, Mariela Segura¹

¹ Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA), Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

² S.V.A. Triple-V Inc., Acton Vale, Québec

³ F. Ménard, Ange-Gardien, Québec

Streptococcus suis is an important bacterial pathogen in swine production. It causes major economic burden to the industry, mainly in the post-weaning period. *S. suis* is classified in 29 serotypes with diverse geographical distribution. There is no commercial vaccine available in Canada. Therefore, autogenous vaccines are largely used as preventive strategy; however, field studies on the immunological response induced by these vaccines are scarce. Assessment of a sow vaccination program with an autogenous vaccine containing five *S. suis* serotypes (2, 5, 7, 14 and 1/2) was done to characterize the antibody response induced by the vaccine and transfer of maternal immunity from sows to their litters (until 7 week-old) on a commercial farm. Current results targeting so far the response against serotypes 5 and 7 showed that vaccinated sows present higher levels of antibodies against these serotypes after three vaccine doses than the placebo control group (as determined by ELISA). Maternal antibody transfer to their litters was higher in piglets born from vaccinated sows compared to controls, which lasted until 3 to 5 weeks of age. A mixed IgG1/IgG2 response was observed. Antibody functionality (as measured by the opsonophagocytosis assay) was high in one week-old piglets but then declined. This study provides evidence for the first time that a three-dose vaccination program in sows with an autogenous vaccine increases antibody levels in piglets after one week of age; nevertheless, more studies are required to fully characterize the clinical protective effect of this vaccine during the complete nursery period.

Role of maturation of lipoproteins in the pathogenesis of the infection caused by *Streptococcus suis*

Servane Payen¹, Masatoshi Okura², Anais Boa¹, Jean-Philippe Auger¹, Mariela Segura¹, Marcelo Gottschalk¹

¹ Faculty of Veterinary Medicine, University of Montreal, Quebec, Canada

² Division of Bacterial and Parasitic Diseases, National Institute of Animal Health, National Agriculture and Food Research Organization, Tsukuba, Japan

Streptococcus suis is one of the most important swine pathogens. Knowledge on virulence factors and the pathogenesis of the infection remains incomplete. Lipoproteins are membrane-anchoring proteins with a variety of pathogenic functions in bacteria, such as adhesion and cell activation. Maturation of lipoproteins requires the prolipoprotein diacylglyceryl transferase (Lgt) and the lipoprotein signal peptidase (Lsp). In other pathogenic streptococci, lipoprotein maturation was suggested to be implicated in the recognition of lipoproteins by TLRs, and the induction of inflammation. However, little information is known about the immunostimulatory properties of *S. suis* lipoproteins and their role in the pathogenesis of the infection. We hypothesized that *S. suis* lipoproteins are important inducers of pro-inflammatory mediators and contributing to excessive inflammation and development of clinical disease. Consequently, *S. suis* serotype 2 isogenic *lgt*, *lps* mutants and a double mutant were constructed and characterized. Using these mutants, the role of such proteins in adhesion to swine respiratory epithelial cells was evaluated. In addition, activation of murine dendritic cells by these mutants was assessed by measuring cytokine levels by ELISA. Finally, the virulence of mutants was evaluated in a mouse infection model. It was shown that the maturation of lipoproteins does not influence the adhesion of *S. suis* to swine epithelial cell. However, *lgt* mutation reduced the secretion of different pro-inflammatory mediators when live bacteria were used. And more importantly, all mutants showed reduced virulence in a mouse model of infection. Maturation of *S. suis* lipoproteins may play an important role in the inflammation caused by *S. suis* and would significantly contribute to virulence.

Effet d'une supplémentation en vitamine D, E et C et d'un challenge LPS sur la réponse du métabolisme oxydatif de porcelets recevant un aliment contaminé au déoxynivalénol

Béatrice Sauv  ¹, Younes Chorfi², Marie-Pierre L  tourneau Montminy¹, Fr  d  ric Guay¹

¹ D  partement des sciences animales, Universit   Laval, 2425 rue de l'Agriculture, Qu  bec (QC), Canada, G1V 0A6

² Faculty of Veterinary Medicine, University of Montreal, Quebec, Canada

Le d  oxynival  nol (DON) induit une anorexie, un stress oxydatif en plus d'exercer des effets immunomodulateurs. Il a donc   t   propos   qu'une suppl  mentation en vitamine D3, 25-OH-D3 ou vitamines C et E pouvait contrer les effets du DON. Un total de 96 porcelets ont re  u l'un des 9 traitements dans une exp  rience factorielle 3x3 : les traitements t  moins (TEM), DON ou DON+VitE-C. Ces traitements   taient suppl  ment  s ou non en VitD3 ou 25-OH-D3. Apr  s 21 jours, l'un des porcelets par enclos a re  u une injection de LPS 3h avant l'euthanasie. La muqueuse intestinale a ensuite   t   collect  e. En plus de la croissance, le contenu min  ral osseux (CMO) de chaque porcelet a   t   mesur      21 jours. Des   chantillons sanguins ont   t   pr  lev  s pour   valuer la concentration en VitD, E et C et en enzymes antioxydantes. Le DON a r  duit le gain de poids moyen quotidien et la consommation moyenne journali  re sans effet de l'ajout de vitamines D, E et C (P<0,001). Toutefois, le DON a augment   le CMO par kg de poids vif (P<0,001) compar   au TEM, alors que le DON+VitE-C avait une valeur interm  diaire. Le DON a diminu   les concentrations plasmatiques de 25-OH-D3 et 1,25-(OH)2-D3 (P<0,001). L'activit   de la superoxyde dismutase dans le j  junum apr  s injection de LPS   tait r  duite chez les porcelets DON et DON+VitE-C, alors que ceux n'ayant pas re  u de LPS mais du DON avaient une activit   plus   lev  e (LPSxDON, P<0,01). Dans le plasma, l'activit   de la catalase   tait r  duite chez les porcelets DON compar   au DON+VitE-C alors que le TEM   tait interm  diaire (P=0,02). Une contamination au DON induit une modification du m  tabolisme oxydatif possiblement en alt  rant le recrutement des enzymes antioxydantes alors que l'ajout de vitamine E et C modifie cette r  ponse.

Nanoparticle enabled combination therapy to overcome antimicrobial resistance in pathogenic bacteria isolated from swine farms

Amarpreet Brar^{1,2}, Satwik Majumder^{1,2}, Maria Zardon Navarro^{1,3}, Marie-Odile Benoit-Biancamano^{1,3}, Jennifer Ronholm^{2,4}, Saji George^{1,2}

¹ Swine and Poultry Infectious Diseases Research Center (CRIPA-FRQNT), University of Montreal, Saint-Hyacinthe, Quebec, Canada

² McGill University, Department of Food and Agricultural Chemistry, Macdonald Campus, 21111 Lakeshore Ste Anne de Bellevue, Quebec H9X 3V9, Canada

³ Research Group on Infectious Diseases in Production Animals (GREMIP), Department of Pathology and Microbiology, University of Montreal, Saint-Hyacinthe, Quebec, Canada

⁴ McGill University, Department of Animal Science, Macdonald Campus, 21111 Lakeshore Ste Anne de Bellevue, Quebec H9X 3V9, Canada

Overuse and inappropriate use of antimicrobials in swine farms has majorly contributed to the emergence of antimicrobial resistant porcine pathogens. We studied antimicrobial resistance (AMR) characteristics and its mechanisms (such as efflux pumps, beta lactamase production) and virulence characteristics (such as biofilm formation, hemolysis and heavy metal resistance) in bacteria isolated from swine farms in Quebec. Bacterial isolates identified as *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus hyicus*, *Salmonella Dublin*, *Salmonella Choleraesuis* and *Salmonella Typhimurium* were included in this study. AMR profiling (included 24 antibiotics) showed that *Salmonella Typhimurium* to be resistant to most of the antibiotics followed by *Staphylococcus aureus* M12 and *Salmonella Dublin*. This reflects the prevalence of resistance amongst bacterial pathogens found in swine farms. Beta-lactamase production and active efflux were involved in overcoming the action of antimicrobials in most pathogens. Some bacteria also showed virulence factors such as strong biofilm formation, hemolysis, and heavy metal resistance. Combinations of antibiotics (ampicillin, tetracycline, trimethoprim, and chloramphenicol) with adjuvant molecules (chlorpromazine, tazobactam, thymol, cinnamon essential oil and oregano essential oil) were tested against *Salmonella Typhimurium* and *Staphylococcus aureus* M12. Out of the tested combinations, ampicillin-tazobactam, ampicillin-cinnamon essential oil, and chloramphenicol-thymol showed synergistic effect in *Staphylococcus aureus* M12 and ampicillin-tazobactam showed synergistic effect in *Salmonella Typhimurium*. All in all, these studies showed the prevalence of AMR in swine pathogens and the possibility of combination therapy in eliminating drug resistant bacteria.

Detection of *Cryptosporidium* and *Giardia* in water samples: quite a challenge!

Marie-Stéphanie Fradette, Alexander I. Culley, Manuel J. Rodriguez, Steve J. Charette

Université Laval

According to the one-health concept, close links exist between the health of humans, the health of animals, and the well-being of the environment in which they live. Since many farm animals grow near water plants and that many can excrete zoonotic micro-organisms, monitoring of potential pathogens in environmental water sources is crucial, especially for water sources feeding treatment plants. Among the major issues linked with producing safe water for consumption lay the parasitic protozoa *Cryptosporidium* sp. and *Giardia* sp., both responsible for gastrointestinal infection in humans and many animal species. The only standardized method presently used to detect them in water is the U.S. EPA Method 1623.1 published in 1999. This protocol comprises the filtration of water samples, the elution of biological material from the filter, the concentration of parasites by immunomagnetic separation, and the enumeration of cells by microscopy. Unfortunately, this method tends to be quite expensive, time-consuming and it generates low recovery rates of these protozoa from samples. Therefore, our research team started a project in 2017 aiming the development of a new protocol to detect these protozoa in water samples. To do so, steps from sampling until the analysis of results generated by molecular biology were optimized to find alternatives improving sensibility, specificity, and parasite recovery from samples. This optimization process will be presented through this presentation along with its future usage to document the presence of these protozoa in water samples of the province of Quebec.

Rôle de RyfA dans la réponse au stress et la virulence des souches *Escherichia coli* extraintestinales

Hicham Bessaiah^{1,2}, Pravil Pokharel^{1,2}, Hamza Loucif¹, Sébastien Houle^{1,2}, Charles M. Dozois^{1,2}

¹ INRS-Centre Armand-Frappier Santé Biotechnologie, Laval, Québec, Canada

² Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA-FQRNT), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

Les *E. coli* pathogènes extra-intestinaux sont responsables d'un large éventail d'infections invasives chez l'homme et les animaux, conduisant souvent à une septicémie. Les fimbriae de type 1, codés par les gènes *fim*, sont l'un des facteurs de virulence les plus importants impliqués dans la pathogenèse des *E. coli* pathogènes aviaires (APEC) et des *E. coli* uropathogènes (UPEC). Nous nous intéressons à comprendre davantage la régulation des fimbriae type 1 chez les ExPEC. Durant l'infection, les ExPEC doivent faire face à une variété de conditions stressantes chez l'hôte. Nous avons démontré que le petit ARN RyfA chez la souche CFT073 est nécessaire pour la résistance aux stress oxydatifs et osmotiques. L'inactivation de *ryfA* a diminué la colonisation des voies urinaires dans le modèle murin d'infection du tractus urinaire et le mutant *ryfA* présente une réduction dans la production des fimbriae de type 1 et P, qui sont connus pour être importants pour les infections urinaires. L'analyse transcriptomique du mutant *ryfA* a montré des changements dans l'expression de gènes associés à la réponse générale au stress et de gènes codant pour des protéines de surface cellulaire. En outre, la perte de *ryfA* a également réduit la survie des UPEC dans les macrophages humains. L'importance de ce petit ARN a aussi été confirmé chez une souche APEC dans un modèle de septicémie chez le poulet. RyfA est donc un petit ARN important pour la régulation et la gestion de stress et la virulence systémique de souches ExPEC.

Effect of microRNA *gga-let-7f* on chicken macrophage functions in the context of antiviral responses

Kelsey O'Dowd^{1,2,3}, Carl A. Gagnon^{1,2,3}, Neda Barjesteh^{1,2,3}

¹ Department of Pathology and Microbiology, Faculty of Veterinary Medicine, University of Montreal, Saint-Hyacinthe, Quebec, Canada J2S 2M2

² Research Group of Infectious Disease in Production Animals (GREMIP), Faculty of Veterinary Medicine, University of Montreal, Saint-Hyacinthe, Quebec, Canada J2S 2M2

³ Swine and Poultry Infectious Disease Research Centre (CRIPA-FRQNT), Saint-Hyacinthe, Quebec, Canada J2S 2M2

Macrophages are the key players of the host innate immune responses during viral infections. They have several important functions, including phagocytosis and cytokine production, which are highly regulated by several host factors. MicroRNAs (miRNAs) are small non-coding RNAs that regulate gene expression of complementary messenger RNA sequences by base pairing, which often result in gene silencing. In this study, we aimed to identify the immunoregulatory roles of specific miRNAs on macrophages. In our previous study, we identified miRNAs with predicted antiviral properties. We hypothesized that one of these identified miRNAs, *gga-let-7f*, affects chicken macrophage functions. To this end, we transfected a chicken macrophage cell line with 5nM or 25nM of *gga-let-7f* miRNA mimics using a lipid-based transfection reagent. Following the treatments, transfection efficiency and cytotoxicity of the transfected miRNA were evaluated. Furthermore, the nitric oxide production of macrophages as an indicator of their activity was determined. In order to elucidate the function of the candidate miRNA in the induction of antiviral responses, the expression of some antiviral genes was evaluated. In addition, the impact of candidate miRNA on the replication of avian influenza virus replication in macrophages was determined. The results of this study demonstrated that *gga-let-7f* has direct effects on macrophage functions and highlighted its possible roles in antiviral response regulation.

Colonisation des poulets de chair par différentes souches de *Campylobacter jejuni* entre commensalisme et compétition.

Sophie Chagneau, Marie-Lou Gaucher, Neda Barjesteh, William Thériault, Philippe Fravallo, Alexandre Thibodeau

Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA-FQRNT), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

Campylobacter jejuni est l'une des causes les plus courantes d'infections bactériennes d'origine alimentaire. Les humains s'infectent notamment par l'ingestion de viande ou de foies de poulets contaminés et insuffisamment cuits, menant à une gastroentérite et parfois au syndrome de Guillain-Barré. Une importante diversité de souches de *C. jejuni* est observée en production avicole. Cependant pour un lot d'oiseaux colonisés, une souche de *C. jejuni* est généralement majoritairement retrouvée dans les intestins et le foie, suggérant une compétition entre souches. La compréhension des mécanismes sous-jacents permettrait la mise en place de mesure de contrôle efficace à la ferme. Nous avons émis l'hypothèse que des mécanismes souches dépendants interviendraient dans cet aspect de colonisation préférentielle de *C. jejuni* chez les poulets de chair. Des poulets de chair ont été infectés avec différents ratios d'une ou deux souches de *C. jejuni*, possédant des potentiels opposés de compétitivité lors de la colonisation. Des quantifications spécifiques (dénombrements et qPCR) de *C. jejuni* ont été réalisées à partir des contenus caecaux, iléaux et du foie. Lorsque la souche faiblement compétitive seule est peu capable de coloniser les poulets due à la dose administrée, elle profite de la présence de la souche fortement compétitive pour amplifier sa propre colonisation intestinale et sa dissémination hépatique, témoignant d'un commensalisme entre les deux souches. Cependant lorsque la dose lui permet de coloniser normalement les poulets, une compétition intestinale s'opère alors en présence de l'autre souche menant à la dominance de cette dernière et à une accélération de sa dissémination hépatique.

The gut health and immune responses to novel probiotic strains of *Bacillus pumilus* and *Bacillus subtilis* are prominent in young age of broiler chickens

Muhammad Bilal, Wei Si, Florence Barbe, Eric Chevaux, Olimpia Sienkiewicz, Xin Zhao

Department of Animal Science, McGill University, Sainte-Anne-de-Bellevue, Quebec Canada

Probiotics are being developed as alternatives to antibiotic growth promoters. The aim of the study was to investigate the effects of two novel strains of *Bacillus pumilus* and *Bacillus subtilis* on gut health, immunity and intestinal microbiota of young and adult broiler chickens. Day old chicks (Cobb-500, n=2073) were randomly assigned into six groups: Con (basal diet), Ab (virginiamycin), two levels of *Bacillus pumilus* (Low dose: 3x10⁸ CFU/kg of feed (BPL) and high dose: 1x10⁹ CFU/kg (BPH)), and two levels of *Bacillus subtilis* (Low dose: 3x10⁸ CFU/kg (BSL) and high dose: 1x10⁹ CFU/kg (BSH)). Cecal tonsils and content as well as ileum samples were collected on day-14 and day-42. Cecal tonsils used to sort T regulatory cells (CD4+CD8-CD25+ and CD4+CD8+CD25+) to study expression of IL-10 and IFN- γ , while cecal content was used for bacterial culture. Ileum samples were used to measure gene expression of tight junction proteins, mucin and cytokine. The CD4+CD8-CD25+ cells expressed high levels of IL-10 in BSH on day-14 and in BPL, BSL and BSH on day-42, and high levels of IFN- γ in BPL, BSL and BSH on day-14 and in BSL and BSH on day-42. The expression of IL-10 and IFN- γ in CD4+CD8+CD25+ cells was higher only in BSH on day-14. Cecal bacterial populations of genera, *Lactobacillus* (day-14 and day-42) and *Clostridium* (day-14), was higher in BSH group. Expression of tight junction protein increased significantly in ileum on day-14 in BPL (Occludin, ZO1), BSL (Occludin, ZO1) and BSH (Occludin, ZO1, JAM2) compared to Con and declined in all groups except BSH (Occludin, ZO1, JAM2) on day-42. Expression of MUC2 and IL-17F increased in all groups on day-14 and remained high on day-42 in BSL and BSH. Taken together, both *Bacillus* probiotics altered the intestinal and immune activities, particularly on day-14, suggesting beneficial influence of probiotics in early life of chickens.

La caractérisation du risque associé à la présence de *Clostridium perfringens* entérotoxigène chez le poulet de chair

Kakese Mukosa Rosette^{1,2}, Alexandre Thibodeau^{1,2,3}, John Morris Fairbrother^{2,3,4}, Nicole Trottier^{1,2}, Marie-Lou Gaucher^{1,2,3}

¹ Chaire de Recherche en salubrité des viandes, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

² Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

³ Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA-FQRNT), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

⁴ Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Clostridium perfringens entérotoxigène se classe parmi les trois agents pathogènes bactériens causant des maladies d'origine alimentaire humaine le plus fréquemment au Canada, avec un nombre estimé de 544,5 cas de maladie/100 000 habitants. Malgré le nombre important de ces cas, les réservoirs et voies de transmission jusqu'à l'humain demeurent peu documentés car l'isolement classique de *C. perfringens* sur milieu de croissance sélectif s'appuie sur la caractéristique phénotypique d'une double hémolyse, alors que les souches entérotoxigènes de cette espèce n'en produisent pas. Ces difficultés limitent ainsi la description des réservoirs et voies de transmission des souches entérotoxigènes jusqu'à l'humain. Nous avons émis l'hypothèse qu'une méthode d'isolement par filtration et hybridation sur colonie permettra d'isoler *C. perfringens* entérotoxigène à partir d'échantillons de liquides de rinçage de carcasses de poulets de chair contaminés par ce pathogène. Des expériences préliminaires ont été effectuées afin d'évaluer l'efficacité d'une sonde marquée à la digoxigénine pour révéler la présence du gène de l'entérotoxine (*cpe*) unique aux souches de *C. perfringens* entérotoxigène. Des signaux d'hybridation positifs ont été détectés à partir d'extraction d'ADN génomique et de colonies sur gélose. Les résultats obtenus montrent que l'application de cette méthode d'isolement est prometteuse pour ce type d'échantillons.

Structural-Antibacterial Relationship of Metal-loaded Carboxylated Biopolymers

Farzaneh Noori¹, Armelle Tchoumi Neree², Meriem Megoura², Abdelkrim Azzouz², Younes Chorfi^{2,3}, Mircea Alexandru Mateescu^{1,2}

¹ Chemistry Dept, Nanoqam, University of Quebec at Montreal, QC, Canada H3C 3P8

² CERMO-FC Centers

³ Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Excessive uses of antimicrobials and their continuous release in wastewater represent an environmental issue, given the negative impact of bacteria resistance enhancement on animal nutrition, and animal & human health. This issue can be addressed through a new strategy using highly dispersed metals in matrices that act as hosts and carriers for further release in infected media. Promising prospects can be envisaged given the well-known antibacterial activity of silver, copper at certain concentrations in both metal-zero and cationic forms. In spite of their toxicity, trace amounts of metal nanoparticles can behave as an interesting alternative to antibiotics. This can be achieved using biocompatible host matrices such as carboxylated biopolymers. Among these, Carboxy Methyl Starch (CMS) and Carboxy Methyl Cellulose (CMC) turned out to act as host matrices for nanometric metals. Due to carboxylic groups, the CMS and CMC can be compacted or expanded according to the pH of the aqueous media. Furthermore, Modulable metal retention strength in the media may allow control of metal release and antibacterial activity with minimal toxicity on the infected biological tissue. In this research, the role of material and metal particle dispersion on the bioactivity of metal-loaded carboxylated biopolymers was investigated against *Escherichia coli* DH5 α and *Bacillus subtilis* 168. Some techniques like X-Ray, Electron Microscopy and Zeta Potential allowed correlating the host-matrix features to the antibacterial activities of Cu⁰ and Ag⁰ nanoparticles. This research opens promising prospects for designing new types of metal-loaded biopolymers with low toxicity and high antibacterial activity.

FLASH-TALKS

Serine protease autotransporters of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* contribute to infection in different hosts

Pravil Pokharel¹, Juan Manuel Díaz¹, Hicham Bessaiah¹, Hajer Habouria¹, Sébastien Houle¹, Alma Lilián Guerrero-Barrera², Charles M. Dozois¹

¹ Institut national de recherche scientifique (INRS)-Centre Armand-Frappier Santé Biotechnologie, Laval, Québec, Canada

² Centro de Ciencias Agropecuarias, Universidad Autonoma de Aguascalientes, Aguascalientes 20131, Mexico

Serine protease autotransporters of Enterobacteriaceae (SPATEs) are associated with various extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC) including avian pathogenic *E. coli* (APEC). We have identified three new genes encoding SPATE proteins in APEC strain QT598, two located adjacent to each other on a genomic island and another on the plasmid (QT598 has 5 SPATE genes in total), and we refer to them as “tandem autotransporter genes, *tagB*, and *tagC* and serine-protease hemagglutinin autotransporter, *sha*”. The remaining SPATEs, Vat and Tsh are previously characterized. Interestingly, these new autotransporter genes are present in some APEC and in some human uropathogenic *E. coli* (UPEC). *In vitro* results showed that these new SPATEs are autoaggregating, hemagglutinating and can promote adherence to the HEK 293 renal and 5637 bladder human cell lines, chicken fibroblast, but did not contribute significantly to biofilm production. TagB and TagC were internalized and exhibited cytopathic effects on the bladder epithelial cell line characterized by disruption of actin stress fibers. Following transurethral infection of CBA/J mice with a *tagBC* mutant or *sha* mutant, no significant difference in colonization was observed. However, the competitive fitness of a mutant lacking all 5 SPATE genes was significantly lower in the murine kidney and the lungs of turkey. When the yolk sac of Zebrafish was infected, QT598 appeared to be lethal while the SPATEs deletion strain was avirulent and did not cause any embryo lethality. This underlines the potential cumulative role of SPATEs for survival and competitive fitness during extra-intestinal infections of different hosts.

Étude de la co-infection entre *Streptococcus suis*, *Mycoplasma hyopneumoniae* et/ou *Mycoplasma hyorhinis*

Héloïse Pageaut¹, Sonia Lacouture¹, Corinne Marois-Crehan², Mariela Segura¹, Marcelo Gottschalk¹

¹ Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA-FQRNT), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

² Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (ANSES), Ploufragan-Plouzané-Niort, France

Streptococcus suis, est l'un des pathogènes bactériens le plus important dans l'industrie porcine causant principalement la méningite, l'arthrite et/ou la mort subite des porcelets post-sevrés. *Mycoplasma hyopneumoniae*, agent primaire du complexe respiratoire porcin, est l'agent étiologique de la pneumonie enzootique. *Mycoplasma hyorhinis* peut induire des polysérosites chez les porcelets post-sevrés. Les co-infections avec d'autres agents pathogènes peuvent jouer un rôle important dans le développement des maladies à *S. suis*. Des études sur la co-infection de *S. suis* et de ces deux mycoplasmes n'ont jamais été rapportées alors que ces trois agents pathogènes peuvent se retrouver en même temps dans les voies respiratoires des porcelets. Des tests d'adhésion et d'invasion en utilisant des cellules épithéliales de la trachée du porc ont montré qu'une pré-infection avec *M. hyopneumoniae* et/ou *M. hyorhinis* pendant 24 h n'a pas modifié l'interaction d'une souche virulente de *S. suis* sérotype 2 avec ces cellules. Étant donné que la phagocytose de *S. suis* par les macrophages alvéolaires pourrait constituer une première ligne de défense, l'effet d'une pré-infection avec les mycoplasmes porcins a aussi été étudié. Les macrophages ont donc été pré-infectés avec *M. hyopneumoniae* et/ou *M. hyorhinis* pendant 24 h puis infectés avec *S. suis*. Les résultats préliminaires semblent indiquer qu'une pré-infection avec *M. hyorhinis* (mais pas avec *M. hyopneumoniae*) pourrait réduire la capacité des macrophages à phagocyter *S. suis*. Des études sur la survie intracellulaire de *S. suis* ainsi que la réponse inflammatoire des macrophages pré-infectés par les mycoplasmes sont présentement en cours.

Le rôle de l'axe G-CSF – neutrophiles dans l'infection au pathogène porcine *Streptococcus suis*.

Marêva Bleuzé, Jean-Philippe Auger, Mélanie Lehoux, Marcelo Gottschalk, Mariela Segura

Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA-FQRNT), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

Streptococcus suis est un important pathogène porcine et un agent de zoonose émergent. Les infections provoquent une inflammation exacerbée qui peut aboutir à des cas de mort subite, choc septique et méningite. Bien que l'infiltration des neutrophiles caractérise les lésions, leur dynamique durant l'infection est peu décrite. De plus, rien n'est connu sur la production et le rôle d'un facteur clé pour la régulation des neutrophiles : le *granulocyte colony-stimulating factor* (G-CSF). Ce projet consiste donc à caractériser l'axe G-CSF – neutrophiles lors de l'infection à *S. suis*. Dans un modèle murin d'infection par *S. suis*, nous avons mesuré la production de G-CSF et la mobilisation des neutrophiles. Nous avons observé simultanément une augmentation du niveau de G-CSF plasmatique, un recrutement de neutrophiles dans le sang et une chute du nombre de neutrophiles dans la moelle osseuse. En neutralisant l'effet du G-CSF, nous avons démontré qu'il permet la libération des neutrophiles de la moelle osseuse au sang lors des infections. Le G-CSF semble participer aussi à l'inflammation – requise pour une réponse immunitaire efficace – sans toutefois permettre le contrôle de l'infection, puisque la bactériémie des animaux infectés restait inchangée. En conclusion, le G-CSF systémique induit la libération des neutrophiles de la moelle osseuse vers le sang et participe à l'inflammation, mais d'autres facteurs seraient nécessaires pour un contrôle efficace de l'infection. Une meilleure compréhension du rôle des neutrophiles et des médiateurs inflammatoires pourrait mener à des meilleures stratégies de contrôle de l'infection causée par *S. suis*.

L'élimination de *Streptococcus suis* par les anticorps est limitée et indépendante des IgGs produits suivant les infections.

Dominic Dolbec¹, Mélanie Lehoux¹, Astrid Zahn², Javier M. Di Noia², Mariela Segura¹

¹ Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale, et Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA-FQRNT), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec

² Institut de Recherches Cliniques de Montréal, Division of Immunité et Infections Virales, Montréal, Québec, Canada

Streptococcus suis est une bactérie pathogène encapsulée causant des maladies invasives graves chez les porcs en plus d'être un agent de zoonose. Puisqu'aucun vaccin efficace n'est disponible contre *S. suis* et qu'il manque d'études sur les interactions avec les cellules B, nous avons étudié la production et le rôle des anticorps lors des infections. Nous avons infecté, avec plusieurs doses de *S. suis*, des souris de type sauvage ou mutantes pour des facteurs impliqués dans la maturation des cellules B et la production d'anticorps. Nous avons mesuré la production d'anticorps ciblant la bactérie ou sa capsule polysaccharidique (CPS) en plus d'évaluer le rôle des anticorps *in vivo*, en mesurant la bactériémie, ainsi qu'*in vitro* par test d'opsonophagocytose (OPA). La production d'anticorps de toutes classes visant *S. suis* atteint un maximum après deux infections, toutefois, seuls les IgM ciblent la CPS. Malgré la production d'anticorps spécifiques, les animaux étaient incapables d'éliminer complètement la bactérie *in vivo* ou par OPA *in vitro*. Cette élimination partielle de la bactérie grâce aux anticorps était indépendante des IgG et ne requiert pas la formation des centres germinatifs, bien qu'ils augmentent suivant les infections. Nos résultats suggèrent que la bactérie est capable de déjouer partiellement le système immunitaire adaptatif. Notamment, les anticorps de type IgG ne sembleraient pas indispensables et les IgM (ciblant entre autres la CPS) participeraient principalement à l'élimination de la bactérie. Ces nouvelles connaissances suggèrent une modification des stratégies de vaccination puisque l'obtention d'IgG ne serait pas complètement indispensable pour contrer *S. suis*.

Effect of dust and ammonia reduction strategies on air quality and bioaerosols in bench-scale aviaries

Magali-Wen St-Germain, Araceli Dalia Larios Martinez, Valérie Létourneau, Stéphane Godbout, Caroline Duchaine

Université Laval

The new Code of Practice for the Care and Handling of Pullets and Laying Hens (2017) mandates the transition from conventional cages to alternative housing systems. Among them, non-cage systems provide space for improved freedom of movement for each animal. Non-cage systems also contain litter, so hens can perform natural behaviors such as foraging and dustbathing. Although beneficial for animal quality of life, non-cage housing systems may have a negative impact on air quality and respiratory health of workers and animals. The aims of the present study is to compare three strategies to mitigate dust and ammonia, both common air contaminants in hen housing: 1) reduction of bedding surface area, 2) oil aspersion and adding a moisture absorbent in the litter, and 3) oil aspersion and a heating floor for the litter. Emissions of air contaminants (dust, ammonia, endotoxins and microorganisms) per day per hens were studied in treated experimental non-cage housing systems and compared to those of non-treated systems. Reduction efficiencies (%) of emitted air contaminants were used to evaluate the impact of the strategies on air quality and bioaerosols. Oil-based strategies reduced from 87 to 98% of dust particles of all size fractions. However, no effect on ammonia, cultivable bacteria and mold and human and animal pathogenic agents emissions was observed while reduction efficiencies of the strategies on endotoxin emissions still need to be confirmed by upcoming analysis.