

Mise à jour sur les projets de recherche au LEMP

Formation continue de l'AVIA
Assemblée générale annuelle
25 octobre 2022

Dre Marie-Ève Lambert

Avec la collaboration:

Dre Julie Arsenault

Dre Sylvie D'Allaire

Faculté de médecine vétérinaire

Université
de Montréal

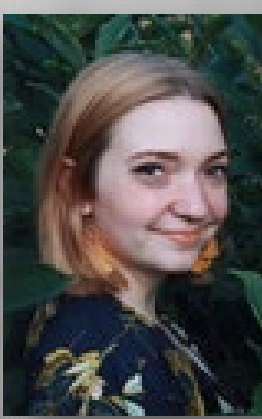


Plan de la présentation



Mise à jour sur les projets de recherche du LEMP

1. Résultats récemment publiés
2. En cours
3. Acceptés
4. Futurs



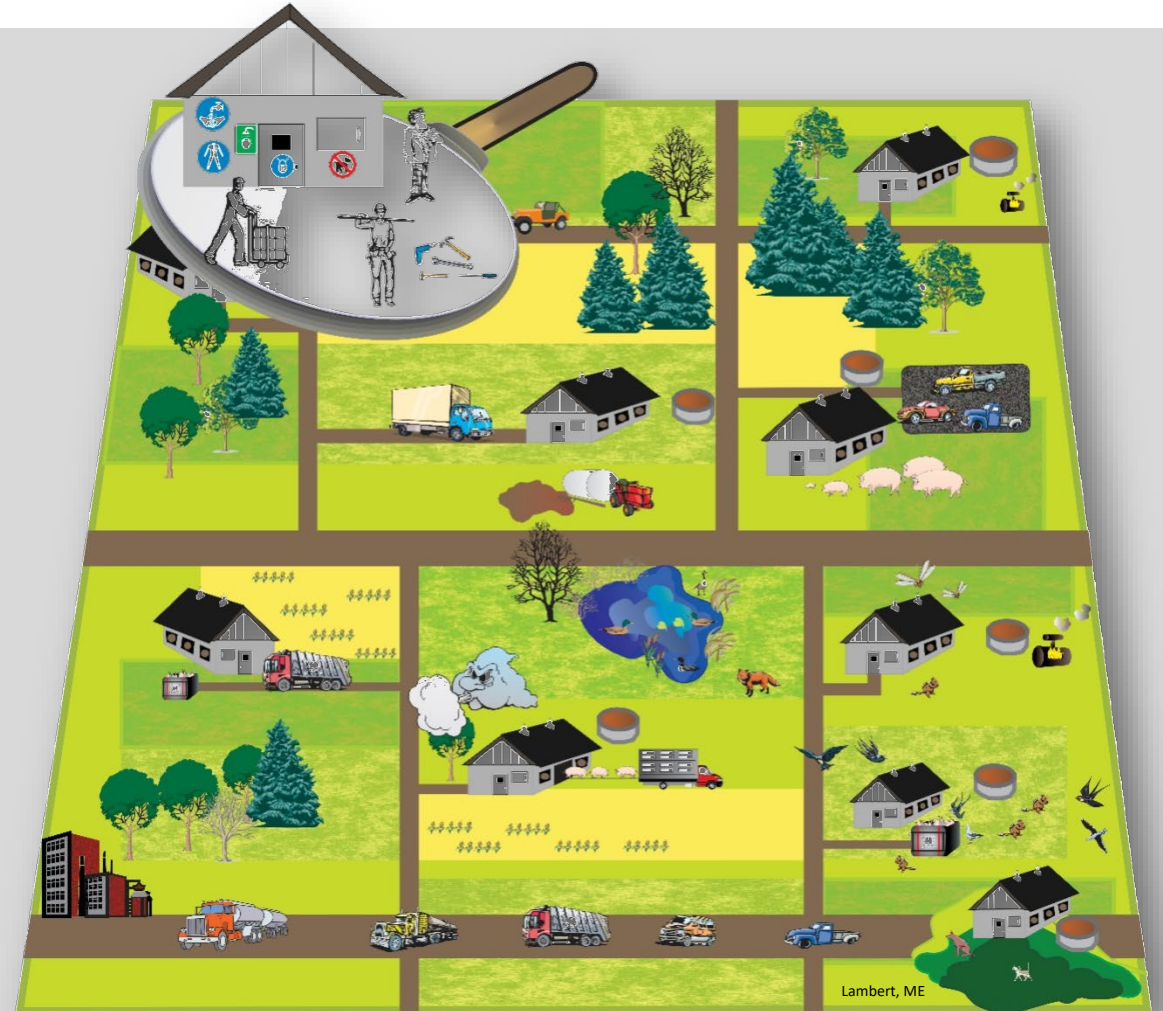
1. Résultats récemment publiés

Différentes thématiques

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

1.2 Évolution intra-troupeau des souches - SRRP

1.3 Distribution spatiotemporelle des souches - SRRP



1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

Étude rétrospective

Maternités porcines avec introduction du virus SRRP

Objectifs

- Décrire la fréquence de différents types de contact (1 mois).
- Évaluer l'association entre les contacts et la biosécurité.
- Évaluer l'association entre les contacts et les caractéristiques générales de troupeau.



Caractéristiques
de troupeau



Contacts

Mesures de
biosécurité



Contacts

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

Matériel et méthodes

Données collectées sur les contacts et biosécurité sur période de 1 mois.

- Personnes
- Matériel ou fournitures
- Mouvements des porcs (entrée-sortie)
- Véhicules de service (récupérateur, moulée, vidange de fosse, propane etc.)
- Accès à d'autres espèces animales
- Sites porcins et épandage de lisier dans le voisinage du site

Via questionnaires, registres des visiteurs et traçabilité



1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

Population à l'étude

- 84 maternités
- Médiane de 675 truies
- 77% naisseurs, 23% naisseurs-finisseurs
- 48% indépendant, 52% intégration
- Sevrage < 4 (42%), ≥ 4 (58%) semaines

Aujourd'hui: quelques résultats seulement ...



1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

Acte de congrès et affiche scientifique

- 13th European Symposium of Porcine Health Management (ESPHM)
- 16th International Symposium of Veterinary Epidemiology and Economics (ISVEE)

Article de vulgarisation dans la Terre de chez Nous

Contacts posing risks of disease introduction in swine breeding herds in Quebec, Canada: is frequency of contacts associated with biosecurity measures?

Marie-Ève Lambert^{1,2,3}, Julie Arsenault^{1,2}, Jean-Charles Côté¹, Sylvie D'Allaire^{1,2,3}

Université
de Montréal

¹Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine (LEMP)
Faculty of Veterinary Medicine (FVM), Université de Montréal, St. Hyacinthe, Quebec, Canada

²Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole – Fonds de recherche du Québec – Nature et technologies

³Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale



Objectives

To describe the frequency of contacts in swine breeding sites over a one-month period, and to evaluate their association with biosecurity measures.

Materials and Methods

Study design, source population and data collection

A retrospective observational study was conducted on swine breeding sites in Quebec, Canada. As part of a larger project, sites with 54 pig units, which had a porcine reproductive and respiratory (PRRS) virus introduction followed by clinical signs between August 1, 2014, and July 31, 2017 were selected.

A questionnaire, logbooks and pig traceability data were used to describe contacts over the 30-day period prior to PRRS virus introduction:

- Number of entries of visitors and deliveries in breeding unit;
- Number of live pig transportations (in and out movements);
- Number of entries of service vehicles on the site;
- Presence of other animal species in unit(s);
- Neighboring pig sites;
- Manure spreading around breeding site.

For each type of contact, biosecurity measures over the 30-day period were investigated using a questionnaire.

Statistics

- Descriptive statistics of the frequency of contacts.
- Associations were tested between frequency of contacts and biosecurity.
 - Biosecurity measures were dichotomized as always versus occasionally/never implemented;
 - Bilateral Wilcoxon Rank Sum Test (continuous variables) or exact Chi-square statistic (categorical variables) was used;
 - Alpha value was set at 0.05.

Results

Owner's participation was obtained for 87% of the detected PRRS virus introduction.

Characteristics of the 84 investigated sites were:

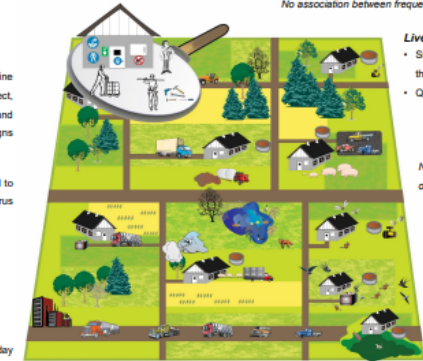
- 675 median sow inventory;
- 74% farrow-to-wean, 26% farrow-to-grow or farrow-to-finish;
- 48% independent, 52% integrated production system;
- 58% with 4-week, 42% with <4 week batch farrowing.

Visitors entering breeding unit

- 87% of the sites had ≥1 visitors (Table 1).
- Number of visitor contacts per site described in Table 2.
- Maintenance and technical services accounted for the highest number of visitor contacts.

- Biosecurity (% of sites with reported contacts)
 - 66% main door locked
 - 38% signature of a logbook
 - 70% shower-in
 - or delimited entrance with changing of boots, coveralls and washing hands

Higher number of visitor contacts was associated with higher frequency of each of the above biosecurity measures.



Deliveries in breeding unit

- The large majority of sites had deliveries (Table 1), with a median of 8 deliveries over a month (Table 2).
- Sanitization of incoming material (% of sites with reported contacts)
 - 40% small material and meds, 43% equipment, 32% bags

No association between frequent deliveries (≥ 2) and sanitization, for each type of delivery.

Live pig transportation

- Sites with different pig movements are described in Table 1 and the median number of pig movements per site was 5 (Table 2).
- Quarantine for gilts (% of sites with reported contacts)
 - 19% always AIAO pig flow, washed and disinfected between batches
 - 17% not always AIAO pig flow, washed and disinfected between batches
 - 63% no quarantine

No association between the number of pig movements for any types of pig transportation and biosecurity measures.

Services vehicles entering the site

- Sites with entry of different service vehicles are described in Table 1. The median number of entries of service vehicles per site was 8 (Table 2).
- Biosecurity for manure vacuum truck (% of sites with reported contacts)
 - 10% truck used on the site only
 - 20% truck used on other pig sites, washed before entrance
 - 70% truck used on other pig sites, not always washed

Frequent entries (≥ 2) of manure truck was associated with always washing equipment used on other sites (vs. not always washed).

Table 2. Total number of contacts per site according to different types of contact over a one-month period (84 sites, Quebec, Canada).

Types of contacts	Total number of contacts Median (Q1-Q3)	Maximum
Visitors entering the breeding unit: nb of entries ¹	5 (2-8)	24
Deliveries entering the breeding unit: nb of entries of all types ²	8 (7-10)	16
Live pig transportation: nb of movements in or out the site ³	5 (3-8)	16
Service vehicles entering the site: nb of entries ²	8 (6-10)	16
Number of pig sites in a 5-km radius	14 (7-27)	8

¹Multiple entries of the same visitor during the same day were counted only once.

²The total number of contacts is the sum of entries reported for all categories listed in Table 1.

- Biosecurity for rendering truck (% of sites with reported contacts)
 - 69% carcasses were picked-up at ≥ 100m from a unit of the site
 - 44% truck used a different road from the personnel main entrance

No association between frequent entries (≥ 4) of rendering truck and biosecurity measures.

Other animal species in unit(s)

- Birds were observed in unit(s) on 8% of the sites.
 - 63% of the sites had wire mesh bird screens in air inlets.
- Presence of birds in units was associated with absence of wire mesh bird screens.

Discussion and Conclusion

- The high number and diversity of contacts is a matter of great concern in disease introduction, as fomites and vehicles may act as mechanical vectors for various pathogens.
- For few types of contacts, a high frequency of contacts was associated with better biosecurity implementation, but most of the time, the frequency of contacts did not correlate with biosecurity implementation (complete results not shown). Producers maybe aware of the importance of biosecurity notwithstanding the level of contacts on their herd.
- The absence of infrastructures may have precluded some biosecurity measures (e.g. quarantine shower, different road for rendering).
- The influence of herd characteristics on the level of contacts as well as the influence of particular contacts on the risk of introduction of specific pathogen should be further addressed.

Funding

Swine Innovation Plus within the Swine Cluster 2, funded by Agriculture and Agri-Food Canada through the AgriInnovation Program, private producer organizations and industry partners. Financial support was also provided by the Élevage de porcs du Québec and Zoetis Canada.

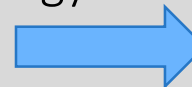
Acknowledgements

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

Acte de congrès et affiche scientifique.

- 13th European Symposium of Porcine Health Management (ESPHM)
- 16th International Symposium of Veterinary Epidemiology and Economics (ISVEE)

Article de vulgarisation dans la Terre de chez Nous



The risk of disease introduction in swine breeding herds in Quebec, Canada: what about the persons entering the units and the biosecurity measures at the entrance?

Marie-Ève Lambert^{1,2,3}, Julie Arsenault^{1,2}, Jean-Charles Côté¹, Sylvie D'Allaire^{1,2,3}

Université
de Montréal

¹Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine (LEMP)
Faculty of Veterinary Medicine (FVM), Université de Montréal, St. Hyacinthe, Quebec, Canada
²Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA) – Fonds de recherche du Québec – Nature et technologies
³Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP)



Introduction and objectives

Persons are at risk of carrying contaminated fomites within swine breeding herd and biosecurity measures must be adapted to prevent the introduction of pathogens. The objectives were to:

- describe the type and number of different persons entering the breeding unit over a one-month period;
- evaluate the association between the number of persons and biosecurity measures.

Materials and methods

Study design, source population and data collection

A retrospective observational study was conducted on swine breeding sites in Quebec, Canada. As part of a larger project, sites with 54 pig units, which had a porcine reproductive and respiratory syndrome (PRRS) virus introduction between August 1, 2014, and July 31, 2017 were selected.

- The type and number of different persons entering the breeding unit over a one-month period were collected using a questionnaire or logbook if available.
- Biosecurity measures at the entrance were assessed for staff and for visitors using a questionnaire (always / occasionally / never).

Statistics

- Descriptive statistics on the type and number of distinct persons with access to the breeding unit over the one-month period.
- Exact Chi-square test to evaluate the associations between the number of distinct persons and biosecurity measures.
- Dichotomization of the number of staff and the number of visitors using their respective median.
- Dichotomization of biosecurity measures as always or not always (occasionally/never) implemented.
- Associations evaluated separately for staff and visitors, with alpha value set at 0.05.
- Two multivariable linear regression models to evaluate the association between breeding herd characteristics and the number of staff or number of visitors as outcome. Predictors were sequentially removed ($P > 0.05$) from the full model:
 - Number of sows;
 - Production type (integrated farrow-to-wean, independent farrow-to-wean, farrow-to-grow-to-finish);
 - Time interval between batch farrowing (<4 weeks, ≥4);
 - Number of pig sites in a 5-km neighborhood radius.

Results

Owner's participation was obtained for 87% of the detected PRRS virus introductions.

Characteristics of the 54 investigated sites were:

- 87% median sow inventory;
- 74% farrow-to-wean, 26% farrow-to-grow-to-finish;
- 48% independent, 52% integrated production system;
- 58% with 4-week, 42% with <4-week batch farrowing.



The median (Q1-Q3) number of distinct persons (staff and visitors) over a one-month period were 7 (4-10). The maximum was 24. At least 1 visitor was observed on 87% of the sites (Table 1).

Table 1. Frequency of visited sites according to different categories of persons over a one-month period and to the distribution of the number of distinct persons in the 54 swine breeding sites.

Categories of persons	Number of visited sites (%)	Total number of distinct persons in visited sites		
		1	2-4	5-9
Farm staff ^a	54 (100)	0	48	30
Visitors				
Maintenance ^b	37 (44)	11	23	3
Technical services ^c	53 (83)	44	9	0
Extremist ^d	35 (42)	35	0	0
Working unit team	9 (11)	7	2	0
Teaching, training, research	10 (12)	4	4	2
Veterinarian	21 (25)	21	0	0
Inspection or certification ^e	6 (7)	6	0	0
Others	6 (7)	4	2	0
All visitors	73 (87)	21	31	5

^a Farm staff includes regular and part-time employees, pig breeders and site owners.
^b Maintenance personnel (e.g., maintenance of plumbing, electrical, welding, building, pig handling system, water resource management system, heating system, power lines, fuel lines).
^c Technical services include health technicians, agricultural machinery maintenance, information technology services, business.
^d Inspection and certification by the Canadian Pork Inspection, Canadian Pork Inspection Agency, insurance companies.

Associations between the number of persons and biosecurity at the entrance

- Having more visitors was associated with a higher probability of logbook signature for visitors and to a better entrance protocol for visitors (Table 2).

Table 2. Association between the frequency of distinct persons entering the breeding unit over a one-month period and biosecurity at the entrance in breeding sites reporting staff and visitors.

Biosecurity measures for staff and visitors	Staff (n=64 sites)		Visitors (n=73 sites)	
	Number of sites	Number (%) with ≥4 distinct staff	Number of sites	Number (%) with ≥5 distinct visitors
Locking of main entrance door				
Always	40	30 (81)*	48	30 (63)
Not always	35	19 (54)*	25	10 (40)
Signature of logbook				
Always	6	5 (83)*	28	21 (75)
Not always	78	44 (56)*	45	19 (42)
Shower-in or delimited entrance with changing coveralls and boots and washing hands				
Always	40	31 (83)*	51	32 (83)
Not always	35	18 (51)*	22	18 (36)

* Fisher's exact test for association. Off-diagonal cells include the proportion significantly different ($P < 0.05$) based on exact Chi-square statistic.

^a Contingency table shows results of the Fisher's exact test ($P < 0.05$) for each comparison.

Associations between the number of persons and breeding herd characteristics

- Sow inventory was the only significant predictor ($P < 0.001$) into both staff and visitors final models.
- A 100-sow increase in inventory was associated with a 0.34 (S.D. ± 0.05) increase in the number of staff or a 0.30 (S.D. ± 0.05) increase in the number of visitors.

Discussion

- Up to 24 distinct persons were observed over a one-month period. Since only persons entering the breeding unit were considered, the number of persons with access to the site is certainly higher, particularly on sites with multiple pig units.
- On 70% of the sites, a shower or a 3-zone delimited entrance with changing coveralls and boots and washing hands was required for visitors to mitigate the risk of pathogen introduction via contaminated fomites. An entrance with an intermediate area establishing a clear delimitation between clean (inside) and dirty (outside) areas can be easily set up. Even when an adequate protocol is required, the compliance may remain a challenge.
- Only 38% of the sites had their logbook signed by all visitors who entered the breeding unit. This measure is simple but crucial, especially during outbreaks when traceback investigations are set up to control emerging or exotic diseases.
- The association between the visitors and presence of a signed logbook might be partly due to a higher level of reporting for sites with logbooks which are less susceptible to recall bias compared to sites with data obtained from interviews.
- Herd size is frequently reported as risk factor for a variety of diseases. In this study, a 100 increase in the number of sows would result in a 0.34 and 0.30 increase in the number of staff and visitors respectively, and this could be one of the underlying mechanisms involved into a herd size effect.

Conclusion

A considerable traffic of staff and visitors was observed which emphasizes the importance of an adequate entrance protocol. Various types of deliveries, live pig transportation as well as other vehicles accessing the site could also increase the risk of pathogen introduction in breeding herds and these were also investigated within the larger study (results not shown). External biosecurity is an essential tool to prevent both endemic and exotic diseases.

Funding
Swine Innovation Hub, within the Thrive Cluster 2, funded by Agriculture and Agri-Food Canada through the AgriInnovation Program, pork producers organizations and industry partners. Financial support was also provided by the Bureau de jeunisme du Québec and Santé Canada.

Acknowledgements
We thank Sylvie Vermeulen for conducting the interviews and the producers who participated in this study.

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

Article soumis pour publication (40 pages)

Contacts posing risks of disease introduction in swine breeding herds in Quebec, Canada: is frequency of contacts associated with biosecurity measures?

M.-È. Lambert^{a,b,c*}, J. Arsenault^{a,b}, J.-C. Côté^a, S. D'Allaire^{a,b}

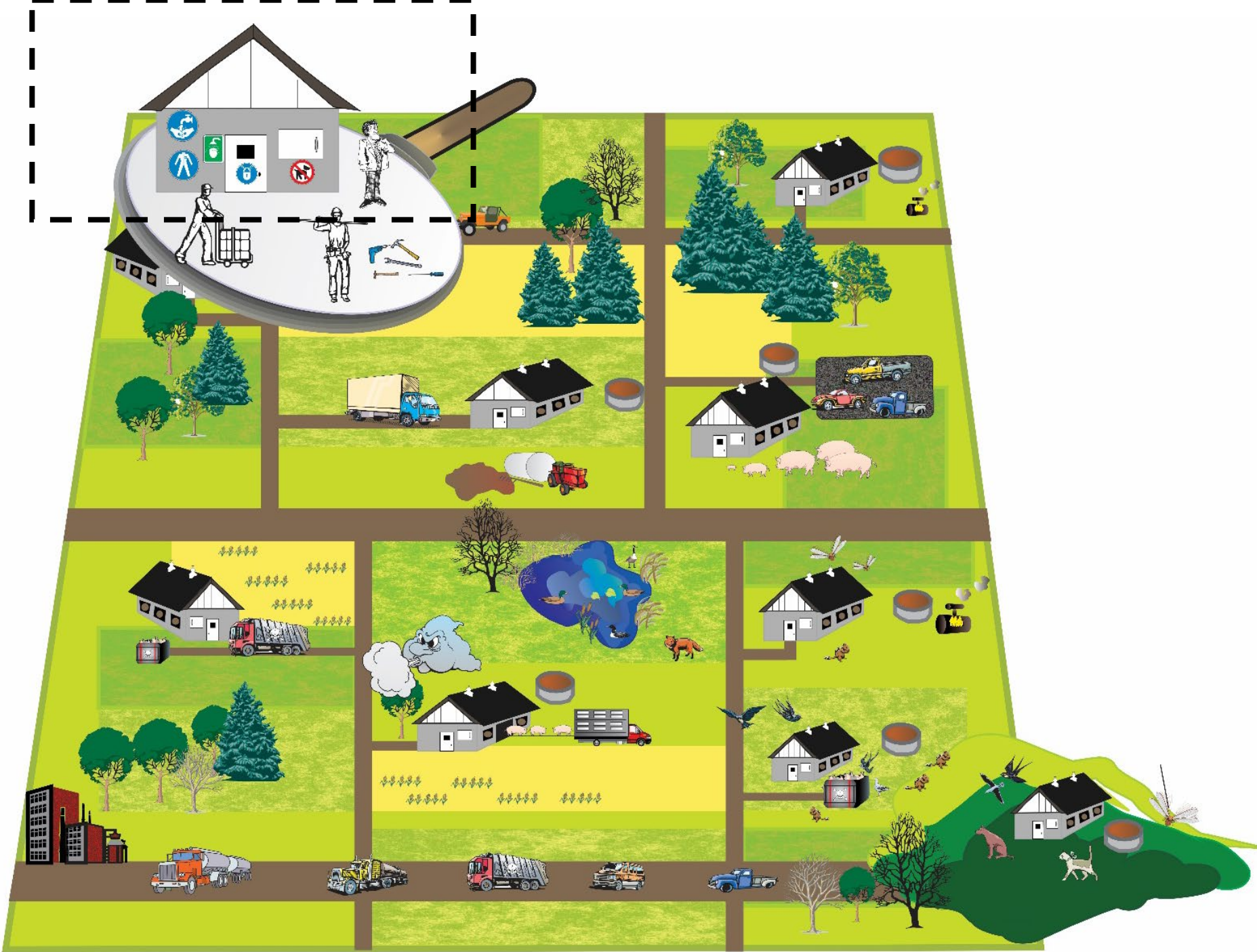
^a *Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine, Faculty of Veterinary Medicine, Université de Montréal, St. Hyacinthe, Quebec, Canada*

^b *Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole - Fonds de recherche du Québec – Nature et technologies, Faculty of Veterinary Medicine, Université de Montréal, St. Hyacinthe, Quebec, Canada*

^c *Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale, Faculty of Veterinary Medicine, Université de Montréal, St. Hyacinthe, Quebec, Canada*



Personnes
Visiteurs
Employés



1.1 Contacts à risque vs. biosécurité



Visiteurs

Description des contacts

Maternités classifiées
selon le nombre de visiteurs.

73 (87%) avec visiteur(s)

21 (25%) avec 1

31 (37%) avec 2-4

16 (19%) avec 5-9

5 (6%) avec ≥ 10

Catégories de visiteurs	Sites visités n (%)	Visiteurs différents / site visité			
		1	2-4	5-9	≥ 10
Maintenance	37 (44)	11	23	3	0
Services techniques	53 (63)	44	9	0	0
Exterminateur	35 (42)	35	0	0	0
Lavage/désinfection	9 (11)	7	2	0	0
Formation/stage/recherche	10 (12)	4	4	2	0
Vétérinaire	21 (25)	21	0	0	0
Inspecteur	6 (7)	6	0	0	0
Autres	6 (7)	4	2	0	0
Une ou l'autre des catégories	73 (87)	21	31	16	5

Maternités classifiées aussi selon le nombre de visites par site.

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité



Lien entre le nombre de visiteurs et biosécurité à l'entrée

Si ≥ 3 visiteurs alors + registre (53%) (vs. <3 visiteurs, 21%)

Si ≥ 3 visiteurs alors + protocole d'entrée (80 %) (vs. <3 visiteurs, 58%)

Aucune association entre le nombre d'employés et la biosécurité à l'entrée.



Visiteurs (n=73 sites)	Nb de sites	Nb (%) avec porte barrée	Nb (%) avec registre signé	Nb (%) avec protocole d'entrée
<3 visiteurs	33	18 (54)	7 (21)	19 (58)
≥ 3 visiteurs	40	30 (75)	21 (53)*	32 (80)*

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

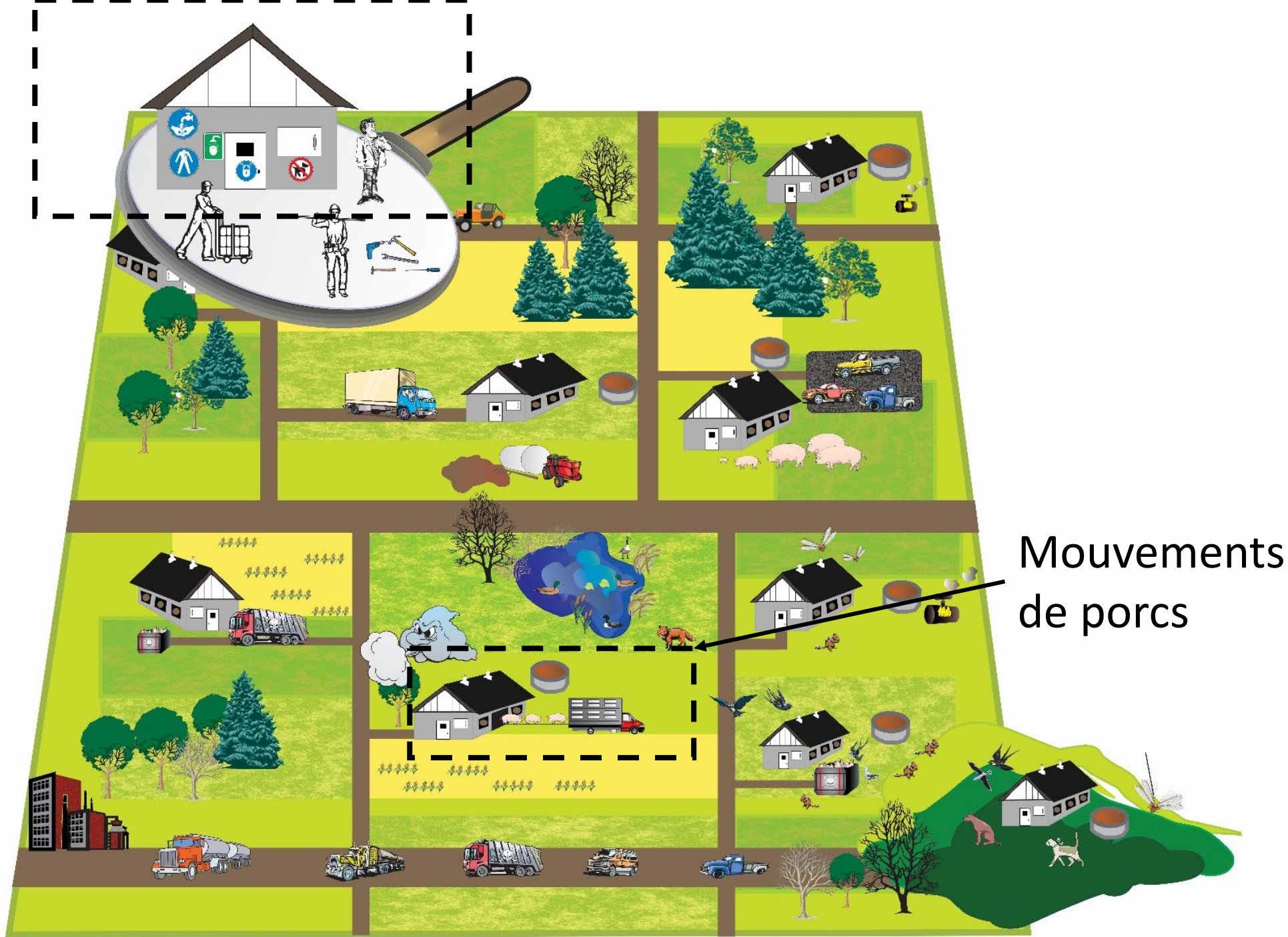


Lien entre le nombre de visiteurs/employés et les caractéristiques de troupeau.

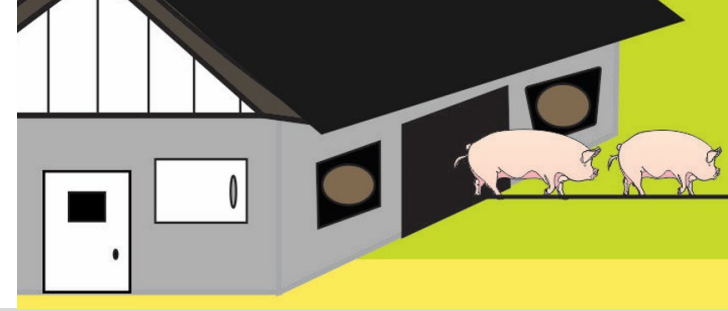
- Si $\uparrow$ 100 truies alors les visiteurs $\uparrow$ 0,34.
- Si $\uparrow$ 100 truies alors les employés $\uparrow$ 0,30.

Modèles de régression	Nb de sites	Estimés des paramètres	
		b	P
Outcome = Nb d'employés (r²=0,37)			
Inventaire de truies (pour chaque augmentation de 100 truies	84	0,34	<0.001
Outcome = Nb de visiteurs (r²=0,30)			
Inventaire de truies (pour chaque augmentation de 100 truies)	84	0,30	<0.001

Personnes
Visiteurs
Employés



1.1 Contacts à risque vs. biosécurité



Mouvements de porcs Description des contacts

Nombre de mouvements (entrée, sortie)

- 74% avec ≥ 4
- 15% avec 3
- 10% avec 2
- 1% avec 1

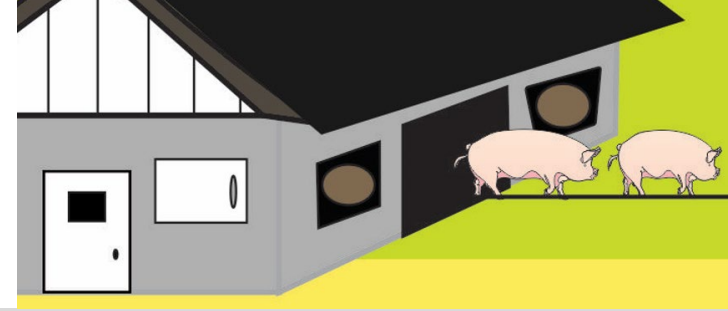
Nombre de véhicules

- 15% avec ≥ 4
- 40% avec 3
- 33% avec 2
- 12% avec 1

Fréquence présentée pour chaque catégorie de porcs (Article).



1.1 Contacts à risque vs. biosécurité



Associations entre le nombre de mouvements de porcs et les caractéristiques de troupeau.

Nombre de truies en inventaire

- Si le nombre de truies $\uparrow$ 100, alors les mouvements $\uparrow$ 0,19.

Type/système de production

- Si naisseurs intégrés alors les mouvements $\uparrow$ 1,8 (vs. naisseurs indépendants).

Intervalle entre les bandes

- Si sevrage < 4 semaines alors les mouvements $\uparrow$ 3,7 (vs. sevrage ≥ 4).

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

Quelques généralités sur cette thématique ...

Une grande variété de contacts a été observée (voir article / affiches).

- Peu d'articles décrivent précisément les contacts sur les maternités porcines.
- Information importante pour modéliser la transmission des agents infectieux.

Mesures de biosécurité auraient pu être rehaussées ...

- Sous-estimation potentielle: maternités avec introduction du virus SRRP.

Quelques mesures de biosécurité étaient associées à la fréquence de contacts.

Les caractéristiques de troupeau influencent le nombre de visiteurs, d'employés et de mouvements de porcs.

1. Résultats récemment publiés

Différentes thématiques

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

1.2 Évolution intra-troupeau des souches - SRRP

1.3 Distribution spatiotemporelle des souches - SRRP

1.2 Évolution intra-troupeau des souches - SRRP

Mise en contexte

Les souches du virus SRRP sont prédisposées aux mutations génétiques et peuvent évoluer au fil du temps.

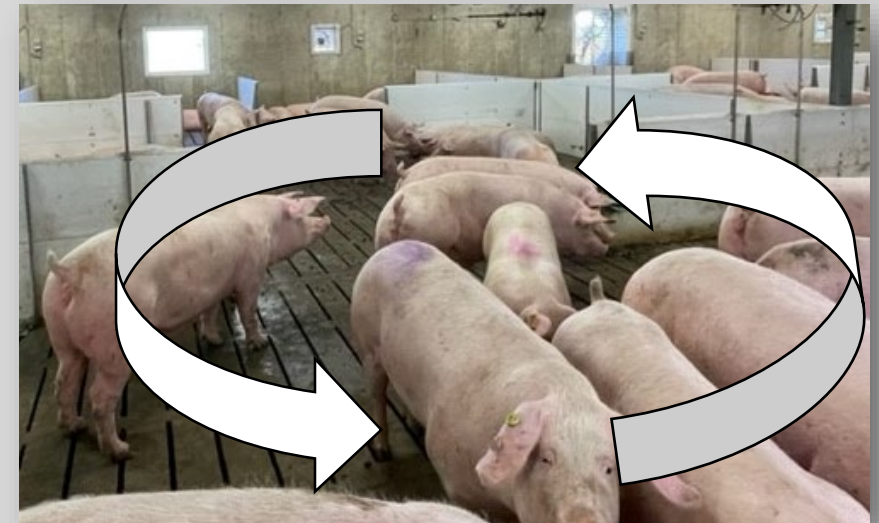
Leur évolution peut affecter la gestion de la condition au sein des troupeaux.

Objectif

Décrire la variation génétique intra-troupeau des souches de SRRP dans les maternités du Québec.

Dre Sylvie D'Allaire

Dre Marie-Ève Lambert



1.2 Évolution intra-troupeau des souches - SRRP

Acte de congrès et affiche scientifique

- 13th European Symposium of Porcine Health Management (ESPHM)

VIRAL DISEASES

VVD-PP-14

WITHIN-HERD VARIATION OF GENETIC SIMILARITY OF ORF5 PORCINE REPRODUCTIVE AND RESPIRATORY SYNDROME VIRUS (PRRSV): A STUDY IN 115 BREEDING HERDS

S. D'Allaire¹, M. Lambert¹

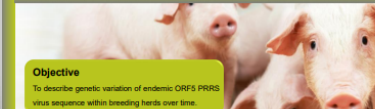
¹Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine, Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA)-FRQNT, Faculty of Veterinary Medicine, Université de Montréal, St. Hyacinthe, Quebec, Canada

Within-herd variation of genetic similarity of porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSv): a retrospective study in 115 breeding herds

Sylvie D'Allaire and Marie-Ève Lambert

Université de Montréal

Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine (LEMP)
Faculty of Veterinary Medicine (FVM), Université de Montréal, St. Hyacinthe, Quebec, Canada
Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole
Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale



Objective

To describe genetic variation of endemic ORF5 PRRSV virus sequence within breeding herds over time.

Introduction

Once introduced within a herd, PRRSV virus can undergo point mutation while circulating, thus increasing genetic diversity. Assessing the amount of genetic changes over time in a herd with clinical signs is important to help determining whether it is the same strain or a newly introduced one. Control measures will be adapted accordingly.

Materials and methods

All PRRSV (ORF5) sequences available in the province of Quebec were forwarded by the 3 diagnostic laboratories to our research group by means of a sharing agreement. Sequences from breeding herds submitted between January 1, 2014 and June 30, 2021 were selected for this study. Herds with 1) only 1 sequence, 2) only 2 sequences with an interval of <40 or >730 days between them, and 3) voluntary exposure to PRRSV on a continuous basis were excluded. Vaccine-like sequences were also retrieved; hence, 366 wild-type sequences from 115 herds were included: 65 farrow-to-wean and 50 farrow-to-grow/finish.

Within a herd, an episode was defined as a continuous period in which a sequence belonging to the same cluster was detected, clusters being designated according to Lambert et al. (2019). A pairwise similarity matrix was obtained following a multiple alignment and genetic distance (GD) during an episode was calculated (GD (%) = 100 - % similarity). Although up to 6 samples were obtained at different times during a single episode, only the first and last sequences were retained for analyses. As time intervals differed between herds and episodes, GD was also extrapolated on an annual basis (GDY), assuming that the rate of change was linear.

- Wilcoxon rank sum tests were used to test univariate associations of GD, number of days between samplings or GDY with each of the following variables: production type, sow inventory, being in the predominant genetic cluster.
- A multivariable linear regression model using a backward selection process was built to evaluate the associations between the GD as the outcome and the above mentioned predictors.

Results

Descriptive statistics of the 139 distinct episodes identified from 115 herds are provided in Table 1.

- Herds had either 1 (n=95), 2 (n=16) or 3 (n=4) episodes involving different PRRSV.
- Median (min-max) genetic distance: 1.17% (0-4.05).
- Median (min-max) number of days between first and last samplings for an episode: 314 days (63-1421).
- Median (min-max) genetic distance extrapolated per year: 1.21% (0-8) (Table 1, Fig 1).
- 12 major genetic clusters involved; #29 and its 16 minor clusters accounted for 69% of episodes.

Table 1. Descriptive statistics (median) of 139 episodes observed in 115 swine breeding herds in Quebec.

Variables	No of herds	Genetic distance (%)	No of days between samplings	Genetic distance (%) / year
Production type				
Farrow-to-wean	63	1.05	252	1.34
Farrow-to-grow/finish	56	1.51*	442*	1.09
Sow inventory				
<500	70	1.17	273	1.39
≥500	69	1.34	366	1.13
Major genetic cluster #29				
Yes	95	1.17	309	1.19
No	43	1.17	352	1.15
Total sample	139	1.17	314	1.21

*Indicates a significant difference (p<0.05) within each group of variables.

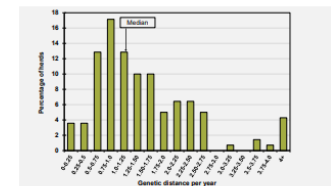


Figure 1. Distribution of extrapolated genetic distance by year from 139 distinct episodes of PRRSV in 115 breeding herds.

Results from univariate analyses showed that GD and number of days between first and last samplings were significantly higher in farrow-to-grow/finish than in farrow-to-wean operations (Table 1).

However, in the final regression model, GD was positively correlated only with the number of days between first and last samplings for an episode (Fig 2).

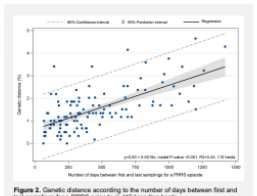


Figure 2. Genetic distance according to the number of days between first and last samplings for a PRRSV episode in 115 breeding herds.

Discussion

Nearly all episodes examined, but 3, revealed genetic changes even for short periods of a few months. The median yearly genetic changes was estimated at 1.21% but varied among herds (Fig 1). The amount of GD to expect when endemic strains are circulating into breeding herds may help to discriminate changes associated with a new strain introduction from those derived from mutations or genetic drift.

Farrow-to-grow/finish herds had the longest interval between first and last samplings within an episode. This type of production represents a higher challenge in terms of control. Farrowing herds are possibly more inclined to eliminate and control PRRSV, often by closing the herd and exposing voluntarily all animals to a PRRSV strain, hence limiting the duration of the circulating strain within an episode.

These results should also be interpreted cautiously, an episode did not refer necessarily to the duration of an outbreak, it rather indicated that a strain from the same cluster could be detected for a certain period. Nevertheless, the fact that 95% of the herds are now involved in the PRRSV provincial surveillance program, with more than half of these also participating in a regional control program, would suggest that these herds are under active PRRSV surveillance, with several of them performing regular and systematic sampling.

Conclusion

- The longer the interval between first and last samplings, the higher was the genetic distance.
- No association was found between genetic distance and sow herd size or type of PRRSV strain.
- The median yearly genetic changes was estimated at 1.21%.
- A prospective study with systematic and regular sampling is needed to confirm these results.

References

Lambert M-È. et al., Infection Genetics Evolution, 2019, 73: 295-305.

VVD-PP-14

1.2 Évolution intra-troupeau des souches - SRRP

Matériel et méthodes

Étude rétrospective sur 115 maternités porcines

- Épisode: ≥ 2 séquences sauvages d'un même cluster
- 1^{er} janvier 2014 et 30 juin 2021

Statistiques descriptives sur les épisodes

- Distance génétique entre 1^{er} et dernier séquençage
- Nb de jours entre 1^{er} et dernier séquençage



Temps 1 $\longrightarrow$ Temps final
Cluster A Cluster A

Résultats préliminaires

Prochaine conférence !

1. Résultats récemment publiés

Différentes thématiques

1.1 Contacts à risque vs. biosécurité

1.2 Évolution intra-troupeau des souches - SRRP

1.3 Distribution spatiotemporelle des souches - SRRP

1.3 Distribution spatiotemporelle - SRRP

Mise en contexte

La connaissance de la distribution spatiotemporelle des différentes souches (clusters) peut aider au contrôle de la maladie à l'échelle provinciale.

Objectifs

Décrire la distribution spatiotemporelle des souches du virus SRRP au Québec sur une période de 10 ans (2010-2019).

*Résumé pour conférence – en rédaction

*Article scientifique – soumission décembre 2022.

“A descriptive study on spatial and temporal distributions of genetic clusters of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in Quebec, Canada, between 2010 and 2019”

Marie-Ève Lambert, Julie Arsenault, Jean-Charles Côté, Sylvie D’Allaire

1.3 Distribution spatiotemporelle - SRRP

Matériel et méthodes

Classification des séquences (4796 séquences, 1334 sites, 2010-2019)

- 47 clusters et subclusters identifiés.

Analyses spatiotemporelles

- Cartes choroplèthes
- Unité géographique: municipalité régionale de comté (MRC)
- 1 carte par cluster génétique
- Attribut représenté: détection d'un cluster spécifique sur ≥ 1 site pour chacune des années à l'étude.

Résultats

Voici quelques exemples de patrons de distribution observés.

1.3 Distribution spatiotemporelle - SRRP

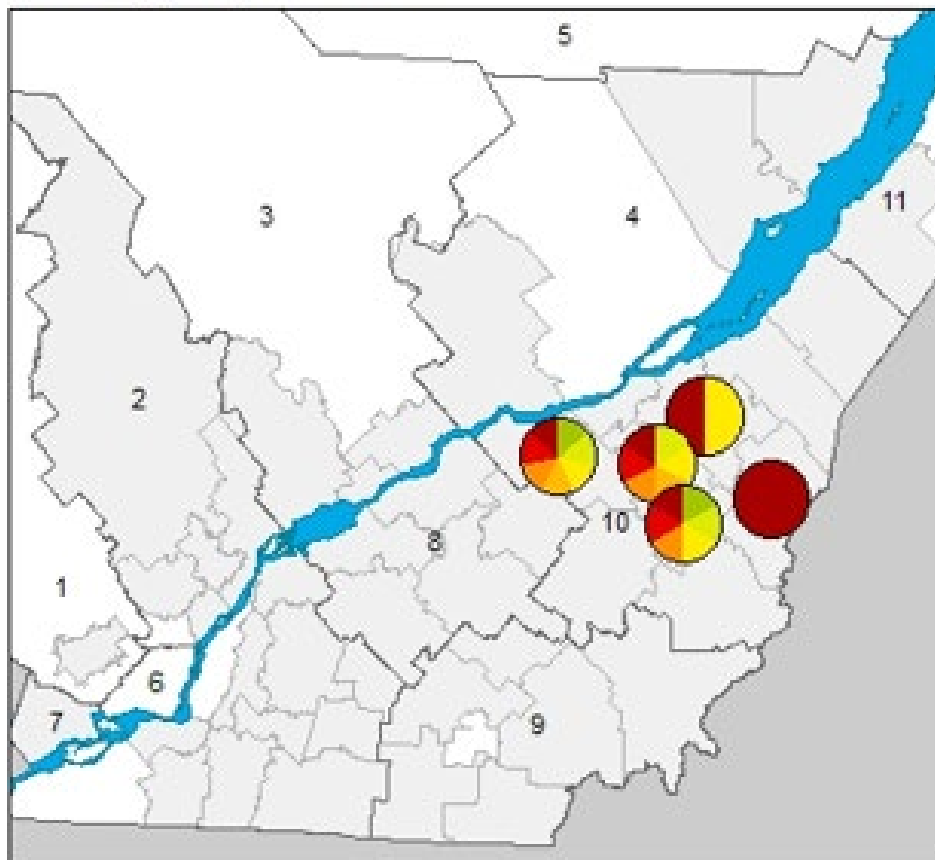
D'abord,
quelques
explications...

Périmètres:

- Région administrative
- Municipalité régionale de comté (MRC)

Teinte grise des MRC =
présence de sites porcins.

CL-29_13, 32 sites



Legend

Presence of
submitting
sites

per MRC
per year



- 1.Laurentides
- 2.Lanaudière
- 3.Mauricie
- 4.Capitale-Nationale
- 5.Saguenay-Lac-St-Jean
- 6.Montréal-Laval
- 7.Montérégie
- 8.Centre-du-Québec
- 9.Estrie
- 10.Chaudière-Appalaches
- 11.Bas St-Laurent

1.3 Distribution spatiotemporelle - SRRP

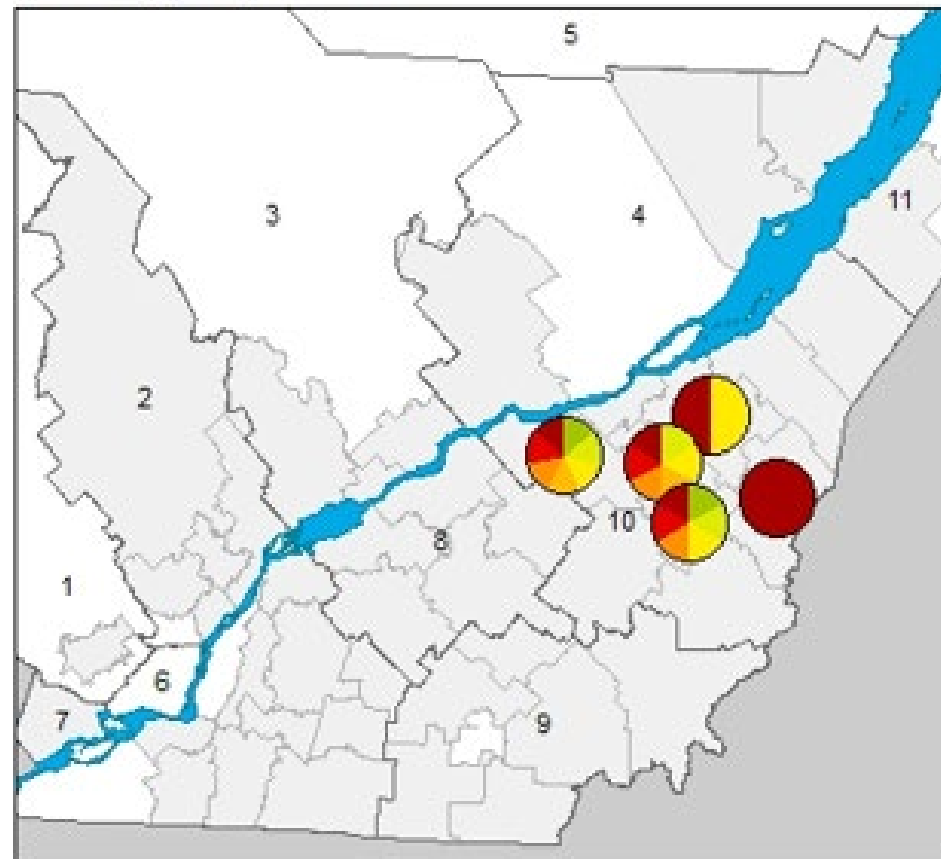
D'abord,
quelques
explications...

Symbole

Tarte : Présence du cluster
sur ≥ 1 site(s) dans la MRC.

Couleur : Année où le cluster a
été identifié dans la MRC.

CL-29_13, 32 sites



Legend

Presence of
submitting
sites

per MRC
per year

2010

2011

2012

2013

2014

2015

2016

2017

2018

2019

1.Laurentides

2.Lanaudière

3.Mauricie

4.Capitale-
Nationale

5.Saguenay-
Lac-St-Jean

6.Montréal-
Laval

7.Montérégie

8.Centre-du-
Québec

9.Estrie

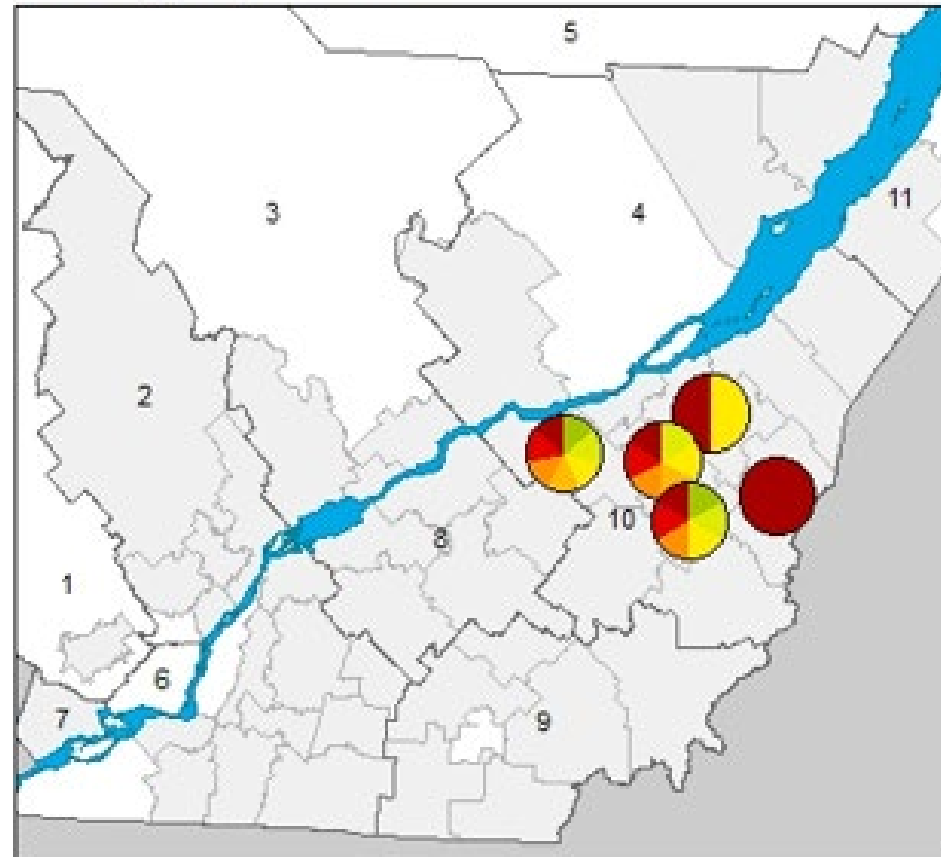
10.Chaudière-
Appalaches

11.Bas
St-Laurent

1.3 Distribution spatiotemporelle - SRRP

Interprétation...

CL-29_13, 32 sites



Legend

Presence of
submitting
sites

per MRC
per year

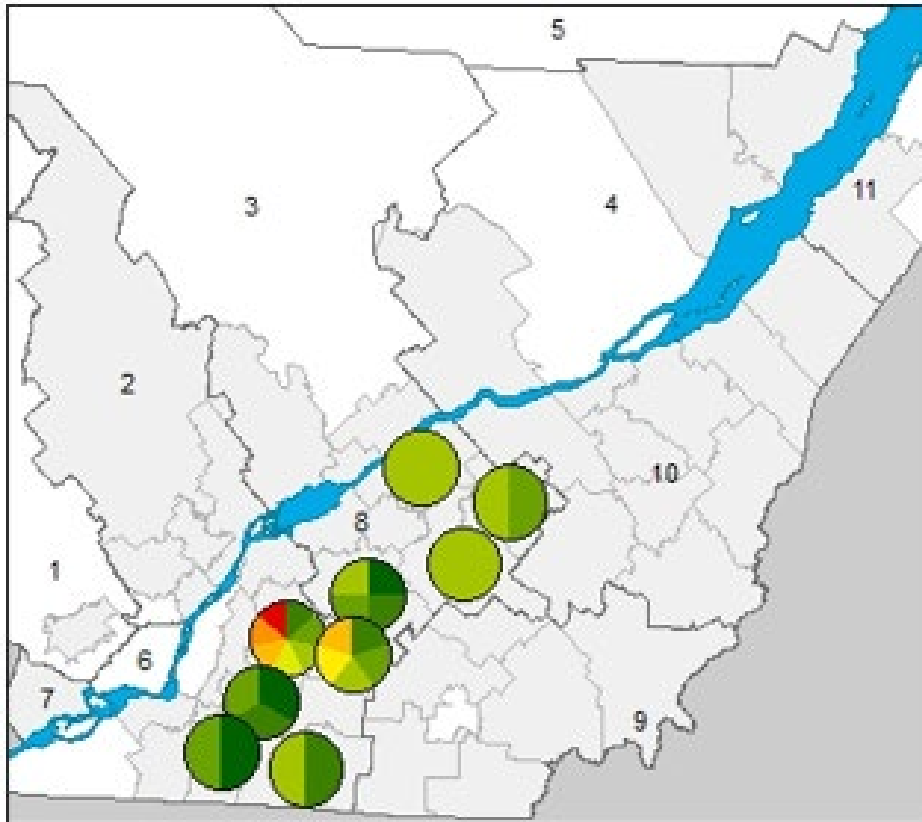


- 1.Laurentides
- 2.Lanaudière
- 3.Mauricie
- 4.Capitale-Nationale
- 5.Saguenay-Lac-St-Jean
- 6.Montréal-Laval
- 7.Montérégie
- 8.Centre-du-Québec
- 9.Estrie
- 10.Chaudière-Appalaches
- 11.Bas St-Laurent

Clusters circonscrits dans l'espace et le temps

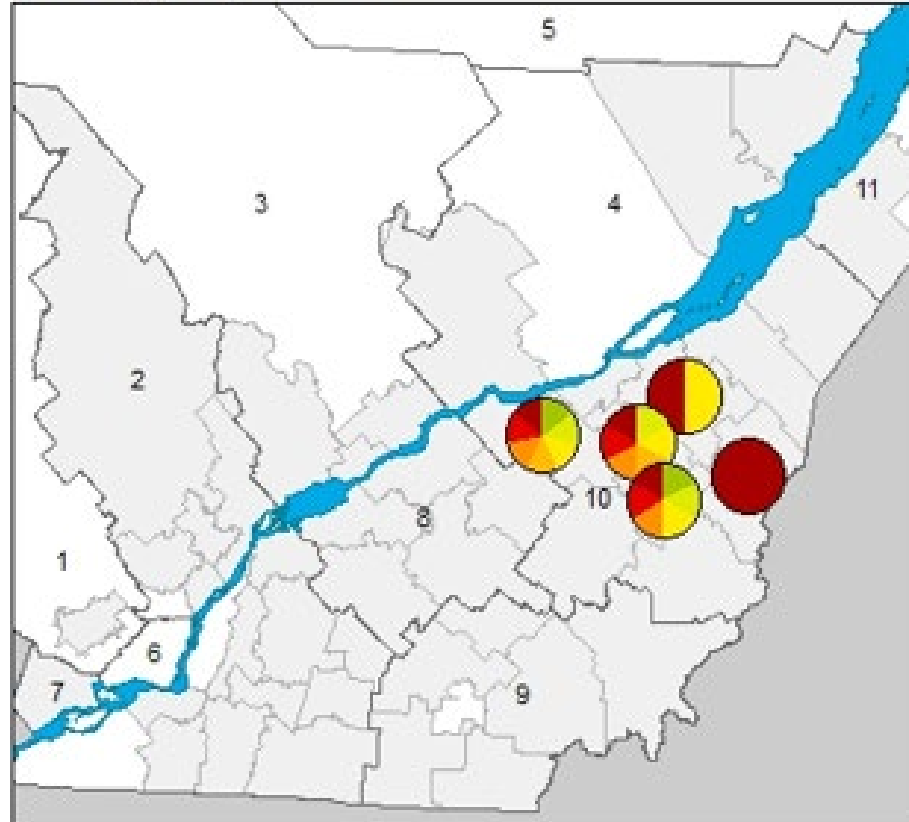
+ Sud-Ouest

CL-19, 27 sites



+ Est

CL-29_13, 32 sites



Legend

Presence of
submitting
sites

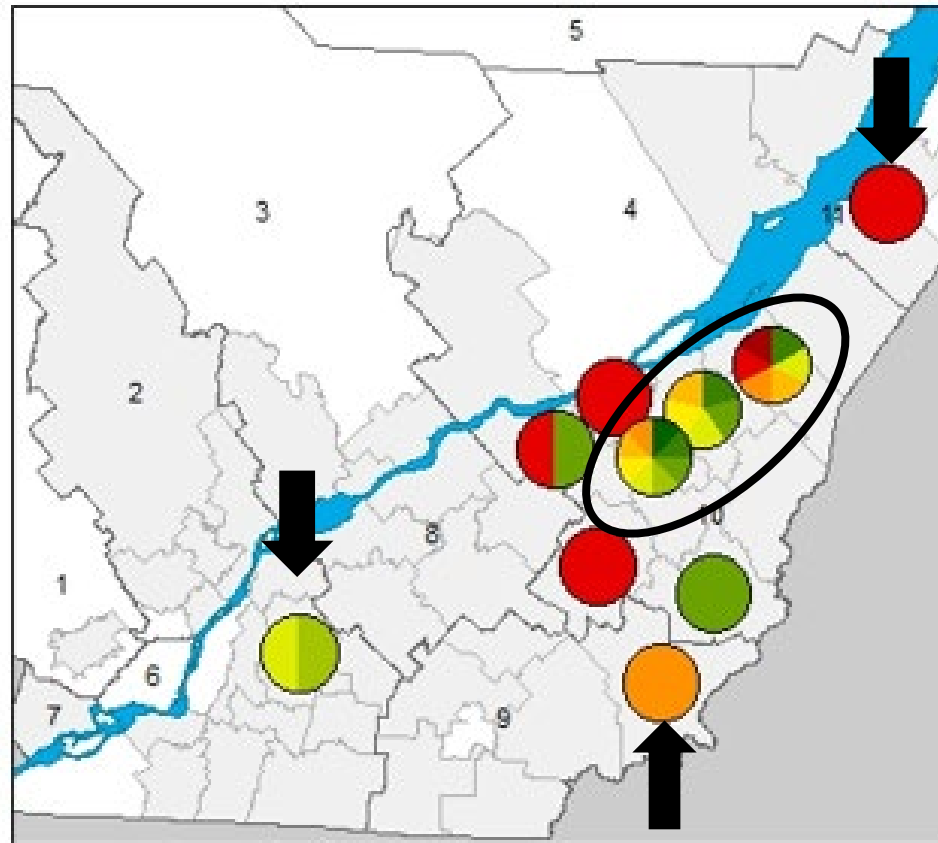
per MRC
per year



1. Laurentides
2. Lanaudière
3. Mauricie
4. Capitale-Nationale
5. Saguenay-Lac-St-Jean
6. Montréal-Laval
7. Montérégie
8. Centre-du-Québec
9. Estrie
10. Chaudière-Appalaches
11. Bas St-Laurent

Autre comportement ...

CL-12, 39 sites



Legend

Presence of
submitting
sites

per MRC
per year

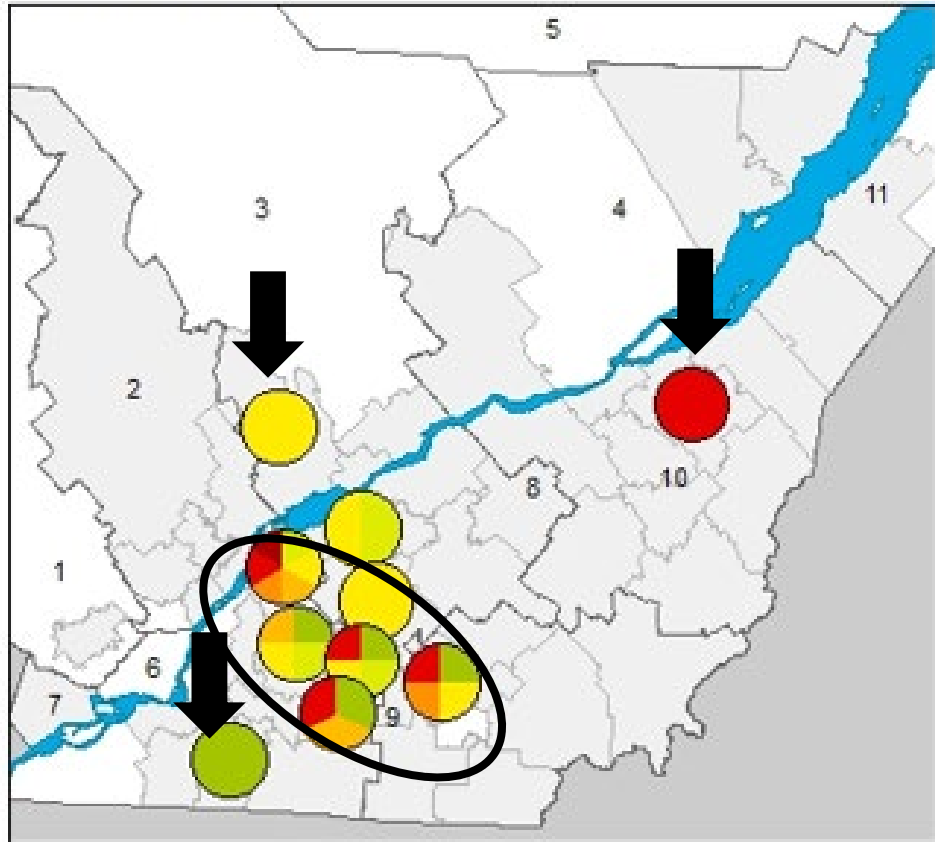


1. Laurentides
2. Lanaudière
3. Mauricie
4. Capitale-Nationale
5. Saguenay-Lac-St-Jean
6. Montréal-Laval
7. Montérégie
8. Centre-du-Québec
9. Estrie
10. Chaudière-Appalaches
11. Bas St-Laurent

Persistance régionale et cas isolés au fil du temps.

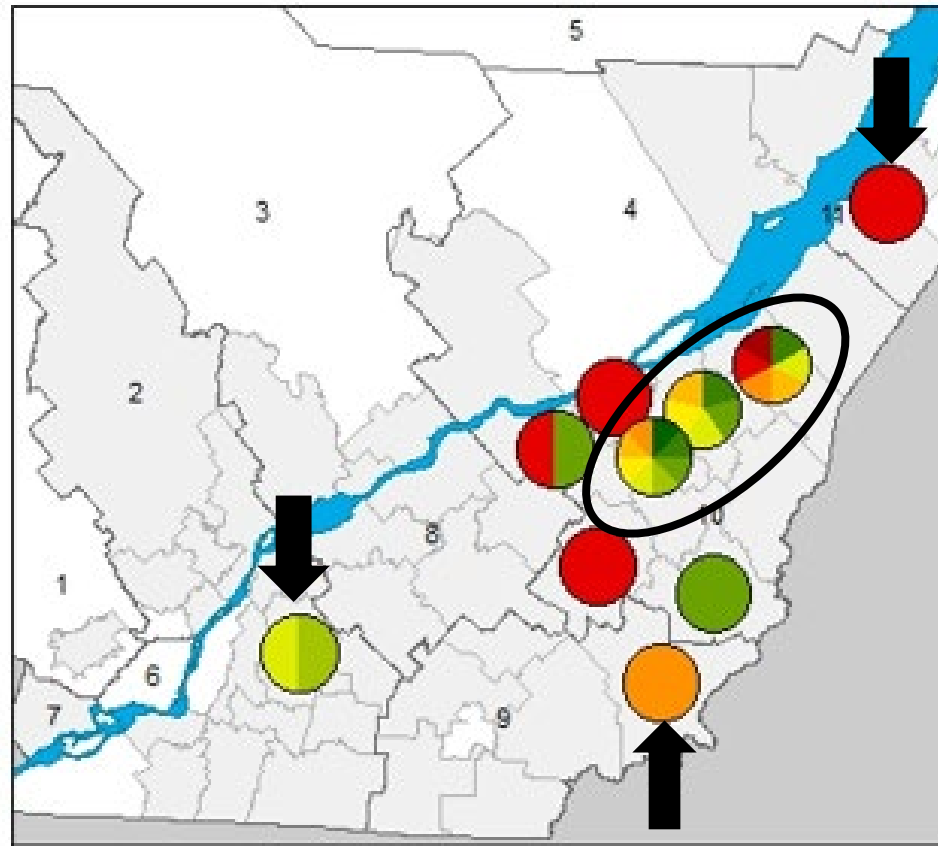
+ Sud-Ouest

CL-38, 30 sites



+ Est

CL-12, 39 sites



Legend

Presence of
submitting
sites

per MRC
per year

2010

2011

2012

2013

2014

2015

2016

2017

2018

2019

1.Laurentides

2.Lanaudière

3.Mauricie

4.Capitale-

Nationale

5.Saguenay-

Lac-St-Jean

6.Montréal-

Laval

7.Montérégie

8.Centre-du-

Québec

9.Estrie

10.Chaudière-

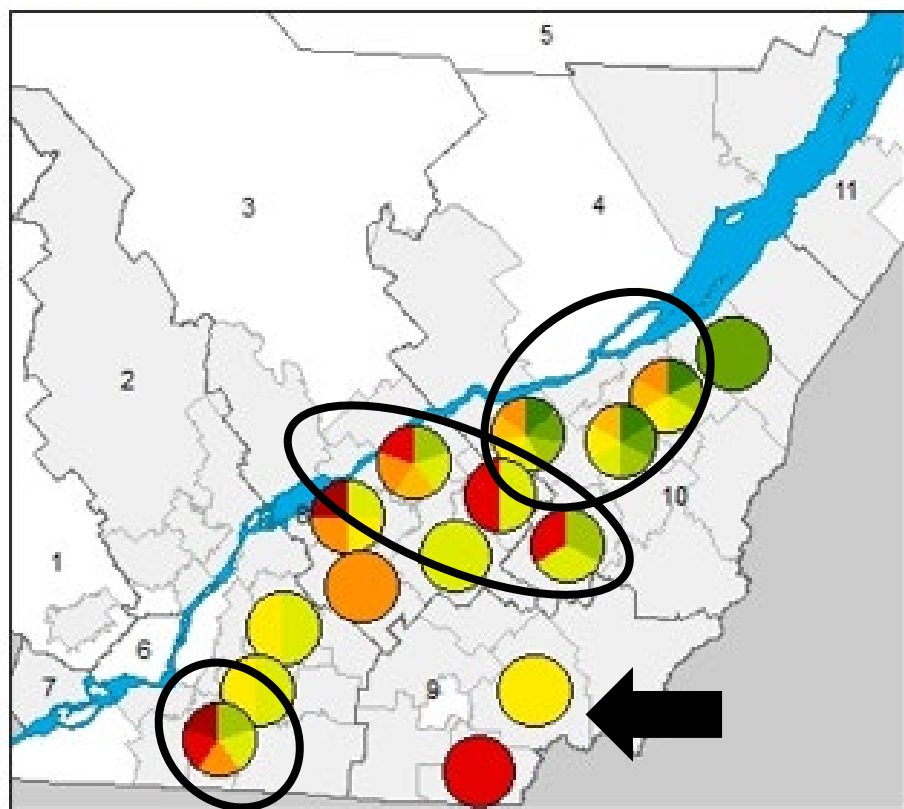
Appalaches

11.Bas

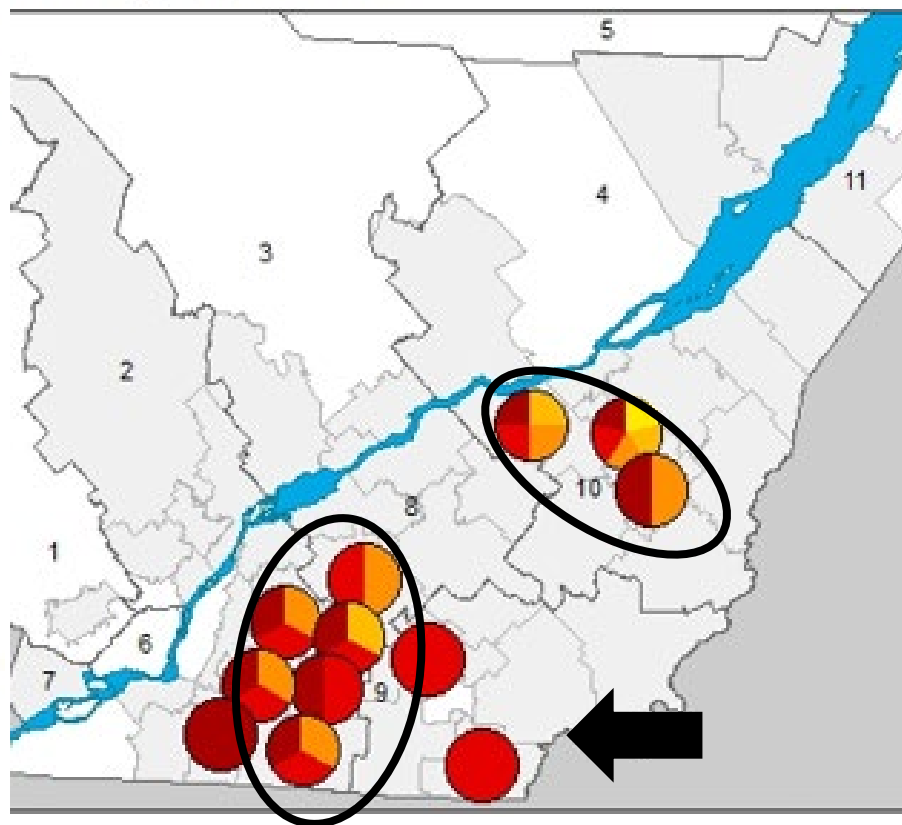
St-Laurent

Rien de va plus sur la Rive-Sud !
2010-2019...

CL-29_02, 67 sites



CL-29_29, 65 sites



Legend

Presence of
submitting
sites

per MRC
per year



2010



2011



2012



2013



2014



2015



2016



2017



2018



2019

1.Laurentides

2.Lanaudière

3.Mauricie

4.Capitale-

Nationale

5.Saguenay-

Lac-St-Jean

6.Montréal-

Laval

7.Montérégie

8.Centre-du-

Québec

9.Estrie

10.Chaudière-

Appalaches

11.Bas

St-Laurent

Rien de va plus. Rive-Sud et Rive-Nord
≥ 6 régions touchées (2010-2019...)

Legend

Presence of
submitting
sites

per MRC
per year



2010



2011



2012



2013



2014



2015



2016



2017



2018



2019

1.Laurentides

2.Lanaudière

3.Mauricie

4.Capitale-

Nationale

5.Saguenay-

Lac-St-Jean

6.Montréal-

Laval

7.Montréal-

Laval

8.Centre-du-

Québec

9.Estrie

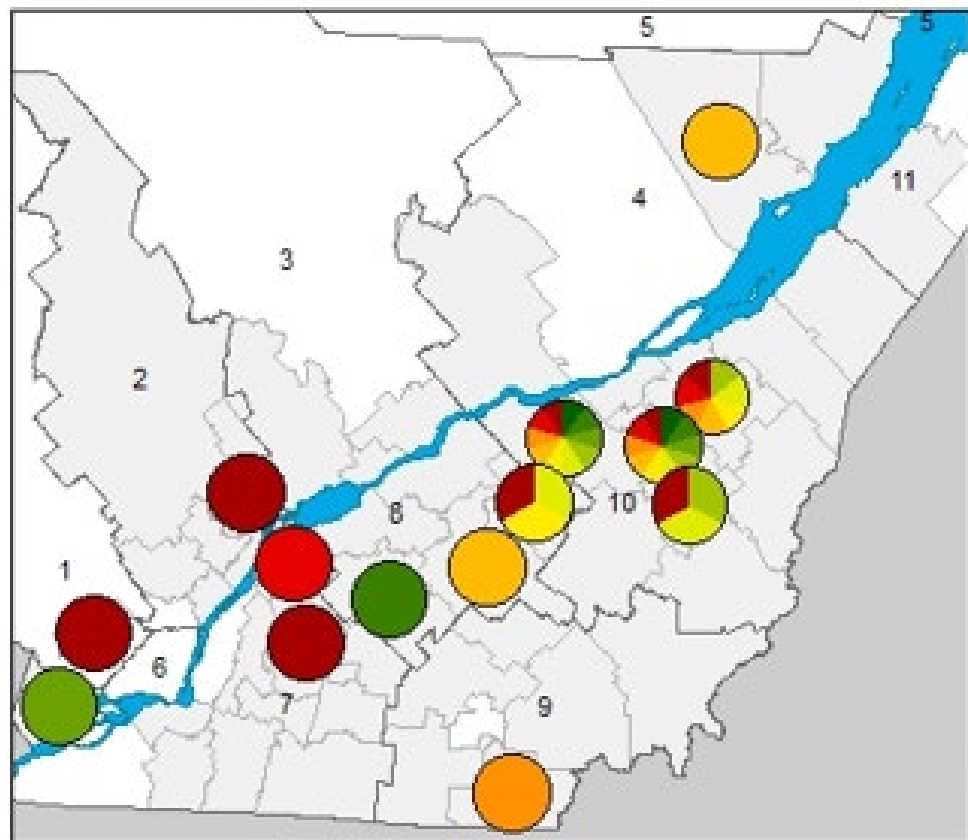
10.Chaudière-

Appalaches

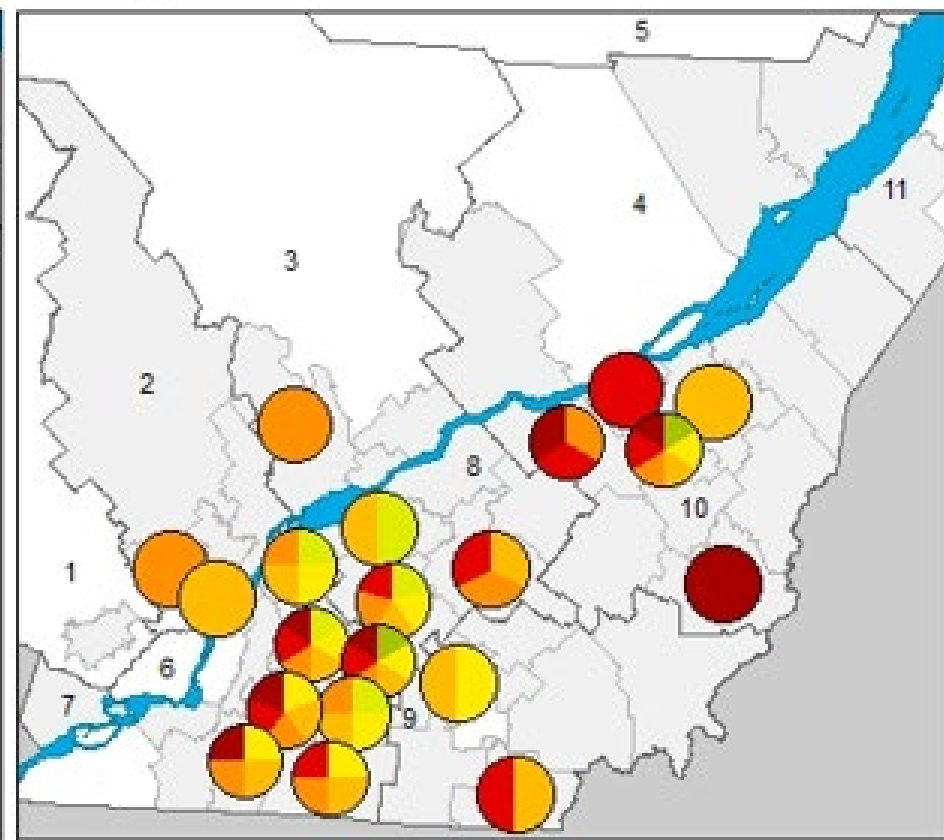
11.Bas

St-Laurent

CL-14, 70 sites

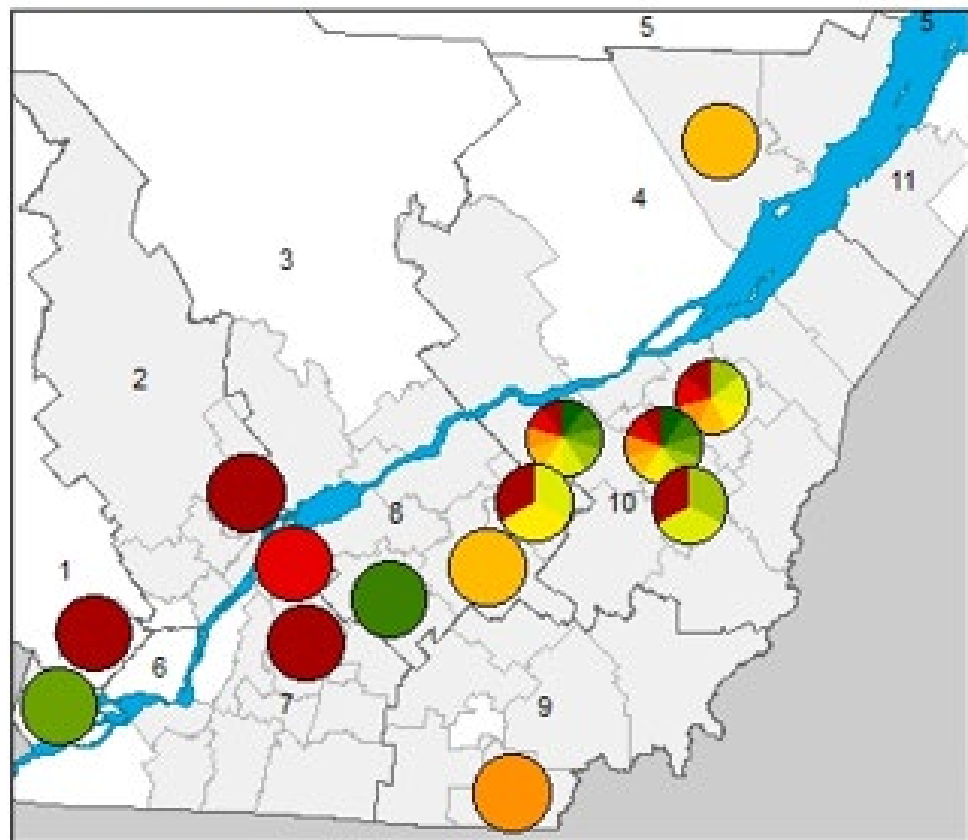


CL-29_10, 132 sites

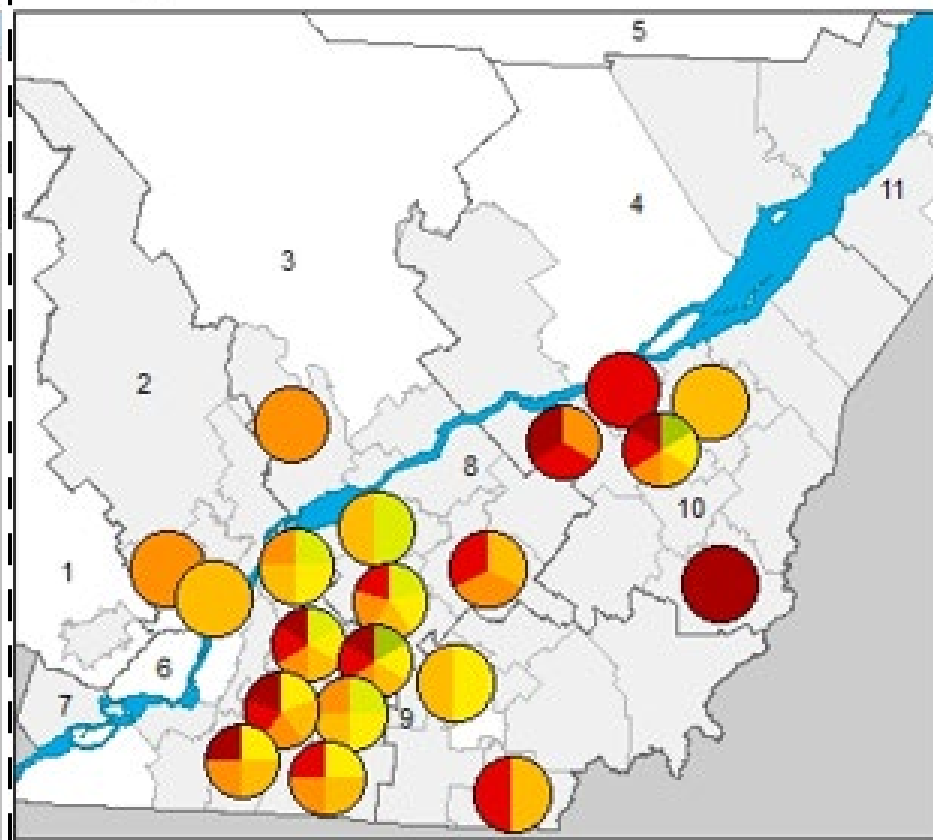


Rien de va plus. Rive-Sud et Rive-Nord
 ≥ 6 régions touchées (2010-2019...)

CL-14, 70 sites



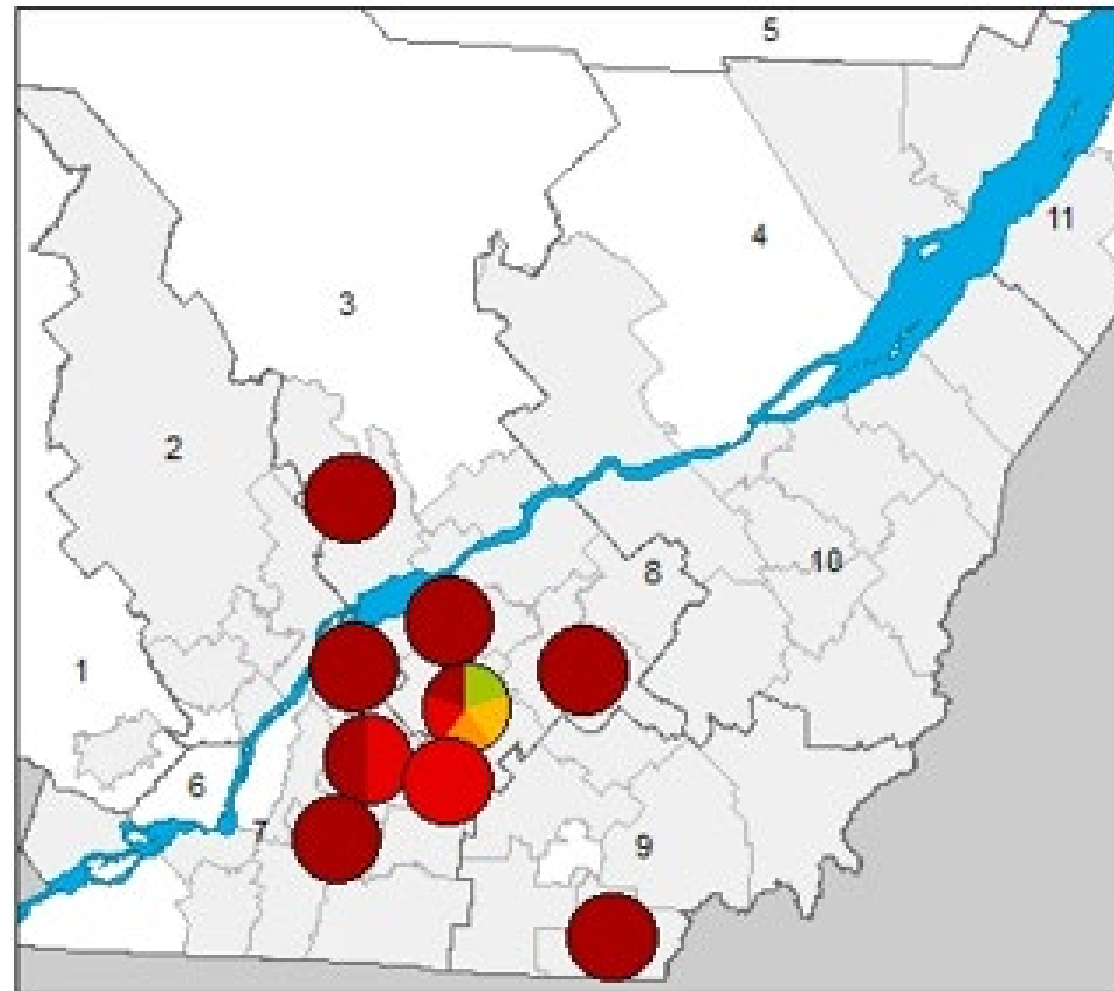
CL-29_10, 132 sites



Le portrait a
continué
d'évoluer
depuis 2019...

Cluster 29_24 (Ninja) ?

CL-29_24, 28 sites



Legend

Presence of
submitting
sites
per MRC
per year



1. Laurentides
2. Lanaudière
3. Mauricie
4. Capitale-Nationale
5. Saguenay-Lac-St-Jean
6. Montréal-Laval
7. Montérégie
8. Centre-du-Québec
9. Estrie
10. Chaudière-Appalaches
11. Bas St-Laurent

1.3 Distribution spatiotemporelle des souches (SRRP)

Tendances générales

Les clusters génétiques n'ont pas tous le même patron de distribution.

** autres clusters seront inclus dans l'article.*

Même si certains clusters sont davantage prédominants au cours de certaines années spécifiques (ex. 3-4 ans), ils peuvent être détectés sur ≥ 9 ans.

Les clusters sont généralement détectés d'abord sur la Rive-Sud, certains atteignent la Rive-Nord au fil des années.

Certains maintenus davantage à l'Est de la province, d'autres à l'Ouest.

1.3 Distribution spatiotemporelle des souches (SRRP)

Tendances générales

Différence entre le maintien localisé et dispersion rapide.

- Une souche peut persister longtemps à certains endroits si elle n'est pas éradiquée. Ce phénomène peut mener à une transmission ou non.
- Des analyses permettant de mieux comprendre la dispersion devront être entreprises.

Les mouvements de porcs pourraient expliquer, du moins en partie, les patrons de distributions observés.



2. Projet en cours

2.1 Facteurs de risque régionaux - SRRP

2.1 Facteurs de risque régionaux – SRRP

Mise en contexte

L'impact des facteurs de risque régionaux, tels que les caractéristiques démographiques et sanitaires des troupeaux du voisinage, sur la probabilité d'introduire le virus du SRRP dans les maternités est méconnu.

Objectif

Identifier et quantifier les facteurs de risque régionaux (voisinage) pour l'introduction dans les maternités du Québec.

Financement: Programme InnovAction (MAPAQ).

Chercheuses : Dre Marie-Ève Lambert, Dre Julie Arsenault

Collaborateurs: Dre Sylvie D'Allaire, Dr Christian Klopfenstein



2.1 Facteurs de risque régionaux (SRRP)

Matériel et méthodes

Étude rétrospective sur 5 ans (2017-2021)

Cas - Maternités avec introduction du virus SRRP

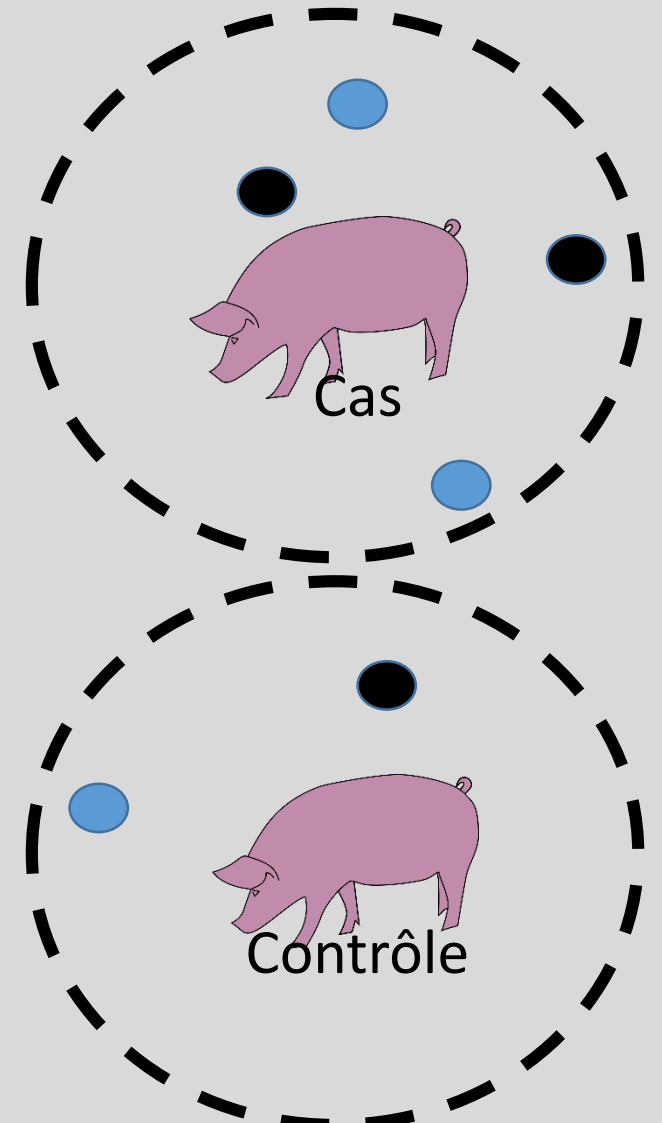
- LEMP

Contrôles - Maternités sans introduction (à définir)

- Veille sanitaire provinciale (VSP)

Variables explicatives

- Démographie, statut sanitaire, projet de contrôle
- À l'échelle du site et du voisinage (différents rayons)



2.1 Facteurs de risque régionaux – SRRP

Retombées

Identification de caractéristiques régionales corrélées au risque d'infection
Alimentation des outils d'aide à décision (ex : outils de la veille sanitaire provinciale).

Chanel Bélisle

Étudiante à la maîtrise

Début Janvier 2022

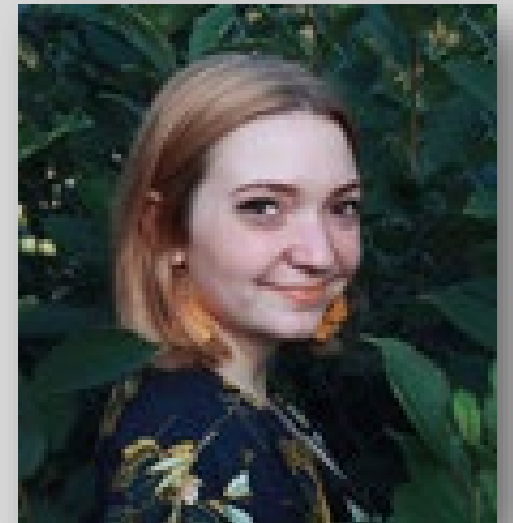
Maîtrise en sciences vétérinaires (option épidémiologie)

Son parcours professionnel

Technique en santé animale

Baccalauréat en biologie marine (Rimouski)

Expérience dans le domaine porcine (gérante de ferme)



3. Projets acceptés - Chaire

Chaire de recherche en antibiosurveillance
et antibiorésistance en santé animale

Titulaire: Dre Julie Arsenault

Chercheure principale-axe porcin : Dre Marie-Ève Lambert

Chaire de recherche du MAPAQ

Éleveurs de porcs du Québec et autres partenaires industriels.

5 ans, ententes en processus de signature



3.1 Chaire – Mouvements de porcs au Québec

Chaire - Axe 1. Caractérisation des mouvements d'animaux pour améliorer la santé du cheptel et réduire l'utilisation des antimicrobiens.

Espèces: porcine, ovine, caprine

Objectifs liés à l'espèce porcine

- Description de la structure globale du réseau de mouvements chez les porcins.
- Identification des éléments critiques pour la propagation des maladies infectieuses
ex. SRRP.

1 étudiant au PhD, 1 étudiant à la maîtrise (recruté)

3.1 Chaire - Mouvements de porcs au Québec

Catherine Girard

Étudiante à la maîtrise

Maîtrise en sciences vétérinaires, option épidémiologie

Début mai 2022 (temps partiel)



Objectif de sa maîtrise

Décrire les mouvements de porcelets sevrés et de porcs en croissance au Québec.

Son parcours professionnel

Baccalauréat en agronomie (2021)

Stage professionnel dans le domaine porcin au Laboratoire de comportement et bien-être animal de l'Université Laval.

4. Projets futurs

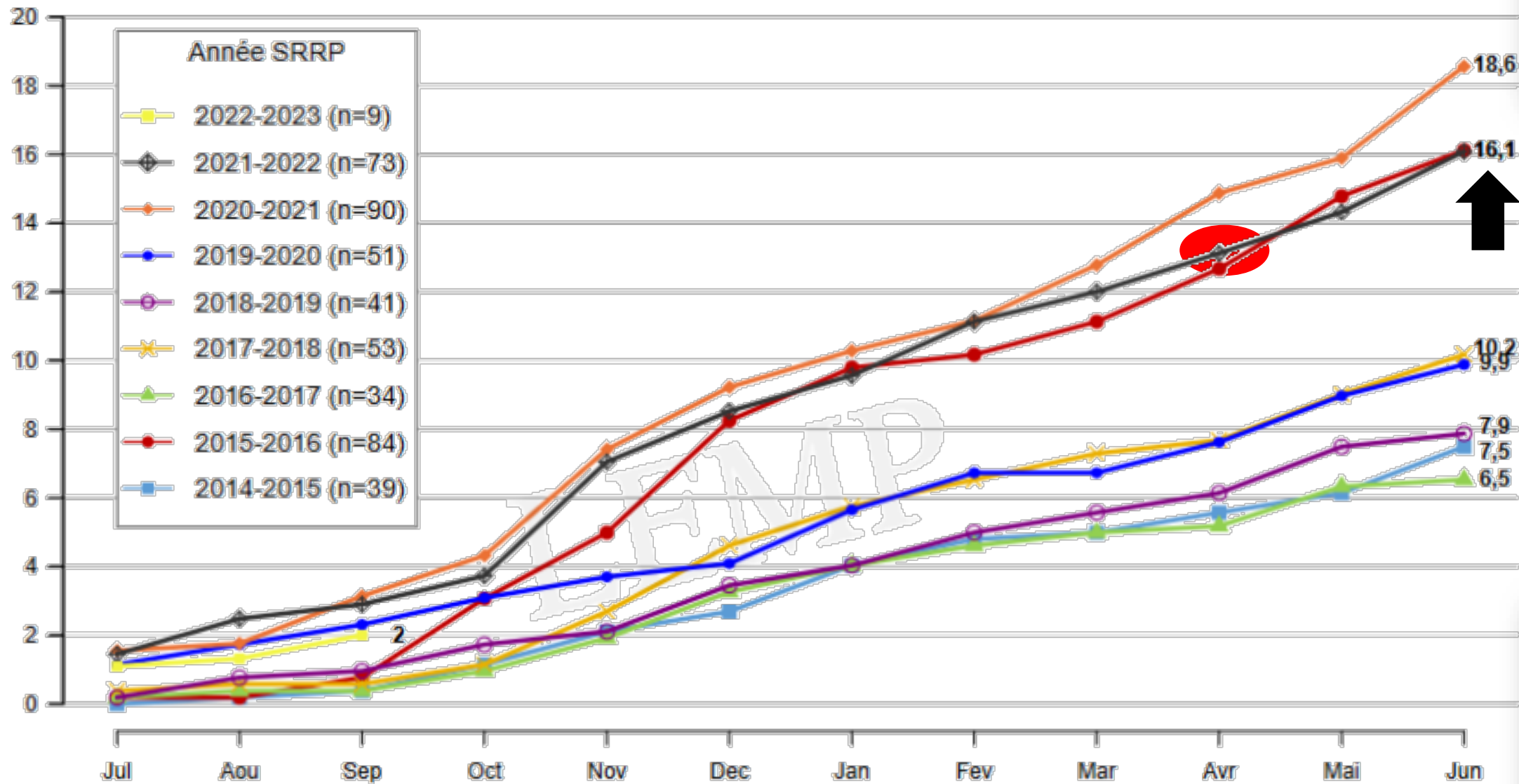
Mise en contexte



Incidence cumulative des introductions du virus SRRP dans les maternités au Québec selon les années



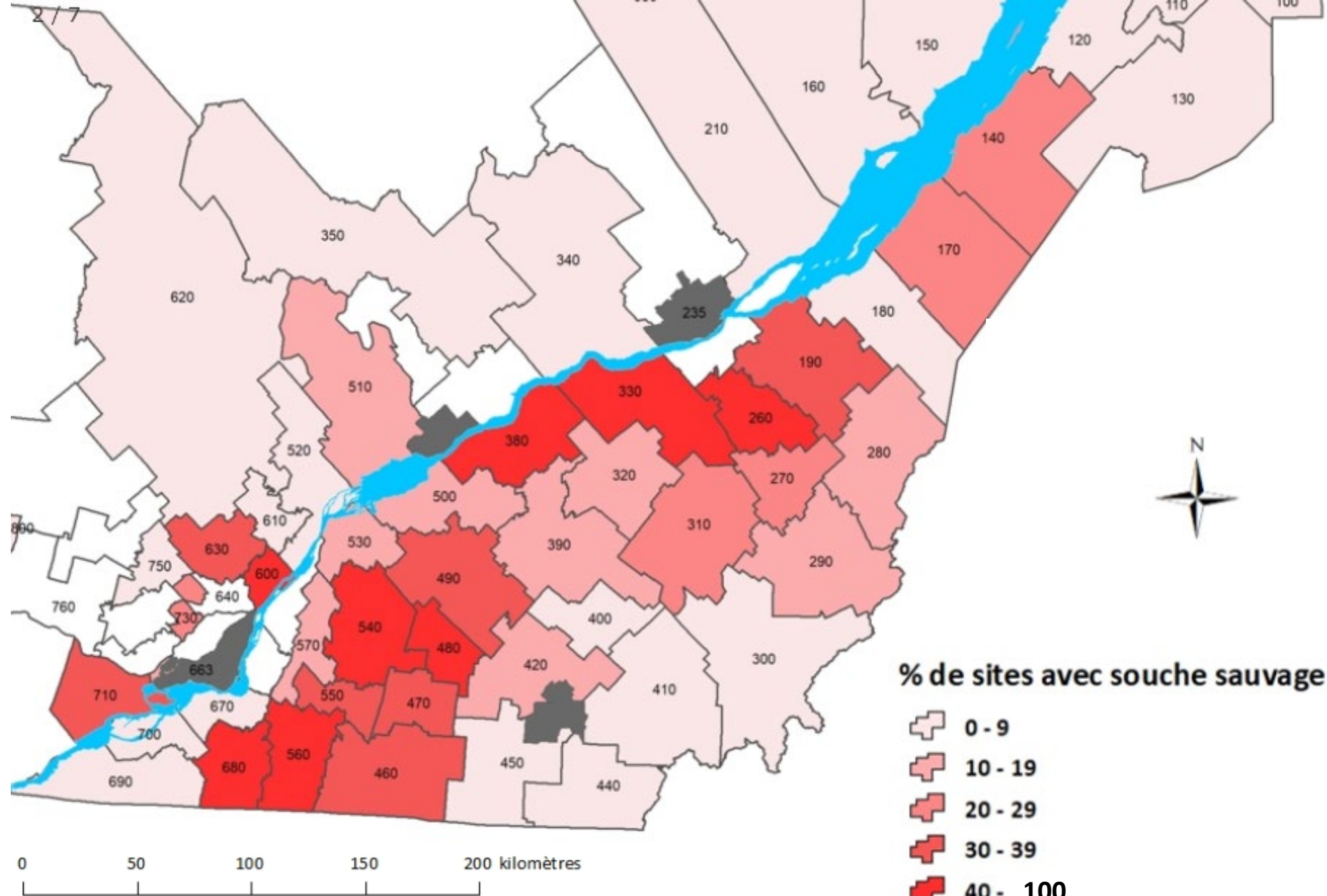
Nb de maternités avec introduction / Nb de maternités (%)



* Données sur le nombre de maternités recensées au Québec fournies par le CDPQ dans le cadre de la VSP.



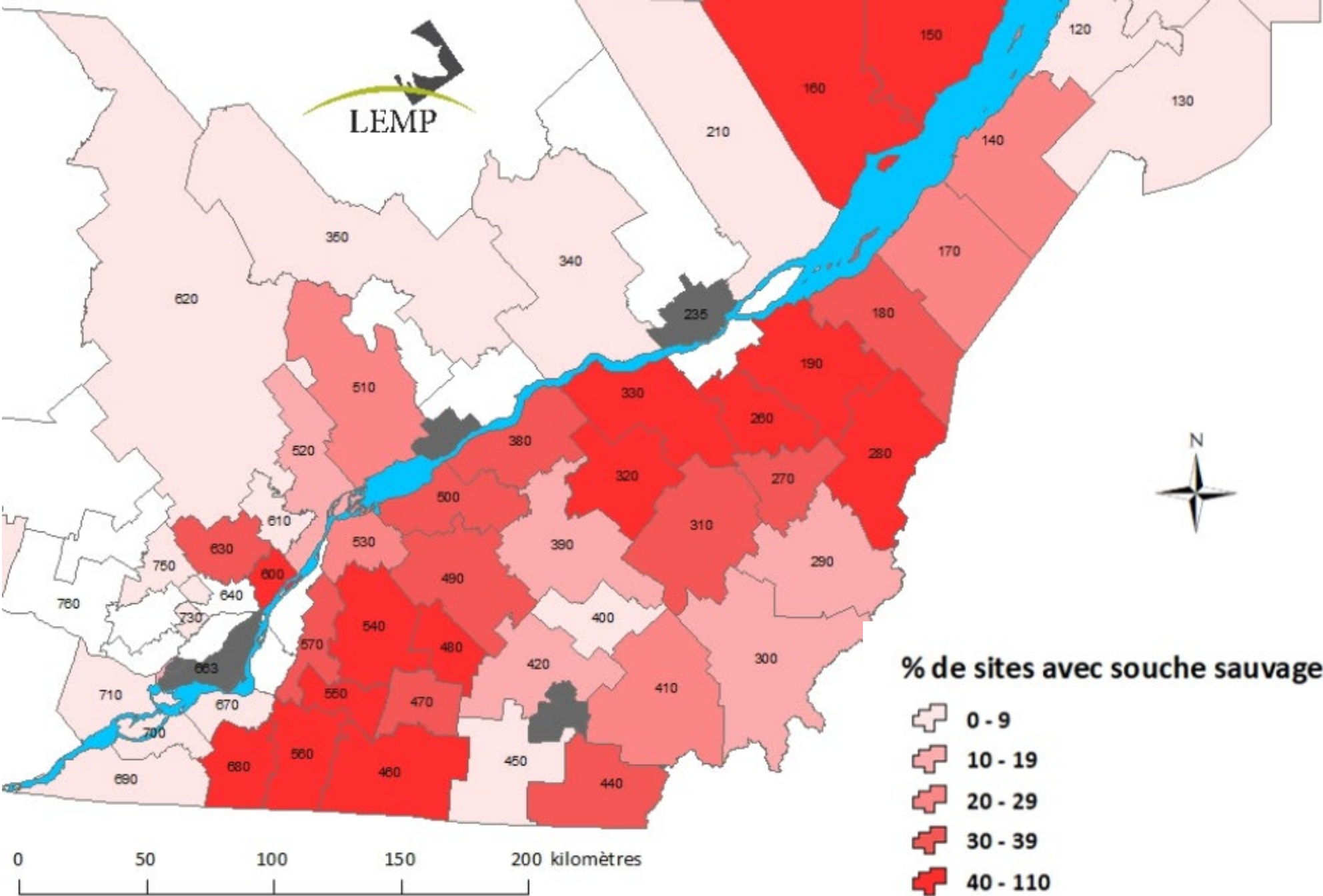
2021
Septembre



Source des données : CDPQ, Veille Sanitaire Provinciale (VSP)

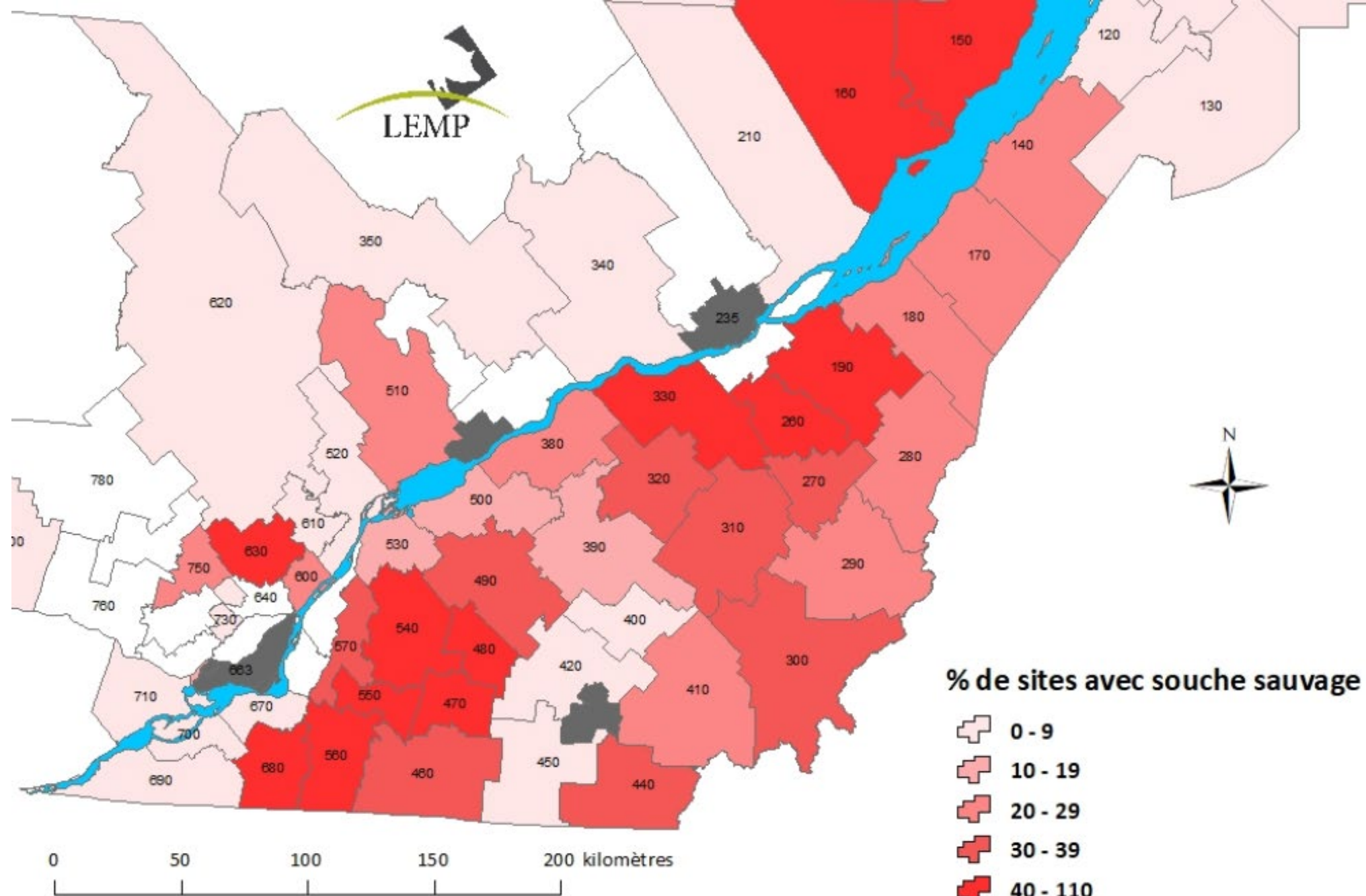
Production : Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine (LEMP), Université de Montréal

2022
Mars



2022
Septembre

Bon...
maintenant
que c'est
rouge
partout, on
fait quoi ?



Source des données : CDPQ, Veille Sanitaire Provinciale (VSP)

Production : Laboratoire d'épidémiologie et de médecine porcine (LEMP), Université de Montréal

4. Projets futurs

Demandes formulées lors des ateliers-SRRP.

Questions fréquentes (vétérinaires, producteurs, intervenants)

Maximiser l'information disponible sur le terrain



4.1 Clusters génétiques SRRP = outil d'aide à la décision

Proposition de projet

4.1 Clusters génétiques SRRP : outil d'aide à la décision

Mise en contexte

Une surveillance des clusters génétiques représente un outil de communication et d'aide à la décision pour supporter les actions concertées de contrôle.

But: éviter de transférer des porcs infectés par une souche spécifique (ex.29_24) dans une zone qui en est exempte.

Projet présenté en mai 2022 à 3 organisations pour financement récurrent (processus continu).

4.1 Clusters génétiques SRRP : outil d'aide à la décision

Objectif A.

Obtenir un portrait trimestriel de la distribution spatiale
Et temporelle des clusters génétiques endémiques au Québec.

Processus de classification (4X/année)

ET intégration dans les rapports !!

- nominatifs : ajout aux outils existants (site internet)
Séquence associée à un cluster (si cluster endémique)
- non nominatifs : en ligne sur le site internet



Rapport non nominatif provincial (un exemple)

But: identifier les régions où un cluster spécifique est détecté.

Données fictives

[illegible]

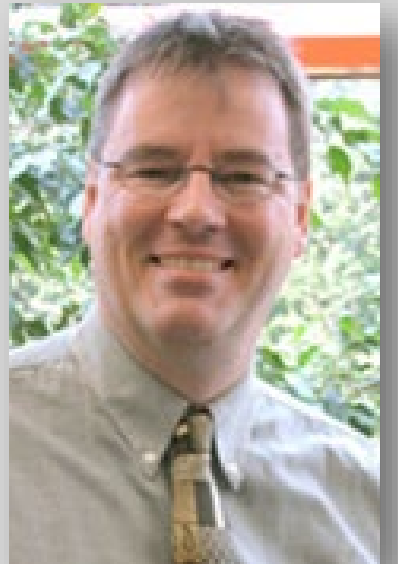
4.1 Clusters génétiques SRRP = aide à la décision

Objectif B.

Détecter l'introduction de nouvelles souches et les caractériser.

Système de veille des souches (vs. l'international)

- Réponses aux questions portant sur les nouvelles souches (pas de cluster).
- Ex. S'agit-il de la souche 1-4-4 lignée 1c ?
- Ex. Est-ce que la nouvelle souche ressemble à celles de l'Ontario ?



4.1 Clusters génétiques SRRP = aide à la décision

Besoin de financement récurrent.

Plusieurs demandes faites; aucune réponse concluante.

Ne sera pas disponible à court terme.



A grayscale photograph of several piglets in a pen. The piglets are of various breeds, including some with white faces and others with darker markings. They are standing and looking in different directions. The word "FIN" is overlaid in the center of the image in a large, bold, black, sans-serif font.

FIN

Faculté de médecine vétérinaire

Université 
de Montréal