

Agents infectieux associés à la pneumonie et à la pleurésie : une enquête transversale dans 125 élevages naisseurs-engraisseurs du Grand Ouest de la France

Christelle FABLET, Corinne MAROIS-CREHAN, Gaëlle SIMON, Béatrice GRASLAND, André JESTIN, Marylène KOBISCH,
François MADEC, Nicolas ROSE

Agence Nationale de Sécurité Sanitaire (Anses), BP 53, F-22440 Ploufragan

christelle.fablet@anses.fr

Infectious agents associated with pneumonia and pleuritis: a cross-sectional study in 125 farrow-to-finish pig herds in western France

A study was carried out in 125 farrow-to-finish pig herds to assess the relationships between five pathogens involved in respiratory disorders and clinical signs at the farm and macroscopic lung lesions at slaughter. Clinical examination and sampling were performed on four different batches in each herd (pigs aged 4, 10, 16 and ≥ 22 weeks). *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Actinobacillus pleuropneumoniae*, swine influenza viruses (SIV), porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) and porcine circovirus type 2 (PCV-2) were detected by serological or PCR assays specific to each pathogen. Pneumonia-like gross lesions and pleuritis were scored at the slaughterhouse. The relationships between the frequency of pigs positive to each pathogen and clinical signs and macroscopic lung lesions were determined by hierarchical clustering. The effects of the infectious agents on pneumonia-like gross lesions and pleuritis were quantified by performing two logistic-regression analyses at the herd level: one with pneumonia-like gross lesions as the dependent variable and one with the pleuritis status of the herd as the outcome. The results indicate that the major pathogens involved in pneumonia-like gross lesions in western France are *M. hyopneumoniae*, PRRSV and SIV H1N1 even though PCV-2 may play a role. The findings also indicate that *A. pleuropneumoniae* serotype 2, in association with PRRSV, is significantly associated with extensive pleuritis.

INTRODUCTION

Les maladies pulmonaires sont fréquentes chez le porc en croissance dans le Grand Ouest de la France (Leneveu *et al.*, 2005). Plusieurs agents bactériens dont *Mycoplasma hyopneumoniae* (Mhp) et *Actinobacillus pleuropneumoniae* (App), et viraux tels que le virus du Syndrome Dysgénésique et Respiratoire Porcin (SDRP) et les virus influenza porcins (SIV) sont impliqués dans leur déterminisme (Opriessnig *et al.*, 2012). Des travaux épidémiologiques récents indiquent que le circovirus porcin de type 2 (PCV-2) serait également impliqué (Hansen *et al.*, 2010; Wellenberg *et al.*, 2010). La connaissance des agents infectieux associés aux maladies respiratoires et l'effet de leurs interactions sur la sévérité des maladies constitue une étape préalable à la conception de stratégies de maîtrise appropriées. Aucune étude épidémiologique n'a été réalisée en France sur un large échantillon d'élevages depuis plus de 25 ans. L'objectif du présent travail était d'évaluer l'implication de ces cinq agents infectieux dans l'expression clinique des maladies pulmonaires et l'impact lésionnel en termes de pneumonie et de pleurésie dans le Grand Ouest de la France.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Schéma d'étude

L'étude a été réalisée dans 125 élevages naisseurs-engraisseurs du Grand Ouest dont l'échantillonnage est plus

précisément décrit dans un second article (Fablet *et al.*, 2013). Dans chaque élevage, quatre bandes de porcs âgés de quatre, dix, seize et au moins 22 semaines de vie ont été incluses. Les signes cliniques ont été notés en réalisant notamment un comptage des toux pendant 6 minutes. Un échantillon de quinze porcs a été tiré au sort dans chaque bande et a fait l'objet de prises de sang. Pour les bandes de quatre, dix et seize semaines de vie, un prélèvement de mucus par sondage trachéo-bronchique a été effectué sur dix des quinze porcs sélectionnés. La pneumonie et la pleurésie ainsi que les réactions au niveau des nœuds lymphatiques trachéo-bronchiques ont été appréciées à l'abattoir sur un échantillon de 30 porcs constitué par tirage au sort (Madec et Kobisch, 1982).

1.2. Analyses de laboratoire

Pour les porcs âgés de quatre, dix et seize semaines, l'ADN de Mhp et du PCV-2 a été recherché par PCR à partir des prélèvements de mucus et des sérums (Grasland *et al.*, 2005; Marois *et al.*, 2010). Les anticorps à l'égard du virus du SDRP ont été recherchés par ELISA à partir des sérums des quatre bandes de porcs (test 2XR, Laboratoire IDEXX, Eragny sur Oise, France). Les sérums des porcs de la bande la plus âgée (≥ 22 semaines) ont été analysés par ELISA pour détecter les anticorps vis-à-vis de Mhp (DAKO, Kitvia, Labarthe-Inard, France) et d'App sérotype 2 et sérogroupe 1-9-11 (Swinecheck App2 et App1911, Biovet, AES Laboratoire, Combours, France). Des tests d'inhibition de l'hémagglutination ont été mis en

œuvre pour la détection d'anticorps vis-à-vis des SIV H1N1 et H1N2 de lignées européennes (Kyriakis *et al.*, 2011).

1.3. Analyses statistiques

Les relations entre la clinique, la note médiane de pneumonie du lot, la proportion de porcs sans pneumonie, avec et sans pleurésie, la fréquence de porcs avec une hypertrophie et une congestion des nœuds lymphatiques trachéo-bronchiques (NLTB), la fréquence de porcs positifs par PCR vis-à-vis de Mhp et du PCV-2 et la fréquence de porcs présentant des anticorps à l'égard du virus du SDRP, des SIV H1N1 et H1N2 et d'App ont été recherchées par Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) (SPAD v5.6, Decisia). Afin de quantifier, au travers d'*odds-ratios* (OR), la force de l'association entre les facteurs infectieux et la pneumonie ainsi que la pleurésie deux modèles de régression logistique multivariés ont été élaborés (PROC LOGISTIC, SAS 9.1). Un modèle à risques proportionnels partiels a été utilisé pour rechercher les facteurs associés à la note médiane de pneumonie du lot (trois catégories : 1 : note médiane ≤ 0,5 ; 2 : 0,5 < note ≤ 3,75 ; 3 : note > 3,75). Pour la pleurésie, les élevages ont été répartis en deux catégories selon la proportion de porcs atteints de pleurésie étendue (*i.e.* note > 2, notation sur quatre points). Un modèle multivarié binomial a donc été élaboré pour quantifier l'effet des facteurs infectieux associés à de la pleurésie étendue.

2. RESULTATS

L'analyse par CAH a permis d'identifier quatre groupes d'élevages. Un premier groupe (33 élevages) est caractérisé par une note médiane de pneumonie du lot élevée (note médiane = 4,0 pour le groupe vs 2,8 et l'échantillon total des 125 élevages), une fréquence élevée de toux à 16 semaines d'âge (6,5 vs 3,6 toux pour 100 porcs pour le groupe et l'échantillon total respectivement), une fréquence élevée de porcs avec des NLTB congestionnés (16,8% pour le groupe vs 12,2% pour l'échantillon total) et une fréquence élevée de porcs avec des anticorps vis-à-vis du virus du SDRP à dix (51,7% pour le groupe vs 19,8% pour l'échantillon total), seize (93,6% pour le groupe vs 37,6% pour l'échantillon total) et 22 semaines d'âge (96,5% pour le groupe vs 54,0% pour l'échantillon total). Ces élevages sont également infectés par le SIV H1N1 et ont une fréquence élevée de porcs positifs par PCR, à seize semaines de vie, à l'égard de Mhp (59,5% pour le groupe vs 41,6% pour l'échantillon total) et du PCV-2 (57,4% pour le groupe vs 40,2% pour les 125 élevages). Un second groupe est caractérisé par une fréquence élevée de porcs

atteints de pleurésie et infectés par le virus du SDRP (96,2% pour le groupe vs 54,0% pour l'échantillon total) ainsi que par le sérotype 2 (79,6% pour le groupe vs 11,6% pour les 125 élevages) et le sérogroupe 1-9-11 (22,7% pour le groupe vs 5,0% pour les 125 élevages) d'App en fin d'engraissement. Un troisième groupe comprend des élevages avec une fréquence élevée de porcs infectés par Mhp et le PCV-2 à quatre, dix et seize semaines d'âge. Le quatrième groupe est constitué d'élevages ayant une fréquence plus élevée que l'échantillon général de porcs sans pneumonie (43,1% pour le groupe vs 30,7% pour les 125 élevages) et sans pleurésie (91,6% pour le groupe vs 84,9% pour les 125 élevages). Dans ce groupe, la pression d'infection vis-à-vis du PCV-2 est la plus élevée vers 17 semaines d'âge. Les infections par le SIV H1N1 en engraissement (OR=2,1, P<0,05) et par le virus du SDRP avant ou après dix semaines d'âge (OR=5,2 et OR=2,3, P<0,05 respectivement) augmentent significativement la probabilité qu'un lot ait une note médiane de pneumonie supérieure à 0,5. Bien que l'infection par Mhp à 16 semaines d'âge soit significativement associée à une note médiane de pneumonie comprise entre 0,5 et 3,75, (OR=9,6, P<0,05), elle n'est pas significativement associée (P>0,05) à une note médiane élevée (>3,75). L'infection par le sérotype 2 d'App et par le virus du SDRP après dix semaines de vie augmentent significativement la probabilité qu'un lot ait au moins un porc atteint de pleurésie étendue (OR=5,8 et OR=4,8, respectivement, P<0,05)

CONCLUSION

Bien que le PCV-2 soit associé à une expression clinique et lésionnelle de la pneumonie, il ne constitue pas un acteur majeur dans le développement des maladies pulmonaires enzootiques dans les conditions d'élevage du Grand Ouest, à l'opposé de Mhp, des virus du SDRP et du sous-type H1N1 de lignage Européen de l'influenza porcine. L'infection par le virus du SDRP présente la particularité d'intervenir tant sur la pneumonie que la pleurésie. App, en particulier le sérotype 2, joue un rôle central dans le déterminisme de la pleurésie.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient les éleveurs et leur encadrement technique et vétérinaire pour leur participation à l'enquête. Ces travaux ont été co-financés par le conseil régional de Bretagne, le Comité Régional Porcin et les industriels de la pharmacie vétérinaire (Boehringer Ingelheim, Fort-Dodge, Intervet, Pfizer et Schering-Plough).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Fablet, C., Dorenlor, V., Eono, F., Eveno, E., Jolly, J.P., Portier, F., Bidan, F., Madec, F., Rose, N., 2013. Facteurs non infectieux associés à la pneumonie et à la pleurésie dans 143 élevages naisseurs-engraisseurs du Grand Ouest de la France. Journées Rech. Porcine, 45, 249-254.
- Grasland B., Loizel C., Blanchard P., Oger A., Nignol A.C., Bigarré L., Morvan H., Cariolet R., Jestin A., 2005. Reproduction of PMWS in immunostimulated SPF piglets transfected with infectious cloned genomic DNA of type 2 porcine circovirus. Vet. Res., 36, 685-697.
- Hansen M.S., Pors S.E., Jensen H.E., Bille-Hansen V., Bisgaard M., Flachs E.M., Nielsen O.L., 2010. An investigation of the pathology and pathogens associated with Porcine Respiratory Disease Complex in Denmark. J. Comp. Path., 143, 120-131.
- Kyriakis C.S., Brown I.H., Foni E., Kuntz-Simon G., Maldonado J., Madec F., Essen S.C., Chiapponi C., Van Reeth K., 2011. Virological surveillance and preliminary antigenic characterization of influenza viruses in pigs in five European countries from 2006 to 2008. Zoonoses Public Health, 58, 93-101.
- Leneveu P., Robert N., Keita A., Pagot E., Pommier P., Teissier P., 2005. Lung lesions in pigs at slaughter: A 2-year epidemiological study in France. Intern. J. Appl. Res. Vet. Med., 3, 259-265.
- Madec F., Kobisch M., 1982. Bilan lésionnel des poumons de porcs charcutiers à l'abattoir. Journées Rech. Porcine, 14, 405-412
- Marois C., Dory D., Fablet C., Madec F., Kobisch M., 2010. Development of a quantitative Real-Time TaqMan PCR assay for determination of the minimal dose of *Mycoplasma hyopneumoniae* strain 116 required to induce pneumonia in SPF pigs. J. Appl. Microbiol., 108, 1523-1533.
- Opriessnig T., Gimenez-Lirola L.G., Halbur P.G., 2012. Polymicrobial respiratory disease in pigs. Anim. Health Res. Rev., 12, 133-148.
- Wellenberg G.J., Bouwkamp F.T., Wolf P.J.V.D., Swart W.A.J.M., Mombarg M.J., de Gee A.L.W., 2010. A study on the severity and relevance of porcine circovirus type 2 infections in Dutch fattening pigs with respiratory diseases. Vet. Microbiol., 142, 217-224.