

Distribution des sérovars de *Haemophilus parasuis* isolés en France de 2000 à 2005

Corinne MAROIS (1), Laëtitia LE DEVENDEC (1), Christelle FABLET (2), Marie-Hélène BÄYON-AUBOYER (3), Hervé MORVAN (3), François MADEC (2), Khyali Ram MITTAL (4), Marcelo GOTTSCHALK (4), Marylène KOBISCH (1)

(1) Unité de Mycoplasmologie-Bactériologie, AFSSA- Site de Ploufragan, France

(2) Unité d'Epidémiologie et Bien-Etre Porcins, AFSSA- Site de Ploufragan, France

(3) LDA 22, Ploufragan, France

(4) Université de Montréal, Saint Hyacinthe, Canada

c.marois@ploufragan.afssa.fr

Distribution des sérovars de *Haemophilus parasuis* isolés en France de 2000 à 2005

Haemophilus parasuis est l'agent étiologique de la maladie de Glässer, mais également une bactérie commensale des voies respiratoires supérieures des porcs.

Un total de 187 isolats français ont été collectés à partir de porcs malades (90 souches) et de porcs cliniquement sains (97 souches). La sérotypie a été réalisée par haemagglutination indirecte (HAI).

A partir des cas de méningite, septicémie, arthrite et pneumonie, le sérovar 4 a été le plus fréquemment détecté (51/90) suivi du sérovar 13 (13/90) et du sérovar 5 (6/90). Onze souches étaient « non typables ». Les sérovars 1, 6, 7 et 12 étaient peu fréquents. La plupart des souches isolées de porcs malades appartenaient à des sérovars, qui avaient été classés « virulents » par d'autres auteurs.

Chez les animaux cliniquement sains, le sérovar 4 était également majoritaire (41/97), suivi des sérovars 13 (12/97) et 1 (11/97). Ces trois sérovars ont été précédemment classés « virulents » par d'autres auteurs. Les sérovars 6, 7, 11, 12, 14 et 15 étaient également présents. Seize souches étaient « non typables ». Plusieurs sérovars ont été détectés de porcs malades ou de porcs cliniquement sains, au sein d'un même élevage, voire d'un même animal.

Prevalence of *Haemophilus parasuis* serovars isolated in France from 2000 to 2005

Haemophilus parasuis is the causative agent of Glässer's disease, characterized by fibrinous polyserositis, arthritis, meningitis and by acute pneumonia and septicemia. This bacteria is also a commensal organism of the upper respiratory tract of pigs.

A total of 187 French field isolates was collected from diseased pigs (90 strains) and from healthy pigs (97 strains). The isolates were serotyped using an indirect haemagglutination test (IHA).

From meningitis, septicemia, arthritis and pneumoniae, serovar 4 was the most prevalent (51/90), followed by serovar 13 (13/90) and serovar 5 (6/90), whereas 11 of the strains were non-typable. Serovars 1, 6, 7 and 12 were only represented by few strains. Most strains isolated from diseased pigs belonged to serovars that have been shown to be virulent in previous studies.

From the upper respiratory tract of healthy pigs, serovar 4 was also significant (41/97), followed by serovar 13 (12/97) and serovar 1 (11/97), previously considered to be virulent. Serovars 6, 7, 11, 12, 14 and 15 were represented by a small number of strains. Sixteen strains were non-typable. Several serovars were detected at the same time, in the same herd and sometimes in healthy pigs as well as in diseased pigs.

INTRODUCTION

Haemophilus parasuis (*H. parasuis*) est l'agent étiologique de la maladie de Glässer, décrite pour la première fois en 1910, surtout observée dans les élevages de porcs de haut statut sanitaire en Amérique du nord où elle provoque polysérite, arthrites, méningite, septicémie, pneumonie, conduisant souvent à la mort des animaux (Rapp-Gabrielson, 1999).

H. parasuis est une bactérie émergente, considérée comme l'une des causes majeures de mortalité chez le porcelet. Les facteurs impliqués dans l'augmentation de la prévalence de *H. parasuis* ne sont pas connus. Cependant, certaines pratiques d'élevage (le sevrage précoce, les élevages sur trois sites de production) peuvent avoir une incidence sur l'épidémiologie de l'infection à *H. parasuis*, en particulier sur la colonisation précoce des animaux par des souches virulentes qui se transmettent ensuite à tout l'élevage (Oliveira et Pijoan, 2004). La maladie est souvent sporadique et se déclare à l'occasion d'un stress chez le jeune animal, mais les porcs de tous les âges sont concernés. La bactérie peut également être transmise par des animaux infectés, lors de l'introduction de jeunes reproducteurs dans des élevages naïfs (Angen et al., 2004). *H. parasuis* est aussi une bactérie commensale des voies respiratoires supérieures du porc (Moller et al., 1993). A la faveur de certaines circonstances, la bactérie traverse la muqueuse nasale et produit une inflammation des séreuses et une méningite conduisant au choc septique (maladie de Glässer) (Rapp-Gabrielson, 1999).

H. parasuis a tout d'abord été identifié sous le nom de *Haemophilus suis* (Hjärre and Wramby, 1943), puis sous celui de *Haemophilus influenza suis* par Lecce (1960). Le nom de *H. parasuis* a été donné lorsqu'il a été montré que la bactérie n'exigeait pas le facteur X (haémine ou autres porphyrines) pour sa croissance (ce qui se traduit par le préfixe « para »), mais uniquement le facteur V (Nicotinamide Adénine Dinucléotide : NAD) (Biberstein and White, 1969). *H. parasuis* est une bactérie à Gram négatif, de la famille des *Pasteurellaceae*, non-hémolytique, uréase négative, catalase positive, difficile à isoler et cultivée en milieu complété en facteur V. Les hybridations ADN-ADN montrent que l'espèce bactérienne forme un groupe génétiquement homogène (Morozumi et al., 1986). La comparaison des séquences d'ADNr 16S, chez les bactéries qui nécessitent le facteur V pour se développer, montre que *H. parasuis* est proche de *Actinobacillus indolicus* (taxon F), avec des degrés de similarité variant de 97,4 à 97,7 % (Moller et al., 1996).

Une hétérogénéité antigénique a été observée chez *H. parasuis* par Kielstein et Rapp-Gabrielson (1992) qui ont décrit 15 sérovars, au sein de l'espèce *H. parasuis*, en utilisant la technique d'immunodiffusion en milieu gélosé (IDG). Les différents sérovars n'ont pas le même pouvoir pathogène. Parmi les 15 sérovars décrits à l'heure actuelle, les sérovars 1, 5, 10, 12, 13, 14 sont réputés très virulents (capables d'induire la mort des animaux en 4 jours), les sérovars 2, 4 et 15 ont une virulence modérée (ils peuvent provoquer une polysérite mais n'induisent pas de mortalité), le sérovar 8 est faiblement pathogène, alors que les sérovars 3, 6, 7 9 et 11 sont non pathogènes (Rapp-Gabrielson, 1999). Cependant, des travaux plus récents mon-

trent que le pouvoir pathogène des différents sérovars doit encore faire l'objet d'études (Ruiz et al., 2001 ; Hill et al., 2003). La sérotypie de *H. parasuis* peut être réalisée par des techniques autres que l'IDG. Ainsi, Tadjine et al. (2004) ont mis au point un test d'hémagglutination indirecte (HAI), comparé leurs résultats à ceux qu'ils obtenaient avec l'IDG et ont montré que le nombre de souches « non typables » diminuait significativement (de plus de 30 % à moins de 10 %).

L'objectif de la présente étude est de présenter les résultats de la sérotypie par HAI de 187 souches de *H. parasuis* isolées en France, de porcs malades et de porcs cliniquement sains.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Isolats de *H. parasuis*

Un total de 187 souches de *H. parasuis* ont été collectées en France de 2000 à 2005 par l'AFSSA-Ploufragan et par le LDA 22. Quatre vingt dix souches ont été isolées de cas pathologiques : pneumonie (n = 52), septicémie (n = 33), méningite (n = 2) et arthrites (n = 3). Parmi elles, cinq provenaient de porcelets en maternité, une d'une truie, 59 de porcelets en post-sevrage et 25 de porcs à l'engrais. Ces 90 souches ont été isolées de 83 élevages.

La sérotypie de quatre vingt dix sept souches isolées de porcs cliniquement sains a également été réalisée. Parmi ces souches, 93 provenaient d'écouvillonnages nasaux, trois d'écouvillonnages oro-pharyngiens et une souche d'un écouvillonnage amygdalien. Vingt souches ont été isolées de porcs en post-sevrage et 77 de porcs à l'engrais, prélevés dans 10 élevages.

La sérotypie de deux souches de référence, isolées de cas pathologiques, a également été réalisée (CIP « Collection Institut Pasteur » 105098 et ATCC « American Type Culture Collection » 19417).

1.2. Préparation des antigènes et Hémagglutination Indirecte (HAI)

Les souches bactériennes ont été repiquées sur deux géloses PPLO (PleuroPneumoniae-Like Organisms) contenant 10 µg/ml de NAD, 1 mg/ml de glucose et 5 % de sérum de cheval. Après une incubation de 48 h à 37°C (en atmosphère contenant 5 % de CO₂), les cultures ont été identifiées par PCR selon la technique décrite par Oliveira et al. (2001). Les géloses ont ensuite été lavées avec 6 mL de tampon phosphate (pH 7,4 ; NaCl 0,15 M ; Na₂HPO₄ 0,01 M ; KH₂PO₄ 0,01 M) additionné de 0,3 % de formol (v/v). Puis les suspensions contenant les antigènes ont été analysées par HAI en suivant la méthode développée par Tadjine et al., (2004).

2. RÉSULTATS

2.1. Distribution des sérovars de *H. parasuis* isolés de porcs malades

Les souches de référence CIP 105098 et ATCC 19417 appartiennent, respectivement, aux sérovars 1 et 4.

Les sérovats 2, 3, 8, 9, 10, 11, 14 et 15 n'ont pas été détectés chez les souches isolées de porcs malades.

2.1.1. Répartition des sérovats de 2000 à 2005

La répartition des différents sérovats de *H. parasuis*, au cours des années 2000 à 2005, est présentée dans le tableau 1.

Durant cette période, le sérovat 4 a toujours été majoritaire (56,7 %). Au cours des six dernières années, le nombre de souches appartenant au sérovat 4 a varié de 65 % (2001) à 50 % (2005), avec un taux d'isolement de 42 % en 2002. Au cours de la période 2000-2003, après le sérovat 4, les sérovats 13, 12, 5, 1 et 7 étaient les plus fréquents. Depuis 2004, les sérovats 5 et 13, 6 et 7 sont les sérovats le plus souvent rencontrés après le sérovat 4.

La disparition des sérovats 1 et 12 et l'apparition du sérovat 6 ont également été observées.

Le pourcentage de souches « non typables » est assez faible (12,2 % pour la période 2000-2005), mais il a augmenté au cours des deux dernières années (10,3 %, en 2000-2003 à 18,2 % en 2004-2005).

2.1.2. Répartition des sérovats en fonction de la pathologie

La répartition des sérovats de *H. parasuis* en fonction de la pathologie observée chez les porcs est présentée dans le tableau 2.

L'une des deux souches isolées de méningite appartenait au sérovat 4 et la seconde au sérovat 5. Les trois souches isolées d'arthrites appartenait, respectivement, aux sérovats 4, 5 et 13. Plus de 50 % des souches isolées de septicémie et de pneumonie appartenait au sérovat 4. Les sérovats 13, 5, 12, 1 et 7 étaient également impliqués dans la pneumonie. Les sérovats 13, 12, 5, 6 et 7 ont été détectés lors de septicémie.

Parmi les souches isolées de pneumonie, 13,5 % étaient « non typables ». Il en est de même pour environ 12 % des souches impliquées dans une septicémie.

2.1.3. Répartition des sérovats en fonction des stades d'élevage

La répartition des sérovats de *H. parasuis* en fonction des stades d'élevage est présentée dans le tableau 3.

Quatre souches isolées des jeunes porcelets en maternité appartenait aux sérovats 4 (2/5), 5 (1/5) et 13 (1/5).

Tableau 1 - Distribution des sérovats de *H. parasuis* isolés de porcs malades de 2000 à 2005 (83 élevages)

	Sérovats								
	n	1	4	5	6	7	12	13	NT
2000-2003	68	1	39	4	-	1	5	11	7
2004-2005	22	-	12	2	1	1	-	2	4
Total	90	1	51	6	1	2	5	13	11

n : nombre de souches

NT : non typable

Tableau 2 - Distribution des sérovats de *H. parasuis* en fonction de la pathologie (83 élevages)

	Sérovats								
	n	1	4	5	6	7	12	13	NT
Pneumonie	52	1	31	2	-	1	2	8	7
Arthrite	3	-	1	1	-	-	-	1	-
Septicémie	33	-	18	2	1	1	3	4	4
Méningite	2	-	1	1	-	-	-	-	-

n : nombre de souches

NT : non typable

Tableau 3 - Distribution des sérovats de *H. parasuis* isolés de cas pathologiques en fonction des stades de l'élevage (83 élevages)

	Sérovats								
	n	1	4	5	6	7	12	13	NT
Maternité	5	-	2	1	-	-	-	1	1
Adulte	1	-	-	-	-	-	-	1	-
Post-Sevrage	25	-	15	1	1	1	2	2	3
Engraissement	59	1	34	4	-	1	3	9	7

n : nombre de souches

NT : non typable

Une cinquième souche était « non typable ». Le sérovar 13 a également été détecté chez une truie adulte.

Les porcs issus du local de post-sevrage hébergeaient majoritairement le sérovar 4 (60 % des cas). Après ce sérovar, les sérovarys 13, 12, 5, 6 et 7 étaient les plus fréquents.

Un peu plus de 57 % des souches isolées des porcs à l'engrais appartenait au sérovar 4. Les sérovarys 13, 5, 12, 1 et 7 ont également été détectés.

Environ 12 % des souches isolées des porcs issus des locaux de post-sevrage et d'engraissement étaient « non typables ».

2.1.4. Répartition des sérovarys par élevage

Plusieurs sérovarys, issus d'un même élevage, ont été détectés à partir de cas de septicémie. Ainsi, dans l'élevage 1, les sérovarys 4 et 7 ont été isolés au même moment, chez deux porcs différents. Dans l'élevage 32, les sérovarys 13 et 6 ont été mis en évidence, respectivement, en 2003 et 2004.

Dans un même élevage, un même sérovar a été détecté plusieurs fois, à partir de pathologies différentes. Ainsi, dans l'élevage 14, le sérovar 4 a été isolé à la fois d'un porc présentant une septicémie en 2000, puis d'un porc atteint de pneumonie en 2002. Dans l'élevage 44, le sérovar 4 a été isolé d'une pneumonie en 2003, puis d'une arthrite en 2005.

2.2. Distribution des sérovarys de *H. parasuis* de porcs cliniquement sains

Les résultats de la sérotypie des 97 souches isolées de porcs cliniquement sains sont décrits dans le tableau 4.

Les sérovarys 2, 3, 5, 8, 9 et 10 n'ont pas été détectés. Contrairement aux souches isolées de cas pathologiques, le sérovar 5 était absent et les sérovarys 11, 14 et 15 étaient présents. Le pourcentage de souches « non typables » était de 16,5 %.

2.2.1. Répartition des sérovarys en fonction du site de prélèvement

La souche isolée des amygdales était « non typable ». Parmi les trois souches provenant d'écouvillonnages oro-pharyngiens, deux appartenait au sérovar 4 et une au sérovar 7.

Le sérovar 4 était majoritaire au sein des isolats collectés au niveau des cavités nasales (42 %). Les sérovarys 13 et 1 étaient respectivement présents dans 11,8 % et 12,9 % des cas. Les sérovarys 14, 11, 15, 7, 6 et 12 ont été détectés dans une moindre mesure. Environ 16 % des souches isolées des cavités nasales étaient « non typables ».

2.2.2. Répartition des sérovarys en fonction des stades de l'élevage

Les porcs issus du local de post-sevrage étaient porteurs, dans l'ordre décroissant d'importance, de *H. parasuis* sérovarys 1, 4, 11, 13, 14 et 15. Une souche était « non typable ». Le sérovar 1 était plus fréquemment isolé que le sérovar 4 (40 % versus 30 %).

Parmi les souches isolées des porcs à l'engrais, trois sérovarys supplémentaires sont apparus (sérovarys 6, 7 et 12). Le sérovar 4 représentait 45,4 % des isolats, suivi des sérovarys 13, 14, 1, 7, 11, 15, 6 et 12.

Environ 20 % des souches isolées chez les porcs à l'engrais étaient « non typables ».

2.2.3. Répartition des sérovarys par élevage

La répartition, par élevage, des sérovarys de *H. parasuis* est présentée dans le tableau 5.

H. parasuis a été isolé dans les 10 élevages concernés par l'étude et le sérovar 4 a été détecté dans 9 d'entre eux. Un ou plusieurs sérovarys ont été isolés par élevage : un élevage a été concerné par un seul sérovar, cinq élevages par deux sérovarys et 4 élevages par trois sérovarys et plus.

Tableau 4 - Résultat de la sérotypie de 97 souches de *H. parasuis* isolées de porcs cliniquement sains (10 élevages)

	Sérovarys										
	n	1	4	6	7	11	12	13	14	15	NT
Nombre de souches	97	11	41	1	3	4	1	12	5	3	16
Nombre de souches par site de prélèvement :											
EN	93	11	39	1	2	4	1	12	5	3	15
EA	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
EO	3	-	2	-	1	-	-	-	-	-	-
Nombre de souches isolées de porcs en :											
Post-Sevrage	20	8	6	-	-	1	-	2	1	1	1
Engraissement	77	3	35	1	3	3	1	10	4	2	15

EN : écouvillonnage nasal
n : nombre de souches

A : écouvillonnage amygdalien
NT : non typable

EO : écouvillonnage oro-pharyngien

Tableau 5 - Distribution, par élevage, des sérovars de *H. parasuis* isolés de porcs cliniquement sains (10 élevages)

	Sérovars										
	n	1	4	6	7	11	12	13	14	15	NT
Elevage 1	12	2	4	-	-	4	1	-	-	-	1
Elevage 2	5	-	4	-	1	-	-	-	-	-	-
Elevage 3	3	-	1	-	-	-	-	2	-	-	-
Elevage 4	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
Elevage 5	4	-	-	-	-	-	-	-	1	3	-
Elevage 6	5	2	3	-	-	-	-	-	-	-	-
Elevage 7	32	5	10	1	-	-	-	8	-	-	8
Elevage 8	13	-	12	-	-	-	-	1	-	-	-
Elevage 9	9	2	1	-	1	-	-	1	-	-	4
Elevage 10	13	-	5	-	1	-	-	-	4	-	3

n : nombre de souches

NT : non typable

D'autre part, plusieurs sérovars ont été détectés chez un même porc. Cette observation a été réalisée dans cinq élevages. Dans chacun de ces cinq élevages, un, deux ou trois porcs hébergeaient deux sérovars différents.

3. DISCUSSION-CONCLUSION

Dans les conditions de notre étude, les sérovars majoritaires étaient, dans l'ordre, les sérovars 4, 13 et 5 chez les porcs malades. Ces sérovars étaient également les plus représentés en Australie, au Japon et au Danemark (Rapp-Gabrielson, 1999 ; Angen et al., 2004). Cependant, dans ces pays le sérovar le plus fréquent était le sérovar 5. Au Canada les sérovars 7 et 2 sont également fréquents (Tadjine et al., 2004 ; Tadjine et Mittal, 2004). En Espagne, le sérovar 2 est très représenté (Rubies et al., 1999), alors que dans notre étude, il n'a pas été détecté. La prévalence du sérovar 12 aux Etats-Unis est inférieure à celle du sérovar 4 et supérieure à celle du sérovar 5, alors qu'au Canada le sérovar 12 est moins fréquent que le sérovar 2 (Tadjine et al., 2004, Tadjine et Mittal, 2004). En France, le sérovar 12 n'a plus été détecté depuis 2003. Notre étude a également permis de montrer que plusieurs sérovars pouvaient être impliqués dans une septicémie, au sein d'un même élevage et qu'un même animal pouvait héberger plusieurs sérovars.

Selon Kielston et Rapp-Gabrielson (1992), l'infection expérimentale par voie intrapéritonéale de porcelets Exempts d'Organismes Pathogènes Spécifiés par les différents sérovars de *H. parasuis*, a permis de distinguer les sérovars virulents des sérovars non pathogènes. Notre étude a montré que le sérovar 7 peut être isolé de porcs atteints de pneumonie et que le sérovar 6 peut être associé à une septicémie. Or, selon Kielston et Rapp-Gabrielson (1992) ces deux sérovars étaient classés dans le groupe des souches non pathogènes. D'autre part, Rubies et al. (1999), Tadjine et Mittal (2004) et Angen et al. (2004) ont montré que les sérovars 3, 9, et 11, également placés dans le groupe des sérovars non pathogènes par Kielston et Rapp-Gabrielson

(1992), étaient pathogènes. Il en est de même pour les souches « non typables » qui peuvent, ou non, être associées à une pathologie chez l'animal. Le pouvoir pathogène pourrait donc varier au sein d'un même sérovar, ce qui a été observé chez d'autres *Pasteurellaceae*, comme *Actinobacillus pleuropneumoniae*. La détermination du sérovar chez *H. parasuis* peut donc ne pas être suffisante pour connaître le pouvoir pathogène des souches. Ceci confirme les observations de Ruiz et al. (2001) et Hill et al. (2003) qui indiquent que des recherches moléculaires doivent être entreprises afin de mieux connaître le pouvoir pathogène de *H. parasuis*.

Le test d'hémagglutination indirecte a apporté une amélioration sensible de la sérotypie, ainsi que l'indiquent Tadjine et al. (2004), Del Rio et al., (2003) et Angen et al., (2004). En effet, Tadjine et al., (2004) ont montré que, dans leur étude comparative, moins de 10 % des souches étaient « non typables » par HAI alors que l'IDG en détectait 30%. Certains auteurs suggèrent d'utiliser l'IDG en première intention (Turni et Blackall, 2005). Notre étude a montré qu'en utilisant l'HAI, le pourcentage de souches « non typables » était de 12 % dans les cas pathologiques et de 16 % chez les animaux porteurs asymptomatiques. Récemment au Canada, le pourcentage de souches « non typables » était de 14,8 % et au Danemark de 15 % (Angen et al. 2004 ; Tadjine et Mittal, 2004). L'ensemble de ces résultats suggèrent l'existence d'autres sérovars chez *H. parasuis*. Afin de caractériser les souches « non-typables » et de comparer les isolats de *H. parasuis* appartenant à un même sérovar, des méthodes moléculaires pourraient être utilisées. Ces outils pourraient également permettre de rechercher une (des) spécificité(s) génomique(s) chez les souches isolées de cas pathologiques et d'étudier l'épidémiologie de l'infection. L'amplification des séquences inter-génomiques présentes entre des séquences répétées (ERIC-PCR) (Ruiz et al., 2001) et l'amplification du gène *tbpA* associé à une restriction enzymatique à l'aide des endonucléases *TaqI*, *AvaI* et *RsaI* (PCR-RFLP) (de la Puente Redondo et al., 2003) pourraient être utiles dans ce contexte.

Pour ce qui concerne les souches de *H. parasuis* isolées chez les animaux porteurs asymptomatiques de notre étude, le sérovar 4 était le plus fréquent et les souches « non typables » atteignaient 16 % des isolats. En Amérique du nord, les souches isolées de l'appareil respiratoire supérieur de porcs cliniquement sains sont génétiquement homogènes (et différentes de celles isolées des cas pathologiques), le sérovar 3 est prédominant ainsi que les souches non typables (Oliveira et al., 2003). Le sérovar 3 n'a pas été isolé en France, où après le sérovar 4, ce sont les sérovats 13, 1, 14 et 15 qui dominent. Or les trois sérovats 13, 1 et 14 étaient classés dans le groupe « hautement virulent » par Kielston et Rapp-Gabrielson (1992). Quel est le risque encouru par les animaux qui hébergent ces sérovats sans manifestation clinique ? On peut penser que les conditions

ou les pratiques d'élevage et l'association à d'autres agents infectieux (d'origine bactérienne ou virale) pourraient favoriser l'expression du pouvoir pathogène latent de *H. parasuis*.

Ainsi, dans l'état actuel de nos connaissances, on ne peut relier totalement le sérovar de *H. parasuis* à la virulence de la souche. La recherche des facteurs de virulence de *H. parasuis* devrait donc constituer une priorité dans l'avenir.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient la Région Bretagne, le Comité Régional Porcin et les industriels de la pharmacie vétérinaire, Boehringer Ingelheim, Fort Dodge, Intervet, Pfizer et Shering-Plough, d'avoir financé l'étude.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Angen O., Svensmark B., Mittal K.R., 2004. Serological characterization of Danish *Haemophilus parasuis* isolates. *Vet. Microbiol.*, 103, 255-258.
- Biberstein E.L., White D.C., 1969. A proposal for the establishment of two new *Haemophilus* species. *J. Med. Microbiol.*, 2, 75-77.
- de la Puente Redondo V.A., Navas Mendez J., Garcia del Blanco N., Ladron Boronat N., Gutierrez Martin C.B., Rodriguez Ferri E.F., 2003. Typing of *Haemophilus parasuis* strains by PCR-RFLP analysis of the *fbpA* gene. *Vet. Microbiol.*, 92, 253-262.
- Del Rio M.L., Gutierrez C.B., Rodriguez Ferri E.F., 2003. Value of indirect hemagglutination and coagglutination tests for serotyping *Haemophilus parasuis*. *J. Clin. Microbiol.*, 41, 880-882.
- Hill C.E., Metcalf D.S., Maclnnes J.I., 2003. A search for virulence genes of *Haemophilus parasuis* using differential display RT-PCR. *Vet. Microbiol.*, 96, 189-202.
- Hjärre A., Wramby G., 1943. Über die fibrinöse SerosaGelenkentzündung beim Schwein. *Z. Infektionskr Parasitenkd Krankheit Hyg. Haustiere*, 60, 37-64.
- Kielstein P., Rapp-Gabrielson V.J., 1992. Designation of 15 serovars of *Haemophilus parasuis* based on immunodiffusion using heat-stable antigen extracts. *J. Clin. Microbiol.*, 30, 862-865.
- Lecce J.G., 1960. Porcine polyserositis with arthritis: Isolation of a fastidious pleuropneumonia-like organism and *Haemophilus influenzae* suis. *Ann. NY Acad. Sci.*, 79, 670-376.
- Moller K., Andersen L.V., Christensen G., Kilian M., 1993. Optimization of the detection of NAD dependent *Pasteurellaceae* from the respiratory tract of slaughterhouse pigs. *Vet. Microbiol.*, 36, 261-271.
- Moller K., Fussing V., Grimont P.A., Paster B.J., Dewhirst F.E., Kilian M., 1996. *Actinobacillus minor* sp. nov., *Actinobacillus porcicus* sp. nov., and *Actinobacillus indolicus* sp. nov., three new V factor-dependent species from the respiratory tract of pigs. *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 46, 951-956.
- Morozumi T., Nicolet J., 1986. Some antigenic properties of *Haemophilus parasuis* and a proposal for serological classification. *J. Clin. Microbiol.*, 23, 1022-1023.
- Oliveira S., Galina L., Pijoan C., 2001. Development of a PCR test to diagnose *Haemophilus parasuis* infections. *J. Vet. Diagn. Invest.*, 13, 495-501.
- Oliveira S., Blackall P.J., Pijoan C., 2003. Characterization of the diversity of *Haemophilus parasuis* field isolates by use of serotyping and genotyping. *Am. J. Vet. Res.*, 64, 435-442.
- Oliveira S., Pijoan C., 2004. *Haemophilus parasuis*: new trends on diagnosis, epidemiology and control. *Vet. Microbiol.*, 99, 1-12.
- Rapp-Gabrielson V.J., 1999. *Haemophilus parasuis*. In : B.E. Straw, S. D'Allaire, W.L. Mengeling and D.J. Taylor (Eds), *Diseases of swine*, 8th ed, 475-481. Iowa University Press, Iowa, USA.
- Rubies X., Kielstein P., Costa L., Riera P., Artigas C., Espuna E., 1999. Prevalence of *Haemophilus parasuis* serovars isolated in Spain from 1993 to 1997. *Vet. Microbiol.* 66, 245-248.
- Ruiz A., Oliveira S., Torremorell M., Pijoan C., 2001. Outer membrane proteins and DNA profiles in strains of *Haemophilus parasuis* recovered from systemic and respiratory sites. *J. Clin. Microbiol.*, 39, 1757-1762.
- Tadjine M., Mittal K.R., 2004. Nouveautés concernant le diagnostic des infections à *Haemophilus parasuis*. Info Gremip (<http://www.med-vet.umontreal.ca/gremip/fra/info-gremip.html>), Numéro 1.
- Tadjine M., Mittal K.R., Bourdon S., Gottschalk M., 2004. Development of a new serological test for serotyping *Haemophilus parasuis* isolates and determination of their prevalence in north America. *J. Clin. Microbiol.*, 24, 839-840.
- Turni C., Blackall P.J., 2005. Comparison of the indirect haemagglutination and gel diffusion test for serotyping *Haemophilus parasuis*. *Vet. Microbiol.*, 106, 145-151.