 Publication sous Licence Creative Commons

Evolution des performances de croissance de lot en lot dans un contexte d'exposition élevée et variable au virus du SDRP

Raphaël GAUTHIER (1), Simon BINGGELI (2), Patrick GAGNON (3), Marie-Pierre LÉTOURNEAU-MONTMINY (2)

(1) AgriTech Consulting, 1695 Rueyres-St-Laurent, Suisse
(2) Département des sciences animales, Université Laval, Québec, G1V 0A6, Canada
(3) Centre de Développement du Porc du Québec inc., Lévis, G7A 3S6, Canada

raphael.gauthier@agritechconsulting.fr

Avec la collaboration de Léonie Morin-Doré (3), Laetitia Cloutier (3) et Frédéric Fortin (3)

Evolution of growth performance from batch to batch in a context of high and variable exposure to PRRS virus

PRRS is one of the most damaging viral diseases to pig production. Its presence on a farm is accompanied by co-infections by other viruses and bacteria, heavy use of antibiotics, increased mortality, and reduced growth and reproductive performance. A data set derived from the Natural Disease Challenge Model at the Deschambault research station, and collected over 6 years from weaning to slaughter (i.e., > 5,700 piglets divided into 95 batches), was used to better understand changes in growth performance from batch to batch in a context of high and variable PRRS virus exposure. Several time series (mortality rates in nursery (TMp) and fattening (TMe); overall health score estimated from clinical signs (NSg)) were modelled with ARIMAX to characterise their change from batch to batch and effects of potentially explanatory exogenous variables. The mortality rate for all batches was 23 % (± 14 %). Feed consumption, average daily gain and the feed:gain ratio were generally lower than those of healthy populations, especially in the nursery. Correlation coefficients between observed and modelled TMp, TMe and NSg were 0.406, 0.477 and 0.630, respectively. For each batch (k), TMp and TMe were positively correlated with those for batches k-1 and k-2. Feed intake decreased significantly ($P < 0.001$) as TMp increased. TMp increased significantly ($P = 0.001$), and lean slaughter yield decreased significantly ($P < 0.05$), as TMe increased. The average daily gain, presence of other pathogens during fattening, temperature, and the proportion of medicated feed were not significant for any models. These analyses improve understanding of how the PRRS virus influences performance.

INTRODUCTION

Le Syndrome Dysgénésique et Respiratoire du Porc (SDRP) est une maladie d'origine virale parmi les plus pénalisantes pour la production porcine. Sa présence en élevage s'accompagne généralement de co-infections par d'autres virus et bactéries, d'utilisation importante d'antibiotiques, d'une mortalité accrue et de performances moindres. Afin d'étudier les effets de cette maladie sur les porcs en croissance, un modèle de challenge naturel (*Natural Disease Challenge Model*, NDCM) proche des conditions d'élevage commercial a été développé en 2015 par des chercheurs de l'Université d'Alberta et de l'Université de la Saskatchewan en collaboration avec PigGen Canada et le Centre de développement du porc du Québec (CDPQ). Ce modèle imite la pression de maladies causées par de nombreux agents pathogènes couramment retrouvés sur le terrain, tel que le virus du SDRP, pour ensuite permettre la sélection génétique d'animaux plus résilients. Le NDCM a permis de collecter un nombre important de données diversifiées mais celles-ci n'ont jusqu'à présent pas été exploitées dans leur entièreté.
L'objectif de cette étude est donc d'étudier la dégradation des performances en post-sevrage (PS) et en engraissement dans des conditions variables de pression exercée par le virus du SDRP sur plusieurs années.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Le modèle de challenge naturel

Les divers projets impliquant le NDCM ont été approuvés par le comité de protection des animaux du Centre de Recherche en Sciences Animales de Deschambault. Le fonctionnement du NDCM s'insère dans le cadre d'une conduite d'élevage dans laquelle aucun vide sanitaire complet n'est effectué entre deux lots en salles de PS. Les porcelets d'un lot indemne de SDRP, et âgés d'environ 20 jours au moment du sevrage, sont d'abord isolés des porcs des autres lots pendant 19 jours en quarantaine. Ils sont ensuite déplacés dans la salle de PS où se trouvent des porcs excréteurs de SDRP issus du lot précédent. Les porcs nouvellement arrivés sont ainsi contaminés et transmettront à leur tour le SDRP au lot suivant 21 jours plus tard. Après 28 jours en PS, les animaux d'un même lot sont tous transférés dans la salle d'engraissement jusqu'à l'abattage.

1.2. Constitution de la base de données

De novembre 2015 à décembre 2021, 95 lots de porcs ont été élevés dans un environnement contaminé par le SDRP, soit 5747 porcs dont 5530 mâles castrés et 217 femelles. Des données environnementales, vétérinaires, de performance, et de carcasse ont été enregistrées pour chacun des lots et compilées en une base de données unique (Python 3.11). Les températures et humidités extérieures pour chacun des lots ont été relevées en utilisant les données de stations météorologiques proches de la station de Deschambault. Les températures minimales, moyennes et maximales de chaque salle, PS et engraissement, ont aussi été relevées. Des notes de santé globale à l'échelle de l'animal (NSg) allant de 1 (euthanasie requise) à 5 (parfaite santé) ont été établies visuellement chaque semaine. La proportion d'aliment médicamenteux distribuée en PS a été mesurée. Des tests PCR et ELISA ont été pratiqués en engraissement pour connaitre respectivement l'exposition des lots au *Mycoplasma Hyopneumoniae* et au virus de l'Influenza. Concernant la croissance, les gains moyens quotidiens (GMQ) de chaque lot et l'indice de consommation (IC) ont été calculés par salle à partir des pesées réalisées. Les consommations alimentaires moyennes de chaque lot sont également connues par salle. Les données d'abattage (poids de carcasse, épaisseur de lard dorsal (ELD) et rendement maigre) ont été recueillies. D'autres variables permettant possiblement d'expliquer l'intensité du challenge ont également été générées, telles que les taux de mortalité en PS (TMp) et en engraissement (TMe) à partir des effectifs animaux en début et fin de chaque période étudiée.

1.3. Analyses statistiques

Des statistiques descriptives (moyennes et écarts-type) ont d'abord été établies en PS et en engraissement. Les variables TMp, TMe et NSg ont ensuite été modélisées avec le modèle ARIMAX (statsmodels 0.13.5, Seabold et Perktold, 2010). Ce modèle présente l'avantage d'étudier à la fois l'autocorrélation AR(*p)* d'une variable, sa tendance I(*d)*, sa moyenne mobile MA(*q)*, et l'effet de covariables (X) explicatives. L'erreur de modélisation est notée ϵ. Pour chacune des trois variables à modéliser, la combinaison de paramètres permettant d'obtenir le modèle le plus parcimonieux au regard des critères d'information d'Akaike (AIC) et bayésien (BIC), et l'erreur de modélisation la plus faible au regard du coefficient de corrélation (r^2), des erreurs moyennes absolue et quadratique, a été sélectionné pour la suite des analyses.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Performances moyennes observées

Le TMp s'élève à 10,6 % (± 9,63) et la NSg en PS à 4,6 (± 0,28). Les animaux consomment en moyenne 545 g/j (± 134) pour un GMQ de 313 g/j (± 94) et un IC de 1,79 (± 0,302). Les lots sont engraissés pendant 101,5 jours. Le TMe s'élève à 14,3 % (± 9,29) et la NSg en engraissement à 4,6 (± 0,22). Les animaux consomment en moyenne 2 363 g/j (± 272) pour un GMQ de 877 g/j (± 57,1) et un IC de 2,69 (± 0,247). Le poids de carcasse, l'ELD et le rendement maigre à l'abattage sont respectivement de 95,7 kg (± 5,41), 16,1 mm (± 3,19) et 61,1 % (± 0,87). Ces performances, intégrant les mortalités en cours d'élevage, présentent une forte variabilité. Bien que nous ne disposions pas de groupe contrôle, nous considérons à titre de comparaison que les consommations alimentaires en PS et en engraissement sont respectivement inférieures d'environ 200 et 350 g par rapport à des consommations attendues (NRC, 2012) en conditions saines. Les GMQ en PS et engraissement sont quant à eux respectivement inférieurs d'environ 200 et 130 g par rapport à des GMQ attendus en conditions saines.

2.2. Modèles des taux de mortalité et de la note de santé

En PS, le r^2 du modèle ARIMAX s'élève à 0,406 indiquant que le modèle décrit avec succès le TMp, sans en expliquer pour autant toutes les variations, notamment les plus extrêmes. Ainsi, ϵ est significative ($P < 0,001$), tout comme la consommation alimentaire ($P < 0,001$) et les paramètres MA(*1*) ($P < 0,01$) et MA(*4*) ($P < 0,05$). En détail, la consommation alimentaire diminue significativement avec l'augmentation du TMp et donc avec l'intensité du challenge en PS.

En engraissement, le r^2 du modèle ARIMAX s'élève à 0,477 suggérant que l'évolution du taux de mortalité est un peu plus facile à décrire qu'en PS. Ainsi, ϵ est très significatif ($P < 0,001$), tout comme le TMp ($P = 0,001$), et le rendement maigre ($P < 0,05$). En détail, le rendement maigre diminue significativement et le TMp augmente significativement avec l'augmentation du TMe et donc avec l'intensité du challenge en engraissement. Le GMQ, la proportion d'aliments médicamenteux en PS, la présence d'autres pathogènes pendant l'engraissement et la température n'étaient pas significatifs pour ces modèles.

Le r^2 du modèle ARIMAX de la NSg s'élève à 0,63 ce qui indique que le modèle s'ajuste efficacement aux données à modéliser. Le paramètre le plus significatif est ϵ ($P < 0,001$), avec une tendance observée pour les paramètres AR(*1*) ($P = 0,058$) et AR(*4*) ($P = 0,064$) ; ceci signifie que la NSg d'un lot pourrait être déterminée à partir des NSg des deux lots précédents.

CONCLUSION

Cette étude permet de comprendre l'évolution des performances en présence du virus du SDRP. La modélisation des taux de mortalité et de la note de santé a permis de mettre en avant de fortes dépendances temporelles, signes d'une transmission de la contamination de lot en lot. En PS, le taux de mortalité par lot s'explique également par la consommation alimentaire. En engraissement, la mortalité en PS et le rendement maigre sont des facteurs majeurs d'explication du taux de mortalité et une tendance est observée pour la consommation. Les notes de santé, reliées aux signes cliniques du SDRP, nous renseigneraient quant à elles sur l'évolution de la virulence du virus. De prochains travaux essayeront de déterminer si cette évolution provient des différentes souches rencontrées ou de l'évolution de la charge virale.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Seabold S., Perktold J., 2010. Statsmodels: Econometric and statistical modeling with python. 9th Python in Science Conference.
- NRC, 2012. Nutrient requirements of swine. National Academies Press, Washington, D.C, 11th rev, 400 p.