

Identification de biomarqueurs de contamination des camions de transport de porcs

Mireille LE DIMNA (1), Isabelle CORRÉGÉ (2), Romain RICHARD (2), Charlie CADOR (3),
Yannick BLANCHARD (4), Olivier BOURRY (1)

(1) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Virologie Immunologie Porcines, Zoopôle, BP 53, 22440
Ploufragan, France

(2) IFIP, boulevard du Trieux, 35740 Pacé, France

(3) Cooperl Innovation SAS, 1 rue de la gare, 22640 Plestan, France

(4) Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Génétique Virale et Biosécurité, Zoopôle, BP 53, 22440 Ploufragan,
France

olivier.bourry@anses.fr

Identification of contamination biomarkers in pig transport lorries

Transporting pigs is a major risk for the introduction or spread of diseases such as African Swine Fever in France. In terms of food safety, animal transport is also likely to influence the transmission of food-borne zoonotic agents such as the hepatitis E virus or *Salmonella*. The aim of this study was to identify bacterial and viral biomarkers of contamination in pig transport lorries. The decrease in or disappearance of these biomarkers would verify the effectiveness of lorry cleaning and disinfection (C/D). First, swab samples were taken from the loading ramps of 100 lorries in two slaughterhouses before C/D. The samples were analysed by Next Generation Sequencing (NGS) to identify the bacterial and viral agents present. PCRs were performed to confirm the NGS results and those from the literature. New samples were taken from eight lorries before and after C/D to assess the relevance of the biomarkers identified. The NGS results revealed that bacteria were detected the most, while viral agents were detected rarely. According to the PCR, however, the genomes of circovirus, porcine adenovirus (PAdV) and teschovirus were detected in 100% of the samples, as were 4 bacterial agents (*Clostridium*, *Escherichia coli*, *Lawsonia intracellularis* and *Mycoplasma*). In a second series of analyses, PAdV, *Lawsonia intracellularis*, *Mycoplasma*, *Clostridium* and *E. coli* were always detected before C/D and in 30-95% of samples after C/D, making these pathogens potential biomarkers for validating the C/D of lorries after transporting pigs.

INTRODUCTION

Les transports de porcs représentent un risque important d'introduction ou de propagation de maladies telles que la Peste Porcine Africaine sur notre territoire (Cheng et Ward, 2022). En termes de sécurité sanitaire, le transport d'animaux est susceptible de jouer également un rôle dans la transmission d'agents zoonotiques alimentaires tels que le virus de l'hépatite E ou les salmonelles. L'objectif de cette étude est d'identifier des biomarqueurs bactériens et viraux de contamination des camions de transport de porcs omniprésents. La diminution ou la disparition de ces biomarqueurs pourrait permettre de vérifier l'efficacité du nettoyage et de la désinfection (N/D) des camions.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Prélèvement et préparation des échantillons

Dans un premier temps, une cartographie des agents viraux et bactériens présents dans tous les camions avant nettoyage a été réalisée. Des chiffonnettes (Sodibox®) ont été utilisées pour effectuer des prélèvements sur la rampe de déchargement de 100 camions dans deux abattoirs avant N/D. Dans un second

temps, afin de vérifier l'abattement (lié au N/D) des agents microbiens identifiés lors de la première phase, trois zones de huit camions ont été prélevées à l'aide des mêmes chiffonnettes : la rampe de déchargement, le sol et une cloison de séparation, ceci avant et après N/D. Les chiffonnettes ont été transférées au laboratoire dans les meilleurs délais, à 4 °C pendant le transport. Au laboratoire, 10 ml de PBS (Sigma-Aldrich) ont été ajoutés dans chaque sac. La chiffonnette a été malaxée manuellement et un volume de 7-9 ml de surnageant a été récupéré dans un tube.

1.2. Analyses mises en œuvre

Une extraction d'acides nucléiques a été réalisée sur l'ensemble des 100 échantillons avec le kit NucleoMag® VET (Macherey Nagel), les ADN et ARN dosés, et des pools équimolaires de 10 échantillons ont été constitués pour la première série de prélèvement. Le séquençage NGS (IonProton - lifeTechnologies) a été réalisé sur les 10 pools de prélèvement en ADN et en ARN afin d'identifier des bactéries et des virus à tropisme respiratoire et digestif. A partir des résultats de NGS et de la bibliographie, des tests PCR sur les 10 pools de surnageant de chiffonnettes ont été réalisés pour vérifier la présence de génome des virus et bactéries. Les tests PCR utilisés ont été