

SEMAINE

DE LA RECHERCHE



18 - 21 mars 2024

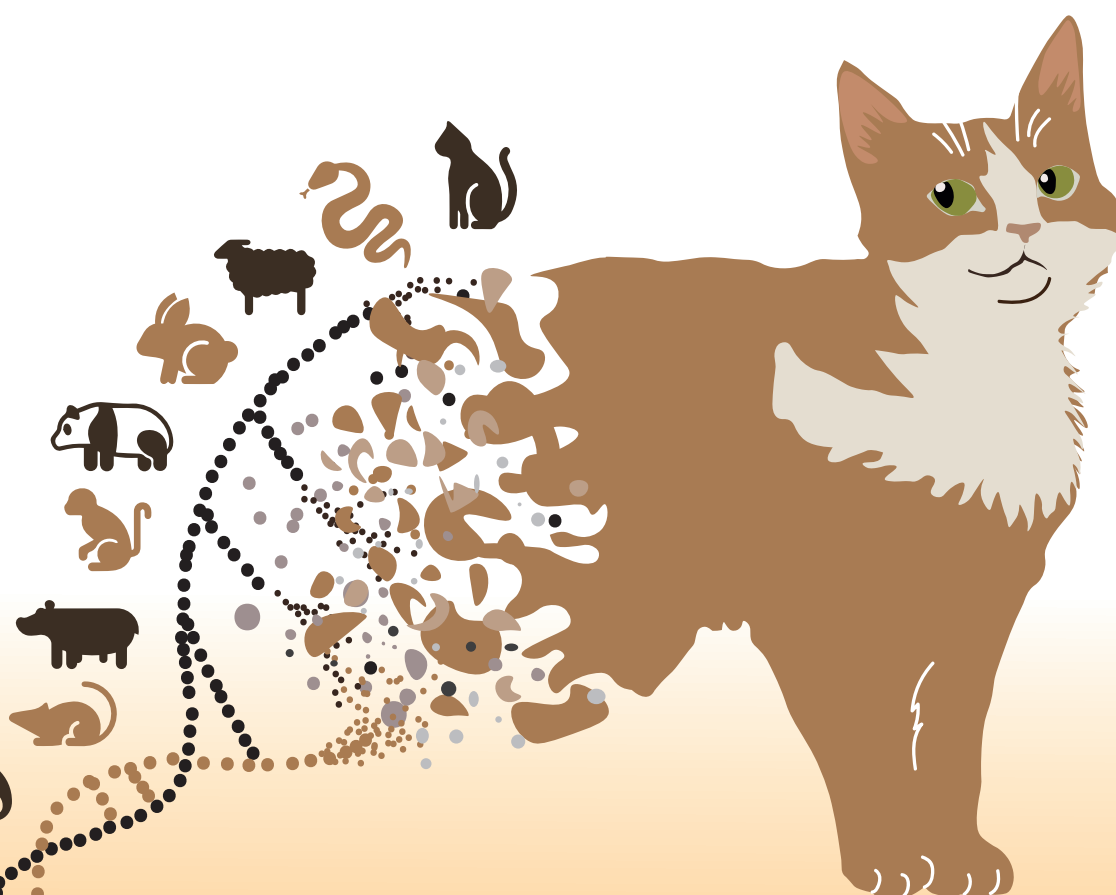
La bio-informatique et l'IA au service de la médecine vétérinaire



Dre Lucy WEINERT
Professeure agrégée
Université de Cambridge



Dr Hugo GAGNON
Chef de la direction scientifique
Allumiqs



18 mars AM - Table ronde
Le libre-accès aux données de recherche

18 mars PM - Atelier de formation
Introduction des bases de R et R Studio

20 mars PM - Atelier de formation
*Introduction à l'IA en recherche
humaine et vétérinaire
et enjeux EDI dans
une science appuyée par l'IA*

21 mars - Présentations
*Communications orales et affiches,
gala et remise de prix*



Table des matières

Partenaires	2
Comité organisateur de la Semaine de la recherche	7
Jurys d'évaluation.....	7
Horaire de la journée du jeudi 21 mars 2024 – bimodal (local 1134 ou en virtuel)	8
Conférenciers invités.....	10
Présentations orales.....	11
Communications par affiches (Salle communautaire et verrière)	31

Partenaires PLATINE

CENTRE D'EXPERTISE ET DE
RECHERCHE CLINIQUE EN
SANTÉ ET BIEN-ÊTRE ANIMAL



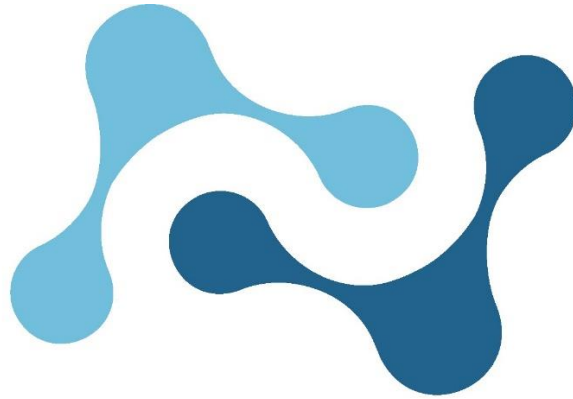
CERCL

Université 
de Montréal

Vice-rectorat à la recherche,
à la découverte, à la création
et à l'innovation

Université 
de Montréal

Partenaires OR



Cité de l'innovation agroalimentaire



FONDS D'INVESTISSEMENT
DES CYCLES SUPÉRIEURS
DE L'UNIVERSITÉ DE MONTRÉAL

Partenaires OR (suite)

Vice-rectorat aux affaires
étudiantes et aux études

Université 
de Montréal

Partenaires ARGENT



Partenaires ARGENT (suite)



Partenaires BRONZE



Comité organisateur de la Semaine de la recherche

Membres :

M. Younès Chorfi, Vice-doyen à la recherche et aux études supérieures (président)
Mme Julie Blouin, Vice-décanat à la recherche et aux études supérieures
M. Francis Beaudry, Professeur titulaire, Département de biomédecine vétérinaire
Mme Véronique Charreton-Sanford, Étudiante à la maîtrise
Mme Aliénor Delsart, Étudiante au doctorat
Mme Daryna Kurban, Étudiante au doctorat
M. Bertrand Lussier, Professeur titulaire, Département de sciences cliniques
M. Olivier Mannella, Responsable de la formation continue
Mme Caroline Ménard, Vice-décanat à la recherche et aux études supérieures
Mme Marie-Pascale Morin, Étudiante au doctorat
Mme Servane Payen, Étudiante au doctorat
Mme Marie-Jeanne Pesant, Étudiante au doctorat
Mme Vitoria Régia Lima Campêlo, Étudiante au doctorat
Mme Lama Santbay, Étudiante au doctorat
M. Alexandre Thibodeau, Professeur sous octroi agrégé, Département de pathologie et microbiologie

Jurys d'évaluation

Communications orales :

Mme Maud de Lagarde, Professeure adjointe, Département de pathologie et microbiologie
Mme Claire Grosset, Professeure adjointe, Département de sciences cliniques
M. Kalidou Ndiaye, Professeur agrégé, Département de biomédecine vétérinaire

Communications par affiche :

M. Sébastien Buczinski, Professeur titulaire, Département de sciences cliniques
M. Anthony Estienne, Professeur adjoint, Département de biomédecine vétérinaire
Mme Aida Minguez Menendez, Conseillère en communication, Regroupement Op+lait
M. François Meurens, Professeur agrégé, Département de pathologie et microbiologie
M. Thomas Parmentier, Professeur adjoint, Département de sciences cliniques
M. Gustavo Zamberlam, Professeur agrégé, Département de biomédecine vétérinaire

UNIVERSITÉ DE MONTRÉAL
Faculté de médecine vétérinaire
Semaine de la recherche du 18 au 21 mars 2024

Horaire de la journée du jeudi 21 mars 2024 – bimodal (local 1134 ou en virtuel)

- 08 h 00** Mot de bienvenue de **Dr Younès Chorfi**, vice-doyen à la recherche et aux études supérieures
- 08 h 15** Mot de **Dr Yves Joannette**, vice-recteur adjoint, recherche, découverte, création et innovation et directeur du *Consortium Santé Numérique* (virtuel)
- 08 h 30** **CONFÉRENCIÈRE INVITÉE** - **Dre Lucy Weinert** : « *Emergence of a zoonotic pathogen from the microbiota of pigs* »
- 09 h 30** **Pause**
- ▼ —————
09 h 45 **Modération** : **Laureline Charrier**, étudiante au doctorat et **Julie Brind'Amour**, professeure adjointe
Évaluation de la mise en œuvre des recommandations de biosécurité dans les fermes laitières canadiennes : une étude de cohorte rétrospective, **Vitória Régia Lima Campêlo**, étudiante au doctorat
- 10 h 00** **Empaquetage préférentiel des vésicules extracellulaires chez *Leishmania infantum* dans le contexte de la résistance à l'antimoine**, **Audrey Corbeil**, étudiante au doctorat
- 10 h 15** **Utilisation des algorithmes d'apprentissage de règles d'association pour cibler les recommandations avec le plus de chance d'adoption par les producteurs laitiers**, **Faustin Farison**, étudiant au doctorat
- 10 h 30** **Revealing Genomic Diversity and Antimicrobial Resistance Profiles in *Streptococcus dysgalactiae* subspecies *equisimilis* Strains Causing Swine Diseases**, **Fengyang Hsu**, étudiant au doctorat
- 10 h 45** **Pause**
- ▼ —————
11 h 00 **Modération** : **Servane Payen**, étudiante au doctorat et **Mariela Segura**, professeure titulaire
L'asthme équin sévère est associé à une augmentation de l'innervation péribronchique, **Laurence Leduc**, étudiante au doctorat
- 11 h 15** **Caractérisation de la prévalence et du profil de résistance antimicrobienne de *Salmonella* dans les troupeaux ovins du Québec**, **Schlasiva Cenatus**, étudiante au doctorat
- 11 h 30** **Analyse de la présence et de la diversité des salmonelles dans la filière de poulets de chair au Québec**, **Manel Merad**, étudiante au doctorat
- 11 h 45** **Estimation bayésienne de la performance diagnostique des tests ELISA d'anticorps et qPCR pour détecter les vaches infectées par *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) dans les troupeaux laitiers canadiens avec un historique d'infection à MAP**, **William Lelorel Nankam Nguekap**, étudiant au doctorat

12 h 00 [Performance diagnostique de l'ELISA dans le lait et d'un qPCR dans le sang pour identifier les vaches laitières infectées par le virus de la leucose bovine à l'aide d'un modèle bayésien de classes latentes](#), **Karol Gilberto Solano Suarez**, étudiant au doctorat

12 h 15 *Période de questions pour les affiches et lunch*

▼ **Modération** : **Vitoria R. Lima Campêlo**, étudiante au doctorat et **Guillaume St-Jean**, prof. adjoint

13 h 15 [Substituts cornéens biosynthétiques : une étude pilote chez le lapin \(évaluation de la guérison cornéenne à 3 et 10 semaines post opératoires\)](#), **Iris Timmerman**, étudiante à la maîtrise

13 h 30 [Caractérisation de l'activité antibactérienne de l'oxytétracycline et de certains de ses métabolites chez *Escherichia coli* pathogènes aviaires \(APEC\)](#), **Wassel Zekri**, étudiant à la maîtrise

13 h 45 [Validation d'un simulateur hémostatique d'ovario-hystérectomie canine](#), **Rebecca Guenette**, étudiante au D.M.V. - M. Sc.

14 h 00 [Exploring *Leishmania* metabolism to outsmart drug resistance](#), **Ana Victoria Ibarra-Meneses**, postdoctorante

14 h 15 [Low doses of DON trigger apoptosis and alter GnRH stimulation of gonadotrope cells](#), **Lingchen Yang**, visiteur de recherche

14 h 30 *Mon projet en 60 secondes*

▼ **Modération** : **Aliénor Delsart**, étudiante au doctorat et **Daryna Kurban**, étudiante au doctorat

- [Resensibilisation de pathogènes résistants aux antimicrobiens par l'utilisation de vésicules extracellulaires modifiées génétiquement](#), **Francesca Theoret**, étudiante à la maîtrise
- [Étude de la contamination de la filière avicole du Québec par les gènes de résistance aux antibiotiques, de la ferme à l'abattoir](#), **Abderrahmane Dahmani**, étudiant au doctorat
- [Validation des tests sensoriels quantitatifs visant à établir le profil de sensibilisation dans un modèle chirurgical de douleur chronique arthrosique chez le rat](#), **Marilyn Frezier**, étudiante au doctorat
- [Analyse des interactions moléculaires virus-hôte par protéomique comparative : le PEDV, un pathogène majeur dans l'industrie porcine](#), **Mehdi Maury Laouedj**, étudiant au doctorat
- [Spider-cochon VS V\(enom\)SRRP - Éclaircir des effets antiviraux pour mieux combattre le pathogène porcin](#), **Marie-Jeanne Pesant**, étudiante au doctorat
- [Resensibilisation de *Leishmania infantum* à la miltéfosine à travers l'utilisation de vésicules extracellulaires modifiées génétiquement](#), **Max Adria Verdeny**, étudiant à la maîtrise

14 h 45 *Pause et vote en ligne des participants*

15 h 00 **CONFÉRENCIER INVITÉ** - **Dr Hugo Gagnon** : « *Navigating Vet Health Data: AI & ML Insights from LC-MS/MS Multiomics Analysis* »

16 h 00 *Pause*

16 h 15 **Gala et remise des prix**

17 h 15 *Fin*

Conférenciers invités

Dr Hugo Gagnon, Allumiqs



Hugo est devenu Chef de la direction scientifique lors de la création d'Allumiqs au début de l'année 2022. Auparavant, il a été PDG et cofondateur de PhenoSwitch Bioscience, qui a été rachetée par Proteoform Scientific pour créer Allumiqs.

Au cours de son doctorat, Hugo a utilisé la spectrométrie de masse dans le cadre de différentes collaborations et de services de base pour répondre à des questions biologiques. Il a rapidement appris que l'accès à la spectrométrie de masse était loin d'être simple et nécessitait un investissement considérable en ressources pour obtenir les résultats souhaités. C'est ainsi que PhenoSwitch Bioscience a été fondée, avec une équipe d'experts scientifiques, pour répondre à ce besoin spécifique. Hugo a étudié à l'Université de Sherbrooke, où il a obtenu un baccalauréat en biochimie, une maîtrise en pharmacologie et un doctorat en biochimie en cotutelle avec l'université de Lille (France).

Hugo a été la force motrice de l'offre de services LC-MS/MS innovants et de la réputation de haute qualité que l'entreprise a acquise dans les secteurs de la biotechnologie, des sciences omiques et de la spectrométrie de masse.

Sa conférence s'intitule : « ***Navigating Vet Health Data: AI & ML Insights from LC-MS/MS Multiomics Analysis*** ».

Dre Lucy Weinert, University of Cambridge



Lucy a suivi une formation de « *evolutionary biologist* » et a obtenu son doctorat sur l'endosymbiose des arthropodes à l'Université d'Édimbourg en 2009. Elle a ensuite travaillé comme chercheuse postdoctorale spécialisée dans les analyses phylodynamiques des données de séquençage du génome du VIH, du virus *Varicella zoster*, de *Yersinia pestis* et de *Staphylococcus aureus* à Édimbourg, Londres, Cambridge et Montpellier, en France.

Elle a obtenu deux bourses de la Royal Society et du Wellcome Trust pour démarrer son groupe de recherche au Department of Veterinary Medicine, University of Cambridge en 2015. Elle est actuellement professeure agrégée et dirige un groupe de recherche sur l'émergence de la pathogénicité et de la résistance aux antimicrobiens chez les bactéries zoonotiques.

Sa conférence s'intitule : « ***Emergence of a zoonotic pathogen from the microbiota of pigs*** ».

Présentations orales

Évaluation de la mise en œuvre des recommandations de biosécurité dans les fermes laitières canadiennes : une étude de cohorte rétrospective

Auteurs : **Vitória Régia Lima Campêlo**¹, Marie-Pascale Morin¹, Faustin Farison¹, William Lelorel Nankam Nguekap¹, Karol Gilberto Solano Suarez¹, Herman W. Barkema², Waseem Shaukat², David L. Renaud³, Dave Kelton³, Marianne Villettaz-Robichaud⁴, Gilles Fecteau⁴, Jean-Philippe Roy⁴, Juan Carlos Arango Sabogal¹, Marie-Ève Paradis^{5,6}, Nancy Beauregard⁷, Manon Racicot^{1, 8}, Cécile Aenishaenslin¹, et Simon Dufour¹

- (1) Département de Pathologie et Microbiologie, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, QC, Canada
- (2) Faculty of Veterinary Medicine and Cumming School of Medicine, University of Calgary, Calgary, AB, Canada
- (3) Department of Population Medicine, Ontario Veterinary College, University of Guelph, Guelph, ON, Canada
- (4) Département de Sciences Cliniques, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, QC, Canada
- (5) Association des médecins vétérinaires praticiens du Québec, AMVPQ, Saint-Hyacinthe, QC, Canada;
- (6) DS@HR inc. Saint-Hyacinthe, QC, Canada.
- (7) École de Relations Industrielles, Université de Montréal
- (8) Agence Canadienne d'Inspection des Aliments (ACIA), Gouvernement du Canada, St-Hyacinthe, QC, Canada

ProAction® est un programme d'accréditation obligatoire conçu pour garantir la qualité du lait dans les fermes laitières canadiennes. Les producteurs collaborent avec les vétérinaires afin d'évaluer la biosécurité et d'élaborer des plans d'action comprenant entre une et cinq recommandations. Notre étude vise à évaluer la conformité des producteurs à ces recommandations et à identifier les facteurs qui influent sur leur adoption.

Une étude de cohorte rétrospective est en cours, englobant 325 troupeaux laitiers du Québec, de l'Ontario et de l'Alberta. Les recommandations reçues dans le cadre de ProAction® ont été recueillies, et un questionnaire couvrant les variables démographiques et la conformité à ces recommandations a été administré en personne. La collecte des données a débuté en avril 2022, et à ce jour, les informations de 104 fermes du Québec ont été analysées.

Les producteurs ont reçu un total de 270 recommandations, variant de 1 à 5 par ferme (médiane : 3). Les résultats préliminaires indiquent un taux d'adoption autodéclaré élevé de 66% des recommandations, sans différences significatives en fonction du niveau d'éducation, du genre, de l'expérience ou du type de stabulation. Cependant, les producteurs qui n'ont pas adopté les recommandations ont signalé des obstacles tels que des défis liés à la gestion des visiteurs, la perception de l'impraticabilité des recommandations et le manque de structures adaptées sur la ferme.

Des analyses approfondies du jeu de données complet permettront d'obtenir une compréhension plus approfondie, permettant aux décideurs et aux parties prenantes d'affiner les programmes obligatoires visant à améliorer la biosécurité.

Empaquetage préférentiel des vésicules extracellulaires chez *Leishmania infantum* dans le contexte de la résistance à l'antimoine

Auteurs : **Audrey Corbeil**^{1,2}, Atia Amin³, Ana Victoria Ibarra-Meneses^{1,2}, George Dong⁴, Claudia Duquette^{1,2}, Javier Moreno⁵, Philippe Leprohon⁶, Marc Ouellette⁶, David Langlais³, Martin Olivier⁴, Christopher Fernandez-Prada^{1,2}

- (1) Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Canada.
- (2) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Canada
- (3) Department of Human Genetics, McGill University Genome Centre, Canada.
- (4) IDIGH, The Research Institute of the McGill University Health Centre, Canada.
- (5) Department of Bacteriology, Mycology and Parasitology, Instituto de Salud Carlos III, Spain.
- (6) Département de microbiologie-infectiologie et d'immunologie, Centre de recherche du CHU de Québec, Québec, Canada.

La leishmaniose viscérale est une maladie zoonotique causée par le parasite *Leishmania infantum*. Les chiens constituent le principal réservoir de transmission à l'homme, contribuant à l'émergence et à la propagation de souches résistantes à l'antimoine. Depuis les dernières années, les vésicules extracellulaires (VEs) ont suscité de l'intérêt par leurs compositions variées; acides nucléiques, protéines, lipides, facteurs de virulence et facteurs de la transcription. Ces vésicules jouent un rôle clé dans la communication intercellulaire, possèdent des propriétés immunomodulatrices et sont impliquées dans le transfert horizontal de gènes.

Cependant, aucune information n'est disponible concernant l'empaquetage différentiel/préférentiel du contenu vésiculaire en fonction du profil de résistance à l'antimoine des isolats. Ce projet se concentre sur la découverte et la caractérisation des acides nucléiques et des protéines contenus dans les VEs de *Leishmania*. Pour ce faire, 10 isolats canins ont fait l'objet d'une caractérisation phénotypique, suivie d'une approche multi-omiques *génomique-transcriptomique-protéomique* du contenu des parasites et de leurs VEs afin d'établir une comparaison entre les souches sensibles et résistantes à l'antimoine. Le séquençage de l'ADN et de l'ARN a été réalisé par Illumina, alors que la protéomique a été effectuée par LC-MS/MS.

La caractérisation phénotypique a permis de séparer les isolats sur la base de leurs profils de résistance à l'antimoine. Les analyses -omiques ont démontré un enrichissement différentiel associé aux voies de résistance dans les parasites, ce qui s'est reflété dans leurs VEs respectives. Ce projet permettra de mieux comprendre l'empaquetage, la composition et les fonctions des VEs libérées par les parasites de *Leishmania*.

Utilisation des algorithmes d'apprentissage de règles d'association pour cibler les recommandations avec le plus de chance d'adoption par les producteurs laitiers

Auteurs : **Faustin Farison**^{1,2}, Vitoria Régia Lima Campêlo^{1,2}, Marie-Ève Paradis^{4,5}, Sébastien Buczinski³, Gilles Fecteau^{2,3}, Jean-Philippe Roy^{2,3}, Pablo Valdes-Donoso^{2,3,6}, Simon Dufour^{1,2}, Juan Carlos Arango-Sabogal^{1,2}

- (1) Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada
- (2) Chaire de recherche de biosécurité en production laitière, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada
- (3) Département de sciences cliniques, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada
- (4) Association des médecins vétérinaires praticiens du Québec (AMVPQ), Saint-Hyacinthe, Québec, Canada
- (5) DSAHR Inc., Saint-Hyacinthe, Québec, Canada
- (6) Plateforme IA-Agrosanté (PIAAS), Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada

La biosécurité est une priorité de l'industrie laitière canadienne. L'information concernant l'application des pratiques de biosécurité (PB) peut être collectée grâce à des questionnaires d'évaluation du risque (QER) comme celui de l'initiative proAction des Producteurs Laitier du Canada. Les algorithmes d'apprentissage de règles d'association (ARA) sont utilisés en marketing pour caractériser les habitudes d'achat des consommateurs et pourraient aider les vétérinaires à cibler des PB qui seraient les plus susceptibles d'être adoptées par les producteurs.

Notre objectif était d'explorer l'usage des ARA pour décrire l'information collectée dans les QER complétés par 3825 producteurs laitiers québécois entre 2018-2021 et, basé sur leurs réponses, prédire les PB les plus susceptibles d'être mises en place.

L'algorithme Apriori nous permet d'obtenir environ 22 millions de règles d'association (combinaison de PB fréquemment appliquées ensemble). Elle associe un ensemble de pratiques X (antécédent) à un ensemble Y (conséquent). Nous avons sélectionné les 63 meilleures règles sur la base de leur fréquence (support), la force de l'association entre X et Y (lift) et la probabilité conditionnelle d'adopter Y étant donné que X est déjà mise en place (confiance). Ces règles prédisaient l'adoption de 13 PB avec une confiance supérieure à 70%.

Les ARA sont une technique qui s'avère utile pour l'analyse des données des QER. Cette technique permet d'identifier les PB les plus susceptibles d'être mises en place par un producteur donné. Cette approche permet donc aux vétérinaires de fournir des recommandations personnalisées pouvant améliorer l'adhésion des producteurs aux programmes de prévention et de contrôle des maladies.

**Revealing Genomic Diversity and Antimicrobial Resistance Profiles in
Streptococcus dysgalactiae subspecies *equisimilis* Strains Causing Swine Diseases**

Auteurs: **Fengyang Hsu**¹, Kayleigh Gauvin¹, Kevin Li¹, Julie-Hélène Fairbrother², Jared Simpson³,
Marcelo Gottschalk¹; Nahuel Fittipaldi¹

- (1) Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, Québec, Canada
- (2) Laboratoire de santé animale. Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, St-Hyacinthe, Quebec, Canada
- (3) Ontario Institute for Cancer Research, Toronto, Ontario, Canada

Streptococcus dysgalactiae subspecies *equisimilis* (SDSE) is an emerging pathogen affecting humans and animals. Notably, there has been a recent increase in SDSE infections in pigs, marked by clinical signs such as lameness, neurological manifestations, and sudden mortality. However, the characteristics of SDSE strains associated with swine disease remain poorly understood. To increase knowledge on this neglected swine pathogen, we conducted genome sequencing of 41 SDSE strains isolated from diseased pigs in Quebec between 2021 and 2022. For comparative analysis, we incorporated 7 genomes that capture the range of genetic diversity observed in human SDSE organisms, along with an additional 7 swine genomes sourced from public repositories. Multilocus sequence typing (MLST) and core-genome phylogenetic analysis revealed that swine SDSE strains are not closely related to human strains. The porcine SDSE population was divided into two main genetic clades, showcasing a relatively high level of genetic diversity within each clade, including variations in the presence of key virulence determinants. Subsequently, we interrogated the genomes for the presence of antimicrobial resistance (AMR) genes using the Comprehensive Antibiotic Resistance Database. Our findings indicated high resistance rates to several antibiotics, including tetracyclines (80.5%), lincosamides (70.7%), streptogramin (70.7%), aminoglycosides (68.3%), and pleuromutilin (61.0%). We identified 12 distinct resistance patterns, with 70.7% of the strains demonstrating multidrug resistance. Our results suggest that swine SDSE may serve as a reservoir of AMR, posing potential transmission risks between humans and production animals.

Keywords: *Streptococcus dysgalactiae* subspecies *equisimilis*, swine infections, multilocus sequence typing, core-genome phylogenetic analysis, resistome analysis

L'asthme équin sévère est associé à une augmentation de l'innervation péribronchique

Auteurs : **Laurence Leduc**¹, Mathilde Leclère¹, Laurie Girardot Gauthier², Olivier Marciel²,
Jean-Pierre Lavoie¹

- (1) Groupe de recherche sur l'asthme équin, Département des sciences cliniques,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal
(2) Collège André-Grasset

L'altération de la structure et de la fonction de l'innervation contribue à l'hyperréactivité des voies aériennes dans l'asthme humain, mais le rôle de l'innervation dans l'asthme équin reste inconnu. Nous avons émis l'hypothèse que l'innervation péribronchique est augmentée chez les chevaux asthmatiques par rapport aux chevaux sains, et contribue à l'obstruction respiratoire.

Dans cette étude de type cas-témoin à l'aveugle, nous avons utilisé des échantillons de poumons fixés au formol de 8 chevaux souffrant d'asthme sévère et de 8 chevaux sains provenant de la biobanque de tissus respiratoires équins. La fonction pulmonaire ante mortem a été enregistrée. Une immunohistochimie a été réalisée avec un anticorps anti-s100 de lapin comme marqueur neuronal pour les cellules de Schwann. Le nombre et la surface cumulée des nerfs dans la région péribronchique et associés au muscle lisse bronchique ont été enregistrés à l'aide d'histomorphométrie et corrigés en fonction de la taille des voies respiratoires.

Le nombre et la surface cumulée des nerfs étaient plus élevés dans la région péribronchique des chevaux asthmatiques que chez les témoins (Mann-Whitney, $P = 0,01$). Le nombre de nerfs à l'intérieur ou au pourtour du muscle lisse bronchique était significativement plus élevé chez les chevaux asthmatiques que chez les témoins (Mann-Whitney, $P = 0,03$). L'innervation n'était pas corrélée à la fonction pulmonaire (Spearman-r $< 0,35$, $P > 0,5$).

En conclusion, l'asthme équin sévère est associé à une plus grande innervation péribronchique, contribuant probablement au remodelage du muscle lisse bronchique et exacerbant la gravité de la maladie.

Caractérisation de la prévalence et du profil de résistance antimicrobienne de *Salmonella* dans les troupeaux ovins du Québec

Auteurs: **Schlasiva Cenatus**^{1,2}, Julie Arsenault^{1,2}, Isabelle Bernaques³, Sadjia Bekal³, William Thériault^{1,2}, Mohamed Rhouma^{1,2}

- (1) Département de Pathologie and Microbiologie, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal, 3200 Sicotte, Saint-Hyacinthe, QC, J2S 2M2, Canada.
- (2) Groupe de recherche et d'enseignement en salubrité Alimentaire (GRESA), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, 3200 rue Sicotte, Saint-Hyacinthe, QC, J2S 2M2, Canada.
- (3) Institut National de Santé Publique du Québec (INSPQ), 190, boulevard Crémazie Est, Montréal, QC, H2P 1E2, Canada.

Salmonella est un pathogène important pour les animaux et les humains. Les aliments d'origine animale constituent la source principale de la contamination humaine par *Salmonella*. L'augmentation de la prévalence de souches de *Salmonella* résistantes aux antimicrobiens est une préoccupation pour la santé humaine et animale. Néanmoins, les informations concernant la prévalence et la résistance aux antimicrobiens (RAM) de *Salmonella* dans les troupeaux ovins au Québec sont inexistantes. Ainsi, l'objectif de la présente étude était d'estimer la prévalence des troupeaux ovins au Québec positifs à *Salmonella*, identifié les sérotypes les plus prévalents et définir le profil de RAM de ces souches.

Un total de 61 fermes ovines ont été échantillonnées. Un pool de fèces de 10 animaux a été prélevé par ferme. Des dilutions ont été effectuées pour l'ensemencement de ces échantillons sur des milieux sélectifs afin d'isoler *Salmonella*. L'identification de *Salmonella* a été confirmée par des tests biochimiques suivi par une PCR en ciblant le gène *invA*. Les sérotypes et gènes de RAM ont été identifiés par séquençage complet du génome des 86 isolats. La sensibilité des ces isolats à 7 antimicrobiens a été évalué par les méthodes de Kirby-Bauer ou de microdilution.

La prévalence des fermes ovines positives à *Salmonella* était de 83,6%. Seulement le sérotype 61:k:1,5, (7) a été identifié. Toutefois, aucune résistance génotypique et phénotypique n'a été détectée.

Notre étude était la première à identifier le sérotype 61:k:1,5, (7) dans les troupeaux ovins du Québec et à rapporter la sensibilité de *Salmonella* aux différents antimicrobiens testés.

Analyse de la présence et de la diversité des salmonelles dans la filière de poulets de chair au Québec

Auteurs : **Manel Merad**^{1,2}, Alexandre Thibodeau^{1,2}, Jean-Pierre Vaillancourt³, Nikki Shariat⁴, Marianne Chemaly⁵, Philippe Fravallo⁶, Marie-Lou Gaucher^{1,2}

- (1) Chaire de recherche en salubrité des viandes, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal
- (2) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole du FRQNT, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal
- (3) Groupe de recherche en épidémiologie des zoonoses et santé publique
- (4) Poultry Diagnostic and Research Center, College of veterinary medicine, University of Georgia
- (5) Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), Laboratoire de Ploufragan-Plouzané
- (6) Conservatoire national des arts et métiers (Cnam), Paris, France

La présence des pathogènes alimentaires dans la filière avicole a des répercussions sur la santé publique. Au Canada, les toxi-infections alimentaires sont estimées à 4 millions de cas annuellement, avec *Salmonella* en tête de liste des agents bactériens impliqués. Cette étude vise en premier lieu à décrire la présence et la diversité génétique du pathogène dans la filière de production de poulets de chair au Québec.

Le projet a été initié par l'échantillonnage des principales étapes de la chaîne de production de poulets de chair au Québec, du troupeau reproducteur à l'abattoir. Afin de convenir à ce premier objectif, trente fermes de poulets de chair ont été échantillonnées avant la livraison des poussins et à la sortie des oiseaux pour l'abattoir. Les troupeaux reproducteurs et les couvoirs fournisseurs ont également été échantillonnés. Un isolement bactérien classique a été réalisé, suivi d'une analyse par CRISPR-SeroSeq, respectivement.

L'échantillonnage des fermes a révélé la présence de *Salmonella* dans 6%, 13%, 23%, 20% et 30% des échantillons de moulée, murs, ventilateurs, mangeoires et litière récupérés avant la livraison des poussins, respectivement, puis dans 1%, 26%, 43%, 20% et 60% de ces mêmes échantillons lors de la sortie des oiseaux. *Salmonella* a été identifiée pour 30% et 56% des boîtes de livraison de poussins et des cageots de transport vers l'abattoir, respectivement. Concernant l'échantillonnage à l'abattoir, il a révélé la présence de salmonelles pour 96%, 16 % et 26% des échantillons récupérés après la saignée, après le refroidissement à sec et après refroidissement humide, respectivement.

Estimation bayésienne de la performance diagnostique des tests ELISA d'anticorps et qPCR pour détecter les vaches infectées par *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) dans les troupeaux laitiers canadiens avec un historique d'infection à MAP

Auteurs : William Lelorel Nankam Nguekap,^{1,2,3,4} Nathalie Bissonnette,^{1,2,3,4,5} Simon Dufour,^{1,2,3,4} Séverine Ollier,⁵ Jean-Philippe Roy,^{2,3,4,6} Gilles Fecteau,^{2,3,4,6} David Kelton,^{2,7} Juan Carlos Arango-Sabogal^{1,2,3,4}

- (1) Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada.
- (2) Chaire de recherche de biosécurité en production laitière, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada.
- (3) Regroupement FRQNT Op+lait, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada
- (4) Groupe de recherche en santé bovine, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada.
- (5) Centre de recherche et de développement de Sherbrooke, Agriculture et Agroalimentaire Canada, Sherbrooke, Québec, Canada.
- (6) Département de sciences cliniques, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada.
- (7) Department of Population Medicine, Ontario Veterinary College, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.

Notre objectif était d'estimer la performance diagnostique de l'ELISA et la qPCR pour identifier les vaches infectées par MAP dans les troupeaux avec un historique d'infection à MAP, en utilisant un modèle bayésien de classes latentes (MBCL).

Des résultats des tests ELISA sur les sérums (IDEXX Paratuberculosis) et qPCR sur les fèces (VetMAX™-Gold MAP) des vaches de 14 troupeaux québécois (1157 vaches) et 8 troupeaux ontariens (1718 vaches) ont été analysés. Deux extractions d'ADN (Zymo Research Fecal DNA) sur chaque échantillon de fèces avaient été réalisées et un test qPCR sur chaque extraction (qPCR-1 ; qPCR-2) ont été considérés pour cette étude. Les tests ELISA étaient positifs si le rapport échantillon/positif était ≥ 55 % et la qPCR si le cycle seuil était < 38 .

Un MBCL hiérarchique considérant une dépendance conditionnelle entre les qPCR a été utilisé pour estimer la sensibilité, la spécificité, les valeurs prédictives positives et négatives (VPP et VPN) des trois tests et leurs intervalles de crédibilité bayésien à 95 % (ICB95%).

La performance des tests est résumée dans le tableau ci-dessous. La prévalence de MAP au sein des troupeaux était de 10,9 % (6,6-18,1).

	Sensibilité	Spécificité	VPP	VPN
ELISA	30,5% (25,6-35,9)	97,8% (97,3-98,3)	63,2% (48,4-76,6)	92% (86,3-95,3)
qPCR-1	78,4% (68,7-86,8)	97,3% (96,3-98,2)	78% (64,3-87,8)	97,4% (95-98,8)
qPCR-2	71,4% (62,4-79,4)	96,8% (95,7-97,7)	73% (58,6-84,5)	96,5% (93,3-98,2)

Dans ce contexte de prévalence et en utilisant ces seuils, les tests qPCR avaient une performance diagnostique supérieure à celle de l'ELISA pour identifier les vaches infectées par MAP.

Performance diagnostique de l'ELISA dans le lait et d'un qPCR dans le sang pour identifier les vaches laitières infectées par le virus de la leucose bovine à l'aide d'un modèle bayésien de classes latentes

Auteurs : **Karol Gilberto Solano-Suarez**^{1,2}, Jean-Philippe Roy^{2,3}, Juan Carlos Arango-Sabogal^{1,2}, Elouise Molgat⁴, Débora Santschi⁴, Christian Bédard¹, Carl A. Gagnon¹, Sébastien Buczinski³, and Simon Dufour^{1,2}

- (1) Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal. Saint-Hyacinthe QC, Canada
- (2) Chaire de recherche de biosécurité en production laitière, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal. Saint-Hyacinthe QC, Canada
- (3) Département de sciences cliniques, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal. Saint-Hyacinthe QC, Canada
- (4) Lactanet, Sainte-Anne-de-Bellevue QC, Canada

Notre objectif était d'estimer la sensibilité et la spécificité de deux tests pour identifier les vaches infectées par le virus de la leucose bovine (VLB) : un test qPCR sur des échantillons sanguins, et un test d'anticorps-ELISA conçu pour les échantillons de lait de réservoir, modifié pour des échantillons de lait individuels.

Des échantillons (lait et sang) de 637 vaches de huit troupeaux laitiers québécois ont été collectés. Un test ELISA d'IDEXX et un qPCR ciblant les gènes BLV-LTR ont été utilisées pour analyser les échantillons de lait individuels (après dilution 1:100) et sanguins, respectivement. Un modèle bayésien de classes latentes (MBCL) permettant une dépendance conditionnelle entre les tests a été utilisé pour estimer la performance diagnostique des tests. Des a priori vagues ont été utilisés pour tous les paramètres dans le modèle.

Nous avons observé un accord de 89 % entre les tests (240 négatives et 199 positives), 43 vaches étaient positives à l'ELISA et négatives à la qPCR, et l'inverse a été observé chez 10 vaches. La sensibilité et la spécificité de l'ELISA étaient respectivement de 92 % (95BCI : 83, 98) et 97 % (95BCI : 91, 100) tandis que celles de la qPCR étaient de 80 % (95BCI : 71, 87) et 98 % (95BCI : 93, 100), respectivement.

Les deux tests évalués dans cette étude, incluant l'adaptation du test ELISA conçu pour les laits de réservoir, semblent une bonne option pour identifier les vaches infectées par le VLB dans les troupeaux laitiers.

Impact : Sur cette base, je validerai également le test ELISA sur des échantillons de lait de réservoir (c'est-à-dire, au niveau de la population), afin que les producteurs et les vétérinaires disposent d'un moyen plus simple et plus fiable pour identifier et évaluer les programmes de contrôle développés sur leurs troupeaux pour réduire la prévalence du BLV.

Substituts cornéens biosynthétiques : une étude pilote chez le lapin (évaluation de la guérison cornéenne à 3 et 10 semaines post opératoires)

Auteurs : **Iris Timmerman**¹, Marie-Odile Benoit-Biancamano², Maria Vanore¹

(1) Département de sciences cliniques de la Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Laboratoire d'histologie de la Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Mise en contexte : Les affections cornéennes sont fréquentes en médecine humaine comme en médecine vétérinaire, et peuvent nécessiter des greffes de cornée afin de rétablir la transparence cornéenne. Les allogreffes sont pour cela considérées comme la procédure de référence, mais le manque de disponibilité des tissus rend nécessaire le développement de substituts synthétiques. Nous cherchons à évaluer les performances de deux types de greffes de collagènes synthétiques (solide et liquide) en comparaison avec les allogreffes.

Hypothèse : Nous supposons que les implants de collagène synthétiques vont s'intégrer dans la cornée de l'hôte sans complications et permettre un retour à la transparence cornéenne.

Il s'agit d'une étude pilote, prospective, sur 9 lapines divisées en trois groupes. Chacun des groupes a reçu avec un implant de collagène solide, liquide ou une allogreffe dans une plaie chirurgicale cornéenne. La guérison cornéenne est suivie à 3, 10 et 16 semaines post-opératoires grâce à des examens ophtalmologiques complets, la microscopie confocale, la tomographie par cohérence optique (OCT) et l'histologie. La récupération de la sensibilité cornéenne est également évaluée par aesthésiométrie.

Les résultats préliminaires à 3 et 10 semaines post-opératoires montrent une bonne intégration des implants de collagène solide et liquide dans la cornée avec une inflammation cornéenne modérée, et une ré-épithélialisation complète pour les groupes collagène solide et allogreffes. On observe une meilleure transparence cornéenne pour les allogreffes, suivi par le collagène synthétique solide puis par le collagène synthétique liquide, et la sensibilité cornéenne est absente chez tous les groupes à trois semaines post-opératoires.

Caractérisation de l'activité antibactérienne de l'oxytétracycline et de certains de ses métabolites chez *Escherichia coli* pathogènes aviaires (APEC)

Auteurs : **Wassel Zekri** (1), Marie-Lou Gaucher (1, 2), Maud de Lagarde (2), Mohamed Rhouma (1, 2)

- (1) Chaire de recherche en salubrité des viandes (CRSV),
 - (2) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA).
- Faculté de médecine vétérinaire de l'Université de Montréal.

L'introduction des antibiotiques pour l'usage clinique était considérée comme l'une des plus grandes avancées médicales du 20^{ème} siècle. Cependant, les bénéfices de ces molécules sont menacés par la propagation de la résistance aux antimicrobiens (RAM). En outre, la rareté de nouveaux antimicrobiens a suscité un grand intérêt pour l'optimisation de l'utilisation des molécules anciennes, comme les tétracyclines, afin de préserver leur longévité.

Le premier objectif de la présente étude était d'évaluer, *in vitro*, l'efficacité antimicrobienne de certains métabolites de l'oxytétracycline (OTC) par comparaison avec leur molécule mère et à d'autres tétracyclines.

La concentration minimale inhibitrice (CMI) des quatre métabolites de l'OTC, 4-epi-OTC (EOTC), α -apo-OTC, β -apo-OTC et 2-acetyl-2-decarboxy-amido-OTC (ADOTC), de l'OTC, du chlortétracycline et de la tétracycline a été déterminée en utilisant la méthode de microdilution. Quinze souches cliniques d'*Escherichia coli* pathogènes aviaires (APEC) ont été séquencées et utilisées pour déterminer les CMI des différentes molécules. De plus, l'efficacité antimicrobienne de certaines combinaisons de métabolites avec ou non l'OTC ont été testées.

Les résultats préliminaires indiquent que la présence de certains gènes de résistance, comme *tet(A)* ou *tet(B)*, a été associée avec une augmentation similaire de la valeur des CMI pour les trois tétracyclines. D'autre part la 4-epi-OTC a montré une activité antimicrobienne plus faible que celle de l'OTC, tandis que l' α -apo-OTC et la β -apo-OTC étaient inactifs.

L'activité antimicrobienne observée avec la 4-epi-OTC est une découverte originale de notre étude, qui nous permet d'explorer davantage les combinaisons possibles pour optimiser son utilisation clinique ainsi que son rôle dans la RAM.

Validation d'un simulateur hémostatique d'ovario-hystérectomie canine

Auteurs : **Rebecca Guenette**¹, Bertrand Lussier¹, Éric Troncy¹

(1) Département de science clinique vétérinaire,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Les ovariohystérectomies (OVH) représentent une chirurgie fondamentale pour les futurs vétérinaires (1-4). Les programmes de formation chirurgicale sont complexes en raison de considérations éthiques et pratiques. Les cadavres sont délaissés au profit de méthodes plus éthiques, et la formation sur les animaux vivants n'est pas optimale en termes de bien-être animal.

Des méthodes alternatives sont recherchées, tel que des simulateurs variés. À ce jour, aucun modèle à faible coût et à faible fidélité n'est hémostatique et disponible sur le marché (1, 5-8). L'hypothèse du projet est qu'un tel modèle augmenterait la performance des étudiants en médecine vétérinaire qui s'y exercent, par rapport aux étudiants qui ne reçoivent qu'un cours magistral et regardent des vidéos avant la procédure. Nous émettons également l'hypothèse que leur niveau de confiance sera plus élevé.

Quarante-huit étudiants inscrits au programme de médecine vétérinaire, ont été répartis aléatoirement entre un groupe de simulation, qui a pratiqué sur le modèle, deux jours avant la chirurgie et un groupe témoin. Les chirurgies sur animaux vivants ont été filmées et évaluées par un expert, et les niveaux de confiance ont été contrôlés ponctuellement par des questionnaires. Des mesures de validation ont été prises pour la méthode d'évaluation et la construction du modèle afin de garantir l'utilisation d'un simulateur validé.

Il n'y a pas eu de différences significatives entre les deux groupes pour la performance chirurgicale (durée et scores), mais le groupe de simulation était nettement plus confiant après l'intervention sur l'animal vivant que le groupe témoin.

Exploring *Leishmania* metabolism to outsmart drug resistance

Auteurs : **Ana Victoria Ibarra-Meneses**¹, Audrey Corbeil¹, David Langlais^{3,4},
Rubens do Monte Neto⁵, Christopher Fernandez-Prada¹

- (1) Research Group on Infectious Diseases in Production Animals (GREMIP), Département de Pathologie et Microbiologie, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal.
- (2) Department of Microbiology and Immunology, McGill University
- (3) Department of Human Genetics, Dahdaleh Institute for Genomic Medicine
- (4) Biotechnology Applied to Pathogens (BAP) - Instituto René Rachou – Fundação Oswaldo Cruz/Fiocruz Minas, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil

Leishmaniasis is the second neglected disease that causes a high number of deaths in endemic areas. This disease is caused by a protozoan parasite known as *Leishmania*. Understanding the metabolism and adaptability of this parasite provides us with an opportunity to address the lack of control measures, especially in terms of tackling drug resistance and addressing strain variability in different hosts.

In this study, we focus on investigating the metabolism of *Leishmania* to comprehend the metabolic adaptations that resistant parasites to various antileishmanial drugs or field strains may present. In our research, the RESIPHER system was employed to examine the impact of various antileishmanial drugs on the Oxygen Consumption Rate (OCR) of laboratory-selected resistant strains. These experiments included the presence of antimony, miltefosine, or amphotericin B. The results revealed that resistant strains exhibited a lower OCR than their susceptible counterparts.

The validation of the RESIPHER system was extended to field strains of *Leishmania* obtained from dogs and humans, which are the main hosts of this parasite. Our analysis revealed an inverse correlation between OCR and EC₅₀ values, indicating that antimony-resistant strains have a lower OCR. Additionally, RNAseq was performed, and we identified transcripts that are upregulated and downregulated in both human and dog strains, providing a more comprehensive understanding of the genetic adaptations associated with resistance. These findings suggest that culture monitoring using RESIPHER shows promise for drug screening in *Leishmania* treatment, assessing drug dose-response, and conducting experimental infection assays, with a high level of reproducibility between experiments.

Low doses of DON trigger apoptosis and alter GnRH stimulation of gonadotrope cells

Auteurs : Guodong Cai¹, **Lingchen Yang**¹, Francis Marien-Bourgeois, Derek Boerboom¹,
Gustavo Zamberlam¹ and Imourana Alassane-Kpembé¹

(1) Department of Veterinary Biomedicine, Faculty of Veterinary Medicine, Université de Montréal

Deoxynivalenol (DON), a prevalent *Fusarium* mycotoxin, imposes a significant threat to both human and animal health by crossing the blood-brain barrier and disrupting cerebral functions. The principal mechanism underlying DON toxicity involves the activation of mitogen-activated protein kinases (MAPKs). The stimulation of pituitary gonadotrope cells by GnRH also triggers the MAPKs pathway, raising concerns about the potential impact of DON on their secretory function. Notably, no research investigated the endocrine-disrupting effects of DON on pituitary gonadotropins (FSH and LH). To address this gap, our study investigated the effects of DON on gonadotrope cell viability and its impact on the GnRH-stimulated secretion of FSH and LH, using the murine L β T2 cells. Our results uncovered that exposure to low-dose DON (1 nM) significantly impaired cell viability in gonadotrope cells at both 24 and 48 h. Moreover, exposure to 10 nM DON induced phosphatidylserine translocation at 6 h without loss of membrane integrity, supporting a DON-induced cytotoxicity through apoptosis initiation. Furthermore, DON specifically inhibited GnRH-induced Erk phosphorylation while leaving p38 unaffected. Subsequent experiments with DON-treated L β T2 cells stimulated with GnRH showed a dose-dependent reduction in gene expression associated with *GnRHr*, *LH β* , and *Cga*, along with a reduction in LH production. Our findings underscore the induction of DON cytotoxicity through active apoptosis and its selective impact on LH secretion by inhibiting Erk phosphorylation within the MAPKs pathway. This research contributes to a better understanding of the neurotoxic effects of DON and establishes a foundation for further studies exploring the neuroendocrine impact of mycotoxins.

Resensibilisation de pathogènes résistants aux antimicrobiens par l'utilisation de vésicules extracellulaires modifiées génétiquement

Auteurs : **Francesca Theoret**¹, Max Adrià Verdeny¹, Claudia Duquette¹, Ana Victoria Ibarra-Meneses¹, David Langlais^{2,3}, C. Fernandez-Prada^{1,2}

(1) Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal

(2) Department of Microbiology and Immunology, McGill University

(3) Department of Human Genetics, Dahdaleh Institute for Genomic Medicine

La leishmaniose est une maladie parasitaire zoonotique, transmise par la piqûre de mouches des sables. À ce jour, il n'existe aucun vaccin pour la prévention de la leishmaniose humaine. Les mesures de contrôle reposent uniquement sur un nombre limité de médicaments non-spécifiques, utilisés à la fois chez les animaux et chez les humains, tels que l'antimoine et la miltéfosine. Dans les dernières décennies, la résistance à ces antiparasitaires est devenue un problème majeur sur divers continents.

Récemment, notre équipe a révélé que les vésicules extracellulaires (EV) jouent un rôle significatif dans la résistance aux antimicrobiens (RAM) en participant à la transmission horizontale de gènes de résistance. En s'appuyant sur cette découverte, notre objectif est d'utiliser l'ADN des EV pour resensibiliser les parasites résistants aux médicaments en les exposant à des EV chargés de gènes codant pour une protéine d'absorption de médicaments.

Pour ce faire, nous avons généré un plasmide de surexpression contenant le gène de l'aquaporine 1 (AQP1), qui est impliqué dans l'absorption de l'antimoine. Nous avons produit et caractérisé les EV libérés par ces parasites surexprimant AQP1. Nous avons ensuite évalué l'impact de ces vésicules sur les parasites résistants en termes de sensibilité à l'antimoine.

Nos résultats préliminaires indiquent que ces EV génétiquement modifiés ont un impact positif sur le profil de RAM des souches de *Leishmania* résistantes. Cette nouvelle approche pour lutter contre la RAM a le potentiel de ralentir la propagation de la résistance et d'augmenter la durée de vie des agents antimicrobiens qui existent aujourd'hui.

Étude de la contamination de la filière de poulets de chair du Québec par les gènes de résistance aux antibiotiques

Auteurs : **Abderrahmane Dahmani**¹, Alexandre Thibodeau^{1,2}, Mohamed Rhouma^{1,2},
Caroline Duchaine³, Marie-Lou Gaucher^{1,2}

- (1) Chaire de recherche en salubrité des viandes, Département de pathologie et de microbiologie,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, CP 5000,
St-Hyacinthe, Québec, Canada J2S 7C6
- (2) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal, CP 5000, St-Hyacinthe, Québec, Canada J2S 7C6
- (3) Chaire de recherche du Canada sur les bioaérosols, Centre de recherche de l'Institut universitaire
de cardiologie et de pneumologie de Québec – Université Laval

L'antibiorésistance est une source d'échec thérapeutique en médecine humaine et vétérinaire. Cet héritage d'une mauvaise utilisation des antibiotiques met en danger le développement d'une agriculture durable pour l'ensemble des filières de production animale, dont la filière de poulets de chair au Québec.

Nous allons étudier comment les gènes codant pour cette résistance contaminent les grandes étapes de la filière de production de poulets de chair, du troupeau d'oiseaux reproducteurs, jusqu'à l'abattoir. L'exposition des travailleurs d'abattoir à ces gènes sera documentée.

Nous allons donc réaliser une phase d'échantillonnage à la ferme et en abattoir. Lors de chacune des visites réalisées avant le placement des poussins et lors du chargement des oiseaux vers l'abattoir sur 30 fermes de poulets de chair, des échantillons seront récupérés: surfaces de murs, de ventilateurs, de mangeoires, de boîtes de livraison des poussins, de cageots de transport vers l'abattoir, de litière, ainsi que des échantillons de moulée et d'air. Un échantillonnage sera également réalisé auprès des travailleurs d'abattoir via un écouvillonnage nasopharyngé.

Une extraction de l'ADN total, suivie d'une quantification de 35 gènes codant pour l'antibiorésistance sur la plateforme TAKARA et d'un séquençage de la région V4 de la sous-unité 16S de l'ARN ribosomal seront appliqués pour tous les échantillons en utilisant l'Illumina MiSeq. Une analyse bio-informatique sera réalisée.

Les résultats obtenus permettront de décrire la contamination de la filière par les gènes de résistance, mais subiront également une comparaison en fonction de l'étape de la filière de production du poulet de chair pour une même ferme.

Validation des tests sensoriels quantitatifs visant à établir le profil de sensibilisation dans un modèle chirurgical de douleur chronique arthrosique chez le rat

Auteurs : **Marilyn Frezier**¹, Colombe Otis¹, Bertrand Lussier^{1,2}, Guillaume Saint-Jean¹, Francis Beaudry^{1,2}, Hélène Beaudry¹, Éric Troncy^{1,2}

- (1) Groupe de recherche en pharmacologie animale du Québec (GREPAQ), Faculté de médecine vétérinaire – Université de Montréal, Saint-Hyacinthe (QC), J2S 2M2 Canada
- (2) Centre de Recherche du Centre Hospitalier de l'Université de Montréal (CRCHUM), Montréal (QC), H2X 0A9 Canada

Les travaux sur la douleur chronique arthrosique (OA) font face à des défis de reproductibilité et de validité translationnelle des mécanismes de sensibilisation¹. L'objectif était de tester la sensibilité, la spécificité et la répétabilité des tests sensoriels quantitatifs (TSQs) statiques et dynamiques. En établissant un profil de sensibilisation de douleur OA chez le rat, les TSQs dynamiques reflèteraient-ils les voies facilitatrices/inhibitrices de la douleur ?

Le modèle chirurgical Montreal Induction of Rat Arthritis Testing (n=60 MI-RAT; Sprague-Dawley; ♀ ovariectomisées; 2 mois; 200-400g), préalablement validé^{2,3,4}, a été suivi longitudinalement sur 84 jours, en comparaison aux Naïfs (n=24). Le profil de sensibilisation a été établi par des TSQs développés au GREPAQ^{2,3,4,5,6} et validé concurrentiellement sur les plans biomécanique^{2,3}, histopathologique⁷ et neuropeptidomique⁸.

Le modèle MI-RAT a développé une sensibilisation (hyperalgésie/allodynie) tactile distincte du baseline et des Naïfs ($P<0,01$), une hyperexcitabilité spinale (sommation temporelle, $P<0,05$), accompagnée d'une sollicitation du contrôle endogène de la douleur à 22, 41 et 61 jours (modulation de douleur conditionnée, $P<0,02$). Les TSQs dynamiques reflètent une facilitation (\downarrow de -20%) ou une inhibition (\uparrow de $+30\%$) du seuil de réponse tactile, homogènes (au *baseline*) et maintenues (pour les Naïfs) tout au long de l'étude. Le profil phénotypique de sensibilisation centrale était associé à une diminution sur le plan biomécanique (-75 à -20% ; $P<0,005$) et à une augmentation des lésions articulaires et neuropeptides spinaux ($P<0,03$).

Les TSQs statiques et dynamiques permettent d'établir un profil phénotypique valide de sensibilisation somatosensorielle dans un modèle expérimental validé de douleur chronique OA chez le rat.

Références

- (1) Eitner A Hofmann GP, Schaible HG. Mechanisms of osteoarthritic pain. studies in humans and experimental models. *Front Mol Neurosci.* 2017; 10(349):1-22.
- (2) Gervais JA, Otis C, Lussier B, Guillot M, Beaudry F, Troncy E. Functional and spinal neuropeptidomic alterations in a new rat surgical model of osteoarthritic pain: A pilot study. *Can J Vet Res.* 2019; 83(2):133–141.
- (3) Keita-Alassane S, Otis C, Bouet E, Guillot M, Frezier M, Delsart A, Moreau M, Bédard A, Gaumond I, Pelletier JP, Martel-Pelletier J, Beaudry F, Lussier B, Lecomte R, Marchand S, Troncy E. Estrogenic impregnation alters pain expression: analysis through functional neuropeptidomics in a surgical rat model of osteoarthritis. *Naunyn Schmiedebergs Arch Pharmacol.* 2022; 395(6):703–715.
- (4) Otis C, Bouet E, Keita-Alassane S, Frezier M, Delsart A, Guillot M, Bédard A, Pelletier JP, Martel-Pelletier J, Lussier B, Beaudry F, Troncy E. Face and predictive validity of MI-RAT (Montreal Induction of Rat Arthritis Testing), a surgical model of osteoarthritis pain in rodents combined with calibrated exercise. *Int J Mol Sci.* 2023 *sous presse.*
- (5) Guillot M, Taylor PM, Rialland P, Klinck MP, Moreau MM, Martel-Pelletier J, Pelletier JP, Troncy E. Evoked temporal summation in cats to highlight central sensitization related to osteoarthritis-associated chronic pain: a preliminary study. *PLoS One.* 2014; 9(5):e97347.
- (6) Monteiro BP, Klinck MP, Moreau M, Guillot M, Steagall PV, Pelletier JP, Martel-Pelletier J, Gauvin D, Del Castillo JR, Troncy E. Analgesic efficacy of tramadol in cats with naturally occurring osteoarthritis. *PLoS One.* 2017; 12(4):e0175565.
- (7) Gerwin N, Bendele AM, Glasson S, Carlson CS. The OARSI histopathology initiative - recommendations for histological assessments of osteoarthritis in the rat. *Osteoarthritis Cartilage.* 2010; 18(Suppl. 3):S24–34.
- (8) Wu W, Ma M, Ibarra AE, Lu G, Bakshi VP, Li L. Global neuropeptidome profiling in response to predator stress in rat: Implications for post-traumatic stress disorder. *J Am Soc Mass Spectrom.* 2023; 34(8):1549–1558.

Analyse des interactions moléculaires virus-hôte par protéomique comparative : le PEDV, un pathogène majeur dans l'industrie porcine

Auteurs : **Mehdi Maury Laouedj**^{1,2}, Camila Andrea Valle Tejada^{1,2}, Dr Jennifer Ben Salem³,
Dr Francis Beaudry^{1,2} et Dr Levon Abrahamyan^{1,2}

- (1) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, J2S 2M2, Canada
- (2) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, J2S 2M2, Canada
- (3) Département de Biomédecine Vétérinaire, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, J2S 2M2, Canada

Le virus de la diarrhée épidémique porcine (PEDV) est responsable de pertes économiques majeures à travers le monde. Notre projet vise à étudier les interactions entre les protéines virales du PEDV et celles de l'hôte, caractérisant l'infection et la pathogénèse.

La dynamique des interactions virus-hôte induit d'importants changements au niveau intracellulaire des protéines de l'hôte, favorisant l'infection et la propagation virale. La protéomique comparative facilite notre compréhension de ces mécanismes moléculaires. Ainsi, la comparaison des profils protéomiques spatio-temporels des cellules infectées par le PEDV fournira une cartographie dynamique des interactions PEDV-hôte. Nous avons émis l'hypothèse que l'altération du protéome cellulaire par le PEDV influencera également l'abondance de nombreuses protéines associées aux microvésicules extracellulaires (ME) et aux virions naissants. Par conséquent, nous avons également proposé d'étudier la composition protéique des virions et des ME produites par les cellules infectées.

Nos résultats suggèrent que l'infection par le PEDV a effectivement modulé d'importantes voies cellulaires moléculaires, notamment celles responsables de la réponse de l'hôte, du trafic intracellulaire et de la signalisation. Ces altérations suggèrent que les protéines de l'hôte peuvent influencer la capacité de réplication et la pathogénèse virale. Actuellement, notre objectif est de poursuivre la comparaison des profils protéomiques en utilisant IPEC-J2, des cellules intestinales porcines, cibles du PEDV, afin de proposer des cibles de traitement pour les antiviraux basés sur les cellules hôtes. Il est important de noter que le virus est principalement étudié dans les cellules Vero, et l'utilisation d'IPEC-J2 constitue une nouveauté, bien que leur infection reste très difficile.

Spider-cochon VS V(enom)SRRP - Éclaircir des effets antiviraux pour mieux combattre le pathogène porcine

Auteurs : **Marie-Jeanne Pesant**^{1,3}, Chantale Provost², Younès Chorfi^{1,3}, Francis Beaudry^{1,3}, Carl A. Gagnon^{1,2,3}

- (1) Centre de recherche en infectiologie porcine et aviaire [CRIPA-FRQ],
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Québec, Canada
- (2) Laboratoire de diagnostic moléculaire, Centre de diagnostic vétérinaire de
l'Université de Montréal [CDVUM], Québec, Canada
- (3) Groupe de recherche en maladies infectieuses en production animale [GREMIP],
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Québec, Canada

Ennemi de longue date du porc, le virus du syndrome reproducteur et respiratoire porcine [vSRRP] persiste à échapper au contrôle de l'industrie. Notre laboratoire a identifié différents composés qui empêchent le vSRRP à se propager. Malheureusement ceux-ci, l'un une toxine retrouvée dans la moulée animale (déoxynivalénol), l'autre produits par une bactérie porcine (*Actinobacillus pleuropneumoniae*), ont une application directe impossible comme traitement.

Ce projet vise à éclaircir ces mécanismes antiviraux en étudiant comment leur interaction avec des cellules permet d'empêcher l'infection du vSRRP. L'étude s'attaque à plusieurs fronts : au niveau de l'ARN et des protéines.

Brièvement, des cellules (singe et porc) sont infectées par le vSRRP puis traitée post-infection (p.i.) avec différentes concentrations des composés de manière indépendante. L'ARN et les protéines sont extraits 72h p.i. puis séquencés ou passés par spectrométrie de masse. Le volet bio-informatique prend ensuite le dessus pour analyser ces données brutes et mettre en avant les gènes et mécanismes propres à l'effet antiviral des composés (CLC Genomics WorkBench | Proteome Discoverer → GSEA+Cytoscape). Des résultats sur l'effet antiviral du déoxynivalénol suggèrent un lien étroit avec la régulation à la baisse des gènes APOE, PDCD6IP et LAMP1, qui jouent un rôle crucial dans le cycle viral. Les résultats sont confirmés par RT-qPCR, Western Blot et siRNA.

Cette méthode bio-informatique exploratoire innovante pourrait révéler des mécanismes cellulaires et gènes cruciaux à une activité antivirale contre le vSRRP. Ces composés non-utilisables pourraient ainsi indiquer de nouvelles cibles pour de futures stratégies antivirales contre ce virus porcine coûteux.

Resensibilisation de *Leishmania infantum* à la miltéfosine à travers l'utilisation de vésicules extracellulaires modifiées génétiquement

Auteurs : **M. Adria-Verdeny**¹, F. Theoret¹, C. Duquette¹, A.V. Ibarra-Meneses¹,
D. Langlais^{2,3}, C. Fernández-Prada^{1,2}

- (1) Université de Montréal, Département de pathologie et de microbiologie,
- (2) Département de microbiologie et d'immunologie, Université McGill,
- (3) Département de génétique humaine, Dahdaleh Institute for Genomic Medicine.

La leishmaniose canine, causée par *L. infantum*, affecte des millions de chiens et d'humains annuellement, principalement dans les régions tropicales. Mondialement, on enregistre 12 millions de cas humains, avec une estimation de 35 000 décès annuels. Actuellement, aucun vaccin n'est disponible pour les humains et ceux pour les chiens montrent une efficacité limitée. Les mesures de contrôle reposent sur l'utilisation de médicaments tels que l'antimoine et la miltéfosine, présentant des effets indésirables. La résistance aux antimicrobiens (RAM) pose un problème majeur.

Des recherches récentes mettent en lumière le rôle des vésicules extracellulaires (VE) dans la RAM, participant à la transmission horizontale des gènes (THG) de résistance chez *Leishmania*. Notre objectif est d'évaluer la resensibilisation des *L. infantum* résistants à la miltéfosine en les exposant à des VE portant des gènes de transport de la miltéfosine.

Pour cela, nous allons (1) générer une souche *L. infantum* surexprimant les gènes du transporteur de la miltéfosine. 2) Produire et caractériser les VE libérées. 3) Évaluer l'impact de ces VE sur la sensibilité aux médicaments des parasites résistants.

Les résultats préliminaires indiquent que la surexpression des gènes a sensibilisé les parasites à la miltéfosine. De plus, les VE produits ont montré une bonne intégration des gènes surexprimés et une efficacité accrue dans la sensibilisation à la miltéfosine après une incubation de 3 jours avec la drogue. Tout suggère que les VE pourraient modifier le profil de résistance de *Leishmania* par THG, offrant une nouvelle approche pour traiter la RAM et prolonger l'efficacité des agents antimicrobiens.

Communications par affiches (Salle communautaire et verrière)

1. [Evaluating the Use of Trichloroacetic Acid \(TCA\) for Albumin Removal and Increased Proteome Coverage in Plasma Samples](#), **Jesus D. Castano**, postdoctorant
2. [Portrait des fermes laitières dont les veaux laitiers sont vendus plus chers à l'encan](#), **Pierre Levallois**, postdoctorant
3. [Caractérisation en bioréacteur de l'impact des nutriments sur le microbiote du poulet de chair et sa colonisation par *Campylobacter jejuni*](#), **Fanie Shedleur Bourguignon**, postdoctorante
4. [Identification des structures de surface de *Clostridium perfringens* d'origine aviaire](#), **Alexandra Veress**, postdoctorante
5. [Genomic characterization of Canadian *Streptococcus dysgalactiae* subsp. *dysgalactiae* strains from bovine mastitis](#), **Kayleigh Gauvin**, agente de recherche
6. [Création d'une base de données unique pour la quantification des antimicrobiens vendus au Québec](#), **Solène Le Manac'h**, conseillère principale de recherche
7. [Analyse du résistome des bovins laitiers au Québec avant et après la restriction de l'utilisation des antibiotiques d'importance critique](#), **Jeff Alex Njakou Youonang**, diplômé à la maîtrise
8. [Étude de l'impact d'un nouveau produit de litière bovine sur des populations d'*Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* et bactéries mésophiles](#), **William Thériault**, conseiller de recherche
9. [Comparaison des indicateurs de l'usage d'antimicrobiens administrés par l'aliment chez les poulets de chair au Québec, Canada](#), **Djibrine Nassir Ahmat**, étudiant à la maîtrise
10. [Étude de la contamination de la chaîne de production de poulets de chair au Québec par *Clostridium perfringens* entérotoxigène](#), **Alexandra Caron**, étudiante à la maîtrise
11. [Caractériser l'effet des terpènes sur la réponse nociceptive et les cibles moléculaires chez *Caenorhabditis elegans*](#), **Kaoutar Benkhraba**, étudiante à la maîtrise
12. [Virus de la bronchite infectieuse aviaire : contrôle par les miARNs](#), **Véronique Charreton-Sanford**, étudiante à la maîtrise
13. [Identification de marqueurs précoces d'anomalies périnatales d'origine épigénétique en production bovine](#), **Alyson Daigneault**, étudiante à la maîtrise
14. [Serotypes and Antimicrobial Resistance Profiles Among European *Streptococcus suis* Strains](#), **Kevin Li**, étudiant à la maîtrise
15. [Caractérisation des *E. coli* résistants aux antibiotiques causant de la mortalité chez les veaux lourds du Québec](#), **Maude Turcotte**, étudiante au baccalauréat
16. [Administration d'androgène chez des chevaux atteints d'asthme équin sévère : une étude à l'aveugle, croisée et randomisée](#), **Camille Ruault**, résidente

17. [Characterization of the antinociceptive effects and molecular targets of anandamide in *Caenorhabditis elegans*](#), **Marzieh Abdollahi**, étudiante au doctorat
18. [Lats1/2 are essential for mouse mature Sertoli cell function](#), **Laureline Charrier**, étudiante au doctorat
19. [Morphologic characterization of uterine changes and inflammatory profiles during the bovine post-partum period](#), **Karine De Vargas Aires**, étudiante au doctorat
20. [Caractérisation somatosensorielle de l'arthrose canine : une étude prospective, longitudinale comparative à un groupe contrôle sain](#), **Aliénor Delsart**, étudiante au doctorat
21. [Interaction hôte-parasite dans le contexte de la résistance de *Leishmania* spp. aux antimoniaux](#), **Rafael Fernandes Ferreira**, étudiant au doctorat
22. [Regulation and function of CTGF in bovine granulosa cells during the establishment of ovarian follicle dominance](#), **Leonardo Guedes De Andrade**, étudiant au doctorat
23. [Expression of a constitutively active form of YAP in murine gonadotrope cells leads to morphological alterations of the pituitary gland and impairs gonadotropin synthesis](#), **Natalia Jakuc**, étudiante au doctorat
24. [Prévalence de la diarrhée virale bovine dans les troupeaux laitiers canadiens](#), **Marie-Pascale Morin**, étudiante au doctorat
25. [In Vitro and Ex Vivo Assessment of Zearalenone Toxic Effects on Porcine Uterus](#), **Ivan Pavlov**, étudiant au doctorat
26. [La transplantation de microbiote fécal comme traitement adjuvant de la dermatite atopique canine](#), **Marine Rullier**, étudiante au doctorat
27. [Maternal HP1 proteins are essential for embryonic development in mice](#), **Camille Souchet**, étudiante au doctorat
28. [Pregabalin and Gabapentin impede the nocifensive response of *Caenorhabditis elegans* to noxious heat](#), **Jabin Sultana**, étudiante au doctorat

Evaluating the Use of Trichloroacetic Acid (TCA) for Albumin Removal and Increased Proteome Coverage in Plasma Samples

Auteurs : **Jesus D. Castaño**^{1,2}, Francis Beaudry^{1,2}

(1) Département de Biomédecine Vétérinaire, Faculté de Médecine Vétérinaire,
Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada

(2) Centre de recherche sur le cerveau et l'apprentissage (CIRCA),
Université de Montréal, Montréal, Québec, Canada

Mass spectrometry-based plasma proteomics is a significant tool for biomarker discovery. In plasma, biomarker quantification could be ideal for diagnosis or disease monitoring, potentially providing clinicians with actionable data for improved therapeutic management. However, plasma samples usually contain a great variety of proteins derived from healthy and diseased cells, which masks the detection of low-abundant biomarkers. Particularly challenging is the presence of highly abundant serum proteins (i.e. albumin, apolipoproteins) which usually account for 50-60% of total protein. To solve this issue, highly abundant proteins should be depleted to increase proteome coverage. Here, we employed different concentrations of TCA (0, 5, and 10%) in acetone to differentially precipitate albumin in mouse serum samples, followed by proteomics analysis using Data Dependent Acquisition (DDA) and Data Independent Acquisition (DIA) approaches. The results revealed that there was a decrease in protein concentration of 17 and 14 times for the 5%TCA and 10%TCA treatment, respectively. Proteomics analysis of the samples using DDA showed a significant reduction (>2 fold) of several abundant serum proteins such as albumin, apolipoproteins, and immunoglobulins. Also, by using 5% and 10% TCA, we increased the number of proteins detected by 15 and 39%, respectively, which highlights the importance of depleting samples from highly abundant serum proteins before protein identification by proteomics. Finally, by combining DDA-based and DIA library-free approaches, we further increased protein identifications (up to 17%). In conclusion, this study presents possible proteomics approaches to increase proteome coverage and facilitate the study of low-abundant proteins – critical for biomarker discovery.

Portrait des fermes laitières dont les veaux laitiers sont vendus plus chers à l'encan

Auteurs : **Pierre Levallois**¹, Sébastien Buczinski¹, Anne-Marie Christen², Marianne Villettaz Robichaud¹

(1) Département des Sciences Cliniques, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

(2) Consultante indépendante

La qualité des soins et de l'environnement durant les premiers jours de vie des veaux laitiers sont cruciaux pour leur futur développement en ferme d'engraissement. On suppose que les veaux vendus plus chers à l'encan sont ceux ayant par la suite de meilleurs états de santé et performances. L'identification de pratiques ou d'environnements de vie des veaux mieux valorisés pourrait permettre de fournir des recommandations aux producteurs laitiers, pour favoriser le bon développement des veaux et mieux les valoriser à l'encan. L'objectif du projet était de caractériser les fermes laitières dont les veaux étaient vendus plus chers à l'encan.

Pour ce faire, un questionnaire téléphonique a été répondu par 214 producteurs afin de décrire leurs pratiques et l'environnement de vie des veaux. Une collecte de données a ensuite été menée dans 28 fermes afin de réaliser des observations individuelles des veaux et d'évaluer la qualité de la prise colostrale. Enfin, les classements de vente des veaux des fermes recrutées ont été obtenus. Les associations entre ces classements et les autres données collectées ont été explorées *via* des modèles statistiques.

Les veaux étaient vendus plus chers lorsqu'ils recevaient ≥ 7 L de lait / jour. La comparaison des résultats avec les recommandations scientifiques actuelles a montré que plusieurs pratiques, dont la prise colostrale, pourraient être encore améliorées.

Les résultats de ce projet ont permis d'identifier des recommandations pour mieux valoriser les veaux à l'encan ainsi que des perspectives pour améliorer le bien-être des veaux laitiers.

Caractérisation en bioréacteur de l'impact des nutriments sur le microbiote du poulet de chair et sa colonisation par *Campylobacter jejuni*.

Auteurs : **Fanie Shedleur-Bourguignon**¹, Marie-Lou Gaucher^{1,2,3}, William P. Thériault¹, Amélia Lucin¹, Alexandre Thibodeau^{1,2,3}

(1) Chaire de recherche en salubrité des viandes (CRSV), Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Groupe de recherche et d'enseignement en salubrité alimentaire (GRESA), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(3) Centre de Recherche en Infectiologie Porcine et Avicole (CRIPA), Université de Montréal

Produire des poulets sains et des produits carnés sûrs, tout en assurant une rentabilité, est un défi permanent rencontré par l'industrie avicole. Une approche pour relever un tel défi consiste à moduler le microbiote intestinal des animaux. Les acides aminés et les enzymes ajoutés à l'alimentation animale ont un impact sur la composition et la diversité du microbiote digestif des poulets de chair, mais leur effet spécifique sur les agents pathogènes, en particulier sur *Campylobacter jejuni*, reste à être défini.

Le présent projet propose d'isoler le microbiote intestinal de son hôte, le poulet de chair, en utilisant un système en bioréacteur. Ce système permettra d'étudier les effets de facteurs tels que la supplémentation de l'aliment en acides aminés et en protéases, sur la diversité et la composition de ce microbiote intestinal dérivé de l'animal. Pour ce faire, des approches reposant sur la bactériologie classique et sur le séquençage du gène 16S par technologie Nanopore seront utilisées.

Le modèle permettra d'effectuer des recherches *in vitro* préliminaires avant de mener des études *in vivo*, réduisant ainsi le nombre d'animaux utilisés en recherche. Il permettra également d'évaluer, pour la première fois, l'impact d'acides aminés et de protéases sur le contrôle de *C. jejuni*, et éventuellement d'autres pathogènes retrouvés dans le microbiote intestinal du poulet de chair. Le modèle contribuera à l'avancement des connaissances dans les domaines de la salubrité alimentaire et de la santé des volailles, tout en fournissant des outils pour contrôler la colonisation de *C. jejuni* chez le poulet de chair.

Identification des structures de surface de *Clostridium perfringens* d'origine aviaire

Auteurs : **Alexandra Veress**¹, Alexandre Thibodeau^{1, 2, 3}, Mariela Segura^{2, 3}, Manuel J. Rodríguez-Ortega⁴, Francis Beaudry⁵, Mélanie Lehoux², Marie-Lou Gaucher^{1, 2, 3}

(1) Chaire de Recherche en Salubrité des Viandes, Département de Pathologie et Microbiologie, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

(2) Groupe de Recherche sur les Maladies Infectieuses en Production Animale, Département de Pathologie et Microbiologie, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

(3) Centre de Recherche en Infectiologie Porcine et Avicole, Département de Pathologie et Microbiologie, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

(4) Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Córdoba

(5) Groupe de recherche en pharmacologie animale du Québec, Département de biomédecine vétérinaire, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

Clostridium perfringens est une bactérie commensale du microbiote intestinal, mais également un pathogène largement répandu qui provoque des maladies humaines et animales. Les souches de type F (entérotoxigène) sont responsables d'épidémies d'origine alimentaire, tandis que les souches de type G causent l'entérite nécrotique chez la volaille. Ces sous-populations peuvent être retrouvées chez la volaille, mais les structures bactériennes contribuant à l'adhésion de *C. perfringens* à l'intestin aviaire restent inconnues en majorité.

Comme les protéines de surface jouent un rôle clé dans la pathogenèse bactérienne et sont essentielles à l'adhésion des bactéries, ce projet se concentre sur l'identification de ces structures chez les sous-populations de *C. perfringens* d'origine aviaire.

Afin d'étudier l'attachement de *C. perfringens* à l'intestin du poulet de chair, une lignée cellulaire épithéliale de poulet (LMH) sera infectée par une souche commensale, une souche causant l'entérite nécrotique et une souche entérotoxigène. Les protéines de surface bactériennes seront récupérées en utilisant une méthode de rasage chimique suivie d'une approche par spectrométrie de masse afin d'identifier ces protéines. Les structures de surface exprimées dans diverses conditions selon la sous-population étudiée seront comparées. La capacité de ces protéines à stimuler le système immunitaire du poulet de chair sera évaluée par analyses ELISA et Western blot suite à des essais de vaccination.

Nous espérons révéler l'identité des structures nécessaires à l'adhésion des différentes sous-populations de *C. perfringens* à l'intestin du poulet de chair. Dans l'éventualité où une réponse immunitaire serait stimulée, ces protéines pourraient servir de cibles pour le développement de vaccins.

Genomic characterization of Canadian *Streptococcus dysgalactiae* subsp. *dysgalactiae* strains from bovine mastitis

Authors: **Kayleigh Gauvin**¹, Claudia Duquette¹, Kevin Li¹, Simon Dufour², Nahuel Fittipaldi¹

- (1) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal
- (2) Regroupement de recherche pour un lait de qualité optimale, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Bovine mastitis is a major problem to the dairy industry due to its impact on animal welfare and the substantial economic losses arising from decreased milk production. One of the leading pathogens involved in bovine mastitis is *Streptococcus dysgalactiae* subspecies *dysgalactiae* (SDSD). Despite its prominence in the disease, little is known about the genetic diversity of bovine SDSD strains. Moreover, the antimicrobial resistance patterns of SDSD isolates from Canada remain essentially unexplored. To begin to address these knowledge gaps, we assembled a collection of 443 SDSD strains, recovered from milk samples in Canadian farms that are part of the National Cohort of Dairy Farms program. The collection included organisms from Quebec ($N=231$), Ontario ($N=112$), the Maritimes ($N=83$) and Western Canada ($N=17$). The genomes of the 443 strains were sequenced using Illumina technologies (Novaseq, paired end reads of 150+150 bp). Multi-locus sequence typing was derived from the short-read sequence data using bioinformatic tools and revealed a relatively important level of genetic diversity among the collection. The most frequent sequence types were ST453 ($N=134$) and ST460 ($N=114$). Core-genome phylogenetic analysis revealed further genetic diversity among the strains. Investigation of antimicrobial resistance genes revealed that several strains were resistant to macrolides and tetracyclines. Our work holds the promise of providing baseline knowledge on this important pathogen to support further studies on SDSD genomic epidemiology and pathogenesis of infection.

Création d'une base de données unique pour la quantification des antimicrobiens vendus au Québec

Auteurs : **Solène Le Manac'h**¹, Pablo Valdés Donoso^{1,2},

(1) Plateforme IA-Agrosanté (PIAAS), Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

(2) Département de Sciences Cliniques, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

Selon l'Organisation Mondiale de la Santé, la Résistance aux Antimicrobiens (RAM) devrait être une question de santé publique prioritaire, car elle constitue l'une des plus grandes menaces pour la santé mondiale. Cette résistance a des répercussions sur la santé humaine, mais aussi sur la santé animale et environnementale. L'utilisation excessive d'antimicrobiens est considérée comme le principal facteur déclenchant de la RAM. Pour élaborer des réglementations sur l'utilisation des antimicrobiens chez les animaux, le MAPAQ a sollicité la FMV pour quantifier les antimicrobiens à usage animal vendus au Québec.

Nous avons créé un package R pour automatiser la collecte et la mise en relation de différentes sources de données accessibles librement. Celui-ci intègre des méthodes comme le *web scrapping* et la reconnaissance textuelle pour collecter et standardiser les données. Nous recueillons des données sur les produits pharmaceutiques (antimicrobiens et antiparasitaires) auprès de Santé Canada, les codes ATCVet de l'OMS, leur famille, leurs autorisations d'utilisation, la prescription au Québec, la catégorie d'importance pour la santé humaine (dans le cas des antibiotiques), et les ventes des antibiotiques du CDMV. Nous recueillons également des données sur la biomasse animale, afin de calculer la vente (comme une approximation de l'utilisation) d'antimicrobiens par kilogramme d'animal. Nous avons utilisé des données de Statistique Canada.

Nous avons créé un package R qui permet de générer automatiquement plusieurs bases de données; la BDPP complétées avec des informations manquantes et enrichie avec d'autres données, la base des ventes du CDMV Inc. enrichies avec des informations; et de les maintenir à jour facilement.

Analyse du résistome des bovins laitiers au Québec avant et après la restriction de l'utilisation des antibiotiques d'importance critique

Auteurs : **Jeff Alex Njakou Youonang**¹, Marie-Lou Gauthier², Caroline Côté³, Dominic Poulin-Laprade⁴,
John M. Fairbrother¹, Jean-Philippe Roy⁵, Simon Dufour⁶, David Francoz⁵, Marie Archambault⁶,
Ghyslaine Vanier¹, Alexandre Thibodeau⁷, Maud de Lagarde¹

- (1) Département de pathologie et microbiologie, Laboratoire EcL, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal.
- (2) Laboratoire de Santé Animale, MAPAQ,
- (3) Institut de recherche et de développement en agroenvironnement, QC, Canada
- (4) Agence canadienne d'inspection des aliments,
- (5) Département de science clinique, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal.
- (6) Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal.
- (7) CRSV, Faculté de médecine vétérinaire Université de Montréal

La résistance aux antimicrobiens (RAM) est déclarée par l'Organisation Mondiale de la Santé comme l'une des plus grandes menaces pour la santé mondiale. En février 2019, le Québec a instauré une réglementation visant à restreindre l'utilisation d'antimicrobiens critiques pour la médecine humaine dans la production animale. Cette étude vise à évaluer l'impact de cette réglementation sur la RAM en réalisant une analyse métagénomique de 180 échantillons fécaux de vaches, de veaux et de fosses à lisier prélevés dans 87 fermes avant et après l'entrée en vigueur de la réglementation.

Un prétraitement des séquences avec les outils Trimmomatic et Bowtie a été effectué pour éliminer les portions de qualité insuffisante et l'ADN de l'hôte, minimisant ainsi les erreurs d'identification des gènes de RAM. La détection et la quantification des gènes de RAM ont été réalisées avec l'outil AMR++.

L'étude préliminaire, basée sur l'analyse de huit échantillons, a révélé une diminution significative de deux gènes de RAM, *bla_{CTX}* et *bla_{OXA}*, appartenant à la classe des bêta-lactamines. Le gène *CTX*, associé à la résistance aux céphalosporines de troisième génération, a diminué de 96 % après la mise en place de la réglementation. Le gène *bla_{OXA}*, détecté dans des échantillons de vache d'une des fermes, a quant à lui disparu de la ferme post-réglementation. Il a également connu une diminution de 77,26 % dans l'un des échantillons de fosses à lisier.

Ces résultats sont encourageants, mais des données supplémentaires provenant de l'analyse complète en cours seront nécessaires pour tirer des conclusions définitives.

Étude de l'impact d'un nouveau produit de litière bovine sur des populations d'*Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* et bactéries mésophiles

Auteurs : **William Thériault**¹, Nicole Trottier¹, Alexandre Thibodeau¹

(1) Chaire de recherche en salubrité des viandes (CRSV). Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Il a été rapporté que la litière destinée aux bovins laitiers est à l'origine de plusieurs maladies. La mammite est une maladie d'importance chez les bovins laitiers causant des pertes économiques. La litière peut être formée par différents matériaux, dont la paille et les copeaux de bois. Ainsi, la présente étude s'est intéressée à l'impact de différentes litières, sur les populations de *S.aureus* (bactérie la plus incriminée dans les cas de mammite bovine), *E.coli* (un indicateur de contamination fécale) et des bactéries mésophiles totales (indicateurs généraux de la qualité microbiologique du produit). Pour ce faire, deux produits ont été testés; la paille et des copeaux de bois supplémentés d'un probiotique (Ripe+).

Une contamination artificielle avec une concentration correspondant aux valeurs moyennes de bactéries par g de litière souillée par du fumier pour *S.aureus* et *E.coli*. Après une incubation de 24h, des dénombrements bactériens ont été réalisés sur gélose Vogel-Johnson pour *S.aureus*, sur gélose Mac Conkey pour *E.coli* et sur gélose sang pour les bactéries mésophiles.

Aucune différence statistique entre les produits n'a été remarquée pour *E.coli* et les bactéries mésophiles totales. Une diminution de près de 4 log UFC/g ($P < 0.001$) a été observée entre le produit Ripe+ et la paille. Cette diminution suggère que le produit Ripe+ ne fait pas seulement empêcher la croissance de *S.aureus*, mais élimine ceux-ci, car la contamination finale dans le produit est plus faible que ce qui a été ajouté artificiellement. Ces résultats démontrent que Ripe+ pourrait assurer un contrôle de *S.aureus* à la ferme.

Comparaison des indicateurs de l'usage d'antimicrobiens administrés par l'aliment chez les poulets de chair au Québec, Canada

Auteurs : **Djibrine Nassir Ahmat**^{1*}, Martine Boulianne¹, Anne Leboeuf¹,
Nathalie Robin², Julie Arsenault^{1*}

(1) Faculty of Veterinary Medicine, Université de Montréal, 3200 Sicotte,
St. Hyacinthe, Quebec J2S 7C6, Canada

(2) Les Éleveurs de volaille du Québec, 555 boulevard Roland-Therrien, bureau 250,
Longueuil, Quebec J4H 4G1, Canada

L'utilisation d'antimicrobiens (UAM) dans les élevages avicoles est essentielle pour lutter contre les maladies et les agents pathogènes des volailles. Cependant, l'UAM dans la production animale a été liée à l'émergence de la résistance aux antimicrobiens (AMR). La surveillance et l'utilisation responsable des antimicrobiens au niveau des élevages sont cruciaux pour lutter contre l'AMR. Le développement d'indicateurs spécifiques de l'UMA est important pour quantifier l'UAM au niveau ces élevages. Cette étude vise à décrire les tendances d'utilisation des antimicrobiens administrés par l'aliment chez les poulets de chair de 2017 à 2022 au Québec selon le nombre de milligrammes par Population Correction Unité (mg/PCU), le nombre de doses quotidiennes définies pour les animaux par 1000 jours-poulets à risque (nDDDvetCA/1000 jours-poulets à risque) et le nDDDvetCA/1000 jours-poulets à risque basé sur le poids estimé réel des oiseaux au moment du traitement, et de comparer les résultats obtenus.

Les données fournies par les Éleveurs de Volaille du Québec ont été analysées pour décrire l'UMA. Les poids des oiseaux au traitement et les quantités quotidiennes d'aliments consommés dans chaque lot ont été estimés pour calculer l'indicateur basé sur le poids estimé réel des oiseaux au traitement.

Les trois principaux ingrédients actifs antimicrobiens (IAA) utilisés étaient la bacitracine, la monensine et la nicarbazine. Une corrélation élevée a été observée entre les deux nDDDvetCAs. Les consommateurs d'antimicrobiens plus élevés selon les trois indicateurs ont été identifiés et comparés. Cette étude fourni un aperçu de l'UAM via l'aliment dans les élevages de poulets de chair au Québec.

Étude de la contamination de la chaîne de production de poulets de chair au Québec par *Clostridium perfringens* entérotoxigène

Auteurs : **Alexandra Caron**, Marie-Lou Gaucher^{1,2}, Alexandre Thibodeau^{1,2}, Mohamed Rhouma^{1,2}

(1) Chaire de recherche en salubrité des viandes, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, CP 5000, St-Hyacinthe, Québec, Canada J2S 7C6

Clostridium perfringens est la deuxième cause la plus fréquente d'intoxication alimentaire au Canada, la volaille et ses produits étant des sources d'exposition qui semble être importante. Cependant, la contamination de la chaîne de production de poulets de chair par ce pathogène reste peu documentée. Cette étude vise à mieux comprendre l'épidémiologie de la bactérie et le rôle du poulet en tant que réservoir d'exposition pour le consommateur.

Nous avons suivi 30 lots de poulets de chair, du couvoir à l'abattoir, en incluant également les troupeaux d'oiseaux reproducteurs fournisseurs. Pour chacun des lots, une visite d'échantillonnage a été réalisée avant le placement des poussins et lors de la sortie des oiseaux pour l'abattoir et visait à documenter chacune des grandes étapes de la chaîne. L'ADN a été extrait suite à un enrichissement des échantillons en milieu sélectif pour *C. perfringens* et le gène *cpe* a été amplifié par PCR afin d'établir le statut de l'échantillon.

Les résultats préliminaires montrent une positivité variable selon l'étape de la chaîne. À l'entrée des poussins, les échantillons de moulée et de litière ont montré une positivité de 66% et de 30%. Cependant, à la sortie des poulets, ces mêmes étapes étaient positives dans 57% et 0% des cas, alors que 38% des échantillons de moulée et de cageots de transport vers l'abattoir étaient positifs.

Nos résultats soulignent la nécessité d'une meilleure compréhension de la présence du pathogène à la ferme, celle-ci passant entre autres par un isolement et une caractérisation des souches de *C. perfringens*.

Caractériser l'effet des terpènes sur la réponse nociceptive et les cibles moléculaires chez *Caenorhabditis elegans*

Auteurs : **Kaoutar Benkhraba**, Fatma Boujenoui, Francis Beaudry

- (1) Département de biomédecine vétérinaire, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal
- (2) Centre de recherche sur le cerveau et l'apprentissage (CIRCA), UdeM, Montréal, Québec, Canada

Notre projet se consacre à l'évaluation des effets antinociceptifs de quatre terpènes : limonène, humulène, myrcène et bêta-caryophyllène, afin d'étudier la régulation du système vanilloïdes chez *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*). Notre objectif est de caractériser les réactions nociceptives induites par ces terpènes et d'identifier les mécanismes moléculaires fondamentaux en utilisant *C. elegans* comme modèle d'étude.

La méthode utilisée quantifie l'effet antinociceptif de chaque terpène chez *C. elegans* par la thermotaxie (Nkambeu et al., Neuropeptides, 2019). Pour évaluer la relation dose-effet, les nématodes sauvages sont exposés à des concentrations croissantes de terpènes. Pour prédire leurs cibles, des tests supplémentaires sont menés sur des souches mutantes exprimant les récepteurs vanilloïdes orthologues OCR-2 et OSM-9. Les voies de signalisation et les processus biologiques induits par ces terpènes sont identifiés par des analyses protéomiques et bio-informatiques.

L'hypothèse postule que les terpènes exercent des effets antinociceptifs mesurables chez *C. elegans*, avec une corrélation significative avec la modulation des récepteurs vanilloïdes OCR-2 et OSM-9.

Les résultats démontrent une activité antinociceptive des quatre terpènes chez *C. elegans*, ciblant spécifiquement les récepteurs TRPV1. Les analyses protéomiques et bio-informatiques révèlent des différences significatives dans les voies de signalisation et les processus biologiques induits par ces terpènes, offrant une perspective moléculaire sur les mécanismes antinociceptifs.

En conclusion, cette étude caractérise les effets antinociceptifs des terpènes chez *C. elegans*, mettant en lumière les mécanismes moléculaires sous-jacents. Ces résultats permettront une meilleure compréhension des applications potentielles des terpènes dans la gestion de la nociception, ouvrant ainsi la voie à des recherches futures.

Virus de la bronchite infectieuse aviaire : contrôle par les miARNs

Auteurs : **Véronique Charreton-Sanford**¹, Dr Carl A. Gagnon^{1,2}

- (1) Laboratoire des maladies infectieuses virales vétérinaires, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal
- (2) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

La recherche porte sur le virus de la bronchite infectieuse aviaire (IBV), dont les cas sont en hausse au Québec depuis 2015. Effectivement, bien que le virus attaque principalement les poulets de chair, il touche aussi les poules pondeuses causant une augmentation de la mortalité et du nombre d'infections secondaires. De surcroît, il entraîne une diminution de la production d'oeufs suite au syndrome de fausses pondeuses, causant ainsi de lourdes pertes à l'industrie aviaire puisque le Québec fournit environ 20% de la production canadienne. En combinant la nature du virus, l'émergence de nouvelles souches entre 2015 et 2017 et la difficulté à atteindre une immunité autre que locale, cette recherche propose une alternative.

Le but du projet proposé est l'exploration de stratégies antivirales contre l'IBV par l'entremise de petites séquences régulatrices connues sous le nom de microARNs (miARNs). Ces derniers sont de petites séquences d'ARNs non-codants ayant pour rôle la régulation de la synthèse protéique. Les objectifs sont de premièrement décrire les réponses antivirales induites et les miARNs utilisés par les macrophages infectés par l'IBV, mais aussi d'évaluer les fonctions des cellules présentatrices d'antigènes pendant l'infection. Deuxièmement, l'analyse in silico des gènes non-codants utilisés lors de l'infection aidera à prédire les miARNs ayant un impact régulateur dans le but d'évaluer leurs activités antivirales, et ce, contre plusieurs souches d'IBV.

En somme, l'identification des miARNs impliqués dans la réponse immunitaire pourrait permettre de contrôler la réplication virale afin de rendre possible une administration potentielle de ces miARNs aux cellules infectées.

Identification de marqueurs précoces d'anomalies périnatales d'origine épigénétique en production bovine

Auteurs : **Alyson Daigneault**¹, Samuel Gusscott¹, Amélie Tremblay², Rémi Labrecque² et Julie Brind'Amour¹

(1) Département de Biomédecine Vétérinaire, Centre de Recherche en Reproduction et Fertilité, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada.

(2) L'Alliance Boviteq (SEMEX), Saint-Hyacinthe, Québec, Canada.

La production bovine utilise une combinaison de techniques de reproduction assistée (TRA) afin d'améliorer le gain génétique et le rendement grâce à la réduction de l'intervalle entre les générations. Il a été démontré que ces techniques engendrent des taux plus élevés d'anomalies développementales chez les veaux, impactant négativement le bien-être animal, le profit génétique et les coûts reliés.

Plusieurs étapes des TRA coïncident avec des périodes du développement où les marques épigénétiques comme la méthylation de l'ADN et les marques d'histones sont reprogrammées. Certaines de ces anomalies ont été associées à des défauts épigénétiques ayant une prévalence accrue par l'utilisation des TRA telles que la production *in vitro* d'embryons. Malgré une série d'analyses morphologiques très strictes et un dépistage génétique permettant d'assurer leur qualité, une proportion des embryons produits *in vitro* peut donner naissance à des veaux anormaux.

Notre hypothèse est que les erreurs épigénétiques sont déjà établies dans le blastocyste et pourraient être détectées avant le transfert des embryons. L'objectif du projet est donc d'identifier des marqueurs d'anomalies périnatales. Nous utilisons différentes techniques de séquençage à haut débit permettant de produire, intersecter et comparer l'épigénome de veaux normaux et anormaux avec celui du blastocyste. Nous pourrions ainsi recenser les régions du génome sensibles aux erreurs épigénétiques qui sont identifiables chez le blastocyste.

Ce projet permettra d'améliorer le programme d'assurance-qualité des embryons produits *in vitro*. Les données de séquençage de haute qualité produites viendront ainsi combler un manque dans les données bovines actuellement accessibles.

Serotypes and Antimicrobial Resistance Profiles Among European *Streptococcus suis* Strains

Authors: **Kevin Li**^{1,2}, Sonia Lacouture¹, Hubert Gantelet³, Eric Lewandowski³, Eric Thibault³, Marcelo Gottschalk¹, Nahuel Fittipaldi¹

- (1) Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, St-Hyacinthe, QC, Canada;
- (2) Department of Cell and Systems Biology, University of Toronto, Toronto, ON, Canada;
- (3) Ceva Biovac, Beaucauzé, France.

Streptococcus suis causes important economic losses to the porcine industry and it is divided into 29 different serotypes based on a serological reaction against the capsular polysaccharide. Currently, more than 2,500 sequence types (ST) based on a multi-locus sequence typing (MLST) scheme are recognized.

Here, genomic approaches were used to attempt to study and characterize the genetic diversity, antimicrobial resistance (AMR) profiles, and virulence factor content of a collection of 251 field strains isolated from diseased pigs in several European countries (Belgium, France, Germany, Hungary, the Netherlands, Spain, and the United Kingdom) through convenience sampling. The genomes of the strains were sequenced using Illumina short-read technology. Serotyping and MLST were derived directly from the short-read data.

We found that isolates belonged to serotypes 1, 1/2, 2, 3, 4, 5, 7, 8, 9, 10, 16, 18, and 23. A total of 33 STs including 14 novel STs were identified. Most isolates (72.9%) were of serotypes 2 ST1 and serotype 9 ST16. Also, majority of isolates possessed genes potentially conferring resistances to tetracycline and macrolide antibiotics. A total of 214 (85.3%) of isolates contained at least 1 AMR gene. Differences in AMR gene content, but no differences in classical VAG gene profiles (*epf*, *mrp*, *sly*) were found between the major groups.

Our results show that genomic characterization of *S. suis* field strains can be instrumental for facilitation of evidence-based antimicrobial treatment and can inform the inclusion of relevant strains in autogenous vaccine formulations.

Caractérisation des *E. coli* résistants aux antibiotiques causant de la mortalité chez les veaux lourds du Québec

Auteurs: **Maude Turcotte**¹, Sébastien Buczinski², John Fairbrother¹, Marie-Lou Gauthier³, Frédéric Beaulac⁴, Ghyslaine Vanier¹, Yves Terrat⁵, Maud de Lagarde¹

(1) Département de pathologie et microbiologie, Laboratoire EcL, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal.

(2) Département de science clinique, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal.

(3) Laboratoire de santé animale, MAPAQ.

(4) DMV, Clinique vétérinaire S.V.A. TRILP-V Inc.

(5) Consortium santé numérique, Université de Montréal.

Dans les 5 dernières années, on constate une augmentation des cas de mortalité chez les veaux lourds de moins de deux semaines dus à des infections à *E. coli*. Cependant, ces souches ne présentent pas les gènes de virulence classiques, ce qui complique leur diagnostic. En outre, plus de 90% de ces souches sont multirésistante (MDR), c'est-à-dire résistance à 3 familles d'antibiotiques, et la résistance aux antibiotiques critiques pour la médecine humaine augmente. Ces veaux pourraient ne plus avoir d'option thérapeutique à moyen terme.

Nous souhaitons (1) identifier les caractéristiques phylogénétiques de ces souches afin de détecter rapidement les isolats prédominants (2) identifier les gènes de virulence et de résistance présents.

Le génome complet de 32 isolats responsables de septicémie chez le veau, a été séquencé au Laboratoire EcL avec le iSeq100. Les analyses in silico ont été réalisées à l'aide de la plateforme Center for Genomic Epidemiology.

9 (28%) des isolats séquencés (n=32) appartiennent au MLST 117 et au phylogroupe G. Ils présentent le fimH97 et le H-sérogroupe H4. En revanche, les O-sérogroupes sont diversifiés. Cinq isolats (5/9) possèdent 5 gènes prédicteurs de pathogénicité (iss, iutA, ompT, hlyF, iroN), tandis que 4/9 isolats en possèdent 3. De plus, l'adhésine CS31a semble être présente dans 3 isolats. Ces 9 isolats présentent des gènes de résistance 4 familles d'antibiotiques et deux isolats sont porteurs de gènes de résistance aux β -lactamase à spectres étendus.

Un tiers (1/3) des isolats séquencés appartiennent à une lignée clonale ExPEC (*E. coli* extra-intestinal), potentiellement candidate pour un vaccin.

Administration d'androgène chez des chevaux atteints d'asthme équin sévère : une étude à l'aveugle, croisée et randomisée

Auteurs : **Camille Ruault**¹, Sophie Mainguy-Seers¹, Laurence Leduc¹, Tristan Juette²
et Jean-Pierre Lavoie¹

- (1) Laboratoire de recherche sur l'asthme équin, Département de Sciences Cliniques,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal
(2) Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

L'asthme équin sévère est une condition débilitante et incurable des chevaux. Chez les humains asthmatiques, un faible taux sérique de testostérone est associé à une mauvaise fonction pulmonaire, tandis que l'administration d'androgènes améliore l'obstruction respiratoire chez les femmes asthmatiques. De plus, la testostérone atténuerait la neutrophilie pulmonaire dans les modèles murins d'asthme, un type d'inflammation aussi impliqué dans l'asthme équin et humain.

Nous avons donc étudié le potentiel thérapeutique des androgènes chez 10 chevaux asthmatiques sévères provenant d'un troupeau de recherche. Nous avons comparé les effets du cypionate de testostérone intramusculaire (dose unique, 0.35 mg/kg) à la dexaméthasone orale (0.06 mg/kg, q24h, 10 jours ; contrôle positif) dans une étude à l'aveugle, croisée et randomisée. La fonction pulmonaire a été évaluée au début (Jour (J) 0), à J5 et J10. L'inflammation pulmonaire a été évaluée grâce à la cytologie des lavages bronchoalvéolaires effectués à J0 et J10. Les données ont été analysées avec un modèle linéaire mixte.

Les deux traitements ont amélioré la fonction pulmonaire au cours du temps ($p < 0.001$), avec un effet plus marqué de la dexaméthasone. Aucun des deux traitements n'a modifié l'inflammation pulmonaire neutrophilique, et l'ordre des traitements n'a pas eu d'impact sur les variables mesurées.

L'amélioration de la fonction pulmonaire obtenue avec les androgènes justifie l'investigation des mécanismes physiologiques impliqués, ouvrant potentiellement la voie à des thérapies innovantes.

Characterization of the antinociceptive effects and molecular targets of anandamide in *Caenorhabditis elegans*

Auteurs: **Marzieh Abdollahi**^{1,2}, Jennifer Ben Salem^{1,2} and Francis Beaudry^{1,2}

(1) Département de Biomédecine Vétérinaire, Faculté de Médecine Vétérinaire,
Université de Montréal

(2) Centre de recherche sur le cerveau et l'apprentissage (CIRCA), Université de Montréal

Animal experiments have provided extensive knowledge on pain but limited new pain relief drugs. *C. elegans* offers a model for studying pain at physiological and molecular levels. This nematode exhibit reproducible nocifensive behaviors to noxious stimuli mediated by conserved pain pathways like TRP channels and cannabinoid receptors. Studies show *C. elegans* TRPV channels sense heat and trigger neuropeptide release. *C. elegans* has an endogenous cannabinoid system with ligands, receptors, and biosynthetic enzymes resembling mammals. This model can be used to evaluate the antinociceptive effects of TRPV or cannabinoid ligands relevant to mammals. More research on TRPV and cannabinoid interactions in *C. elegans* nociception could better define their roles and lead to innovative pain relief strategies.

The hypothesis is that in *C. elegans*, endocannabinoids target vanilloid receptors to produce antinociceptive effect. The objectives are to characterize the effects of anandamide (AEA), study the interplay between vanilloid and cannabinoid systems using mutants and pharmacology, and identify the molecular targets of anandamide. Nocifensive responses to noxious heat will be measured in wildtype and mutant *C. elegans* treated with anandamide. TRPV channel and cannabinoid receptor mutants will be phenotyped. Proteomics will identify signaling pathways modulated by anandamide. Thermal shift assays and quantitative proteomics will systematically identify direct protein targets of anandamide. The goal is to elucidate the mechanisms of antinociception mediated by endocannabinoids and vanilloid receptors in *C. elegans*.

Wildtype and mutant *C. elegans* showed no temperature preference without stimulus. AEA reduced heat avoidance in all strains, implying antinociceptive effects not relying on specific vanilloid or cannabinoid receptors. Proteomics revealed anandamide upregulated ion homeostasis, cation homeostasis, translation, and mTORC1 pathways in wild-type nematode, suggesting activation of vanilloid receptors like OSM-9 and OCR-2. This calcium influx is a key event in the modulation of neurotransmitter release and has been directly linked to the synthesis and release of neuropeptides. In mammals, TRPV1-mediated calcium influx can activate transcription factors leading to the upregulation of genes encoding proneuropeptides or proteins involved in proneuropeptide biosynthesis. Neuropeptides act as neurotransmitters and are central to trigger nocifensive response in *C. elegans*. Following *C. elegans* exposition to AEA, enrichment analysis of down-regulated DEPs revealed pathway Toll-Like Receptor 4 (TLR4) Cascade is significantly enriched. Activation of TLR4 initiates signaling cascades that lead to the release of pro-inflammatory cytokines and chemokines and it has been linked to the sensitization of nociceptive pathways. AEA can activate CB2 receptors leading to anti-inflammatory and immunomodulatory effects in mammals.

Lats1/2 are essential for mouse mature Sertoli cell function

Auteurs : **Laureline Charrier**¹, Nour Abou Nader¹, Julie Brind'Amour¹, Alexandre Boyer¹

(1) Département de Biomédecine Vétérinaire, Centre en Recherche, Reproduction et Fertilité,
Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal, Saint Hyacinthe, Québec

Mature Sertoli cells play significant roles in the process of spermatogenesis as they provide essential physical and nutritional support to maturing male germ cells. Therefore, it is crucial to gain a better understanding of the signaling pathways that regulate these processes. The Hippo pathway is well-known for its roles in tissue development, tumor formation and postnatal tissue homeostasis. When active, the Hippo signaling pathway triggers a series of kinase reactions that ultimately result in phosphorylation and the nuclear export, sequestration, and/or degradation of the transcriptional activators YAP/TAZ. Conversely, when Hippo signaling is inactive, YAP/TAZ form complexes with numerous transcription factors to activate their target genes. In mature Sertoli cells, YAP undergoes extensive phosphorylation, suggesting activation of the Hippo signaling pathway. However, the importance of Hippo signaling in mature Sertoli cells remains to be addressed. To investigate this further, we created a tamoxifen-inducible mouse model in which Lats1 and Lats2, the core Hippo signaling kinases, were inactivated in mature Sertoli cells (Lats1 flox/flox; Lats2 flox/flox; Wt1 CreERT2/+). Preliminary analyses of this mouse model suggest uneven recombination of Lats1/2 in Sertoli cells of young adult mice 10 days post tamoxifen injection. Histopathological characterization of mutant mice revealed tubular abnormalities accompanied by germ cell loss. To characterize this phenotype more precisely, whole testis RNA-sequencing was conducted to establish a connection between the knockout of Hippo pathway kinases, the increase and YAP/TAZ transcriptional activity and the observed morphological alterations. Taken together, these results underscore the essential role of regulating YAP activity in maintaining proper Sertoli cell functions.

Morphologic characterization of uterine changes and inflammatory profiles during the bovine post-partum period

Authors: **Karine de Vargas Aires**^{1,2}, Leonardo Guedes de Andrade^{1,2}, Gustavo Zamberlam¹, Alfredo Quites Antoniazzi², Guillaume St-Jean¹

- (1) Centre de recherche en reproduction et fertilité (CRRF), Faculté de médecine Vétérinaire (FMV), Université de Montréal (UdeM), Québec, Canada.
- (2) Laboratory of Biotechnology and Animal Reproduction, BioRep, Veterinary Hospital, Federal University of Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brazil.

Endometritis is a frequent postpartum disease in cows that has significant health and economic impacts on the bovine industry. Understanding the mechanisms governing its development could facilitate the prevention, early diagnosis, or new treatment approaches for the disease. However, it requires a thorough understanding of the physiological processes occurring during the postpartum period. This study aimed to characterize the morphological adaptations and physiological inflammation occurring during uterine involution in order to help understand the key steps during this risk period. Endometrial biopsies were collected from healthy cows on postpartum Days 2, 7, 21, and 35. Structures and characteristics examined included the epithelial integrity, the stratum compactum and spongiosum, the number and morphology of uterine glands, the presence of lymphoid nodules, stromal edema, and vasodilation. The epithelium remained pseudostratified columnar throughout the involution. Endometrial glands were present in the stratum spongiosum of all groups, and their number increased significantly on day 35. Lymphoid nodules were apparent on Day 21. Using immunohistochemical markers, B lymphocytes (CD79), T lymphocytes (CD3), Natural Killer cells (CD335), macrophages (CD204), and neutrophils were marked and semi-quantitatively assessed. All inflammatory cell types were noted during the postpartum period, with lymphocytes being the most abundant at Day 21 ($P = 0.01$). Early postpartum days displayed acute inflammation, characterized by high polymorphonuclear cell concentrations and significant macrophage infiltration. These findings help understand the inflammatory processes occurring in the bovine endometrium across the postpartum period and could serve as potential data to help study the development of endometritis.

**Caractérisation somatosensorielle de l'arthrose canine :
une étude prospective, longitudinale comparative à un groupe contrôle sain.**

Auteurs : **A. Delsart**†, M. Moreau†, C. Otis†, M. Barbeau-Grégoire‡, M. Lefort-Holguin†,
B. Lussier†,§, J-P. Pelletier§, J. Martel-Pelletier§, E. Troncy†,§.

† Groupe de recherche en pharmacologie animale du Québec (GREPAQ), St-Hyacinthe, Canada

‡ Faculté de médecine, Université de Montréal, Montréal, Canada

§ Osteoarthritis Research Unit, CHUM Hospital Research Centre (CRCHUM), Montreal, Canada

La sensibilisation somatosensorielle est décrite dans l'arthrose (OA) humaine^[1] et féline^[2] mais pas dans l'OA canine.

Des chiens OA (n=53) et sains (n=6) inclus en mars 2021 (évidences radiographiques et orthopédiques), furent acclimatés puis évalués aux deux mois (J0-J588). La sensibilisation périphérique (SP; métatarse) et le contrôle inhibiteur endogène (CIE; stimulus conditionnant ischémique) furent évalués avec un palpomètre (seuil limite=10N), alors qu'un brossage délicat (max=4 passages) testa l'allodynie. Leur actimétrie fut enregistrée continuellement. Les chiens furent classés en deux groupes : traités (antidouleur) ou non.

Les évaluations des chiens sains furent répétables ($\rho=0,560$; $P<0,08$) et les seuils de retrait sensibles aux chiens OA, diminués dès J0 ($P<0,01$). Les chiens non-traités furent classés en deux groupes d'après les terciles de J0 : 'peu sensibilisés' (SP>7,91N) et 'très sensibilisés' (SP<6,25N). Le pourcentage des 'très sensibilisés' a doublé entre J0 et J588, avec en moyenne 66% d'allodyniques. Les chiens avec une sensibilisation accrue de J0 à J588 avaient un CIE majoritairement (60%) non-fonctionnel à J0 mais sollicité à J588 (doublé de 40 à 80%) et une mobilité stable (pour 50%). Les chiens restant dans la même catégorie de sensibilisation, à 79% présentaient un CIE fonctionnel à J0 mais seulement 56% à J588, avec une mobilité descendante (81%). Les chiens requérant un traitement ou l'euthanasie présentaient une évolution rapide des dommages radiographiques une sensibilisation accrue (non-répondante au traitement) malgré l'activation du CIE et une mobilité descendante.

La fonctionnalité du CIE et l'activité motrice semblent prédire une aggravation de la sensibilisation, objectivée par les TSQ.

Références :

1. Fingleton, C., et al., Pain sensitization in people with knee osteoarthritis: a systematic review and meta-analysis. *Osteoarthritis and Cartilage*, 2015. 23(7): p. 1043-1056.
2. Monteiro, B.P., et al., Quantitative sensory testing in feline osteoarthritic pain - a systematic review and meta-analysis. *Osteoarthr Cartil*, 2020. 28(7): p. 885-896.

Interaction hôte-parasite dans le contexte de la résistance de *Leishmania* spp. aux antimoniaux

Auteurs: **Rafael Fernandes Ferreira**¹, Claudia Duquette¹, Audrey Corbeil¹, Ana Victoria Ibarra-Meneses¹, Tiago Rodrigues Ferreira², Rubens Lima do Monte Neto³, Christopher Fernandez Prada¹

- (1) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal
- (2) Laboratory of Parasitic Diseases, National Institute of Allergy and Infectious Diseases, National Institutes of Health, Bethesda, MD, USA
- (3) Fundação Oswaldo Cruz-Fiocruz, Instituto René Rachou, Belo Horizonte, MG, Brasil

La leishmaniose est une maladie zoonotique qui affecte milliers de personnes dans le monde causée par des parasites du genre *Leishmania*. L'émergence de parasites résistants aux médicaments disponibles ainsi qu'une quiescence des parasites chez l'hôte mammifère après la guérison de la maladie est une déficence dans la lutte contre cette maladie. Notre projet vise à analyser le comportement des parasites *Leishmania* résistants aux antimoniaux au cours d'une infection, *in vitro*, dans les macrophages BMDM, en se concentrant particulièrement sur leur impact dans les cellules hôtes par rapport aux parasites sensibles.

Nous avons généré des souches de *Leishmania infantum* ainsi que *Leishmania donovani* provenant des patients de l'Inde, sensibles et résistants, tous exprimant la protéine fluorescente photoconvertible kikume verte; cela nous permettra d'évaluer la capacité d'infectivité de ces parasites, en comparant ses taux de fluorescences au cours d'une infection; pour évaluer le taux de réplication, nous soumettrons ces parasites à une exposition à la lumière UV et ces protéines vertes deviendront rouges; au fur et à mesure que ces parasites répliquent à l'intérieur des macrophages, ces protéines rouges mélangeront avec des protéines vertes exprimées après cette exposition, ce que nous permettra de faire la corrélation entre les taux de fluorescences et de prolifération des parasites.

En élucidant les mécanismes sous-jacents à la résistance aux médicaments chez les parasites *Leishmania*, nous visons à clarifier les mécanismes par lesquels les parasites peuvent entraîner à un état de quiescence ce qui pourrait contribuer au développement de thérapies améliorées ciblant aussi des parasites quiescents.

Regulation and function of CTGF in bovine granulosa cells during the establishment of ovarian follicle dominance

Authors: Leonardo Guedes de Andrade^{1,2}, Valério Marques Portela², Karine de Vargas Aires^{1,2}, Natalia Jakuc¹, Alfredo Quides Antoniazzi², Paulo Bayard Dias Gonçalves², Gustavo Zamberlam¹

- (1) Centre de recherche en reproduction et fertilité (CRRF), Faculté de médecine Vétérinaire (FMV), Université de Montréal (UdeM), Québec, Canada.
- (2) Laboratory of Biotechnology and Animal Reproduction, BioRep, Veterinary Hospital, Federal University of Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brazil.

Increased estradiol (E2) secretion by ovarian granulosa cells (GC) is one of the most important characteristics of the dominant ovarian follicle health and growth in mammals and, the key steroidogenic enzyme to this process is CYP19A1.

Employing a well-established differentiation bovine GC culture model in vitro, we have performed a series of experiments to provide novel evidence that the expression of the classic YAP-TEAD target gene connective tissue growth factor (CTGF) must be reduced in GC of the future dominant follicle to allow the expression of CYP19A1.

Our results indicate that factors that stimulate E2 secretion in GC by upregulating CYP19A1 mRNA levels, as FSH and IGF-1, also downregulate mRNA levels for CTGF in bovine GC. Interestingly, E2 can directly downregulate CTGF mRNA levels in dose-dependent manner. Most importantly, the treatment with CTGF recombinant protein alone shows that this factor downregulates basal levels of CYP19A1 mRNA but does not change the basal expression of other important markers of GC differentiation. We then cultured GC with FSH or IGF-1 alone or in the presence of CTGF and the results demonstrated that CTGF pretreatment indeed prevents both FSH- and IGF1-induced CYP19A1 transcription in bovine GC.

Taken together, these findings suggest that CTGF may represent a potential pharmacological target in vivo to better use the ovarian follicle reserve in high genetic merit animals superovulated for in vitro embryo production. This is a major economic activity not only in the Canadian dairy as worldwide.

Expression of a constitutively active form of YAP in murine gonadotrope cells leads to morphological alterations of the pituitary gland and impairs gonadotropin synthesis

Authors: **Natalia Jakuc**¹, Michael Bérubé¹, Esdras Corrêa dos Santos¹, Guillaume St-Jean¹, Marilène Paquet¹, Daniel J. Bernard², Derek Boerboom¹, Alexandre Boyer¹ and Gustavo Zamberlam¹

- (1) Centre de recherche en reproduction et fertilité (CRRF), Faculté de médecine Vétérinaire (FMV), Université de Montréal (UdeM), Québec, Canada.
- (2) Department of Pharmacology & Therapeutics, McGill University, Montréal, Québec, Canada.

The Hippo transcriptional coactivators, YAP and TAZ, are expressed in cells throughout the anterior pituitary gland in mammals. Although the physiological roles of YAP and TAZ in gonadotrope cells was unknown, we recently reported, for the first time, that conditional deletion of YAP and TAZ in these gonadotropin-producing cells results in increased hyperfertility due to increased circulating levels of LH and FSH in mice.

Here, to better understand the effects of Hippo signaling in gonadotropes, we conditionally expressed a constitutively active YAP (5SA) in these cells using the Cre-lox system with one of two Cre-driver strains, steroidogenic factor-1 (SF-1)-Cre or GnRH receptor-IRES-Cre (GRIC). Such crosses generated two distinct mouse models in which an increased and constant YAP-induced transcription is obtained following Cre-mediated recombination.

As expected, animals from both models showed significantly reduced serum LH and FSH levels, however, gross morphological, histopathological and immunohistochemistry analyses also showed that male and female mutants from both models also present significant alterations in the pituitary gland that strongly suggest pituitary blastoma or choriocarcinoma. Most interestingly, these alterations seem to extend beyond gonadotropes, as qPCR analysis of other pituitary cell lineages markers levels were significantly decreased in pituitaries of mutant animals.

Together, these findings will lead us to better understand the role of Hippo signaling in the pathogenesis of pituitary disorders and whether it is a potential target pathway for their treatments. This is particularly important in the veterinary field, as pituitary tumors are common in dogs and are increasingly recognized in cats.

Prévalence de la diarrhée virale bovine dans les troupeaux laitiers canadiens

Auteurs : **Marie-Pascale Morin**¹, Faustin Farison¹, Vitória Régia Lima Campêlo¹, William Lelorel Nankam Nguekap¹, Karol Gilberto Solano Suarez¹, Herman W. Barkema², Waseem Shaukat², David L. Renaud³, David F. Kelton³, Marianne Villettaz Robichaud⁴, Gilles Fecteau⁴, Jean-Philippe Roy⁴, Juan Carlos Arango Sabogal¹, Marie-Ève Paradis^{5,6} et Simon Dufour¹

(1) Département de Pathologie et Microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Faculty of Veterinary Medicine and Cumming School of Medicine, University of Calgary

(3) Department of Population Medicine, Ontario Veterinary College, University of Guelph

(4) Département de Sciences Cliniques, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(5) Association des médecins vétérinaires praticiens du Québec, AMVPQ

(6) DS@HR Inc.

Cette étude vise à estimer dans les troupeaux laitiers canadiens la prévalence de la diarrhée virale bovine (DVB) et évaluer la performance diagnostique de différentes approches pour déterminer le statut infectieux des troupeaux.

Nous avons échantillonné dix animaux de 4 à 18 mois de 328 troupeaux canadiens (Québec, Ontario et Alberta) notant leur historique de vaccination contre la DVB. Un test ELISA d'anticorps et une RT-qPCR ont été réalisés sur du sérum et sang total, respectivement. Un troupeau a été classé comme positif si ≥ 2 animaux positifs à l'ELISA ou si ≥ 1 animal positif à la RT-qPCR. La prévalence réelle des troupeaux infectés et la sensibilité et la spécificité des tests diagnostiques, en tenant compte du statut de vaccination des animaux, seront mesurées avec des modèles de variables de classe latente.

Au total, 2952 animaux provenant de 328 troupeaux ont été échantillonnés, parmi lesquels 1373 animaux de 207 troupeaux étaient non vaccinés contre la DVB. Les analyses préliminaires révèlent que 13 % des animaux non vaccinés présentent des anticorps contre la DVB et 0,1 % montrent la présence de l'antigène viral. Dans 141 troupeaux, tous les animaux étaient négatifs au test ELISA, 32 troupeaux avaient un seul animal positif, et 34 troupeaux avaient ≥ 2 animaux positifs. Dans le seul troupeau avec un animal positif à la RT-qPCR, un seul animal supplémentaire était positif à l'ELISA. La prévalence apparente de la DVB au niveau des troupeaux était de 17 % (IC95 : 12, 23), suggérant une prévalence modérée dans ces provinces canadiennes.

In Vitro and Ex Vivo Assessment of Zearalenone Toxic Effects on Porcine Uterus

Authors: **Ivan Pavlov**, Muhammad Asaduzzaman, Imourana Alassane-Kpembé ¹

(1) Department of Veterinary Biomedicine, Faculty of Veterinary Medicine, University of Montreal

The Fusarium toxin Zearalenone (ZEN) is one of the most prevalent feed contaminants in North America. The chemical structure of ZEN reveals a resemblance to endogenous estrogen 17 β -estradiol (E2). Therefore, the major toxic effect of ZEN is related to its ability to competitively bind the estrogen receptor and exert estrogen-like activity resulting in various reproductive disorders. It is also known to induce non-estrogenic effects such as apoptosis and inflammatory response stimulation. Among livestock, pigs are the most sensitive to ZEN, and hence most suffering from its impact.

This study aimed to assess the toxic effects of ZEN on the pig uterus using in vitro and ex vivo models. To estimate the expression of estrogen-responsive, inflammatory, and apoptotic genes, porcine endometrial epithelial cells were collected for 24-hour exposure to several concentrations of ZEN and E2 ranging from 30 μ M to 0.03 μ M. Histopathological changes in the uterine wall were assessed using endometrial explants exposed to 30 μ M ZEN and 30 μ M E2 for 24 hours.

The analysis of RT-qPCR data showed a significant effect of the highest ZEN concentration on the expression of target genes compared to the control. The histological analysis of explants revealed a high proliferation of endometrial glands caused by ZEN. The ex vivo technique has proven to be a promising tool for studying the toxic effects of mycotoxins.

La transplantation de microbiote fécal comme traitement adjoind de la dermatite atopique canine

Auteurs : **Rullier Marine**¹, Sauv  Frédéric², Blais Marie-Claude², Suchodolski Jan³, Costa Marcio C¹

(1) D partement des Sciences Biom dicales, Facult  de M decine V t rinaire,
Universit  de Montr al, Saint-Hyacinthe, Qu bec, Canada

(2) D partement des Sciences Cliniques, Facult  de M decine V t rinaire, Universit  de Montr al,
Saint-Hyacinthe, Qu bec, Canada

(3) Laboratoire Gastro-Intestinal, Facult  de M decine V t rinaire, Texas A&M University,
College Station, Texas, USA.

Le d s quilibre du microbiote intestinal jouerait un r le dans le processus inflammatoire associ    la dermatite atopique canine (AD). Il a  t  rapport  que le r tablissement d'un microbiote intestinal sain via une transplantation de microbiote intestinal (FMT) provenant d'un donneur am liore les signes cliniques de cette maladie. Cependant, peu d' tude clinique utilise des contr les et/ou plac bos. Nous avons donc investigu  ce nouveau traitement dans une  tude clinique contr l e avec plac bo.

L'essai clinique comporte 3 groupes; un groupe traitement (FMT), un groupe plac bo et un groupe contr le. Les groupes FMT et plac bo sont compos s de chiens atopiques et le groupe contr le de chiens sains.

Les chiens du groupe FMT ont eu une FMT par  n ma au premier jour et ont maintenu ce traitement quotidiennement par voie orale   l'aide capsules de FMT lyophilis e pendant 30 jours. Pour le groupe plac bo, la FMT par  n ma  tait compos e des propres selles du chien (auto-transplantation) et les capsules  taient compos es de nourriture  cras e. Tous les chiens  taient nourris avec la m me di te. Les  chantillons f caux ont  t  r colt  avant la FMT et 30 jours plus tard pour en extraire l'ADN du microbiote intestinal.

Il n'y a pas de diff rences significatives observ es ni pour la richesse ni pour la diversit  du microbiote entre les groupes. La composition des communit s bact riennes n'a pas chang  apr s 30 jours de traitements de FMT dans aucun des groupes.

Le protocole utilis  dans cette  tude n'a pas  t  capable d'induire des changements dans le microbiote intestinal des chiens atopiques. Cela d montre l'importance de poursuivre l'investigation d'un protocole standardis  pour utiliser la FMT comme traitement chez les chiens atopiques.

Maternal HP1 proteins are essential for embryonic development in mice

Auteurs: **Camille Souchet**¹, Aaron Bogutz², Jafar Sharif³, Haruhiko Koseki³, Matthew Lorincz²
et Julie Brind'Amour¹

- (1) Département de Biomédecine Vétérinaire, Centre de Recherche en Reproduction et Fertilité, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada.
- (2) Department of Medical Genetics, Life Sciences Institute, University of British Columbia, Vancouver, British Columbia, Canada.
- (3) Laboratory for Developmental Genetics, RIKEN Center for Integrative Medical Sciences (IMS), Yokohama, Kanagawa, Japan

Emerging evidence implicates the introduction of epigenetic errors as the underlying cause of certain developmental syndromes. Mutations in the Heterochromatin Protein 1 (HP1) gene family have recently been identified in neurodevelopmental disorders and recurrent pregnancy losses. HP1 proteins are readers of histone H3 lysine 9 trimethylation (H3K9me3), a repressive epigenetic modification. HP1s can physically compact chromatin by interacting with additional HP1 proteins bound to adjacent nucleosomes.

Immediately after fertilization, epigenetic marks are erased and then reestablished during epigenetic remodeling. Our hypothesis is that dysfunction of HP1s in the oocyte could lead to errors in the establishment of the maternal and embryonic epigenome, impacting fetal development. The goal of our project is to evaluate the role of maternal HP1s during the maternal-zygotic transition.

To do this, we are using a murine model with conditional deletion of HP1s in oocytes to study the development of embryos from these females. Our preliminary results indicate that the suppression of HP1 in oocytes results in severe growth delays, craniofacial malformations, and embryonic resorptions in the offspring of these females.

These findings suggest that maternal HP1 proteins, present from the oocyte stage, are required in the early stages of development, before the activation of the embryonic genome.

**Pregabalin and Gabapentin impede the nocifensive response of *Caenorhabditis elegans*
to noxious heat**

Authors : **Jabin Sultana**^{1,2,3}, Marzieh Abdollahi^{1,2}, Francis Beaudry^{1,2}

(1) Département de Biomédecine Vétérinaire, Faculté de Médecine Vétérinaire,
Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada

(2) Centre de recherche sur le cerveau et l'apprentissage (CIRCA), Université de Montréal,
Montréal, Québec, Canada

(3) Department of Physiology, Biochemistry and Pharmacology, Faculty of Veterinary Medicine,
Chattogram Veterinary and Animal Sciences University, Chattogram, Bangladesh

Introduction, objectives and hypothesis: Voltage-gated calcium channels (VGCCs) and Transient Receptor Potential Vanilloid 1 (TRPV1) channels are both ion channels that play crucial roles in sensory perception. We hypothesize that *C. elegans* VGCCs are crucial to nociception. This study investigated the nocifensive responses of wild type (N2), *unc-2* (mutant of $\alpha 1$ subunit), and *unc-36* (mutant of 2δ subunit) mutants to noxious heat (33-35°C) with and without pregabalin and gabapentin exposition.

Methods: Thermal avoidance experiments were conducted using petri dishes, divided into four quadrants. Two quadrants were stimulated with heated tips at a temperature range of 32-35°C for 30 minutes. The worms of each quadrant were counted and calculated the thermotaxis index (TI) and thermal avoidance percentage (TA%).

Results and discussion: Both Pregabalin and gabapentin 100 μ M, inhibit the nocifensive response of *C. elegans* to noxious heat. The inhibition decreases with higher concentrations ($\geq 200\mu$ M) of both drugs. Our current understanding doesn't provide a definitive explanation of this outcome, prompting us to further research to understand the underlying factors. In mutants, there was no significant difference in thermal avoidance behavior before and after drug exposure, indicating that the drugs are ineffective due to the absence of a functional drug target. This study demonstrates for the first time that pregabalin and gabapentin have an antinociceptive response in *C. elegans* like mammals, but the mechanism of action is not yet determined, further proteomic study is needed to identify molecular targets of both drugs.

Impact of the study: The findings provide a new perspective on the potential of *C. elegans* as an alternate biomolecule screening tool.