

SEMAINE DE LA RECHERCHE

23 AU 26 MARS 2026 FMV

INSCRIPTIONS



La nutrition animale au service de la santé et du bien-être



Dr Tony BUFFINGTON

UC Davis School of Veterinary Medicine

Mercredi 25 mars



Dre Marie-Pierre LÉTOURNEAU MONTMINY

Université Laval

Jeudi 26 mars

Lundi 23 mars

AM: Webinaire de recrutement

PM: Table ronde

Mardi 24 mars

Journée des partenaires

Mercredi 25 mars

AM: Conférences et affiches

PM: Atelier de formation

Jeudi 26 mars

Conférences

Présentations orales + Affiches

MP180s + Savourez ta recherche

Gala + Cocktail

WEBINAIRE DE RECRUTEMENT

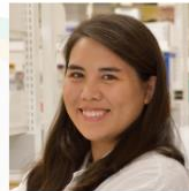
**Vous êtes intéressés à poursuivre vos études supérieures à la
Faculté de médecine vétérinaire?**

**Rejoignez-nous pour en apprendre davantage sur les programmes
offerts, en compagnie d'étudiant.e.s de la faculté!**



Giulia Vieira

Étudiante à la maîtrise en
sciences vétérinaires
(option sciences cliniques)



Micaela Miyauchi

Étudiante au doctorat en
sciences vétérinaires
(option microbiologie)

**Lundi 23 mars
10h à 11h30 (en ligne)**



TABLE RONDE

***Insectes et alimentation animale:
une révolution en marche***

Modérateurs

Dre Houda Ben-Miled

Postdoctorante

Laura Sanchez-Mendoza

Étudiante au doctorat

Pingwindé Bruno Sawadogo

Étudiant à la maîtrise

**Lundi 23 mars
13:30 à 16:00 au local 1134 et Zoom**



ATELIER DE FORMATION

**Trucs pratiques pour la rédaction
de mémoires ou de thèses**

Animé par:



**Mercredi 25 mars
13:30 à 16:00 Local 1134**



ATELIER DE FORMATION

**Aux cycles supérieurs, tout le monde passe par la rédaction
scientifique. Pourtant l'activité reste l'une des plus
intimidantes et anxiogènes de notre parcours.**

**Comment persévérer
– en bonus, garder sa santé mentale –
au travers de sa rédaction ?**

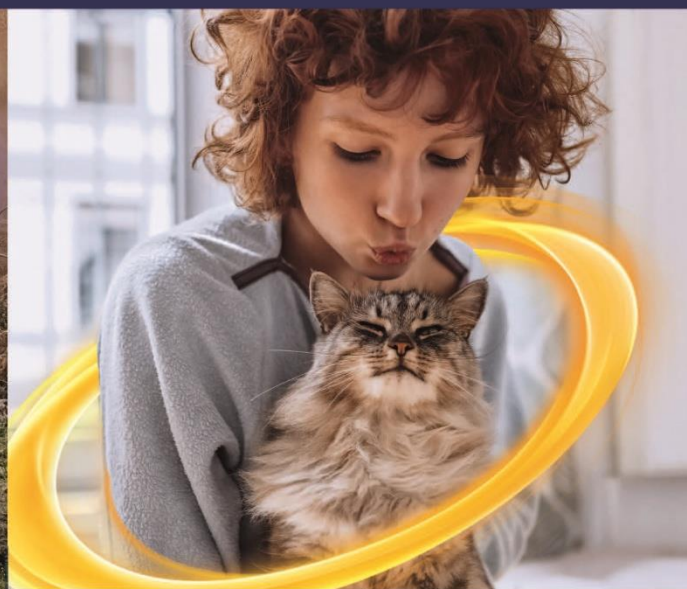
**Quelques pistes, outils et stratégies seront proposés pendant
cet atelier pour rédiger efficacement et régulièrement pour
atteindre vos objectifs !**

Table des matières

Partenaires OR.....	2
Partenaires OR (suite).....	3
Partenaires OR (suite).....	4
Partenaires OR (suite).....	5
Partenaires OR (suite).....	6
Partenaires OR (suite).....	7
Partenaires OR (suite).....	8
Partenaires OR (suite).....	9
Partenaires OR (suite).....	10
Partenaire ARGENT.....	11
Partenaires BRONZE	12
Comité organisateur de la Semaine de la recherche.....	13
Jurys d'évaluation.....	13
Horaires des présentations – 25 et 26 mars 2026.....	14
Conférenciers invités	16
Communications orales.....	17
Communications par affiche (verrière et salle communautaire)	45

PROTECTION « UNE DOSE ET LE TOUR EST JOUÉ » POUR LES CHIENS ET LES CHATS

Obtenez un niveau supérieur de protection



NexGard SPECTRA®

NexGard SPECTRA® procure une protection antiparasitaire à large spectre en un seul comprimé à croquer savoureux que les chiens préfèrent¹⁻².

Protège les chiens contre³ :



TIQUES



PUCES



VERS INTESTINAUX



VER DU CŒUR



MALADIE DE LYME



DEMODEX



NexGard COMBO®

NexGard COMBO® procure une protection antiparasitaire à large spectre en une application topique facile à appliquer.

Protège les chats contre⁴ :



TIQUES



PUCES



MITES D'OREILLE



VER DU CŒUR



VERS PLATS



NÉMATODES INTESTINAUX



Références : 1. Perier N, et al. *Open J Vet Med*. 2020;10(9):155-163. 2. Perier N, et al. *Open J Vet Med*. 2021;11:289-298.
3. Notice de conditionnement de NexGard SPECTRA® en vigueur. 4. Notice de conditionnement de NexGard COMBO® en vigueur.
NexGard SPECTRA® et NexGard COMBO® sont des marques déposées de Boehringer Ingelheim Santé Animale France, utilisées sous licence.
© 2026 Boehringer Ingelheim Santé Animale Canada Inc. Tous droits réservés.

Life forward

Partenaires OR (suite)



LA BELLE
VIE—SANS
DÉMANGEAISON

Le collier Atocare™

Soutien unique de
la barrière cutanée

Chaque collier Atocare™ libère lentement
un extrait lipidique à teneur élevée en
sphingomyéline, Biosfeen, qui se répand
sur la peau pour favoriser l'intégrité de la
barrière cutanée, des oreilles aux pattes.

NOUVEAUTÉ!



Adhésion
sans effort
Dure jusqu'à
2 mois



Peut être porté
lors des baignades
ou des bains



Peut être porté
avec des colliers
antiparasitaires¹



Offerts en
2 formats



Parfum
de lavande

¹. Segarra S, Sanmiguel D, Zuriaga E, et al. Sphingomyelin-rich lipid extract collar for canine atopic dermatitis. Vet Sci. 2023;10(6):389.

EN SAVOIR PLUS

Produits vétérinaires Dechra inc.

Tél. : 1 855 332-9334 | Services techniques : technical.ca@dechra.com | www.dechra.ca





LA SCIENCE QUI
EN FAIT PLUS

Pour mettre les allergies au repos.

Notre gamme de produits complète et savoureuse contribue à favoriser de bons résultats à long terme en cas d'allergies alimentaires et environnementales – de façon à ce que tout le monde puisse dormir sur ses deux oreilles.

©Hill's Pet Nutrition Canada, Inc., 2026

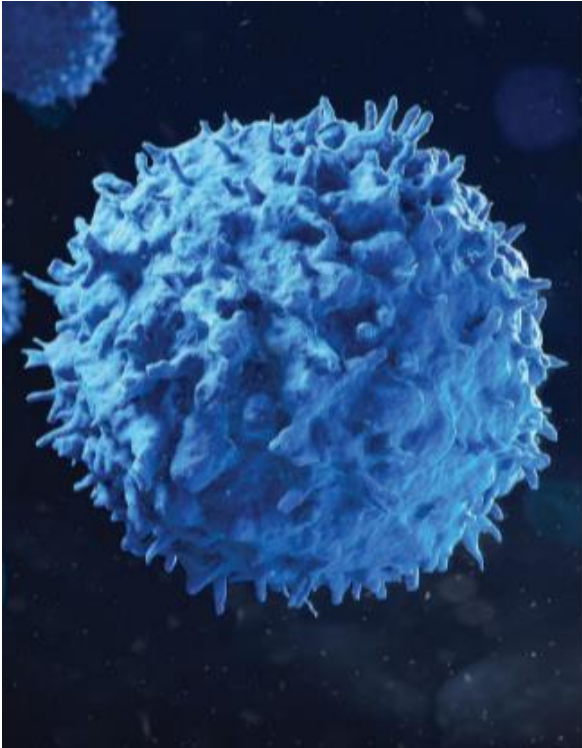


Des études cliniques ont montré que cette nourriture raffermi les selles molles en 3 jours – soit 7 fois plus rapidement que notre formule antérieure.



Des protéines de soja hautement digestibles pour les chiens présentant des sensibilités alimentaires et aux matières grasses.

Partenaires OR (suite)



Test IDEXX Cancer Dx^{MC}

Le lymphome.
Dépistez-le tôt.
Combattez-le tôt.

IDEXX

© 2020 IDEXX Laboratories, Inc. Tous droits réservés.





Prêt pour la saison de dermato ?

Soyez prêt avec **ProHex4**



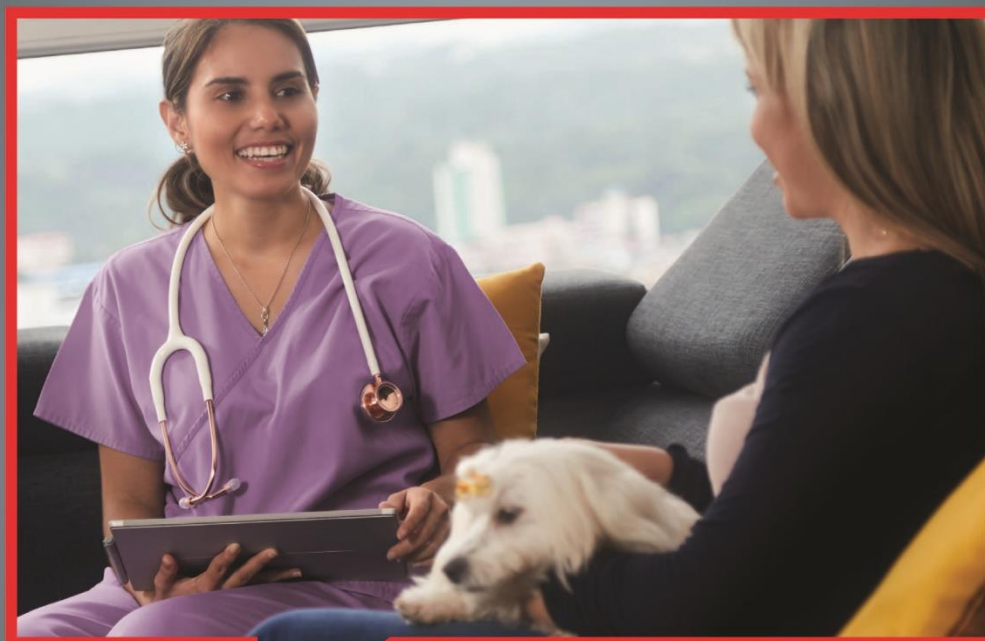


Advancing Science for Pet Health



PRÉSENTE

CENTRESQUARE™



**VOS CLIENTS
ONT DES QUESTIONS
SUR LA NUTRITION
DES ANIMAUX DE
COMPAGNIE.**

CentreSquare permet
de fournir facilement
des réponses crédibles,
étayées par la science.

Ressources sur
PurinaInstitute.com/CentreSquare





La **rémission** du diabète est possible

Efficacité cliniquement démontrée
pour favoriser^{1,2}:

- ✓ une saine glycémie
- ✓ la qualité de vie
- ✓ un poids sain

En savoir plus



Références :

1. Jørgensen FK, Mohanty A, Kieler IN, *et al.* Twelve week controlled caloric restriction with a purpose formulated diabetic weight loss diet increases achievement of diabetic remission in overweight diabetic cats: An International multicenter prospective, randomized clinical trial. 2025. Résumé présenté lors du 35^e congrès ECVIM-CA, du 18 au 20 septembre 2025, à Maastricht, aux Pays-Bas.
2. Bjørnvad CR, Jørgensen FK, Mohanty A, *et al.* 12-week intentional caloric restriction with a novel purpose formulated feline diabetic weight loss diet is effective and well tolerated in overweight diabetic cats. Extrait présenté au congrès de EVCN 4-6 septembre 2025, Leipzig, Allemagne.

© ROYAL CANIN^{MD} SAS 2026. Tous droits réservés.



Gamme de produits Virbac

**everyday
CARE**

Le bien-être des chiens et des chats contribue à leur bonne santé. Pour y veiller, les soins apportés chaque jour à domicile jouent un rôle essentiel, en complément du suivi régulier par un médecin vétérinaire. Pour aider les propriétaires à mieux prendre en charge le bien-être quotidien de leurs animaux de compagnie, nous leur proposons la gamme Everyday Care, nos soins sans prescription à utiliser à domicile.

Soins des articulations :



Nutrition:



Soins buccodentaires :



Soins comportementaux :



Hygiène des oreilles et de la peau :



Soins des reins :



Notre raison d'être : faire progresser la santé des animaux aux côtés des personnes qui prennent soin d'eux chaque jour, afin que nous puissions tous vivre de belles et longues vies ensemble.

Soins des articulations : Soins urinaires :



Soins comportementaux :



Soins dermatologiques :



Soins antimicrobiens :



Nos produits sont :



De grande
qualité



Fondés sur
la science



Faciles à
administrer



Écoresponsables



Balayez le code QR pour communiquer
avec votre représentant Virbac.

©2026 Virbac Corporation. Tous droits réservés. PROIN et RECONCILE sont des marques déposées de Pegasus Laboratories, Inc., utilisée sous licence. Toutes autres sont des marques déposées du groupe d'entreprises Virbac. 02-26

Virbac

Partenaire ARGENT



Cité de l'innovation
agroalimentaire

Fière d'appuyer
la **communauté de recherche**
qui trace l'avenir de l'industrie
agroalimentaire du Québec

cite-agroalimentaire.com

propulsée par  SAINT-HYACINTHE
TECHNOPOLE

Partenaires BRONZE



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

ThermoFisher
S C I E N T I F I C

Comité organisateur de la Semaine de la recherche

Membres :

M. Younès Chorfi, Vice-doyen à la recherche et aux études supérieures (président)
M. Adamou Boubacar Abdou, étudiant au doctorat
M. Imourana Alassane-Kpembé, professeur agrégé, Département de biomédecine vétérinaire
M. Djibrine Nassir Ahmat, étudiant au doctorat
Mme Anne-Marie Boulay, étudiante à la maîtrise
Mme Houda Ben-Miled, postdoctorante
Mme Julie Blouin, conseillère, Service de proximité en recherche
Mme Véronique Charreton-Sanford, étudiante au doctorat
M. Abderrahmane Dahmani, étudiant au doctorat
Mme Angèle Eraud, étudiante à la maîtrise
Mme Giulia Figueira Rodrigues Vieira, étudiante à la maîtrise
M. Sidwatta Guy Iboudo, étudiant au doctorat
Mme Marie Zoé Lapierre, étudiante à la maîtrise
Mme Laurence Leduc, étudiante au doctorat
Mme Sophie Mainguy-Seers, professeure adjointe, Département de sciences cliniques
M. Amr Mehdi, étudiant au doctorat
Mme Caroline Ménard, Vice-décanat à la recherche et aux études supérieures
Mme Micaela Miyauchi, étudiante au doctorat
Mme Marie-Jeanne Pesant, étudiante au doctorat
Mme Laura Jhoana Sanchez Mendoza, étudiante au doctorat
Mme Nassima Rahbi, étudiante au doctorat
M. Pingwindé Bruno Sawadogo, étudiant à la maîtrise
Mme Liudmila Taranova, étudiante à la maîtrise
M. Alexandre Thibodeau, professeur agrégé, Département de pathologie et microbiologie
M. Wassel Zekri, étudiant au doctorat

Jurys d'évaluation

Communications orales :

M. Esdras Corrêa Dos Santos, professeur adjoint, Département de pathologie et microbiologie
M. Alessandro Mirra, professeur adjoint, Département de sciences cliniques
M. Henry Osemeke, professeur adjoint, Département de sciences cliniques
Mme Lia Gomes Paim, professeure adjointe, Département de biomédecine vétérinaire

Communications par affiches :

M. Francis Beaudry, professeur titulaire, Département de biomédecine vétérinaire
Mme Julie Brind'Amour, professeure adjointe, Département de biomédecine vétérinaire
Mme Maud de Lagarde, professeure adjointe, Département de pathologie et microbiologie
M. Christopher Fernandez Prada, professeur agrégé, Département de pathologie et microbiologie
Mme Marie-Ève Lambert, professeure agrégée, Département de sciences cliniques
Mme Magali Millecamp, professeure adjointe, Département de biomédecine vétérinaire
Mme Karine Pader, professeure adjointe, Département de sciences cliniques
M. Mohamed Rhouma, professeur agrégé, Département de pathologie et microbiologie
Mme Maria Vanore, professeure adjointe, Département de sciences cliniques

Horaires des présentations – 25 et 26 mars 2026

MERCREDI 25 MARS 2026 – bimodal (local 1134 ou en virtuel)

- 08 h 30 Mot de bienvenue du **Dr Younès Chorfi**, vice-doyen à la recherche et aux études supérieures
- 08 h 45 **CONFÉRENCIER INVITÉ** – **Dr Tony Buffington** : « *“IC” from FUS to FIC to PS and nociplastic pain - Lessons Learned* » ; introduction par Younès Chorfi
- 09 h 45 **Pause**
- ▼ **Modération** : **Laurence Leduc**, étudiante au doctorat et **Mathilde Leclère**, professeure titulaire
- 10 h 00 **Amy DAGENAIS**, étudiante au D.M.V. – Ph. D., [Billes de cisplatine biodégradables : stratégie prometteuse contre le carcinome spinocellulaire cornéolimbale équin](#), directrice : Marie-Odile Benoit-Biancamano
- 10 h 15 **Nick MANSEAU**, étudiant au D.M.V. – Ph. D., [Rétrovirus endogènes et vésicules extracellulaires : une communication au-delà des synapses?](#), directeur : Thomas Parmentier
- 10 h 30 **Victoire LAURENT**, interne, [Corrélation morphologique entre l’histologie et la tomographie par cohérence optique dans l’évaluation des lésions cornéennes chez le cheval et le chien](#), directrice : Maria Vanore
- 10 h 45 **Geoffrey NEUMANN**, résident, [Évaluation d’un test immunologique rapide pour la détection de la bactériurie chez des chats porteurs d’un bypass urétéral sous-cutané](#), directrice : Catherine Vachon
- 11 h 00 **Chin-Chieh YANG**, résident, [Tibial Nerve Conduction Changes Following Vitamin B12 or Nicotinamide Riboside Supplementation in Canine Osteoarthritis](#), directrice : Aude Castel
- 11 h 15 **Houda BEN-MILED**, postdoctorante, [Sélection de gènes de référence stables pour la RT-qPCR chez *Acheta domesticus*](#), directrice : Marie-Odile Benoit-Biancamano
- 11 h 30 **Mariana FONSECA**, postdoctorante, [Potentiel du MALDI-TOF pour prédire les types spa de *Staphylococcus aureus*](#), directeur : Simon Dufour
- 11 h 45 **Session d’affiche et évaluation**
- 13 h 00 Fin

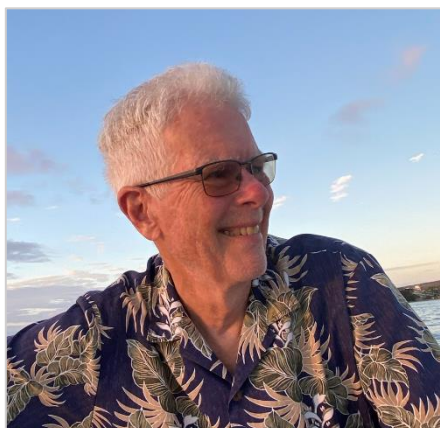
JEUDI 26 MARS 2026 – bimodal (local 1134 ou en virtuel)

- 08 h 00 Mot de bienvenue du **Dr Younès Chorfi**, vice-doyen à la recherche et aux études supérieures
- 08 h 15 **CONFÉRENCIÈRE INVITÉE** – **Dre Marie-Pierre Létourneau-Montminy** : « *Nutrition de précision pour produire des protéines animales durables* » ; introduction par **Alexandre Thibodeau**
- 09 h 15 **Pause**
- ▼ **Modération** : **Abderrahmane Dahmani**, étudiant au doctorat et **Marie-Odile Benoit-Biancamano**, professeure titulaire
- 09 h 30 **Débora DE AZEVEDO OLIVEIRA**, étudiante à la maîtrise, [Caractérisation des antigènes érythrocytaires félines \(FEA\) par agglutination avec des lectines et traitement enzymatique](#), directrice : Marie-Claude Blais
- 09 h 45 **Angèle ERAUD**, étudiante à la maîtrise, [Caractérisation in vivo des effets antibactériens d’un mélange de phytodérivé sur les charges intestinales d’*Escherichia coli* et de lactobacilles chez des poules pondeuses inoculées avec une souche APEC](#), directeur : Mohamed Rhouma
- 10 h 00 **Rezwan GHAFARZADEH DERA KHSHAN**, étudiante à la maîtrise, [LLM-Based In-Context and Transfer Learning for Predicting Broiler Livability with Multispecies Farm Data](#), directeur : Pablo Valdes-Donoso
- 10 h 15 **Marie Zoé LAPIERRE**, étudiante à la maîtrise, [Évolution des profils de résistance chez *Leishmania infantum* après le retrait de la pression thérapeutique](#), directeur : Christopher Fernandez Prada
- 10 h 30 **Élouse MOLGAT**, étudiante à la maîtrise, [Exploration de données de comptage de cellules somatiques pour le suivi de la santé du pis à l’échelle du troupeau et de l’industrie laitière](#), directeur : Simon Dufour
- 10 h 45 **Hania OUKIL**, étudiante à la maîtrise, [Perte de la modulation endogène de la douleur en fonction de l’âge et du sexe : impact sur l’expérience douloureuse dans un modèle murin d’arthrose](#), directrice : Magali Millecamp
- 11 h 00 **Pause et session d’affiches**
- 12 h 00 **Dîner**
- 12 h 30 **Suite de la session d’affiches**

▼	Modération : Marie Zoé Lapierre , étudiante à la maîtrise et François Meurens , professeur agrégé
13 h 00	Micaela MIYAUCHI , étudiante au doctorat, Colibacillose en filière ponte : développement d'un modèle expérimental reproductible pour évaluer les différentes stratégies de contrôle , directeur : Mohamed Rhouma
13 h 15	Laurence LEDUC , étudiante au doctorat, Efficacité du foin traité à l'acide propionique pour prévenir les exacerbations de l'asthme équin sévère , directrice : Mathilde Leclère
13 h 30	Marie-Jeanne PESANT , étudiante au doctorat, Une approche multi-omique pour élucider l'effet antiviral du déoxynivalénol contre le virus du syndrome reproducteur et respiratoire porcin , directeur : Carl Gagnon
13 h 45	Marine RULLIER , étudiante au doctorat, Héritage intestinal : comment la mère façonne le microbiote du chiot qui développe du prurit , directeur : Marcio Costa
14 h 00	Mohammad Shah JALAL , étudiant au doctorat, Disability-adjusted life years for neurocysticercosis: A Shiny app for burden calculation , directrice : Hélène Carabin
14 h 15	Camille SOUCHET , étudiante au doctorat, L'absence de la protéine maternelle HP1β altère le développement embryonnaire chez la souris , directrice : Julie Brind'Amour
14 h 30	Pause et session d'affiches - vote en ligne pour le prix Coup de cœur – meilleure affiche
15 h 00	Mon projet en 180 secondes - Modération : Amr Mehdi , étudiant au doctorat et Anthony Estienne , professeur adjoint
	Anne-Marie BOULAY, étudiante à la maîtrise, Validation de l'utilisation d'une caméra intelligente pour la détection des lésions de dermatite digitale dans les fermes laitières québécoises, directrice : Marianne Villettaz-Robichaud Leslie HERRERA GUERRERO, étudiante à la maîtrise, Reprogramming the host: macrophage immune responses to extracellular vesicles from antimony-resistant <i>Leishmania infantum</i>, directeur : Christopher Fernandez Prada Mizanur RAHMAN SHARKER, étudiant à la maîtrise, Study of Stromal Cell-Derived Factor 1 in bovine ovary and its effect on ovarian somatic cells, directeur : Anthony Estienne Charlie ROUX, étudiante à la maîtrise, Étude des interactions entre <i>Streptococcus suis</i> et la muqueuse intestinale porcine, directeur : François Meurens Emile ROY, étudiant à la maîtrise, Efficacité de molécules issues du cannabis dans le traitement de la myélopathie dégénérative canine : un essai clinique, directeur : Thomas Parmentier Schlasiva CENATUS, étudiante au doctorat, Prévalence des pathotypes d'<i>E. coli</i> et de la résistance de cette bactérie aux antimicrobiens dans les troupeaux ovins du Québec, directeur : Mohamed Rhouma Beatriz DELGADO HERNANDEZ, étudiante au doctorat, Détection précoce des lésions des onglons chez les vaches laitières au Québec : vers une approche proactive de prévention de la boiterie, directeur : Sébastien Buczinski Mehdi MAURY LAOUEDJ, étudiant au doctorat, Exploitation de gènes cellulaires hôtes, incluant DUSP1, pour optimiser la production du PCV2 en co-infection avec le vSRRP, directeur : Carl A. Gagnon Wassel ZEKRI, étudiant au doctorat, Caractérisation de l'administration concomitante d'anticoccidiens et d'antimicrobiens chez le poulet de chair au Québec : impact sur les paramètres pharmacocinétiques et sur le développement de la résistance bactérienne, directeur : Mohamed Rhouma
15 h 40	Pause et vote en ligne des participants pour la meilleure présentation « Mon projet en 180 secondes »
16 h 00	Gala et remise des prix
17 h 00	Mot de la fin du Dr Younès Chorfi , vice-doyen à la recherche et aux études supérieures
17 h 05	Pause
17 h 20	Cocktail & Concours <i>Savoure ta recherche</i>
19 h 00	Fin

Conférenciers invités

Dr Tony Buffington Université de Californie à Davis



Le Dr Tony Buffington est professeur clinique à la retraite à l'École de médecine vétérinaire de l'Université de Californie à Davis et professeur émérite de sciences cliniques vétérinaires à l'École de médecine vétérinaire de l'Université d'État de l'Ohio.

Il a obtenu des diplômes (B. S., M. Sc., Ph. D.) en nutrition et en médecine vétérinaire à l'Université de Californie à Davis et a été certifié (aujourd'hui émérite) en nutrition vétérinaire.

Il étudie la cystite interstitielle (CI) chez les chats domestiques et les humains depuis plus de 40 ans, et a établi que la CI chez les chats domestiques était un modèle naturel de la CI chez les humains. Dans le cadre de ces recherches, lui et ses collègues ont identifié les effets du stress et les bienfaits thérapeutiques d'une modification efficace de l'environnement chez les humains et les chats.

Il vit actuellement près de l'université UC Davis, en Californie du Nord, avec sa femme depuis 54 ans, et consacre son temps libre au vélo et au jardinage.

Sa conférence s'intitule : « ***“IC” from FUS to FIC to PS and nociplastic pain - Lessons Learned*** ».

Dre Marie-Pierre Létourneau Montminy Département des sciences animales de l'Université Laval



Dre Marie-Pierre Létourneau Montminy a obtenu sa M. Sc. à AgroParisTech à Paris. Elle a ensuite obtenu un doctorat d'AgroParisTech et de l'Université Laval. Elle a ensuite effectué un stage postdoctoral sur l'alimentation de précision chez le porc à Agriculture et Agroalimentaire Canada.

Son principal objectif de recherche est la production de protéines animales durables, en particulier l'optimisation de l'utilisation du phosphore et de l'azote chez le porc et la volaille en comprenant et en quantifiant l'impact des facteurs liés à l'alimentation et à l'animal par le biais d'essais sur des animaux, de méta-analyses et de modélisations pour aider formulation d'un régime alimentaire respectueux de l'environnement, plus sain et à faible coût.

Elle est titulaire de deux chaires de recherche, une chaire de recherche MAPAQ sur les contaminants accrus dans les produits animaux (CAPA) et d'une Chaire de recherche du Canada de niveau 2 sur la production de protéines animales durables.

Sa conférence s'intitule : « ***Nutrition de précision pour produire des protéines animales durables*** ».

Billes de cisplatine biodégradables : stratégie prometteuse contre le carcinome spinocellulaire cornéolimbale équin

Auteurs : **Amy Dagenais**^{1,2,3}, Tristan Juette³, Marie-Odile Benoit-Biancamano^{2,3}, Maria Vanore^{1,3}

(1) Centre Hospitalier Universitaire Vétérinaire, Département de sciences cliniques,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Centre de Diagnostic vétérinaire de l'Université de Montréal,
Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(3) Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Problématique : Le carcinome spinocellulaire (CSC) est la tumeur oculaire la plus fréquente chez le cheval. La présentation cornéolimbale est particulièrement difficile à gérer en raison de son potentiel de résection limité, avec des taux de récurrence d'environ 45% après la chirurgie seule. Les billes de cisplatine biodégradables, utilisées en oncologie cutanée équine, représentent une option adjuvante potentiellement intéressante, mais leur utilisation dans le CSC cornéolimbale demeure très peu documentée.

Objectif : Évaluer l'efficacité des billes de cisplatine biodégradables pour réduire les récurrences de CSC cornéolimbale équin et décrire les effets indésirables associés.

Méthodologie : Dix-sept cas de CSC cornéolimbale confirmés histologiquement ont été revus rétrospectivement. Tous ont été traités par kératectomie et/ou conjonnectivectomie, suivie de l'implantation de billes de cisplatine espacées d'environ 1 cm sous un lambeau conjonctival. Le suivi s'étendait jusqu'à cinq ans.

Résultats : Quatre chevaux (23,5%) ont présenté une récurrence, dont trois dans l'année suivant la chirurgie. Les effets indésirables les plus fréquents incluaient hyperémie (64%), écoulement oculaire (64%), décoloration jaune localisée (55%), chémoses (36%) et granulomes (36%), tous résolus en un à deux mois. Deux chevaux ont développé une uvéite transitoire nécessitant une surveillance accrue. La vision a été préservée dans tous les cas sauf un.

Conclusion et impact : Les billes de cisplatine biodégradables sont généralement bien tolérées et constituent une thérapie adjuvante prometteuse pour réduire les récurrences du CSC cornéolimbale équin. Leur utilisation pourrait élargir les options thérapeutiques disponibles contre cette tumeur oculaire agressive.

Rétrovirus endogènes et vésicules extracellulaires : une communication au-delà des synapses?

Auteurs : **Nick Manseau**^{1,4}, Ana Victoria Ibarra Meneses², Samuel Gusscott³,
Christopher Fernandez-Prada², Francis Beaudry^{3,4}, Julie Brind'Amour³, Thomas Parmentier^{1,4}

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

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

(3) Département de biomédecine, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(4) Centre de recherche interdisciplinaire sur le cerveau et l'apprentissage, Université de Montréal

Les rétrovirus endogènes (ERVs) sont des séquences issues d'infections virales ancestrales maintenant intégrées au génome de nombreuses espèces animales, dont l'être humain. Bien qu'ils aient majoritairement perdu leur capacité de propagation, les ERVs demeurent activement transcrits, en particulier dans le cerveau. Une dérégulation de leur activité a d'ailleurs été associée à des processus de neuroinflammation et de neurodégénérescence. Cependant, les mécanismes par lesquels les ERVs contribuent à ces phénomènes restent largement inconnus.

Des études récentes ont montré que certaines protéines essentielles au fonctionnement du cerveau, telles qu'Arc et Peg10, peuvent emballer de l'ARN dans des vésicules extracellulaires (EVs), permettant le transfert de ce cargo entre neurones. Considérant que ces protéines sont homologues à la protéine rétrovirale Gag, cela soulève une question : les ERVs pourraient-ils jouer un rôle similaire grâce aux vestiges de leur séquence virale?

Afin d'explorer cette hypothèse, nous avons réalisé le séquençage de l'ARN total (RNA-Seq) de neurones différenciés à partir de cellules souches pluripotentes induites humaines (hiPSCs). Par ultracentrifugation, nous avons isolé à partir du milieu de culture des particules extracellulaires dont le diamètre (100-200 nm) est compatible avec celui de EVs neuronales. L'analyse des données a permis d'identifier 228 ERVs significativement surreprésentés dans les échantillons d'EVs par rapport aux neurones, suggérant un emballage sélectif de ces derniers.

Ces résultats fournissent une première liste d'ERVs potentiellement impliqués dans le transfert de cargo par EVs entre neurones et ouvrent une nouvelle voie d'investigation sur leur rôle dans la communication intercellulaire et la progression des maladies neurologiques.

Corrélation morphologique entre l'histologie et la tomographie par cohérence optique dans l'évaluation des lésions cornéennes chez le cheval et le chien

Auteurs : **Victoire Laurent**¹, Marie-Odile Benoit-Biancamano², Maria Vanore¹

(1) Centre Hospitalier Universitaire Vétérinaire, Département de sciences cliniques,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Centre de Diagnostic Vétérinaire de l'Université de Montréal,
Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Objectif : Décrire et évaluer la concordance morphologique entre la tomographie par cohérence optique (OCT) et l'histopathologie dans les lésions cornéennes chez le cheval et le chien.

Méthodes : Cette étude rétrospective descriptive ex vivo inclut 15 chevaux et 4 chiens présentant une pathologie cornéenne et référés au CHUV de Saint-Hyacinthe entre 2021 et 2025. Tous les animaux ont bénéficié d'un examen ophtalmologique, suivi d'une énucléation pour indication clinique. Une OCT a été réalisée immédiatement après l'énucléation sur l'ensemble de la cornée, selon des plans sagittal et horizontal. Les lésions ont été analysées selon leur localisation, réflectivité, homogénéité, épaisseur épithéliale et atteinte stromale ou endothéliale. Les lames histologiques ont été colorées à l'hématoxyline-phloxine-safran (HPS). Les caractéristiques observées à l'OCT ont été corrélées aux résultats histopathologiques.

Résultats : Une forte concordance qualitative a été observée entre les images OCT et l'histopathologie. Les zones hyperréfectives correspondaient principalement à de la fibrose, des infiltrats inflammatoires ou des dépôts minéraux, tandis que les zones hyporéfectives étaient associées à un œdème stromal ou à une accumulation liquidienne. L'OCT a permis d'identifier avec précision les altérations épithéliales, stromales et les modifications de la membrane de Descemet, confirmées histologiquement. Certaines discordances s'expliquent par le nombre limité de coupes histologiques, ne représentant pas l'ensemble du globe.

Conclusion/impact : L'OCT constitue un outil non invasif fiable pour l'évaluation morphologique des lésions cornéennes chez le cheval et le chien, avec une bonne concordance histopathologique. Ces résultats soutiennent son utilisation clinique pour le diagnostic et le suivi des maladies cornéennes.

Évaluation d'un test immunologique rapide pour la détection de la bactériurie chez des chats porteurs d'un bypass urétéral sous-cutané

Auteurs : **Geoffrey Neumann**¹, Marilyn Dunn², Bérénice Conversy¹, Catherine Vachon²

(1) Département de Médecine interne, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Département de Médecine interventionnelle, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

L'obstruction urétérale est la principale cause d'insuffisance rénale aiguë chez le chat. La mise en place d'un bypass urétéral sous-cutané (SUB) est associée à de bons résultats cliniques, mais les infections urinaires et la bactériurie sont fréquentes (respectivement 10–33 % et jusqu'à 41 %). Le diagnostic de la bactériurie repose sur la culture urinaire aérobie, une méthode coûteuse et nécessitant un délai d'obtention des résultats. Un test immunologique rapide (RapidBac Vet) a montré de bonnes performances diagnostiques chez le chien. L'objectif de cette étude était d'évaluer la fiabilité et l'intérêt clinique du RapidBac Vet pour la détection de la bactériurie chez les chats avec des SUB.

Au cours d'une étude prospective transversale d'évaluation diagnostique, 97 échantillons d'urine provenant de chats porteurs de SUB ont été analysés à l'aide du RapidBac Vet et comparés aux résultats de cultures urinaires.

Le RapidBac Vet a détecté l'ensemble des échantillons positifs à la culture (10/10), ainsi que 10 faux positifs. Comparé à la culture urinaire, le RapidBac Vet présentait une sensibilité de 100 % et une spécificité de 88,5 %. Les valeurs prédictives positive et négative étaient respectivement de 50 % et 100 %.

Chez les chats porteurs de SUB, un résultat négatif au RapidBac Vet est fiable pour exclure une bactériurie, tandis qu'un résultat positif doit être confirmé par une culture urinaire. Le RapidBac Vet pourrait donc permettre de réduire les coûts du suivi des chats porteurs de SUB tout en améliorant la prise en charge précoce des infections urinaires.

Tibial Nerve Conduction Changes Following Vitamin B12 or Nicotinamide Riboside Supplementation in Canine Osteoarthritis

Authors: **Chin-Chieh Yang**¹, Aude Castel^{1,2}, Khaoula Hammami², Colombe Otis²,
Johanne Martel-Pelletier³, Maxim Moreau^{2,3}, Jean-Pierre Pelletier³, Éric Troncy^{2,3}

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

(2) Groupe de Recherche en Pharmacologie Animale du Québec (GREPAQ), Université de Montréal

(3) Osteoarthritis Research Unit, University of Montreal Hospital Research Center (CRCHUM), Université de Montréal

Osteoarthritis (OA) is a multifactorial disease not limited to the joint but also affecting the nervous system. OA-associated neuropathy is well documented in human and rodent models, where myelin and axonal injury have been reported as downstream consequences of OA. Vitamin B12 (B12) and nicotinamide riboside (NR) promote myelin repair and axonal recovery in experimental models, but their neurophysiologic effects in canine OA are unknown.

In this prospective, randomized, blinded longitudinal pilot study, six dogs with radiographically confirmed OA were equally allocated to oral B12 (43µg/kg/day) or NR (21mg/kg/day) for 13 weeks. Tibial motor and sensory nerve conduction studies were performed at baseline and week 12. Outcomes evaluated included compound muscle action potential (CMAP) and sensory nerve action potential (SNAP) amplitudes, area under the curve (AUC), and conduction velocity (CV).

At week 12, motor CV showed a consistent upward drift. Distal motor CV increased significantly in the B12 group (+6.3 m/s; $p = 0.0217$). CMAP amplitudes and AUC generally declined across recording sites; however, one B12-treated dog improved in distal CMAP amplitude. AUC at stifle decreased significantly in the NR group (−7.3 mVms; $p = 0.0417$). Sensory measures were highly variable; nevertheless, the B12 group showed a trend toward increased SNAP amplitude, whereas sensory CV changes were less consistent than motor.

Increased CV suggests overall potential remyelination benefits in canine OA, with B12 showing a more favorable profile for axonal protection (improved amplitudes) than NR. To confirm a beneficial effect of B12 on canine OA, larger, placebo-controlled trials are warranted.

Sélection de gènes de référence stables pour la RT-qPCR chez *Acheta domesticus*

Auteurs : **Houda Ben-Miled**¹, Nicolas Périard¹, Fanny Renois¹, Marie-Hélène Deschamps²,
François Meurens*¹, Marie-Odile Benoit-Biancamano*^{1,3}

(1) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP) et Centre de recherche en maladies infectieuses porcines et aviaires (CRIPA),
Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Département des sciences animales, Faculté des sciences de l'agriculture et de l'alimentation,
Université Laval

(3) Centre de Diagnostic Vétérinaire de l'Université de Montréal (CDVUM),
Département de pathologie et microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

*Contribution égale

Problématique : L'*Acheta domesticus* suscitent un intérêt croissant comme source durable de protéines, mais les ressources moléculaires disponibles pour cette espèce restent limitées. L'absence de gènes de référence validés limite la fiabilité des analyses d'expression génique par RT-qPCR, essentielles à l'étude des mécanismes physiologiques, immunitaires et métaboliques chez cet insecte.

Objectifs : Identifier et valider des gènes de référence stables pour la normalisation des données d'expression génique par RT-qPCR chez *A. domesticus*, en tenant compte de différents types de tissus.

Méthodologie : La stabilité d'expression de six gènes de référence candidats (*AdoNEOPT*, *EF2*, *18S rRNA*, *EF1α*, *His H3* et *GAPDH*) a été évaluée dans cinq types de tissus (abdomen, pattes, ailes, tête et corps entier). L'analyse a reposé sur plusieurs approches complémentaires, incluant *BestKeeper*, *geNorm*, *NormFinder*, la méthode *Delta Ct* et la plateforme intégrée *RefFinder*. Une validation statistique sous R a confirmé la robustesse des résultats.

Résultats : *EF1α*, *AdoNEOPT*, *EF2* et *18S rRNA* présentent une stabilité d'expression élevée dans l'ensemble des tissus analysés. À l'inverse, *GAPDH* et *His H3* montrent une variabilité importante et ne sont généralement pas recommandés comme gènes de référence, à l'exception du tissu céphalique, où *GAPDH* présente une expression stable.

Conclusion et impact: Cette étude constitue la première validation systématique de gènes de référence chez *A. domesticus* et fournit une base méthodologique robuste pour des analyses d'expression génique fiables. Elle ouvre la voie au développement d'outils diagnostiques moléculaires pour la détection d'agents pathogènes et de signatures d'infection, favorisant des systèmes de production d'insectes plus durables.

Potentiel du MALDI-TOF pour prédire les types *spa* de *Staphylococcus aureus* causant la mammite bovine

Auteurs : **Mariana Fonseca**^{1,2}, Jean-Philippe Roy^{2,3}, Anitza Fragas Quintero^{2,4}, François Malouin^{2,4}, and Simon Dufour^{1,2}

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

(2) Regroupement FRQ Op+lait

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

(4) Département de biologie, Faculté des sciences, Université de Sherbrooke

Staphylococcus aureus est l'un des principaux agents responsables des infections intramammaires dans les troupeaux laitiers canadiens et est fréquemment associé à des infections persistantes. Le typage *spa*, basé sur le séquençage de la région polymorphe du gène *spa*, est largement utilisé pour étudier la diversité génétique de *S. aureus*, retracer la transmission des souches et explorer leurs liens avec la virulence.

La spectrométrie de masse par désorption/ionisation laser assistée par matrice avec analyse du temps de vol (MALDI-TOF), couramment utilisée pour l'identification bactérienne, a récemment montré un potentiel pour la caractérisation de traits génotypiques. L'objectif de cette étude était d'évaluer la performance d'algorithmes d'apprentissage automatique pour prédire les six types *spa* les plus fréquents de *S. aureus* isolés dans des fermes laitières, en utilisant uniquement des spectres MALDI-TOF.

Un total de 373 isolats de *S. aureus* a été soumis au typage *spa* et analysé par MALDI-TOF. Les spectres ont été prétraités, et des matrices d'intensité basées sur des pics de référence ont été utilisées pour entraîner des modèles de forêts aléatoires.

Les modèles ont montré de bonnes performances pour les types *spa* t529, t605 et t3401, avec des valeurs d'aire sous la courbe ROC (AUC) respectives de 0,88, 0,94 et 0,89. Ces résultats suggèrent que les spectres MALDI-TOF permettent une très bonne prédiction de certains types *spa*. Cette approche représente une alternative rapide, accessible et économique au séquençage, avec des applications potentielles en épidémiologie de la mammite, en diagnostic et en programmes de contrôle.

Caractérisation des antigènes érythrocytaires félines (FEA) par agglutination avec des lectines et traitement enzymatique

Auteurs : **Débora de Azevedo Oliveira**¹, Marie-Claude Blais¹

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

La transfusion sanguine féline nécessite des tests de compatibilité rigoureux afin de prévenir des réactions indésirables potentiellement graves. La découverte d'antigènes érythrocytaires indépendants du système AB a conduit à l'identification de six nouveaux déterminants, désignés Feline Erythrocyte Antigens (FEA 1-6). Si le système AB félin est bien caractérisé sur les plans moléculaire et génétique, la nature des FEAs est inconnue.

Cette étude vise à caractériser la nature moléculaire des FEAs à l'aide de lectines et de traitement enzymatique.

D'abord, à l'aide d'anticorps polyclonaux, des chats de groupe A seront typés pour les FEA 1 à 6 afin de constituer, pour chaque FEA, un panel de référence comprenant trois chats positifs et trois négatifs. Dans un second temps, l'agglutination des globules rouges félines sera évaluée par technologie sur colonne de gel, en utilisant des lectines (*Ulex europaeus*, *Iberis amara*, *Griffonia simplicifolia* et *Dolichos biflorus*) et après traitements enzymatiques incluant des exoglycosidases et des protéases.

Nous postulons qu'une lectine puisse reconnaître spécifiquement un FEA, à l'instar de la lectine *Trichuris vulgaris* pour l'antigène B. De même, l'observation de modifications des profils d'agglutination après traitement enzymatique (ex : ficine et papaïne), pourrait être significative si 1) le traitement détruit un FEA spécifique ou 2) s'il augmente l'exposition d'un FEA donné, suggérant par exemple une nature glycolipidique. L'identification de telles propriétés permettrait de mieux définir les FEAs et de développer de nouveaux outils de typage, améliorant ainsi la sécurité des transfusions chez le chat.

**Caractérisation *in vivo* des effets antibactériens d'un mélange de phytodérivé sur les charges intestinales
d'*Escherichia coli* et de lactobacilles
chez des poules pondeuses inoculées avec une souche APEC**

Auteurs : **Angèle Eraud**^{1,2,3}, Marie-Lou Gaucher^{1,2,3}, Alexandre Thibodeau^{1,2,3}, William P. Thériault^{1,2,3},
Mohamed Rhouma^{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 en maladie infectieuse Faculté de médecine vétérinaire,
Département de Pathologie et microbiologie Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(3) Groupe de recherche en salubrité alimentaire, Faculté de médecine vétérinaire,
Département de Pathologie et microbiologie Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

L'augmentation des bactéries résistantes aux antimicrobiens conduit le secteur avicole à rechercher des alternatives aux traitements conventionnels. L'utilisation de phytodérivés, notamment les huiles essentielles, se généralise pour leurs propriétés antimicrobiennes. Cependant, leur efficacité chez les poules pondeuses demeure peu documentée.

Cette étude évalue l'impact d'un mélange de phytodérivés lors d'une inoculation orale d'une souche d'*Escherichia coli* pathogène aviaire (APEC) sur les charges d'*E. coli* totaux et de lactobacilles dans le microbiote iléal et cæcal de poules pondeuses. Cinq groupes expérimentaux ont été constitués : un groupe contrôle, un recevant uniquement le phytodérivé, deux recevant une inoculation et les phytodérivés à visée prophylactique ou thérapeutique, et un uniquement inoculé par APEC. Les groupes supplémentés ont reçu le phytodérivé pendant sept jours, avec une inoculation orale de 10⁹ UFC d'APEC au jour zéro. Des nécropsies ont été réalisées aux jours 0, 2, 4, 7, 14. Des échantillons iléaux et cæcaux ont été prélevés pour réaliser des analyses bactériologiques quantitatives. Les dénombrements ciblaient la souche inoculée, les *E. coli* totaux et les lactobacilles.

Une légère diminution de la charge d'*E. coli* a été observée dans le cæcum du groupe traité thérapeutique. La souche APEC a été détectée dans le cæcum du groupe infecté, mais rarement chez les poules supplémentées en phytodérivés. Aucun effet n'a été observé sur les lactobacilles. Ces résultats suggèrent que la supplémentation constitue une approche alternative prometteuse. Des analyses métagénomiques du microbiote iléal et cæcal de ces poules seront toutefois nécessaires pour caractériser les effets de ces phytodérivés.

LLM-Based In-Context and Transfer Learning for Predicting Broiler Livability with Multispecies Farm Data

Authors: **Rezwan Ghaffarzadeh Derakhshan**^{1,2}, Martine Boulianne¹, Pablo Valdes-Donoso^{1,2}

(1) Department of Clinical Studies, Faculty of Veterinary Medicine, University of Montreal

(2) Plateforme IA-Agrosanté (PIAAS)

Livability, defined as the percentage of chickens surviving to market age, is a critical performance indicator in commercial broiler production, directly reflecting animal welfare standards and economic sustainability. Although accurate forecasting of this metric is essential for proactive management, the development of robust predictive models is frequently hindered by the scarcity of high-quality, annotated datasets within the poultry sector. This study addresses this data deficiency by proposing a novel computational framework that leverages Transfer Learning (TL) and In-Context Learning (ICL) to transfer knowledge from a data-rich source domain (e.g., commercial aquaculture) to a data-constrained domain, like broiler production.

The methodology involved aligning disparate production features through domain-agnostic engineering and comparing two distinct learning strategies: a Machine Learning-based TL approach and a Large Language Model (LLM)-based ICL approach. The models were evaluated on their ability to predict cumulative livability rates in broiler production and identify key risk factors.

The results demonstrate that cross-species learning is feasible, with the In-Context Learning model (RMSE 1.51%) slightly outperforming the Transfer Learning model (RMSE 1.53%). Crucially, both models achieved error rates lower than the dataset's natural standard deviation (1.60%). Feature analysis identified stocking density, heat stress, and Feed Conversion Ratio (FCR) as the primary determinants of livability. Conversely, Antimicrobial Use (AMU), though critical for herd health monitoring, exhibited limited predictive influence compared to environmental stressors in this cross-species framework. These findings validate the hypothesis that fundamental production dynamics are transferable and demonstrate the potential of Foundation Models to overcome data scarcity.

Évolution des profils de résistance chez *Leishmania infantum* après le retrait de la pression thérapeutique

Auteurs : **Marie Zoé Lapierre**^{1,2}, Simon Haentjens³, Ana Victoria Ibarra-Meneses^{1,2},
Christopher Fernandez-Prada^{1,2}

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

(2) Le groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP),
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(3) Vaccine & Infectious Disease Institute, University of Antwerp, Belgium

L'augmentation des importations de chiens au Canada accroît le risque d'introduction de maladies zoonotiques émergentes. Parmi celles-ci, la leishmaniose est endémique dans 90 pays causant plus d'un million de nouveaux cas annuellement. Les options thérapeutiques contre *Leishmania infantum* demeurent limitées (antimoine, amphotéricine B, miltéfosine), et la résistance compromet leur efficacité. Afin de mieux comprendre l'évolution de cette résistance, notre laboratoire examine les conséquences biologiques du retrait de la pression thérapeutique in vitro.

Des clones résistants dérivés de souches de *L. infantum* résistantes à l'amphotéricine B ou à l'antimoine ont été soumis à plusieurs passages sans leur pression thérapeutique initiale. Leur susceptibilité à l'antimoine, à l'amphotéricine B et à la miltéfosine a été évaluée à différents temps et comparée au point de départ. Parallèlement, le protéome et l'expression génique associés à la résistance sont analysés afin d'identifier les mécanismes responsables des changements observés.

L'absence de pression thérapeutique modifie les profils de susceptibilité. Les clones résistants à l'amphotéricine B conservent leur résistance initiale tout en devenant plus résistants à l'antimoine. Les clones résistants à l'antimoine perdent cette résistance, mais développent une résistance accrue à la miltéfosine. Ces modèles de résistance croisée sont préoccupants. Les analyses protéomiques et qPCR en cours permettront de préciser les voies métaboliques impliquées et d'identifier des marqueurs utiles pour établir le profil de susceptibilité d'une souche.

Ces résultats soulignent l'importance d'une surveillance proactive des parasites exposés aux traitements et la prudence requise dans l'usage de thérapies séquentielles susceptibles de favoriser la sélection de parasites multi-résistants.

Exploration de données de comptage de cellules somatiques pour le suivi de la santé du pis à l'échelle du troupeau et de l'industrie laitière

Auteurs : **Elouise Molgat**^{1,2,3}, David F. Kelton⁴, Jean-Philippe Roy^{2,5} et Simon Dufour^{1,2}

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

(2) Regroupement Op+lait, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(3) Lactanet, Réseau canadien pour l'excellence laitière, Sainte-Anne-de-Bellevue, Québec

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

(5) Département des sciences cliniques, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Le comptage de cellules somatiques (CCS) est mesuré régulièrement à titre d'indicateur de la santé du pis. Toutefois, sa pleine valeur n'est atteinte que lorsqu'il est exploité au-delà d'une mesure ponctuelle. À l'échelle du troupeau, le calcul d'indices de santé du pis dérivés du CCS permet de suivre la dynamique de la mammite subclinique. À l'échelle de l'industrie, l'analyse temporelle du CCS permet de documenter l'évolution de la santé mammaire et d'actualiser des valeurs de référence pertinentes.

Ce projet repose sur l'analyse d'une vaste base de données nationale de Lactanet, regroupant des résultats de contrôle laitier provenant de milliers de troupeaux laitiers canadiens. Les objectifs sont de (1) décrire l'évolution de la santé du pis au Canada entre 2009 et 2024, et (2) d'actualiser les valeurs de référence associées aux indices de santé du pis utilisés à des fins de gestion et de « benchmarking ».

Un pilote a été réalisé à partir d'un sous-ensemble de données provenant d'environ 300 troupeaux pour les années 2009, 2017 et 2024 afin d'explorer la structure des données et de valider les approches analytiques. Des analyses descriptives ont permis de caractériser la population des troupeaux laitiers canadiens au contrôle laitier, d'examiner les relations entre le CCS et divers facteurs biologiques, productifs et de gestion, ainsi que d'initier une analyse temporelle du CCS.

Cette phase confirme la faisabilité du calcul d'indices dérivés du CCS et des analyses temporelles et fournit une base méthodologique solide pour les analyses à grande échelle prévues dans le cadre du projet.

Perte de la modulation endogène de la douleur en fonction de l'âge et du sexe : impact sur l'expérience douloureuse dans un modèle murin d'arthrose

Auteurs : **Hania Oukil**¹, Magali Millecamps¹

(1) Département de biomédecine vétérinaire, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Introduction : Les voies de modulation endogène de la douleur (ePM) jouent un rôle clé dans la limitation de l'intensité de la douleur (voies descendantes) et de son impact sur la qualité de vie (voies corticales). Cependant, cette capacité diminue avec l'âge, augmentant le risque de douleurs chroniques réfractaires et de comorbidités associées, telles que la dépression. Par ailleurs, le déclin œstrogénique lié au vieillissement pourrait accroître la vulnérabilité des individus de sexe féminin, bien que les données disponibles dans la littérature demeurent limitées.

Objectif : Cette étude vise à caractériser la perte de l'ePM et son impact sur la sévérité de la douleur arthrosique et ses comorbidités en fonction de l'âge et du sexe chez la souris.

Méthode : Chez des souris mâles et femelles (3 à 15 mois), les comportements douloureux (efficacité de l'ePM, seuil de douleur et mobilité) et émotionnels (anxiété et dépression) seront évalués entre 2 et 4 semaines après une injection intra-articulaire de CFA dans le genou.

Résultats : Les résultats préliminaires montrent que le vieillissement est associé à une diminution progressive de la modulation descendante de la douleur, une hypersensibilité à la capsaïcine et au froid, ainsi qu'une vulnérabilité accrue aux comorbidités de la douleur (dépression).

Conclusion : Notre approche permettra de mieux comprendre l'influence de l'âge et du sexe sur la modulation de la douleur et ses comorbidités, et pourrait contribuer au développement des stratégies thérapeutiques mieux adaptées à la gestion de la douleur gériatrique.

Colibacillose en filière ponte : développement d'un modèle expérimental reproductible pour évaluer les différentes stratégies de contrôle

Auteurs : **Micaela Miyauchi**^{1,3,4,5}, Marie-Lou Gaucher^{1,3,4,5}, Francis Beaudry^{2,3}, William Thériault¹, Mohamed Rhouma^{1,3,4,5}

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

(2) Département de biomédecine vétérinaire, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(3) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(4) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

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

La colibacillose, causée par *Escherichia coli* pathogène aviaire (APEC), constitue un enjeu majeur pour la filière ponte en raison de l'augmentation de la mortalité et la baisse de production d'œufs, particulièrement au pic de ponte (27–28 semaines).

L'absence de protocole d'infection standardisé complique l'élaboration d'un modèle expérimental reproductible, portant indispensable à l'évaluation de différentes stratégies de gestion de cette maladie. Les sérogroupes O1, O2 et O78 étant les plus fréquemment associés à la maladie, nous avons émis l'hypothèse qu'un stress préalable, combiné à une inoculation par une souche APEC O78, permet de reproduire les signes cliniques et lésionnels observés sur le terrain.

L'objectif du projet était de définir les paramètres d'infection par APEC (voie d'administration, dose infectieuse, facteurs prédisposants) permettant de reproduire la colibacillose chez la poule pondeuse. 60 poules Lohmann blanches de 28 semaines ont été réparties en six groupes, exposées à un stress lumineux (100 lux) 6 à 12 heures pré-infection, puis inoculées par voie intrapéritonéale (IP) avec 1×10^9 UFC d'une souche APEC O78:H9. Les signes cliniques, la mortalité, les lésions et les charges bactériennes intestinales ont été mesurés afin d'évaluer la performance du modèle.

Les résultats montrent que l'infection IP, précédée d'un stress lumineux de 6 heures, constitue un modèle pertinent permettant de reproduire les lésions caractéristiques de la maladie tout en limitant la mortalité, en cohérence avec les conditions de terrain. Ce modèle unique représente un outil clé pour l'évaluation reproductible de stratégies de prévention et de traitement de la colibacillose chez la poule pondeuse.

Efficacité du foin traité à l'acide propionique pour prévenir les exacerbations de l'asthme équin sévère

Auteurs : **Laurence Leduc**¹, Laurie Boucher², Sophie Mainguy-Seers¹, Khadija Ayadi¹, Mathilde Leclère¹

(1) Laboratoire de l'asthme équin, Département des sciences cliniques,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Département de biomédecine, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Il existe un besoin d'alternatives au foin sec qui se rapprochent davantage du régime physiologique des chevaux que les aliments granulés. L'acide propionique est parfois utilisé dans le foin comme agent de conservation au moment de la mise en balles et pourrait réduire l'exposition aux antigènes inhalés responsables des exacerbations cliniques d'asthme équin sévère.

L'objectif est d'évaluer l'effet du foin traité à l'acide propionique (FAP) sur l'obstruction et l'inflammation pulmonaire. Selon un protocole prospectif croisé, neuf chevaux atteints d'asthme sévère initialement en rémission ont été alternativement nourris avec du FAP ou du foin non traité (FNT) pendant 4 semaines. La résistance pulmonaire et la cytologie du lavage bronchoalvéolaire ont été évaluées. Le foin avait été récolté l'année précédente et mis en balles avec un taux d'humidité élevé (>15%).

La résistance pulmonaire a augmenté avec le FNT (médiane [écart interquartile], passant de 0,90 [0,95] à 1,50 [1,04] cm H₂O/L/s, $p=0,02$), mais pas avec le FAP (0,75 [0,87] à 0,84 [1,04], $p=0,58$). De façon similaire, la neutrophilie pulmonaire a augmenté avec le FNT (passant de 6,50 [6,50] à 11,50 [6,63] %, $p<0,01$), mais pas avec le FAP (4,75 [5,13] à 7,25 [6,38], $p=0,16$).

Ces résultats montrent que le foin traité à l'acide propionique peut atténuer, sans prévenir complètement, les exacerbations d'asthme équin sévère. Cette étude soutient l'exploration d'hypothèses mécanistiques, incluant des effets possibles sur le microbiote intestinal et les acides gras volatils, et leurs interactions avec l'inflammation pulmonaire.

Une approche multi-omique pour élucider l'effet antiviral du déoxynivalénol contre le virus du syndrome reproducteur et respiratoire porcin

Auteurs : **Marie-Jeanne Pesant**^{1,2}, Younès Chorfi^{1,3}, Francis Beaudry^{1,3}, Carl A. Gagnon^{1,2,4}

(1) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA-FRQ),
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

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

(3) Département de biomédecine vétérinaire, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(4) Centre de diagnostic vétérinaire de l'Université de Montréal (CDVUM),
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Le déoxynivalénol (DON) est une mycotoxine, produite par *Fusarium spp.*, souvent présente dans l'alimentation animale. Les porcs sont particulièrement sensibles à ses effets nocifs. Notre laboratoire a démontré un effet antiviral significatif du DON contre l'infection par le virus du syndrome reproducteur et respiratoire porcin (vSRRP) *in vitro* et *in vivo*, mais une explication cellulaire et mécanistique à cet effet n'a pas été explorée.

Cette étude vise à élucider les mécanismes antiviraux *in vitro* du DON contre le vSRRP à l'aide d'une approche multi-omique.

En bref, des cellules, infectées par une souche de référence du Québec, ont été traitées avec du DON [280 ng/mL]. L'ARN et les protéines, totaux, ont été extraits 72h après l'infection et, avec les contrôles pertinents, 16 échantillons d'ARNm (MiSeq) et 12 échantillons de protéines (UHPLC-MS/MS) ont été séquencés.

Les résultats de transcriptomique ont révélé 154 gènes différentiellement exprimés (DEG), tandis que les résultats de la protéomique ont révélé 23 DEG [p-value<0,05; |Log₂FC|>1]. Enrichi avec GSEA, un réseau des voies de signalisations impliquées dans l'effet antiviral a été créé. Son analyse suggère une diminution d'expression des gènes APOE, NAGA et LAMP1, tous importants dans le cycle viral, et le facteur de transcription SP1 semble être activé.

L'analyse multi-omique a ainsi mis en évidence des mécanismes cellulaires (non-mentionnés) et des gènes essentiels à l'activité antivirale contre le vSRRP. Le DON, qui n'a pas d'application directe réaliste contre le vSRRP, pourrait donc ouvrir la voie à de nouvelles cibles et stratégies antivirales contre ce virus porcin très coûteux.

Héritage intestinal : comment la mère façonne le microbiote du chiot développant des signes de prurit

Auteurs : **Marine Rullier**^{1&2}, Frédéric Sauvé ¹, Marie-Claude Blais ¹, Marcio C Costa²

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

(2) Department of Veterinary Biomedical Sciences, Faculty of Veterinary Medicine,
Université de Montréal

Introduction : Le microbiote intestinal au début de la vie peut influencer le développement de maladies inflammatoires chroniques à l'âge adulte. La colonisation du microbiote est en grande partie façonnée par le microbiote maternel. Chez le chien, cette transmission reste peu étudiée.

Objectif : Évaluer l'impact des microbiotes maternels sur la composition des microbiotes oral et fécal des chiots.

Méthodes : Soixante-dix chiots prédisposés au développement d'une maladie inflammatoire chronique de la peau, issus de 12 mères d'une race unique, ont été inclus. Des écouvillons oraux, cutanés, vaginaux et rectaux ont été prélevés chez les mères 24 h avant la mise bas, et des écouvillons oraux et rectaux chez les chiots à l'âge de 2 jours. Le gène de l'ARNr 16S a été évalué par séquençage.

Résultats : Le microbiote rectal et oral des chiots de 2 jours différait statistiquement de tous les environnements maternels ($p < 0,001$), mais partageait des taxons avec le vagin, la peau et le rectum. À 14 jours de vie, la diversité était statistiquement plus élevée ($p = 0,009$) chez les chiens ayant développé du prurit durant leur première année de vie ($n = 49$, moyenne : 2,26) que chez ceux qui n'en avaient pas ($n = 16$, moyenne : 1,98).

Conclusions : Le microbiote intestinal des chiots est influencé par celui de la mère. La caractérisation de son origine et de ses voies de transmission permet d'élaborer des stratégies de modulation précoce de la diversité et de la composition afin de réduire le risque de maladies inflammatoires chroniques de la peau.

Disability-adjusted life years for neurocysticercosis: A Shiny app for burden calculation

Authors: **Mohammad Shah Jalal**¹, Christine M. Budke², H       Carabin¹

(1) Department of Pathology and Microbiology, Faculty of Veterinary Medicine,
Universit   de Montr      

(2) Department of Veterinary Integrative Biosciences, Texas A&M University, Texas, USA

Taenia solium (TS) is a zoonosis causing neuro-psychological symptoms in humans when the parasite larvae migrate to the brain, a condition called neurocysticercosis (NCC). Disability-adjusted life years (DALYs) have been estimated for NCC-associated epilepsy, combining population-based epilepsy prevalence data to proportion of NCC among people with epilepsy estimates, an approach called attributional. In parallel, several population-based serosurveys have estimated the prevalence of TS exposure or active-cysticercosis.

This study aimed to develop an app to estimate NCC-associated DALYs from serosurvey data instead of using the attributional approach.

A Shiny app was developed in R to facilitate DALY estimation using a transitional framework, where prevalent NCC-cases are derived from serosurvey data, adjusting for the sensitivity (Se) and specificity (Sp) of the serological test used. NCC-associated epilepsy and headache cases are subsequently estimated by applying transition probabilities to prevalent NCC-cases. The app allows users to assess the impact of the density distributions of the Se and Sp of the serological test, and of other key input parameters (e.g., disability weights, proportion of symptomatic-NCC and of manifestations) on the overall DALY-estimates. The app was initially tested using data in the Indian context.

The results indicate that as uncertainty increased in the input parameters, so this that of the DALYs. In the absence of accurate data of Se and Sp, probabilistic sensitivity analyses using alternative assumptions provide plausible ranges of NCC-associated DALYs.

To conclude, the Shiny app provides a flexible way to assess the impacts of alternative assumptions and input data on NCC-associated burden estimates.

L'absence de la protéine maternelle HP1 β altère le développement embryonnaire chez la souris

Auteurs : **Camille Souchet**¹, Samuel Gusscott¹, Guillaume Bourdon¹, 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

(2) Department of Medical Genetics, Life Sciences Institute, University of British Columbia

(3) Laboratory for Developmental Genetics, RIKEN Center for Integrative Medical Sciences (IMS), Yokohama, Kanagawa, Japon.

Des mutations de la famille des protéines de l'hétérochromatine 1 (HP1) ont notamment été associées à des troubles du neurodéveloppement ainsi qu'à des pertes de grossesse récurrentes. Ces protéines HP1 reconnaissent la modification d'histone H3K9me3, une marque épigénétique répressive, et participent à la compaction de la chromatine. Après la fécondation, les génomes parentaux subissent un remodelage épigénétique majeur, caractérisé par un effacement global suivi d'un ré-établissement de la méthylation de l'ADN, accompagné d'une redistribution de plusieurs modifications d'histones, dont H3K9me3. Nous supposons qu'un dysfonctionnement des HP1 ovocytaires pourrait perturber l'établissement de l'épigénome maternel et embryonnaire, avec des conséquences sur le développement. L'objectif de ce projet est donc d'examiner le rôle des HP1 maternelles lors de la transition maternelle-zygotique.

Nous avons utilisé un modèle murin présentant une délétion conditionnelle de HP1 dans les ovocytes (HP1 cKO). Les essais de fertilité révèlent qu'une déplétion spécifique de HP1 β dans l'ovocyte entraîne une hypofertilité sévère. Nous observons également des anomalies développementales polymorphes au milieu de la gestation, incluant des retards de croissance majeurs et des résorptions embryonnaires. L'analyse du transcriptome par séquençage de l'ARN total (RNA-seq) dans les ovocytes, les blastocystes et les épiblastes E6.5, montre que la déplétion de HP1 β maternelle est associée à des altérations transcriptionnelles dépendantes du stade de développement, ainsi qu'à une dérégulation de certaines familles d'éléments transposables.

Ces résultats suggèrent que HP1 β ovocytaire est indispensable durant l'ovogenèse postnatale et/ou aux premières étapes du développement, avant l'activation du génome embryonnaire et l'expression de l'allèle paternel.

Validation de l'utilisation d'une caméra intelligente pour la détection des lésions de dermatite digitale dans les fermes laitières québécoises.

Auteurs : **Anne-Marie Boulay**¹, Marianne Villetaz-Robichaud¹, André Desrochers¹,
Pablo Valdes-Donoso¹, Doerte Doeffer²

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

(2) Department of Medical Sciences, University of Wisconsin School of Veterinary Medicine

Les lésions des onglons sont un enjeu majeur pour le bien-être des bovins laitiers. La dermatite digitale (DD), une maladie infectieuse causée par *Treponema spp.*, touche plus de 70% des fermes laitières québécoises. Sa prévention et gestion demeurent difficiles en raison du manque de formation spécialisée offerte. Une technologie de détection automatisée de la DD (DADD), utilisant une caméra et l'intelligence artificielle montre un fort potentiel pour identifier la présence et le stade des lésions.

L'objectif du projet est de valider l'efficacité de cette technologie dans des fermes québécoises aux configurations variées et à adapter son utilisation aux besoins des producteurs, pour mieux contrôler la dermatite digitale. Notre hypothèse est que la technologie de DADD pourra identifier les lésions plus rapidement et efficacement pour les producteurs.

La DADD sera testée dans 30 fermes laitières ayant différentes configurations de logement et systèmes de traite. Son efficacité pour détecter et classer les lésions par stade sera comparée à la méthode de référence, soit la cotation visuelle des lésions effectuée lors du parage des onglons. Nous anticipons une détection d'environ 80% des lésions observées dans la cage de parage, ce qui serait supérieur à la détection visuelle qu'estiment les producteurs. Des statistiques d'exactitude, spécificité et sensibilité seront produites pour déterminer l'efficacité de la technologie. Une variation des résultats est attendue selon la configuration des fermes.

Cette technologie offrira un outil pour améliorer le contrôle et la gestion de la DD. Cela améliorera la productivité des vaches et impactera donc positivement l'économie des producteurs.

Reprogramming the host: macrophage immune responses to extracellular vesicles from antimony-resistant *Leishmania infantum*

Auteurs : **Leslie Herrera Guerrero**^{1,2}, Ana Victoria Ibarra Meneses¹, David Langlais²,
Christopher Fernandez Prada¹

(1) CFP Lab, Department of Pathology and Microbiology, Faculty of Veterinary Medicine,
Université de Montréal

(2) Inflammation Genomics Lab, Department of Human Genetics, McGill University

The emergence of drug-resistant *Leishmania* strains poses a significant challenge to the control of leishmaniasis and underscores the need to understand alternative, non-genetic mechanisms contributing to treatment failure. Extracellular vesicles (EVs) released by *Leishmania* parasites have emerged as key mediators of host–parasite communication, capable of modulating immune responses independently of direct parasite–cell contact. EVs can influence macrophage function, promote immune evasion, and contribute to disease progression. However, how EVs derived from antimony-resistant (drug-resistant, DR) strains differ functionally from those of drug-sensitive (DS) strains, and how these differences impact host immune responses, remains poorly understood.

This project investigates the immunomodulatory effects of EVs derived from DR and DS *Leishmania infantum* parasites on host macrophages. Macrophages are exposed exclusively to purified parasite-derived EVs, enabling direct assessment of EV-mediated signaling without confounding effects from live parasites. Immune responses are evaluated by analyzing macrophage activation states, cytokine and chemokine production, and alterations in key immune-related pathways.

By comparing macrophage responses induced by DR- versus DS-derived EVs, this work aims to identify EV-associated mechanisms that may contribute to immune evasion and parasite persistence under drug pressure. The convergence of a major human pathogen, a critical clinical challenge, and an emerging intercellular communication system provides a highly relevant framework for advancing our understanding of host–parasite interactions. Ultimately, this research may reveal novel biomarkers of resistant infections and inform the development of innovative host-targeted or EV-based therapeutic strategies against leishmaniasis.

Study of Stromal Cell-Derived Factor 1 in bovine ovary and its effect on ovarian somatic cells

Auteurs : **Mizanur Rahman Sharker**¹, Salma Ramzi¹, Europa Meza Serrano¹, Christopher Price¹,
Anthony Estienne¹

(1) Centre de recherche en reproduction et fertilité, Département de biomédecine vétérinaire,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

In vitro folliculogenesis (IVFG) is a valuable tool in reproductive biotechnology for improving fertility treatments. However, the bovine IVFG model remains undeveloped due to an immature oocyte phenotype resulting from rapid granulosa cell proliferation and differentiation at *in vitro* (1). In this context, Stromal Cell-Derived Factor 1 (SDF1), a chemokine that signals via CXCR4 and CXCR7, was shown to reduce atresia of murine primordial follicles (2). We hypothesize that, at the bovine antral follicle stage, SDF1 might act as a negative proliferation and differentiation modulator of granulosa cells, thus improving oocyte quality.

Using RT-qPCR, we show that the expressions of *SDF1*, *CXCR4*, and *CXCR7* are transcribed in cortex, granulosa, and theca cells from bovine antral follicles. However, immunohistochemistry shows that SDF1 protein is only present in the cortex, whereas its receptors are present on theca and granulosa cells. Additionally, in cultured granulosa cells, we found no effect of SDF1 on the expression of genes associated with proliferation, differentiation, steroidogenesis and apoptosis. We confirmed using CCK8 and BrdU assays that SDF1 does not affect granulosa cell mitotic activity or proliferation. However, examination by TUNEL demonstrates that SDF1 exerts anti-apoptotic effects in late-stage apoptosis. Nevertheless, SDF1 does not have any effect on early-stage apoptosis examined by the Cleaved caspase 3 assay.

Our results demonstrate that SDF1 does not influence antral follicle granulosa cell proliferation or differentiation *in vitro*, though it may act as an anti-apoptotic factor. The success of the study is very important to ease the way for bovine IVFC.

Étude des interactions entre *Streptococcus suis* et la muqueuse intestinale porcine

Auteurs : **Charlie Roux**¹, Martin Beaumont², Fanny Renois¹, François Meurens¹

(1) Centre de Recherche en Infectiologie Porcine et Avicole, Groupe de recherche les maladies infectieuses en production animale, Département de Pathologie et microbiologie,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement,
Unité Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage

Streptococcus suis (*S. suis*) est un agent pathogène bactérien zoonotique responsable d'infections chez le porc. Si la voie respiratoire est la principale voie d'entrée de *S. suis*, des études suggèrent que la voie intestinale pourrait jouer un rôle dans la dissémination bactérienne. L'hypothèse de ce projet est que *S. suis* utilise la voie intestinale comme voie d'entrée alternative en traversant la barrière intestinale. Ce projet vise à explorer les interactions entre *S. suis* et l'épithélium intestinal porcine, en identifiant les facteurs bactériens et ceux de l'hôte qui influencent la capacité de *S. suis* à traverser l'épithélium.

Trois modèles porcins seront utilisés : la lignée *Intestinal Porcine Epithelial Cell* (IPEC-1), les organoïdes intestinaux, et le modèle *in vivo* d'anses intestinales ligaturées. L'étude porte sur des souches de *S. suis* sérotype 2, sauvages et dépourvues de facteurs de virulence.

L'intégrité de la barrière épithéliale intestinale sera évaluée par des mesures de la résistance transépithéliale, accompagnées de tests d'adhésion, d'invasion et de translocation bactérienne. La réponse immunitaire de l'épithélium intestinal sera étudiée en mesurant l'expression de gènes impliqués dans la protection de la muqueuse intestinale par RT-qPCR.

Nous nous attendons à ce que la bactérie altère, adhère et traverse l'épithélium intestinal, entraînant une réponse immunitaire. Les expériences *in vitro* sur cellules IPEC-1 différenciées ont montré que *S. suis* adhère et traversait le tapis cellulaire, et plus facilement en absence de sa capsule polysaccharidique. Ce projet permettra de préciser l'importance de la voie d'entrée intestinale dans la pathogénie des infections à *Streptococcus suis*.

Efficacité de molécules issues du cannabis dans le traitement de la myélopathie dégénérative canine : un essai clinique

Auteurs : **Emile Roy**^{1,2}, Thomas Parmentier^{1,2}

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

(2) Centre Interdisciplinaire de Recherche sur le Cerveau et l'Apprentissage, Université de Montréal

La myélopathie dégénérative canine est une maladie progressive, incapacitante et ultimement fatale, avec une prévalence d'environ 0,2%. Elle affecte la moelle épinière et rend l'ambulation impossible 6 à 9 mois post-diagnostic. Les chiens sont souvent euthanasiés à ce stade, aucune option de traitement n'étant disponible. La pathogenèse de cette maladie implique l'agrégation de protéines, qui amène excitotoxicité, neuro-inflammation et stress oxydatif. Ces mécanismes peuvent être ciblés simultanément par des polyphénols et des cannabinoïdes.

Nous émettons l'hypothèse qu'un nouveau cocktail de molécules issues du cannabis est un candidat thérapeutique pour la myélopathie dégénérative. Le composé sera évalué *in vivo* pour son efficacité à ralentir la progression de la maladie et pour son innocuité à long terme.

Un essai clinique randomisé, avec groupe contrôle, à double-aveugle sera mené sur une cohorte de 22 chiens avec myélopathie dégénérative recrutés au CHUV. Pendant un an, les effets du composé seront évalués sur la survie, sur le temps d'ambulation par scores de locomotion, sur la masse musculaire par myographie ainsi que sur la dégénérescence du système nerveux central par mesure de biomarqueurs. L'innocuité du composé sera évaluée par bilans hépatiques et par questionnaire mensuel pour les propriétaires canins.

Une augmentation du temps d'ambulation et de survie parallèlement à peu d'effets secondaires permettrait d'établir le composé comme traitement pionnier de la myélopathie dégénérative canine et rendrait le composé éligible à l'essai clinique chez l'humain, notamment pour le traitement de la sclérose latérale amyotrophique. Les deux espèces bénéficieront des connaissances générées par ce projet.

Prévalence des pathotypes d'*E. coli* et de la résistance de cette bactérie aux antimicrobiens dans les troupeaux ovins du Québec

Auteurs: **Schlasiva Cenatus**^{1,2,3}, Julie Arsenault^{1,2,3}, William Thériault^{1,2}, Mohamed Rhouma^{1,2,3}

(1) 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) Groupe de Recherche en Épidémiologie des Zoonoses et Santé Publique (GREZOSP),
Université de Montréal

Plusieurs pathotypes d'*Escherichia coli* représentent une préoccupation majeure pour la santé humaine et animale. Toutefois, la prévalence des pathotypes et la résistance aux antimicrobiens (RAM) d'*E. coli* sont inconnues dans l'élevage ovin du Québec qui fournit 53% de la viande ovine consommée dans la province. Ainsi, l'objectif de cette étude était d'estimer la prévalence des troupeaux ovins du Québec positifs aux pathotypes d'*E. coli* et de déterminer leur profil de RAM phénotypique et génotypique.

Un pool fécal de 10 animaux a été prélevé dans 61 fermes ovines. Les échantillons ont été ensemencés sur gélose MacConkey pour isoler *E. coli*. L'identification d'*E. coli* a été confirmée par PCR. Les isolats confirmés ont été testés par PCR pour identifier les différents pathotypes d'*E. coli* (STEC, ETEC et EPEC) en ciblant leurs facteurs de virulence spécifiques. La sensibilité des isolats à 10 des antimicrobiens les plus utilisés en élevage ovin du Québec a été évaluée par antibiogramme. Les gènes de RAM d'isolats sélectionnés aléatoirement seront identifiés par séquençage complet du génome.

La prévalence des fermes positives aux STEC, ETEC et EPEC était respectivement de 54.1%, 50.8% et 3.28%. La prévalence des fermes avec résistance était plus élevée pour la streptomycine (67.2%), la sulfaméthazine (65.5%) et l'oxytétracycline (44.3%). Les analyses génomiques sont en cours.

Les résultats permettront d'évaluer, pour la première fois, la prévalence des différents pathotypes d'*E. coli* circulant dans les troupeaux ovins du Québec et de caractériser leur profil de RAM, en vue de recommandations pour un usage prudent des antimicrobiens.

Détection précoce des lésions des onglons chez les vaches laitières au Québec : vers une approche proactive de prévention de la boiterie.

Auteurs : **Beatriz Delgado Hernandez**^{1,3}, Pablo Valdes Donoso^{2,3}, Sébastien Buczinski^{1,3},
André Desrochers³, Marianne Villettaz Robichaud^{1,3}

(1) Groupe de recherche en santé bovine, Département de sciences cliniques,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Plateforme IA-Agrosanté (PIAAS)

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

La boiterie chez les vaches laitières constitue un enjeu majeur pour le bien-être animal et la rentabilité des fermes. Malgré l'existence de grilles de locomotion, leur utilisation reste subjective et peu efficace pour détecter les cas précoces. Les producteurs et les vétérinaires non formés spécifiquement à l'évaluation de la locomotion détectent difficilement les premiers signes de boiterie en conditions réelles, ce qui retarde les interventions, aggrave les lésions et accroît les pertes économiques.

Nous posons l'hypothèse qu'une stratégie intégrant prévention et détection précoce permettrait de réduire significativement l'impact des lésions des onglons dans les troupeaux laitiers québécois. L'objectif du projet est de valider, en conditions réelles, un système d'intelligence artificielle dédié à la détection précoce de la boiterie chez les vaches en lactation.

Le système CattleEye sera installé dans dix fermes en stabulation libre pendant 18 à 24 mois. Des cotations visuelles standardisées seront réalisées toutes les 6 à 8 semaines par une équipe formée. Les résultats de l'IA seront comparés aux évaluations visuelles et aux rapports de parage certifiés. Des analyses statistiques permettront d'estimer la précision, la sensibilité, la spécificité et la précision du système, ainsi que sa capacité à identifier les types de boiterie. Les facteurs de risque liés au confort animal, aux pratiques de gestion et au logement seront intégrés aux modèles.

Ce projet vise à améliorer durablement la santé des troupeaux laitiers québécois, à réduire les coûts associés aux lésions des onglons et à soutenir l'adoption de technologies favorisant une gestion proactive et durable.

**Exploitation de gènes cellulaires hôtes, incluant DUSP1,
pour optimiser la production du PCV2 en co-infection avec le vSRRP**

Auteurs : **Mehdi Maury Laouedj**^{1,2}, Vincent Baby^{1,3}, Marie-Jeanne Pesant^{1,2}, Marika Köszegei^{1,3},
Yaima Burgher Pulgaron^{1,2}, Carl A. Gagnon^{1,2,3}

(1) Laboratoire des maladies infectieuses virales vétérinaires, Département de Microbiologie et Pathologie Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(3) Centre de diagnostic vétérinaire de l'Université de Montréal (CDVUM), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Les infections virales sont un facteur majeur de la maladie respiratoire porcine complexe, notamment l'association entre le virus du syndrome reproducteur et respiratoire porcin (vSRRP) et le circovirus porcin (PCV) de type 2b, 2d, 2e et 3. Malgré son importance sanitaire et économique, la production expérimentale des PCV demeure limitée, ce qui freine le développement d'outils de recherche et de stratégies vaccinales.

Afin d'identifier les facteurs cellulaires impliqués dans cette co-infection, une analyse transcriptomique par RNA-seq a été réalisée sur des cellules infectées par PCV-vSRRP. Cette approche a permis d'identifier plusieurs gènes cellulaires hôtes différentiellement exprimés, dont DUSP1, dont l'augmentation d'expression est associée à une production accrue du PCV en présence du vSRRP.

L'objectif de ce projet est d'évaluer le rôle fonctionnel de gènes cellulaires hôtes, incluant DUSP1, dans la modulation de la production des PCV lors d'une co-infection avec le vSRRP. Nous posons l'hypothèse que la manipulation ciblée de ces gènes permettrait d'améliorer la compréhension des interactions virus-hôte, tout en facilitant la production de PCV à des fins vaccinales.

Pour tester cette hypothèse, des lignées cellulaires porcines surexprimant ou invalidant DUSP1, ainsi que d'autres gènes candidats issus du RNA-seq, sont développées. Les expériences sont réalisées dans un nouveau modèle cellulaire hôte, les iPAM-CD163 et la production virale est évaluée par qPCR et IFA.

Ce projet vise à identifier des leviers cellulaires améliorant les modèles expérimentaux d'infections virales porcines et la production des PCV, avec des retombées directes pour la recherche appliquée et la production de vaccin vétérinaire.

Caractérisation de l'administration concomitante d'anticoccidiens et d'antimicrobiens chez le poulet de chair au Québec : impact sur les paramètres pharmacocinétiques et sur le développement de la résistance bactérienne

Auteurs : **Wassel Zekri**¹, Marie-Lou Gaucher^{1,2}, Mohamed Rhouma^{1,2}

(1) Chaire de Recherche en Salubrité des Viandes, Département de pathologie et microbiologie,
Faculté de Médecine Vétérinaire de l'Université de Montréal

(2) Centre de Recherche en Infectiologie Porcine et Aviaire, Département de pathologie et microbiologie, Faculté de
Médecine Vétérinaire de l'Université de Montréal

Au Canada, l'industrie avicole a adopté une stratégie graduelle de réduction de l'usage des antimicrobiens, incluant l'interdiction de l'utilisation prophylactique des molécules de catégories I (2014) et II (2018) afin de préserver l'efficacité des traitements existants. Toutefois les anticoccidiens, notamment les ionophores (catégorie IV), sont encore systématiquement incorporés à l'aliment des poulets de chair, parfois en association avec des antimicrobiens de catégorie III tels que la bacitracine. L'impact de ces associations sur les paramètres pharmacocinétiques (PK) et la sélection de bactéries résistantes demeure peu documenté.

Cette étude vise à évaluer, pour la première fois au Québec, l'impact des associations anticoccidiens/antimicrobiens sur la résistance bactérienne et les paramètres PK de ces associations chez le poulet de chair.

La sensibilité de bactéries d'origine aviaires sera évaluée par microdilution pour les molécules testées individuellement et en combinaison. Les souches présentant des concentrations inhibitrices supérieures aux seuils cliniques seront séquencées par Illumina MiSeq afin d'identifier les gènes de résistance potentiellement associés à des mécanismes de résistance croisée. Une étude *in vivo* permettra également d'évaluer l'effet de ces associations sur la pharmacocinétique des antimicrobiens et sur le microbiote intestinal.

Cette étude générera les premières données scientifiques permettant d'identifier les combinaisons anticoccidiens/antimicrobiens à éviter en raison de leur impact sur la biodisponibilité et la sélection de la résistance aux antimicrobiens.

Communications par affiche (verrière et salle communautaire)

1. [Utilisation d'ImageJ pour mesurer les lésions de dermatite digitale](#)
Ana Paula ABREU MENDONÇA, postdoctorante, directrice : Marianne Villettaz-Robichaud
2. [Première caractérisation de la dynamique de contamination bactérienne des aliments pour animaux en meunerie au Québec](#)
Eya BERRAIS, étudiante au doctorat, directeur : Mohamed Rhouma
3. [Identification de facteurs de virulence d'*Escherichia coli* potentiellement associés aux colites indifférenciées chez le cheval](#)
Laurie BOUCHER, étudiante au doctorat, directeur : Marcio Costa
4. [Évaluation de la dose d'alfaxalone requise pour l'induction anesthésique chez le lapin domestique \(*Oryctolagus cuniculus*\)](#)
Amélie Aduriz, interne, directrice : Inga-Catalina Cruz-Benedetti
5. [Caractérisation des plasmides IncHI chez des souches pathogènes d'*Escherichia coli*](#)
Chloé CORBEIL-SCHEDEMAN, étudiante à la maîtrise, directeur : David Roy
6. [Preclinical evaluation of a candidate vaccine against *Pseudomonas aeruginosa* in a porcine translational model](#)
Nathalia DE ALBUQUERQUE SOARES, étudiante à la maîtrise, directrice : Fanny Renois
7. [Étude de la contamination de la filière poulet de chair du Québec par des agents pathogènes spécifiques ciblés, de la ferme à l'abattoir](#)
Abderrahmane DAHMANI, étudiant au doctorat, directrice : Marie-Lou Gaucher
8. [Identification des marqueurs précoces de dérégulation épigénétique en production bovine](#)
Louis DUBOIS, étudiant à la maîtrise, directrice : Julie Brind'Amour
9. [Révéler la persistance de *Leishmania infantum* : un biosenseur photoconvertible pour suivre réplication et quiescence](#)
Rafael FERNANDES FERREIRA, étudiant au doctorat, directeur : Christopher Fernandez-Prada
10. [Caractérisation longitudinale du profil somatosensoriel et des signatures neuropeptidomiques spinales dans la douleur chronique arthrosique chez le rat](#)
Marilyn FRÉZIER, étudiante au doctorat, directeur : Éric Troncy
11. [Valorisation de la mouche soldat noire : amélioration des propriétés organoleptiques pour la consommation humaine par l'extraction verte des lipides](#)
Andrey-Ann FORTIN, étudiante au D.M.V.-M. Sc., directrice : Marie-Odile Benoit-Biancamano
12. [Impact du plasmide IncHI dans la régulation de l'expression génétique bactérienne](#)
Fabian GUIRAUD, étudiant à la maîtrise, directeur : David Roy
13. [Implication des rétrovirus endogènes dans la méningo-encéphalite canine d'origine inconnue](#)
Karol-Ann HENRY, étudiante au D.É.S.-M. Sc., directeur : Thomas Parmentier
14. [LATS1 et LATS2 sont dispensables pour la signalisation canonique Hippo dans les gonadotrobes de l'hypophyse antérieure murine](#)
Natalia JAKUC, étudiante au doctorat, directeur : Gustavo Zamberlam
15. [Les porcs résistants au SDRP peuvent-ils transformer l'économie de la production porcine ? Une approche de modélisation spatio-temporelle et fondée sur des scénarios](#)
Ralph JEAN-PIERRE, postdoctorant, directeur : Pablo Valdes Donoso
16. [Injection intracornéenne de PRP : corrélation morphologique par OCT, écho 50 Hz et étude histologie, une étude ex-vivo](#)
Valérie LAFLAMME, interne, directrice : Maria Vanore
17. [Étude sur l'utilisation d'un modèle d'oiseau 3D comme support pédagogique pour les étudiants vétérinaires dans le but de réaliser un gavage chez un oiseau de proie vivant](#)
Lydie-Amy LECLERC, résidente, directrice : Claire Vergneau-Grosset
18. [La culture du lavage trachéal n'est pas associée à l'infection, au remodelage ou à l'inflammation des voies respiratoires chez les chevaux asthmatiques](#)
Laurence LEDUC, étudiante au doctorat, directrice : Mathilde Leclère
19. [Évaluation de la prévalence et des infections des plaies d'ébourgeonnage chez les veaux laitiers ébourgeonnés avec un fer chaud](#)
Nadir MAAMRI, étudiant à la maîtrise, directrice : Isabella Nicola
20. [La co-construction d'une relation propriétaire-chien au service d'une détection plus précoce de la douleur arthrosique](#)
Laurie MARTIN, étudiante au doctorat, directeur : Éric Troncy
21. [Identification des marqueurs précoces de dérégulation épigénétique en production bovine](#)
Amr MEHDI, étudiant au doctorat, directrice : Julie Brind'Amour

22. [CRISPR-SeroSeq : une approche novatrice pour caractériser la diversité des sérotypes de *Salmonella* dans la filière avicole chair au Québec](#)
Manel MERAD, étudiante au doctorat, directrice : Marie-Lou Gaucher
23. [Dopamine Receptor Conservation in *C. elegans* and Humans as a Parkinson's Model](#)
Lusine MKRTCHYAN, étudiante au doctorat, directeur: Francis Beaudry
24. [Surveiller l'antibiorésistance avec la génétique : Études des gènes de résistance dans des fermes laitières québécoises suite à l'application d'une restriction gouvernementale sur l'usage des antibiotiques](#)
Emma NOUHAUD, étudiante au D.M.V.-M. Sc., directrice : Maud de Lagarde
25. [Quantification des spores de *Vairimorpha* spp. par fluorescence : développement et validation d'une méthode](#)
Elsa RACINE, étudiante au D.M.V.-Ph. D., directrice : Marie-Odile Benoit-Biancamano
26. [Étude du système LIF \(Leukemia Inhibitory Factor\) dans l'ovaire bovin ainsi que ses effets sur les cellules de granulosa](#)
Salma RAMZI, étudiante au doctorat, directeur : Anthony Estienne
27. [Guide en images de la dissection et de l'anatomie abdominale du ténébrion meunier \(*Tenebrio molitor*\)](#)
Chloé ROSA-TEIJEIRO, étudiante au D.É.S.-Ph. D., directrice : Marie-Odile Benoit-Biancamano
28. [Space-Time Analysis of serum status of vitamin A, E, and Selenium of Bovine and Equine Clinical Records in Quebec Veterinary Clinics](#)
Ifeoluwa Ruth OLONIJOLU, étudiante à la maîtrise, directeur: Pablo Valdes Donoso
29. [Caractérisation du profil des vitamines B dans le plasma de vaches Holstein en début de lactation](#)
Lama SANTBAY, étudiante au doctorat, directeur : Younès Chorfi
30. [Effects of zearalenone and its congeners on xenobiotic sensing, and their consequences on *in vitro* drug metabolism in human and pig models](#)
Elham SHIRAZI-TEHRANI, étudiante à la maîtrise, directeur: Imourana Alassane-Kpembé
31. [Validation d'un modèle de co-culture endométriale bovine pour l'étude *in vitro* du rôle de la voie Hippo sous l'influence de l'œstrogène et de la progestérone](#)
Liudmila TARANOVA, étudiante à la maîtrise, directeur : Guillaume St-Jean
32. [Prévalence de l'infection du virus de l'arthrite encéphalite caprine au Québec et performance de son dépistage à partir du lait de réservoir](#)
Molly VÉZINA, étudiante à la maîtrise, directrice : Julie Arsenault
33. [Distribution des types de séquence parmi les sérotypes cliniquement pertinents de *Streptococcus suis* au Québec \(Canada\), 2020-2024](#)
Pauline TREICHEL, étudiante au doctorat, directrice : Mariela Segura
34. [Impact of *Salmonella* Typhimurium on the gut proteome of newly weaned piglets and the role of dietary supplements](#)
Najib ULLAH, étudiant au doctorat, directeur : Alexandre Thibodeau
35. [Évaluation de l'innocuité du robenacoxib chez les poissons: analyse rétrospective à l'Aquarium du Québec](#)
Giulia VIEIRA, étudiante à la maîtrise, directrice : Claire Vergneau-Grosset
36. [Approche basée sur les alternatives naturelles aux anticoccidiens et leur combinaison vaccinale pour contrer la coccidiose aviaire chez le poulet de chair](#)
Feriel YACINI, étudiante à la maîtrise, directrice : Marie-Lou Gaucher

Utilisation d'ImageJ pour mesurer les lésions de dermatite digitale

Auteurs : **Ana Paula Abreu Mendonça**¹, André Desrochers¹, Tiphaine Rousseau²,
Marianne Villettaz Robichaud¹

(1) Groupe de recherche de santé et bien-être des veaux et vaches, Département des Sciences Cliniques,
Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

(2) École nationale vétérinaire de Toulouse

La dermatite digitale (DD) est une maladie des onglons qui provoque une boiterie et des pertes économiques chez les bovins laitiers. L'analyse morphométrique des lésions est essentielle pour un suivi précis de la progression de la DD et pour l'évaluation de l'efficacité des traitements, particulièrement en contexte de recherche. Nous avons étudié la reproductibilité intra- et inter-observateur de la méthode décrite par notre équipe de recherche pour la mesure morphométrique à l'aide du logiciel ImageJ.

Le coefficient de corrélation intraclasse (ICC) a été estimé pour deux observateurs différents: l'un expérimenté (chercheur) et l'autre sans expérience préalable (étudiant). L'étudiant a reçu une brève formation sur la méthode par le chercheur, et tous deux ont effectué des mesures morphométriques sur 155 lésions de DD à partir des mêmes images. Les ICC ont été calculés à l'aide du SAS selon deux scénarios distincts: avec et sans prise en compte de la localisation et du stade de la lésion, correspondant à l'aspect macroscopique.

Les résultats ont démontré une excellente fiabilité d'utilisation d'ImageJ. La cohérence intra-observateur était remarquablement élevée pour les deux observateurs, avec des ICC supérieurs à 0,95 dans presque toutes les analyses. Ces résultats suggèrent qu'une fois le protocole de mesure établi, ImageJ peut être utilisé de manière fiable par différents observateurs, même avec de l'expérience limitée.

La méthode décrite constitue ainsi un outil efficace et accessible, permettant à des non-experts d'effectuer des mesures fiables. La diffusion de ce protocole pourrait améliorer la surveillance, le diagnostic, le traitement et la prévention de la DD.

Première caractérisation de la dynamique de contamination bactérienne des aliments pour animaux en meunerie au Québec

Auteurs : **Eya Berrais**¹, Virginie Lachapelle^{1,2}, Mohamed Rhouma¹

(1) Département de pathologie et microbiologie, Faculté de Médecine Vétérinaire,
Université de Montréal

(2) Agence canadienne d'inspection des aliments

Les meuneries constituent un maillon clé de la chaîne alimentaire, et la contamination bactérienne des aliments pour animaux à ce niveau représente un enjeu majeur de santé animale et publique. Cette étude visait à évaluer la présence de deux bactéries indicatrices de contamination fécale, *Escherichia coli* et *Enterococcus spp.*, à différentes étapes de fabrication des aliments pour animaux en meunerie, ainsi que l'influence de la saisonnalité.

L'étude a été menée dans trois meuneries commerciales situées au Québec, avec un échantillonnage réalisé au printemps, à l'été et à l'automne. Des échantillons d'ingrédients primaires, d'aliments à différentes étapes de production, de produits finis et de l'environnement de production ont été analysés par culture pour détecter la présence d'*E. coli* et *Enterococcus spp.* Un dénombrement d'*E. coli* a également été effectué.

Les résultats de culture suggèrent que les ingrédients primaires et le produit post-mélange seraient contaminés. Le traitement thermique semble éliminer efficacement *E. coli*, mais pas les *Enterococcus spp.*, et une recontamination du produit fini surviendrait à l'étape de post-graissage.

Par ailleurs, les résultats pour l'environnement externe des équipements au niveau de l'aire de production ainsi que l'environnement des zones d'entreposage et d'expédition semblent démontrer une contamination bactérienne.

En conclusion, certains ingrédients, des étapes post-traitement thermique et l'environnement de production constitueraient des points de contrôles critiques de contamination bactérienne en meunerie. Ces résultats de culture devront être confirmés par biologie moléculaire afin de pouvoir proposer des mesures correctives appropriées visant à améliorer la salubrité des aliments pour animaux.

Identification de facteurs de virulence d'*Escherichia coli* potentiellement associés aux colites indifférenciées chez le cheval

Auteurs : **Laurie Boucher**¹, Marcio Costa¹, Luis Arroyo², Lisandra Campos¹, Mathilde Leclère³, Maud de Lagarde⁴

(1) Département de biomédecine vétérinaire, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Département des études cliniques, Collège vétérinaire de l'Ontario, Université de Guelph

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

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

Plus de 50% des cas de colites aiguës équine restent de cause non identifiée (colites indifférenciées). Des données préliminaires ont montré une augmentation significative du nombre d'*Escherichia coli* (*E. coli*) par qPCR dans les fèces de chevaux atteints de colite indifférenciée. L'objectif est d'évaluer l'association entre certains pathotypes d'*E. coli* et les colites aiguës indifférenciées.

Onze gènes de virulence, généralement détectés chez d'autres espèces animales lors de pathologies intestinales, ont été analysés par PCR sur 82 échantillons fécaux (30 colites, 52 sains). Les résultats des PCR ont été analysés à l'aide du test du chi carré. Dans le groupe colite, un test-t de Welch a été effectué pour comparer la quantité d'*E. coli* entre les échantillons fécaux avec et sans gènes de virulence.

Deux gènes avaient une association significative avec la colite : *eae* (10% colite, 0% sains; $p < 0,05$) et *papC* (23% colite, 2% sain; $p < 0,01$), cinq gènes n'en avaient pas et quatre n'ont été identifiés dans aucun échantillon. Dans le groupe colite, les chevaux porteurs d'au moins un gène de virulence avaient davantage d'*E. coli* dans leurs fèces ($p < 0,001$) comparativement à ceux sans gènes de virulence.

E. coli n'est pas considéré comme une cause de colite chez les chevaux, alors qu'elle provoque des diarrhées chez de nombreux mammifères. En s'intéressant à certains pathotypes d'*E. coli*, cette étude pourrait permettre d'identifier des entéropathogènes responsables de colites considérées « indifférenciées » à ce jour. Cela pourrait améliorer le diagnostic et l'efficacité des traitements chez les chevaux atteints de colite aiguë.

Évaluation de la dose d'alfaxalone requise pour l'induction anesthésique chez le lapin domestique (*Oryctolagus cuniculus*)

Auteurs : **Amélie Aduriz**¹, Charline Boudou¹, Claire Vergneau-Grosset¹,
Inga-Catalina Cruz Benedetti¹, Alessandro Mirra¹

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

(2) Saint-Hyacinthe, Québec, Canada

Les lapins présentent un risque anesthésique plus élevé que d'autres espèces. De l'apnée et de l'hypoxémie sont rapportés lors de l'induction à l'alfaxalone chez le lapin. L'objectif de cette étude croisée randomisée était d'évaluer les effets de cinq débits d'administration d'alfaxalone sur la dose cumulative d'agent d'induction reçue, les durées d'induction et d'apnée, les effets secondaires observés, les paramètres physiologiques, et le score de sédation de l'animal.

Huit lapins ont été répartis aléatoirement en cinq groupes (A à E), et induits à l'alfaxalone à un débit de 1, 1.5, 2, 2.5 ou 3 mg/kg/min, respectivement, après une prémédication intramusculaire de midazolam (1 mg/kg)/butorphanol (1 mg/kg). Les données récoltées ont été analysées à l'aide de modèles linéaires mixtes et linéaires généralisés mixtes.

Une dose cumulative d'alfaxalone significativement plus faible était administrée aux lapins du groupe A comparés aux groupes D ($P = 0,039$) et E ($P = 0,001$), et aux groupes B et C comparés au groupe E ($P = 0,034$). Une durée d'induction significativement plus longue a été observée uniquement dans le groupe A par rapport au groupe D ($P = 0,048$). Les scores de sédation étaient globalement plus élevés pour les groupes D ($P = 0,013$) et E ($P = 0,013$) que pour le groupe A. Il n'y avait aucune différence significative entre les cinq groupes pour la durée d'apnée, les fréquences cardiaques et respiratoires, ou la pression artérielle invasive.

Ces résultats suggèrent que de plus faibles débits d'administration d'alfaxalone sont adéquats pour l'induction anesthésique chez le lapin.

Caractérisation des plasmides IncHI chez des souches pathogènes d'*Escherichia coli*

Auteurs : **Chloé Corbeil-Scheldeman**³, Maud de Lagarde^{1,2,3}, Ghyslaine Vanier^{1,2}, David Roy^{1,3}

(1) Laboratoire de référence pour *E. coli* de l'OMSA, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal

(2) Centre de Diagnostic Vétérinaire de l'Université de Montréal, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal

(3) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale,
Département de Pathologie et Microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Les *Escherichia coli* multirésistantes représentent un enjeu majeur, autant en santé publique qu'en santé animale. Les plasmides conjugatifs permettent aux bactéries de faire l'acquisition de matériel génétique, comme des gènes de résistances, par transfert horizontal de gènes. Les plasmides conjugatifs du groupe d'incompatibilité IncHI véhiculent de nombreux gènes de résistances, mais ses mécanismes de transfert et son rôle chez les *E. coli* pathogènes sont encore très peu documentés.

L'hypothèse de ce projet est que les plasmides IncHI encodent des systèmes qui permettent la dissémination chez un large spectre d'hôte, influençant ainsi la virulence, le métabolisme et la résistance des isolats. Pour tester une partie de cette hypothèse, des plasmides IncHI issus de souches d'*E. coli* d'importance clinique en production animale ont été caractérisés à l'aide d'analyses bio-informatiques, et leur efficacité de transfert intra et inter-espèces est en cours d'évaluation.

Les résultats préliminaires obtenus ont mis en évidence une grande diversité de gènes de résistance des plasmides IncHI, telles des résistances aux céphalosporines, aux bêta-lactamines, aux streptomycines, aux spectinomycines et à la kanamycine. L'analyse de typage multilocus (MLST) a par ailleurs permis d'identifier deux 'sequence types' (ST) distincts, ST2 et ST3. L'analyse du pangénome a démontré une grande diversité de gènes accessoires, avec une taille de plasmides variant de 200 à 300 kb. Les tests de transfert conjugatif *in vitro* sont présentement en cours afin d'évaluer l'efficacité de transfert intra et inter-espèces. Ces résultats permettront de mieux comprendre le rôle des plasmides IncHI dans l'émergence de souches pathogènes multirésistantes.

Preclinical evaluation of a candidate vaccine against *Pseudomonas aeruginosa* in a porcine translational model

Auteurs : **Nathália de Albuquerque Soares¹**, François Meurens¹, Fanny Renois¹.

(1) Centre de Recherche en Infectiologie Porcine et Avicole (CRIPA), Groupe de recherche les maladies infectieuses en production animale (GREMIP), Département de Pathologie et Microbiologie, Université de Montréal

Pseudomonas aeruginosa (Pa) is an opportunistic bacterium that can be associated with severe infections, particularly in cystic fibrosis patients and in hospital settings. Classified by the WHO among the ESKAPE multidrug-resistant pathogens, Pa represents a global public health concern and causes an estimated 559,000 deaths annually, driven by antimicrobial resistance. In this context, *P. aeruginosa* has become a symbol of this crisis due to the combination of multiple antimicrobial resistance mechanisms, high adaptive capacity, and efficient strategies for immune system evasion.

Currently, there are no approved vaccines against *P. aeruginosa*. This gap results from intrinsic limitations of the pathogen, such as high antigenic diversity, the ability to form biofilms, and rapid modulation of surface antigens.

This project aims to evaluate pre-clinically a candidate vaccine combining a glycoantigen (type A polysaccharide conjugated to CRM197 protein) and an adjuvant (SLA) in a porcine model. The polysaccharide is conserved across strains and promising target. Weaned piglets (8/group) will receive three intramuscular doses over 28 days, followed by bronchiolar challenge with a reference strain (PaO1). Four groups will be compared: full vaccine, adjuvant alone, PBS control, and uninfected/non-immunized controls.

Efficacy, innocuity and immunogenicity will be assessed through clinical signs, weight gain, bacterial load, C-reactive protein levels, cytokine production, and antibody responses (IgA, IgM, IgG). Functional assays will evaluate opsonization and bacterial neutralization. Expected results include reduced bacterial load, no elevation of inflammatory markers, increased specific antibodies (IgG/IgA), and enhanced neutralization, supporting progression to clinical trials and vaccine development with global public health impact.

Étude de la contamination de la filière poulet de chair du Québec par des agents pathogènes spécifiques ciblés, de la ferme à l'abattoir

Auteurs : **Abderrahmane Dahmani**^{1,2}, Alexandre Thibodeau^{1,2}, Mohamed Rhouma^{1,2},
Caroline Duchaine^{2,3}, 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

(2) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal

(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

La filière avicole chair canadienne présente des enjeux de salubrité, notamment liés à *Salmonella* spp., pathogène zoonotique persistant, et la charge bactérienne totale (CBT) représente un des indicateurs pour identifier les points critiques de cette contamination. Cette étude vise à décrire la présence de *Salmonella* spp. et la CBT tout au long de la filière avicole chair au Québec afin de mieux comprendre la dynamique de contamination, de la ferme à l'abattoir.

Quatre-vingt-sept troupeaux reproducteurs ont été échantillonnés via la litière, et 25 fermes d'élevage de poulets de chair ont été visitées avant le placement des poussins, puis avant leur départ vers l'abattoir. Les prélèvements incluaient la moulée, la litière, les surfaces des murs, ventilateurs et mangeoires, les boîtes de livraison des poussins et les cageots de transport. À l'abattoir, 11 carcasses ont été échantillonnées pour chacune des fermes d'élevage. L'isolement de *Salmonella* a été effectué, accompagné d'une quantification des bactéries totales par qPCR 16S.

Les étapes les plus critiques combinant une forte CBT et une contamination par *Salmonella* ont été : les boîtes de livraison des poussins (CBT : $1,32 \times 10^8$ copies/ng, 20 % *Salmonella*), les troupeaux reproducteurs (CBT : $1,14 \times 10^8$ copies/ng, 44 % *Salmonella*), les cageots de transport vers l'abattoir (CBT : $1,06 \times 10^8$ copies/ng, 64 % *Salmonella*) et la saignée à l'abattoir (CBT : $8,36 \times 10^7$ copies/ng, 96 % *Salmonella*). Ces résultats mettent en évidence les points critiques nécessitant une attention particulière pour le contrôle de la contamination bactérienne dans cette filière.

Identification des marqueurs précoces de dérégulation épigénétique en production bovine

Auteurs : **Louis Dubois**¹, Amr Mehdi¹, Samuel Gusscott¹, Amélie Tremblay², Guillaume Bourdon¹, 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

(2) L'Alliance Boviteq (SEMEX)

En Amérique du Nord, la majorité des bovins laitiers proviennent de techniques de reproduction assistée, principalement l'insémination artificielle. Parallèlement, l'utilisation de la fécondation *in vitro* (FIV) et de la production embryonnaire *in vitro* connaît une expansion rapide. Ces approches impliquent des manipulations embryonnaires et des conditions de culture coïncidant avec des périodes critiques de la reprogrammation épigénétique, augmentant le risque de dérégulation du développement. Ainsi, la production *in vitro* est associée à une incidence accrue d'avortements spontanés et de syndromes développementaux liés à l'empreinte génomique. Le plus fréquent, le Large Offspring Syndrome (LOS), se caractérise par une surcroissance fœtale et malformations congénitales. Nous posons l'hypothèse que des défauts épigénétiques déjà établis au stade blastocyste pourraient être détectés avant transfert chez les receveuses.

Notre objectif est d'identifier des signatures transcriptionnelles permettant d'identifier des blastocystes porteurs d'anomalies épigénétiques associées à ces syndromes. Pour ce faire, des analyses de séquençage d'ARN seront réalisées sur 350 blastocystes individuels. En parallèle, afin d'induire des profils transcriptomiques anormaux, 50 blastocystes cultivés avec du sérum (condition associée à environ 25 % de fœtus atteints de LOS) seront analysés. Ces données seront intégrées à des loci préalablement identifiés comme dérégulés chez des veaux présentant des anomalies périnatales.

Ce projet, en combinaison avec une étude épigénétique d'embryons individuels, vise à identifier des marqueurs précoces d'anomalies développementales pour le dépistage embryonnaire avant transfert. Au-delà des retombées sur le bien-être animal et le rendement de la production bovine, cette étude contribuera à une meilleure compréhension des maladies épigénétiques bovines et humaines.

Révéler la persistance de *Leishmania infantum* : un biosenseur photoconvertible pour suivre réplication et quiescence

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

Comprendre la persistance de *Leishmania infantum* nécessite de suivre finement la réplication des parasites et leur entrée en quiescence. Nous avons mis au point un biosenseur basé sur la protéine fluorescente photoconvertible mKikGR (Kikume), intégrée de façon stable dans le locus ribosomal SSU. Après photoconversion (405 nm), le signal vert devient rouge; la réapparition progressive du vert au fil des divisions permet de quantifier la dynamique proliférative avec une résolution temporelle élevée.

Nous avons généré des lignées sensibles et résistantes à l'antimoine trivalent (SbIII), à la miltefosine (MTF) et à l'amphotéricine B (AmB). Toutes expriment fortement Kikume, avec une relation linéaire entre le nombre de parasites et l'intensité de fluorescence en vert et en rouge ($R^2 > 0,99$), assurant une mesure sensible et fiable de la charge parasitaire. La photoconversion n'altère ni la viabilité ni la croissance, permettant un suivi sur plusieurs jours.

Pour caractériser la dynamique intracellulaire, des macrophages murins dérivés de la moelle osseuse (BMDM) ont été infectés avec des parasites photoconvertis ou non. Après lavage, les cultures ont été incubées jusqu'à 72 h. La quantification, dans des macrophages individuels, des proportions de parasites rouges et verts permet d'estimer l'infectivité, la réplication, la persistance et l'éventuelle entrée en quiescence.

Ce biosenseur photoconvertible fournit ainsi une plateforme robuste pour étudier en temps réel la prolifération, la persistance et les états non réplicatifs de *L. infantum* au sein de l'hôte, et pourra être mobilisé pour comparer des phénotypes de sensibilité/résistance aux traitements.

Caractérisation longitudinale du profil somatosensoriel et des signatures neuropeptidomiques spinales dans la douleur chronique arthrosique chez le rat

Auteurs : **Marilyn Frézier**¹, Gaoyuan Lu², Tran Vu Ngoc Huong², Colombe Otis C¹, Bertrand Lussier^{1,3}, Guillaume Saint-Jean^{1,4}, Lingjun Li², Hélène Beaudry¹, Éric Troncy^{1,3}

(1) Groupe de Recherche en Pharmacologie Animale du Québec (GREPAQ),
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) École de pharmacie, Université de Wisconsin-Madison, Madison, WI, États-Unis

(3) Unité de recherche en arthrose,
Centre de recherche du centre hospitalier de l'Université de Montréal (CRCHUM)

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

La douleur chronique arthrosique (OA) est une condition nociplastique complexe touchant environ 20 % des adultes humains¹, chiens et chats^{2,3}. Elle implique une sensibilisation périphérique et centrale, ainsi qu'un déséquilibre des contrôles endogènes de modulation de la douleur⁴. Malgré l'identification de profils pronociceptifs chez les patients arthrosiques⁵, les mécanismes centraux de l'OA restent peu caractérisés. L'hypothèse était que l'induction chirurgicale de l'OA génère un profil somatosensoriel douloureux et un neuropeptidome spinal évolutifs dans un modèle rongeur (Montreal Induction of Rat Arthritis Testing; MI-RAT[®]).

Des rates Sprague-Dawley ovariectomisées ($n = 84$) ont été suivies longitudinalement sur 84 jours après l'induction d'OA⁶ (MI-RAT[®], $n = 60$) ou maintenues comme contrôles sains (Naïf, $n = 24$). Le profil somatosensoriel a été évalué par des tests sensoriels quantitatifs, incluant la sensibilisation périphérique et centrale, ainsi que la modulation endogène inhibitrice et facilitatrice de la douleur⁷. Les lésions articulaires ont été analysées par histologie et le neuropeptidome spinal par spectrométrie de masse⁸.

Le modèle MI-RAT[®] a révélé une sensibilisation périphérique et centrale persistante ($p < 0.001$), associée à une activation évolutive des mécanismes inhibiteurs puis facilitateurs. L'histologie articulaire a confirmé la progression des lésions d'OA, validant ainsi l'induction du modèle⁸. L'analyse neuropeptidomique a mis en évidence des signatures spinales dynamiques impliquant des neuropeptides excitateurs, inhibiteurs et sécrétoires⁸.

Cette étude propose la première intégration longitudinale d'un profil somatosensoriel et du neuropeptidome spinal dans un modèle chirurgical d'OA, ouvrant des perspectives translationnelles pour une meilleure prise en charge de la douleur chronique OA en médecine vétérinaire gériatrique.

Valorisation de la mouche soldat noire : amélioration des propriétés organoleptiques pour la consommation humaine par l'extraction verte des lipides

Auteurs : **Audrey-Ann Fortin**¹, Marie-Odile Benoit-Biancamano¹, Jonathan Gagnon²

(1) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP), Centre de diagnostic vétérinaire de l'Université de Montréal (CDVUM),
Département de pathologie et de microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal

(2) Département de biologie, chimie et géographie, Université du Québec à Rimouski

Problématique - L'entomophagie représente une avenue prometteuse pour répondre aux enjeux de durabilité alimentaire, mais demeure marginale en Amérique du Nord, notamment en raison d'une faible acceptabilité sociale. Les larves de mouche soldat noire sont largement utilisées pour le recyclage des déchets organiques et comme source de protéines en alimentation animale, alors que les adultes sont compostés. Les propriétés organoleptiques défavorables, incluant certaines odeurs et saveurs marquées, constituent un frein majeur à la valorisation tant des larves que des adultes.

Objectifs - Ce projet vise à extraire et caractériser les composés lipidiques et volatils associés aux odeurs et saveurs de la mouche soldat noire et à explorer des stratégies de biovalorisation visant à en améliorer l'acceptabilité, notamment par l'utilisation de solvants verts et par des modifications alimentaires.

Méthodologie - L'extraction à l'éthanol a été étudiée sur les larves et les adultes selon différentes conditions expérimentales (temps, température, quantité). Les lipides extraits ont été estérifiés puis quantifiés par GC-MS. Le solide obtenu a été analysé par RMN ¹³C à l'état solide pour déterminer son contenu en protéines.

Résultats - Les spectres IR montrent une disparition du pic des esters ainsi qu'une réduction des composés alkyles suite à l'extraction des lipides. En RMN ¹³C à l'état solide, la composition de l'adulte et de la larve démontre plusieurs similitudes, à l'exception des acides aminés, où l'on retrouve des différences importantes. Par exemple, on retrouve l'acide aspartique et l'arginine chez la larve, tandis que, chez l'adulte, il y a plutôt de l'acide glutamique et de la glutamine. Le rendement de l'extraction des lipides à l'éthanol augmente de 23-26% à 53-54%, lorsque chauffé à reflux. Un rendement de masse lipidique de 90% est observé chez la larve, comparativement à 55% chez l'adulte.

Conclusion et impact - Ces travaux contribuent à une meilleure compréhension des facteurs limitant l'acceptabilité de la mouche soldat noire en alimentation et proposent des pistes concrètes de biovalorisation. En améliorant les propriétés organoleptiques des insectes comestibles, ce projet soutient le développement de systèmes alimentaires plus durables, favorise l'économie circulaire et contribue à la réduction du gaspillage alimentaire.

Impact du plasmide IncHI dans la régulation de l'expression génétique bactérienne

Auteurs : **Fabian Guiraud**¹, Maud de Lagarde^{1,2,3}, David Roy^{1,2}

(1) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale,
Département de Pathologie et Microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Laboratoire de référence pour *E. coli* de l'OMSA, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal

(3) Centre de Diagnostic Vétérinaire de l'Université de Montréal, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal

Escherichia coli représente un problème de santé publique et de santé animale par sa possession et sa capacité à transmettre un grand nombre de plasmides conjugatifs impliqués dans la virulence et la résistance aux antibiotiques. Parmi ces plasmides se trouvent ceux du groupe d'incompatibilité IncHI qui joueraient un rôle important dans la persistance et la réémergence de *E. coli* pathogènes. L'une des particularités de ces plasmides est leur gène codant la protéine Histone-like Nucleoid-Structuring (H-NS), une protéine de liaison à l'ADN. H-NS joue un rôle de répresseur de l'expression de différents gènes de virulence, comme ceux de l'opéron *hha*, codant une hémolysine.

Pour étudier l'impact du plasmide IncHI et de H-NS sur l'expression génétique, des souches cliniques bovines et porcines de *E. coli* sont déléetées de leur plasmide IncHI grâce à la méthode CRISPR-Cas9. L'ARN guide du système a été adapté pour cibler les réplicons spécifiques aux plasmides IncHI et introduit dans un plasmide pCasCure possédant une cassette de résistance à l'apramycine. Ce marqueur de sélection permettra de sélectionner les bactéries ayant correctement intégré le plasmide encodant le système CRISPR-Cas9. L'élimination du plasmide pCasCure est assurée par l'induction d'un gène toxique sous le contrôle d'un promoteur inductible au sucrose. Enfin, un séquençage du transcriptome par RNA-seq permettra une analyse différentielle des gènes entre les variants obtenus.

Ces données permettront ainsi d'obtenir de plus amples informations sur les gènes modulés par le plasmide IncHI et donc montrer son importance dans la virulence des pathogènes. Ces données sont en cours d'acquisition.

Implication des rétrovirus endogènes dans la méningo-encéphalite canine d'origine inconnue

Auteurs : **Karol-Ann Henry**^{1,2}, Thomas Parmentier^{1,2}

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

(2) Centre interdisciplinaire de Recherche sur le Cerveau et l'Apprentissage (CIRCA),
Université de Montréal

La méningo-encéphalite canine d'origine inconnue (MUO) est une maladie inflammatoire du système nerveux central présumée d'origine immunitaire. Les traitements actuels reposent sur des agents immunosuppresseurs aux résultats variables. Un traitement prolongé est attendu et une résolution incomplète des signes cliniques est fréquente, entraînant une morbidité chronique et une altération de la qualité de vie. L'absence d'identification des facteurs déclencheurs freine le développement de thérapies ciblées.

Les rétrovirus endogènes (ERV), séquences génétiques issues d'anciennes infections rétrovirales intégrées au génome, constituent des déclencheurs potentiels de la MUO. Ils ont été associés à la sclérose en plaques et à une réponse neuro-inflammatoire dans un modèle murin, suggérant un rôle possible dans la pathogénie de la MUO.

L'objectif de cette étude est d'explorer l'implication des ERV dans l'initiation de neuro-inflammation dans la MUO. Pour ce faire, des cerveaux de 10 chiens atteints de méningo-encéphalite granulomateuse confirmée à l'histologie et de 10 chiens témoins sans lésion neurologique, appariés selon l'âge, la race et le poids, ont été analysés. La détection d'une séquence consensus de l'ARN codant la protéine d'enveloppe (Env) des ERV a été réalisée par RNAscope sur les coupes histologiques.

Une séquence consensus d'ERV est détectable dans le tissu cérébral des chiens témoins et atteints de MUO avec une expression neuronale et cellulaire marquée sans différence quantitative entre les deux groupes. Des analyses cliniques complémentaires par séquençage à haut débit sur le liquide céphalorachidien et le sérum permettront d'identifier des ERV candidats spécifiques, susceptibles de constituer des biomarqueurs diagnostiques et des cibles thérapeutiques.

LATS1 et LATS2 sont dispensables pour la signalisation canonique Hippo dans les gonadotropes de l'hypophyse antérieure murine

Auteurs : **Natalia Jakuc**¹, Luisina Ongaro³, Xiang Zhou³, Ulrich Boehm², Daniel J. Bernard³, Alexandre Boyer¹, Derek Boerboom¹ et Gustavo Zamberlam¹

(1) Centre de recherche en reproduction et fertilité (CRRF), Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Department of Experimental Pharmacology, Center for Molecular Signaling, Saarland University School of Medicine, Homburg, Germany.

(3) Department of Pharmacology & Therapeutics, McGill University

La voie de signalisation Hippo est une cascade de kinases régulant des processus biologiques et pathologiques essentiels chez les mammifères. Ses coactivateurs transcriptionnels, YAP et TAZ, représentent les effecteurs finaux de cette voie. Nous avons récemment démontré que la délétion conditionnelle de ces coactivateurs dans les gonadotropes hypophysaires murins augmente les niveaux circulants de LH chez les deux sexes, entraîne une augmentation de testostérone chez les mâles et un phénotype d'hyperfertilité chez les femelles.

Pour mieux comprendre la régulation de YAP et de TAZ, une délétion conditionnelle des kinases situées directement en amont de ces effecteurs, LATS1 et LATS2, a été réalisée dans les cellules gonadotropes murines.

La délétion des deux gènes a été validée par tri cellulaire, montrant une réduction significative de leur l'expression dans les gonadotropes. Cependant, de manière surprenante, les niveaux de LH et de FSH n'étaient pas différents entre mutants et contrôles, et aucun phénotype de fertilité n'a été observé. De plus, les analyses RT-PCR ont révélé que les gènes cibles de YAP et de TAZ restaient inchangés. Ces résultats suggèrent que, contrairement à la plupart des autres types cellulaires, YAP et TAZ ne sont pas régulés par la voie Hippo canonique dans les gonadotropes.

Pour mieux comprendre la pertinence physiologique de *Lats1* et de *Lats2*, un bulk RNAseq a été réalisé sur des gonadotropes isolés par tri cellulaire et l'analyse des données est en cours. Cette étude fournit de nouvelles perspectives sur la régulation de YAP et de TAZ dans les gonadotropes de l'hypophyse antérieure.

Les porcs résistants au SDRP peuvent-ils transformer l'économie de la production porcine? Une approche de modélisation spatio-temporelle et fondée sur des scénarios

Auteurs : **Ralph P. Jean-Pierre**¹, Lovell Jarvis², Pablo Valdes Donoso¹

(1) Plateforme Intelligence Artificielle Agro-Santé, Faculté de médecine vétérinaire,
Université de Montréal

(2) Department of Agricultural Economics, University of California Davis

Le syndrome dysgénésique et respiratoire porcin (SDRP) est l'une des maladies les plus coûteuses pour la production porcine mondiale, entraînant une baisse de la fertilité, une augmentation de la mortalité et un ralentissement de la croissance. Le développement de porcs génétiquement modifiés résistants au SDRP offre des avantages potentiels sur les plans économique et sanitaire. Cette étude adapte un modèle intégré épidémiologique-économique afin d'évaluer comment le degré de résistance au SDRP influence la dynamique de la maladie et les résultats économiques au niveau des exploitations au sein d'un système porcin régional du Minnesota, dans le but d'en tirer des enseignements à une échelle plus large. Trois scénarios d'intervention ont été simulés : Résistance totale, Résistance partielle et Résistance-Vaccination, chacun étant comparé à un scénario de référence sans contrôle. Les résultats des simulations indiquent que les stratégies fondées sur la résistance peuvent réduire de manière substantielle les pertes de production dues au SDRP et améliorer les revenus hebdomadaires des exploitations. Sous une souche de virulence moyenne, le scénario de Résistance totale permet d'obtenir les pertes évitées les plus élevées, avec des bénéfices totaux atteignant environ 273 millions de dollars américains par rapport au scénario de référence. La principale contrainte à la rentabilité à court terme est le coût initial plus élevé de ces porcs résistants. Plus précisément, si la prime (coût supplémentaire) des porcs résistants augmente d'un faible montant (un dollar américain), le rendement économique pourrait diminuer d'environ 9,5 % dans le scénario de Résistance totale. Les décisions en matière de politiques publiques et d'adoption dépendront des coûts des porcs génétiquement modifiés, des profits des producteurs, ainsi que des considérations réglementaires ou de marché, afin de maximiser les bénéfices potentiels de ces animaux.

Injection intracornéenne de PRP : corrélation morphologique par OCT, écho 50 Hz et étude histologie, une étude ex-vivo.

Auteurs : **Valérie Laflamme**¹, Maria Vanore¹, Marie-Odile Benoit-Biancamano¹

(1) Hôpital des animaux de compagnie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Les kératites ulcératives profondes représentent une urgence ophtalmologique fréquente chez le chien, associée à une douleur marquée, un risque élevé de perforation cornéenne et une perte fonctionnelle potentielle de l'œil. Bien que les techniques chirurgicales de greffe cornéenne soient efficaces, elles demeurent invasives, coûteuses et associées à une récupération visuelle inconstante. Le plasma riche en plaquettes (PRP) suscite un intérêt croissant en ophtalmologie en raison de sa forte concentration en facteurs de croissance favorisant la cicatrisation cornéenne. Toutefois, son utilisation intrastromale demeure peu documentée en médecine vétérinaire, motivant cette étude.

Cette étude pilote vise à évaluer la faisabilité technique et la sécurité des injections intrastromales de PRP dans un modèle canin ex vivo, ainsi qu'à caractériser la distribution du produit selon la taille de la micro-aiguille utilisée. Douze yeux de chiens obtenus par dons de corps ont reçu des injections intrastromales de PRP simulé à l'aide de micro-aiguilles de 300 µm, 600 µm ou 1000 µm. La cornée a été évaluée avant et après injection par tomographie par cohérence optique (OCT) et échographie haute fréquence, afin de mesurer la profondeur et l'étendue de diffusion du PRP. Les résultats d'imagerie seront corrélés à des analyses histopathologiques et immunohistochimiques en cours.

Les résultats préliminaires démontrent que l'injection intrastromale de PRP est réalisable et sécuritaire, sans perforation cornéenne ni altération majeure de l'architecture stromale ou de l'endothélium. Les données morphométriques générées permettront d'optimiser les paramètres techniques de la procédure et de poser les bases d'études in vivo futures visant à évaluer la tolérance biologique et l'efficacité thérapeutique de cette approche mini-invasive dans la prise en charge des kératites ulcératives canines.

**Étude sur l'utilisation d'un modèle d'oiseau 3D comme support pédagogique
pour les étudiants vétérinaires dans le but de réaliser un gavage chez un oiseau de proie vivant.**

Auteurs : **Lydie-Amy Leclerc¹**, Giulia Figueria Rodrigues Vieira¹, Guy Fitzgerald¹, Vladimir Brailovski, Jo-Annie Letendre¹ et Claire Vergneau-Grosset¹

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

Le gavage des oiseaux présente des risques pour les patients, et doit être enseigné aux étudiants vétérinaires. L'objectif de cette étude prospective randomisée était d'évaluer si l'utilisation d'un modèle d'oiseau comme support pédagogique serait préférable à la formation vidéo pour enseigner le gavage d'un oiseau. Le groupe vidéo (n=11) visionnait un vidéo explicatif de la technique de gavage et le groupe modèle d'oiseau 3D (n=7) avait en plus accès au modèle d'oiseau imprimé en 3D pour se pratiquer pendant 30 minutes (projet Nagano [F9-CERSES-31580](#)). À la suite de la formation, chaque étudiant réalisait un gavage chronométré sur un oiseau de proie vivant. Un questionnaire sur le niveau de confiance pré- et post-gavage était complété par les étudiants. Le succès du gavage, la réussite au premier essai et la durée du gavage étaient comparés entre les groupes avec un test de Fisher. Un modèle linéaire fut utilisé pour évaluer les facteurs ayant un impact sur la durée du gavage. Aucune différence significative n'a été détectée entre les groupes concernant la réussite à la première tentative et la durée du gavage. Le nombre de tentatives était positivement corrélé avec la durée du gavage ($P = 0.02$). Le niveau de confiance des étudiants à la suite de la réalisation du gavage était plus élevé dans le groupe ayant eu accès au modèle. En conclusion, la formation par un modèle d'oiseau 3D en complément de la formation vidéo semble augmenter la confiance des étudiants, mais elle n'a pas d'impact sur la réalisation du gavage chez un oiseau vivant.

La culture du lavage trachéal n'est pas associée à l'infection, le remodelage ou l'inflammation pulmonaire chez les chevaux asthmatiques

Auteurs : **Laurence Leduc**¹, Guillaume St-Jean², Jean-Pierre Lavoie¹

(1) Laboratoire de l'asthme équin, Département des sciences cliniques,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

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

Les antibiotiques sont fréquemment prescrits dans le traitement de l'asthme équin, malgré les données limitées soutenant leur utilisation. Les résultats de culture du lavage trachéal (LT) influencent les décisions de prescription antibiotique.

L'objectif de cette étude était d'évaluer si une culture bactérienne aérobie positive du LT est associée à une colonisation bactérienne, un remodelage ou une inflammation des voies respiratoires inférieures chez des chevaux asthmatiques. Dans cette étude cas-témoins, la culture du LT, les biopsies endobronchiques (BEB), la cytologie du liquide de lavage bronchoalvéolaire (LBA) et le score de mucus trachéal ont été évalués chez des chevaux atteints d'asthme équin sévère (AÉS, n = 13), d'asthme équin léger à modéré (AÉLM, n = 9) et des chevaux contrôles (n = 9).

Les cultures de LT étaient positives chez 8/13 chevaux atteints d'AÉS, 6/9 chevaux atteints d'AÉLM et 8/9 contrôles. Aucune bactérie n'a été identifiée à la coloration de Gram dans les BEB. Les scores histologiques semi-quantitatifs des BEB ne différaient pas entre les chevaux asthmatiques selon le statut de la culture du LT ($p = 0,4$). Les pourcentages de neutrophiles dans le LBA ($p = 0,5$) et les scores de mucus trachéal ($p = 0,7$) n'étaient pas associés aux résultats de culture.

Ces résultats démontrent qu'une culture positive du LT chez les chevaux asthmatiques n'est pas associée à une colonisation bactérienne, un remodelage ou une inflammation des voies respiratoires. Cette étude remet en question l'utilisation des résultats de culture du LT comme outil décisionnel pour instaurer une antibiothérapie.

Évaluation de la prévalence et des infections des plaies d'ébourgeonnage chez les veaux laitiers ébourgeonnés avec un fer chaud

Auteurs : **Nadir Maamri**¹, Marianne Villetaz-Robichaud¹, Marjolaine Rousseau¹, Sébastien Buczinski¹, Isabella Nicola¹

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

L'ébourgeonnage au fer chaud demeure une préoccupation en matière de bien-être animal, tant en ce qui concerne la gestion de la douleur que comme cause possible d'infection. Selon la littérature actuelle, les données relatives à la prévalence des infections des plaies d'ébourgeonnage, ainsi qu'aux facteurs de risque associés sont limitées.

Cette étude vise à identifier possible associations entre les facteurs individuels, tels que l'échec de transfert d'immunité passive, la présence de maladies, ou les conditions d'hygiène et le développement des infections au niveau des plaies d'ébourgeonnage, ainsi qu'au retard dans la guérison de ces dernières.

Une étude cohorte sera menée sur 200 veaux femelles de race Holstein issus de fermes laitières clientes de la clinique ambulatoire bovine, ébourgeonnées avant l'âge de 2 mois. Un suivi clinique hebdomadaire sera effectué pour chaque veau inclus depuis la naissance jusqu'à la ré-épithélialisation des plaies liées à l'ébourgeonnage. À la première semaine de naissance, une mesure du transfert d'immunité passive sera effectuée. Ensuite, des scores cliniques seront établis afin d'identifier les affections respiratoires, digestives, ombilicales ou autres. En plus de l'examen clinique, une échographie pulmonaire sera réalisée et un score d'hygiène sera établi à chaque visite. Pour la période post-ébourgeonnage une évaluation des plaies sera réalisée selon une échelle visuelle validée, qui permettra de catégoriser les plaies observées à chaque visite selon leur stade de guérison et selon la présence/absence d'infection.

Des modèles statistiques seront construits pour examiner l'impact des facteurs individuels sur le risque d'infection et sur la vitesse de guérison des plaies.

Une co-construction d'une relation propriétaire-chien au service d'une détection plus précoce de la douleur arthrosique

Auteurs : **Laurie Martin**¹, Colombe Otis¹, Bertrand Lussier¹, Eric Troncy¹

(1) Groupe de recherche en pharmacologie animale du Québec (GREPAQ),
Département de biomédecine vétérinaire,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal.

La co-construction dyadique, soit l'adaptation mutuelle entre le chien et son propriétaire, demeure mal définie et sous-conceptualisée malgré son importance dans la compréhension des interactions interspécifiques. Une revue narrative (doi : [10.3390/ani15192875](https://doi.org/10.3390/ani15192875)) la conceptualise *via* la théorie de l'autodétermination (TAD) – notamment les trois besoins psychologiques fondamentaux : autonomie, compétence et attachement. Le travail présenté approfondit ces réflexions en examinant comment l'arthrose (OA) canine déco-construit la satisfaction de ces besoins ; et comment l'accumulation de leurs frustrations peut mener les dyades au point de rupture, moment clé associé à la décision de consulter un vétérinaire. Les objectifs sont :

1. *Via* la TAD, conceptualiser la co-/déco-construction des interactions propriétaire–chien ;
2. Identifier les facteurs influençant le dépassement du point de rupture dyadique ;
3. Proposer des approches méthodologiques permettant d'étudier ces processus de manière bidirectionnelle et contextualisée.

La co-/déco-construction sont des processus évolutifs influencés par des facteurs biopsychosociaux, expérientiels, environnementaux et pathologiques propres aux chiens, aux humains et aux dyades. Si le chien développe de l'OA, en fonction des altérations de la maladie et de la qualité de la co-construction, les capacités dyadiques à détecter ses signes précoces et à précéder le point de rupture varient fortement. Plusieurs proto-outils combinent des méthodes qualitatives et quantitatives pour explorer ces processus. Cependant, ils sont unilatéraux et/ou fragmentaires.

Approfondir les déterminants de la variabilité de ces processus et développer des outils véritablement bilatéraux permettraient d'en affiner la compréhension, de les valider et de favoriser la détection du point de rupture dyadique.

Identification des marqueurs précoces de dérégulation épigénétique en production bovine

Auteurs : **Amr Mehdi**¹, Louis Dubois¹, Samuel Gusscott¹, Amélie Tremblay², Rémi Labrecque² et Julie Brind'Amour¹

(1) Centre de Recherche en Reproduction et Fertilité, Département de Biomédecine Vétérinaire, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) L'Alliance Boviteq (SEMEX)

En Amérique du Nord, la majorité des bovins laitiers proviennent de techniques de reproduction assistée comme l'insémination artificielle, la fécondation *in vitro* (FIV) et le transfert d'embryons conventionnel. Toutefois, ces techniques coïncident avec des stades développementaux critiques marqués par une reprogrammation épigénétique. Une incidence accrue d'avortements spontanés et de syndromes développementaux est associée à ces pratiques. Le plus fréquent, le *Large Offspring Syndrome* (LOS), se caractérise par une surcroissance et diverses malformations, et est associé à une perte de l'empreinte épigénétique.

Nous posons l'hypothèse que des défauts épigénétiques déjà établis dans des blastocystes d'apparence normale peuvent être détectés avant leur transfert chez des vaches receveuses.

Notre objectif est d'identifier des signatures transcriptionnelles permettant d'identifier des blastocystes porteurs d'anomalies épigénétiques susceptibles d'entraîner des syndromes développementaux.

Pour ce faire, nous intégrerons des données de séquençage d'ARN et d'accessibilité de la chromatine (ATAC-seq) ou de méthylation de l'ADN (EM-seq) générées à partir d'embryons individuels. Dans une première phase, des paires de bibliothèques ATAC-seq et ARN-seq ont été produites à partir de 24 blastocystes contrôles et de 74 blastocystes cultivés en présence de sérum, une condition induisant environ 25 % de LOS. L'intégration de ces données permettra d'identifier des loci dérégulés et des transcrits proximaux différenciellement exprimés, qui seront validés par EM-seq ou ARN-seq sur des biopsies de trophoblaste issues des mêmes embryons.

Ce projet vise le développement d'outils de dépistage et de diagnostic préimplantatoires, améliorant le bien-être animal, le rendement de la production bovine et la compréhension des maladies épigénétiques bovines et humaines.

CRISPR-SeroSeq : une approche novatrice pour caractériser la diversité des sérotypes de *Salmonella* dans la filière avicole chair au Québec

Auteurs : **Merad Manel**^{1,2}, Alexandre Thibodeau^{1,2}, Jean-Pierre Vaillancourt³, Nikki Shariat⁴, Marianne Chemaly⁵, Philippe Fravallo⁶ and 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) USC Metabiot Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), Laboratoire de Ploufragan-Plouzané

(6) USC Metabiot Conservatoire national des arts et métiers (Le Cnam), Paris, France

La contamination par *Salmonella* constitue un enjeu majeur en production avicole chair et peut survenir à toutes les étapes, des troupeaux d'oiseaux reproducteurs à l'abattoir, rendant sa surveillance essentielle pour la salubrité alimentaire des viandes.

Cette étude a suivi 30 lots de poulets de chair au Québec, depuis les troupeaux d'oiseaux reproducteurs jusqu'à l'abattoir, pour détecter *Salmonella*, par isolement bactérien classique et caractériser la diversité par échantillon à l'échelle du sérotype, par CRISPR-SeroSeq. Cette approche pallie les limites des méthodes classiques pour la détection exhaustive des sérotypes, restreinte par le nombre d'isolats analysés.

Les 776 échantillons prélevés couvraient les étapes de production, incluant les troupeaux d'oiseaux reproducteurs, couvoirs, fermes avant l'entrée des poussins et avant la sortie vers l'abattoir (murs, ventilateurs, mangeoires, litière, aliments), cages de transport et à l'abattoir après la saignée et le refroidissement sec et humide. Au total, plus de vingt sérotypes distincts ont été détectés, les plus fréquents étant *S. Kentucky*, *S. Infantis*, *S. Enteritidis*, *S. Hadar* et *S. Thompson*. Parmi les échantillons positifs, 62 % contenaient un seul sérotype, tandis que 38 % en présentaient plusieurs (de deux jusqu'à sept pour un échantillon de cage de transport).

La détection simultanée de plusieurs sérotypes dans un même échantillon ouvre la voie à une meilleure compréhension de l'épidémiologie de *Salmonella* en filière avicole. Elle met en évidence les limites des méthodes classiques, qui n'identifient que le sérotype dominant, et démontre le potentiel du CRISPR-SeroSeq pour prendre en compte les sérotypes minoritaires afin de comprendre leur émergence et d'orienter des mesures de contrôle adaptées en filière avicole.

Dopamine Receptor Conservation in *C. elegans* and Humans as a Parkinson's Model

Auteurs : **Lusine Mkrtchyan**^{1,2}, Jesus D. Castaño^{1,2}, 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

Parkinson's disease (PD) is characterized by dopaminergic neuron degeneration and remains primarily treated with L-DOPA-based therapies that alleviate symptoms without halting disease progression. Understanding the molecular determinants of dopamine receptor recognition across model organisms is essential for translational research. Here, we performed a comparative computational analysis of dopamine and L-DOPA binding to human and *Caenorhabditis elegans* D1- and D2-like dopamine receptors to evaluate the evolutionary conservation of dopaminergic signaling mechanisms relevant to PD.

Using AlphaFold-derived receptor structures, flexible molecular docking, and 100-ns molecular dynamics simulations, we show that both ligands occupy conserved orthosteric binding pockets across species and receptor subtypes, despite ~600 million years of evolutionary divergence. Dopamine and L-DOPA exhibited comparable binding affinities, particularly for D2-type receptors, with stable ligand positioning and preserved GPCR architecture throughout simulations. Principal component and free energy landscape analyses revealed ligand-dependent conformational dynamics, with dopamine favoring focused low-energy states and L-DOPA inducing broader conformational ensembles, especially in human receptors.

Interaction profiling identified a conserved five-residue recognition core (Val/Ile3.33, Ser5.43, Phe5.47, Phe6.51, His6.55/Asn), defining minimal structural requirements for dopamine binding. Receptors achieved high-affinity recognition through modular strategies, including canonical Asp3.32 ionic anchoring, alternative Lys-mediated stabilization in human D1 receptors, and species-specific aromatic and sulfur-mediated interactions in *C. elegans*.

Together, these results demonstrate deep structural conservation of dopamine receptor–ligand interactions and support *C. elegans* as a mechanistically relevant model for investigating dopaminergic signaling and L-DOPA pharmacology in Parkinson's disease.

**Surveiller l'antibiorésistance avec la génétique :
Études des gènes de résistance dans des fermes laitières québécoises
suite à l'application d'une restriction gouvernementale sur l'usage des antibiotiques**

Auteurs : **Emma Nouhaud**¹, John M. Fairbrother¹, Jean-Philippe Roy^{2,3}, Simon Dufour^{1,3},
David Francoz^{2,3}, Marie Archambault^{1,3}, Ghyslaine Vanier¹, Alexandre Thibodeau¹, Maud de Lagarde^{1,3}

(1) Département de pathologie et microbiologie, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

(2) Département des sciences cliniques, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Montréal

(3) Regroupement FRQ Op+lait

Au Canada, en 2018, la résistance aux antimicrobiens a été associée à 14 000 décès et à une perte de 2 milliards de dollars de Produit intérieur brut. Dans ce contexte, le Gouvernement du Québec a instauré en 2019 une réglementation limitant l'utilisation des antibiotiques de catégorie I (très haute importance en médecine humaine) chez les animaux de production. Notre objectif est de quantifier les modifications de fréquence des gènes de résistance aux antimicrobiens pré et post réglementation dans les fermes laitières au Québec.

Des échantillons fécaux de veaux, de vaches, et de fumier de fosses provenant de 30 fermes laitières québécoises ont été prélevés avant (2017) et après (2020) l'application de la réglementation. La totalité de l'ADN a directement été extraite, séquencée (méthode métagénomique « shotgun »), puis analysée à l'aide d'outils bio-informatiques.

Une diminution significative de la fréquence des gènes de résistance aux inhibiteurs de folates (antimicrobien de catégorie II) dans les échantillons de veaux ($p < 0.01$) et des tétracyclines (antimicrobiens de catégorie III) dans ceux des vaches ($p < 0.05$) et des fosses ($p < 0.05$) a été détectée. Aucune variation de fréquence des gènes de résistance aux antimicrobiens de catégorie I n'a été observée. La fréquence des gènes de résistance aux antimicrobiens a globalement diminué dans les échantillons de fermes laitières après la réglementation.

La métagénomique permet de surveiller les gènes de résistances de l'ensemble des bactéries présentes dans les échantillons et ainsi d'évaluer l'impact des réglementations gouvernementales. Un suivi dans le temps sera nécessaire pour confirmer les tendances observées.

Quantification des spores de *Vairimorpha* spp. par fluorescence : développement et validation d'une méthode

Auteurs : **Elsa Racine**¹, François Meurens¹, Christopher Fernandez-Prada¹,
Marie-Odile Benoit-Biancamano¹

(1) Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA),
Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP),
Centre de diagnostic vétérinaire de l'Université de Montréal, Département de pathologie et microbiologie,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Les abeilles à miel jouent un rôle central dans la pollinisation et la sécurité alimentaire. Parmi les facteurs contribuant au déclin des colonies figure la nosémose, causée par les microsporidies *Vairimorpha apis* et *V. ceranae*. Le diagnostic repose sur le comptage microscopique des spores, une méthode manuelle fastidieuse.

Ce projet visait à améliorer la détection et la quantification de la nosémose grâce à une approche automatisée basée sur la fluorescence. Les objectifs étaient (1) de développer une méthode de quantification des spores au Calcofluor blanc et (2) de la comparer au comptage manuel traditionnel sur hémocytomètre.

Des broyats d'abeilles récoltés en 2024 ont été analysés. Un échantillon fortement infecté a été dilué en série ($n = 3$) pour établir une équation de référence. La méthode a ensuite été comparée au comptage classique à l'aide de 20 échantillons aléatoires ($n = 3$) via une analyse de Bland–Altman. Des images de spores ont également été obtenues au microscope confocal.

Les données présentaient une distribution normale. Une corrélation élevée a été observée entre les deux méthodes ($r = 0.989$; IC 95 % : [0.956–0.997] ; $p < 0.0001$). L'analyse de Bland–Altman indiquait un biais moyen de 0.39 et des limites de concordance acceptables, reflétant une bonne concordance globale. La présence de débris ou de pollen explique certains signaux observés dans les échantillons négatifs.

Cette méthode représente une approche automatisée pour quantifier les spores de *Vairimorpha* spp., avec un potentiel intéressant pour améliorer la surveillance sanitaire des colonies.

Étude du système LIF (Leukemia Inhibitory Factor) dans l'ovaire bovin ainsi que ses effets sur les cellules de granulosa

Auteurs : **Salma Ramzi**¹, Mizanur Rahman Sharker¹, Leonardo Guedes de Andrade^{1,2}, Mathilde Daudon¹,
Gustavo Zamberlam¹ et Anthony Estienne¹

(1) Centre de Recherche en Reproduction et Fertilité, Faculté de Médecine Vétérinaire,
Université de Montréal

(2) Laboratory of Biotechnology and Animal Reproduction BioRep,
Federal University of Santa Maria, Santa Maria, Brazil

Malgré des résultats prometteurs chez la souris, la folliculogénèse *in vitro* chez les ruminants reste limitée par des performances insatisfaisantes. Les follicules cultivés *in vitro* présentent une croissance accélérée, une différenciation précoce des cellules somatiques et une maturation ovocytaire compromise, entraînant une faible production d'ovocytes fécondables. Pour améliorer ces résultats, la folliculogénèse *in vitro* doit être ralentie.

Des études récentes chez la brebis ont montré que le Leukemia Inhibitory Factor (LIF) pourrait ralentir la différenciation des cellules somatiques. Pour tester cette hypothèse, nous allons explorer le système LIF dans l'ovaire bovin ainsi que ses effets sur les cellules de granulosa cultivées *in vitro*.

L'immunohistochimie a confirmé la présence du LIF et de son récepteur LIFR dans différents types cellulaires de l'ovaire. L'analyse de l'expression génique et protéique du LIF dans les cellules de granulosa et de thèque, ainsi que son dosage dans le liquide folliculaire, sont en cours. Les cultures primaires traitées avec LIF en présence de la FSH montrent une diminution des gènes 3 β HSD et CCND2 uniquement, une réduction de la sécrétion de la progestérone dans le milieu de culture et une augmentation de l'expression de l'AMH, suggérant un ralentissement de la différenciation. Aucun effet n'a été observé sur l'apoptose ou la viabilité cellulaire. Enfin, le LIF active rapidement la voie de signalisation canonique JAK/STAT via la phosphorylation de STAT3.

Ces résultats suggèrent que le LIF pourrait moduler la différenciation des cellules de granulosa et donc être utilisé dans les protocoles de folliculogénèse *in vitro* chez les bovins.

Guide en images de la dissection et de l'anatomie abdominale du ténébrion meunier (*Tenebrio molitor*)

Auteures : **Chloé Rosa-Teijeiro**¹, Fanny Renois², Marie-Odile Benoit-Biancamano^{1,2}

(1) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP),
Centre de diagnostic vétérinaire de l'Université de Montréal (CDVUM),
Département de pathologie et de microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses en production animale (GREMIP),
Centre de recherche en infectiologie porcine et avicole (CRIPA),
Département de pathologie et de microbiologie, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

Dans un contexte de transition vers des systèmes alimentaires plus durables, l'élevage d'insectes comestibles, notamment du ténébrion meunier (*Tenebrio molitor*), offre une alternative prometteuse aux protéines animales traditionnelles. Ces dernières années, on observe une augmentation sans précédent du nombre et de la taille des élevages de *T. molitor* en Amérique et en Europe. Cependant, l'entomoculture soulève des enjeux sanitaires encore largement inexplorés, pour lesquels les outils diagnostiques adaptés sont manquants.

Chez les animaux de production conventionnels, le vétérinaire diagnosticien a fréquemment recours à la nécropsie. Pour tirer le maximum d'informations de cette technique diagnostique, il est essentiel de bien connaître l'anatomie normale de l'animal autopsié afin de pouvoir identifier les éventuelles pathologies.

Pourtant, chez les insectes, cette approche se heurte à des contraintes majeures : leur petite taille, leur exosquelette rigide, ainsi que la fragilité de leurs organes internes rendant les méthodes classiques inapplicables. Ainsi, face au manque d'outils diagnostiques adaptés pour les vétérinaires, leur rôle dans l'accompagnement des élevages d'insectes reste limité.

Pour répondre à ce besoin, ce travail propose une démarche rigoureuse et détaillée de dissection, étape par étape, accompagnée de photos, pour documenter l'anatomie interne de *T. molitor*. Le protocole développé repose sur une immersion en milieu aqueux, permettant de préserver l'intégrité des tissus, d'améliorer la visibilité des organes et d'obtenir des résultats reproductibles. En facilitant la surveillance sanitaire, la formation des professionnels et le développement d'outils diagnostiques spécifiques, cette approche vise à soutenir la croissance durable de l'entomoculture et à renforcer la résilience des élevages d'insectes comestibles.

Space-Time Analysis of serum status of vitamin A, E, and Selenium of Bovine and Equine Clinical Records in Quebec Veterinary Clinics.

Authors: Ifeoluwa Ruth Olonijolu¹, Pablo Valdes Donosor¹

(1) Plateforme IA - Agrosanté (PIAAS), Département de sciences cliniques,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Centre de Diagnostic Vétérinaire de l'Université de Montréal (CDVUM), Université de Montréal,

Micronutrient imbalances in bovine and equine populations could often lead to adverse health outcomes, including systemic dysfunctions and, in severe cases, mortality. These micronutrient data are typically generated from routine diagnostic blood samples collected during veterinary clinical care. We hypothesize that serum vitamin and mineral levels in bovine and equine samples tested at veterinary clinics in Québec exhibit significant spatial and temporal variability. The primary objective of this study was to assess and characterize the spatial and temporal distribution of serum vitamin A, vitamin E, and selenium across Québec's administrative regions.

Data were obtained from the Centre de Diagnostic Vétérinaire de l'Université de Montréal (CDVUM) and covered the period from 2008 to 2025. Using a 60% plurality rule, heatmap visualizations were employed to identify dominant nutrient categories (Deficient, Normal, Toxic, or Mixed) by region and year. Spatial and space–time dependence were evaluated using Global Moran's I and bivariate Space–Time Moran's I statistics to detect geographic clustering and temporal persistence.

Results indicate that normal nutrient status predominated overall, and significant deficiency clusters were observed. Specifically, bovine vitamin A deficiency clustered between 2018 and 2020, while selenium deficiency was localized in Abitibi-Témiscamingue in 2017. Equine populations exhibited chronic vitamin E insufficiency across several regions, including Montérégie and Gaspésie-Îles-de-la-Madeleine. The combined spatial analyses revealed both stable clusters and spatial reversals over time. Similarly, Selenium transitions of hotspots into cold spots in subsequent years suggest the potential impact of targeted nutritional interventions or changes in regional management practices.

Caractérisation du profil des vitamines B dans le plasma de vaches Holstein en début de lactation

Auteurs : **Lama Santbay**¹, Mélissa Duplessis², Younès Chorfi¹

(1) Département de Biomédecine, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Centre de recherche et développement de Sherbrooke Agriculture et Agroalimentaire Canada,
Gouvernement du Canada

Les vitamines du complexe B jouent un rôle essentiel en tant que cofacteurs dans le métabolisme énergétique, ainsi que le métabolisme des acides aminés et des lipides. Des études antérieures portant sur la supplémentation de certaines vitamines B ont montré des effets bénéfiques sur le métabolisme énergétique et la production laitière durant la période de transition. Toutefois, le profil des vitamines du complexe B chez les vaches laitières demeure encore peu caractérisé.

Dans ce contexte, une méthode LC-MS/MS a été développée et validée selon les lignes directrices de la FDA afin de quantifier les concentrations circulantes des vitamines du complexe B. La méthode a été appliquée à l'analyse des vitamines B dans 350 échantillons de plasma des vaches laitières.

Les résultats statistiques ont montré une augmentation significative des concentrations plasmatiques moyennes de toutes les vitamines au cours des trois premières semaines de lactation, à l'exception de B5, dont la concentration moyenne a diminué. Par ailleurs, une mobilisation excessive des acides gras non estérifiés durant la première semaine de lactation a été associée à une diminution des concentrations de certaines vitamines, notamment la thiamine monophosphate, l'acide pyridoxique et le 5-méthyl-tétrahydrofolate. Toutefois, l'hypercétonémie a été associée à une diminution spécifique de deux vitamines, l'acide pyridoxique et le 5-méthyl-tétrahydrofolate.

Ces associations suggèrent que le profil vitaminique pourrait constituer un facteur clé à considérer au début de la lactation et soulignent la nécessité de poursuivre les recherches afin de mieux définir son rôle potentiel dans l'adaptation métabolique des vaches laitières au bilan énergétique négatif.

Effects of zearalenone and its congeners on xenobiotic sensing, and their consequences on in vitro drug metabolism in human and pig models

Authors : **Elham Shirazi-Tehrani**¹, Imourana Alassane-Kpembé¹

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

Zearalenone (ZEN) and its major congeners (α -ZEL, β -ZEL, ZAN, α -ZAL, β -ZAL) are Fusarium-derived mycotoxins frequently detected in food and feed. Beyond their estrogenic activity, these compounds may interfere with xenobiotic-sensing pathways by modulating nuclear receptors such as the aryl hydrocarbon receptor (AhR), pregnane X receptor (PXR), and constitutive androstane receptor (CAR), thereby affecting drug-metabolizing enzyme (DME) expression and pharmacokinetics. Although pigs are widely used as translational models for human drug metabolism, interspecies differences may lead to distinct responses to ZEN exposure.

This study used a comparative in vitro approach to investigate the effects of ZEN and its congeners on xenobiotic-sensing receptors and downstream Phase I enzymes in human (Caco-2, HepaRG) and porcine (IPEC-J2, primary hepatocytes) cell models. Cells were exposed to ZEN compounds (3.25–50 μ M) for 24–72 h, followed by RT-qPCR analysis of AhR, CAR, PXR, and key CYP genes (CYP1A1, CYP3A, CYP2B, CYP2C).

Preliminary results revealed pronounced species- and tissue-specific responses. In HepaRG cells, ZEN predominantly activated AhR at higher concentrations, with CAR induction emerging after prolonged exposure (72 h), while PXR remained largely unresponsive. In contrast, porcine intestinal IPEC-J2 cells showed rapid and robust activation of AhR, CAR, and PXR at 24 h. Correspondingly, CYP induction was limited in human hepatic cells at 24 h but shifted at 72 h toward CAR-associated CYPs, notably CYP2B6, whereas CYP2C9 showed minimal modulation. Analyses of porcine CYP orthologs and functional metabolism assays are ongoing.

Overall, these findings highlight species-specific drug–mycotoxin interactions relevant for food safety, withdrawal period refinement in pigs, and human health risk assessment.

Validation d'un modèle de co-culture endométriale bovine pour l'étude *in vitro* du rôle de la voie Hippo sous l'influence de l'œstrogène et de la progestérone

Auteurs : **Liudmila Taranova**¹, Mizanur Rahman Sharker ¹, Anthony Estienne¹, Guillaume St-Jean¹

(1) Centre de recherche en reproduction et fertilité, Département de biomédecine vétérinaire,
Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

L'efficacité reproductive en production bovine a un impact économique notable sur la production laitière. Une meilleure compréhension des mécanismes moléculaires qui régulent cette fonction physiologique chez les vaches est essentielle pour développer des outils visant à améliorer la reproduction. La voie de signalisation Hippo pourrait jouer un rôle clé dans les adaptations morphophysiologiques de l'utérus bovin au cours du cycle œstral, sous l'influence de l'œstrogène et de la progestérone. Nous avons émis l'hypothèse que cette voie est différenciellement régulée sous l'effet de ces hormones et contrôle divers processus morphologiques dont la prolifération endométriale.

Pour valider cette hypothèse, un modèle de co-culture endométriale bovine a été utilisé. Les cellules stromales et épithéliales ont été isolées, cultivées, et leurs puretés évaluées par immunofluorescence à l'aide des marqueurs vimentine et cytokératine. Après mise en co-culture, les cellules ont été traitées avec de l'œstrogène (100 ng/ml) et de la progestérone (10 ng/ml) à différents temps d'exposition. L'expression des gènes liés à la réponse à ces hormones et à la voie Hippo a été analysée par RT-qPCR.

Nos résultats montrent que les cellules stromales et épithéliales co-cultivées de l'endomètre bovin réagissent de manière significative aux traitements hormonaux. Une deuxième étape du projet consistera à inactiver la voie Hippo préalablement aux traitements hormonaux afin d'évaluer son rôle fonctionnel dans la régulation des processus morphophysiologiques utérins.

Ce projet contribuera à une meilleure compréhension des mécanismes impliqués dans la physiologie utérine bovine dans le but d'améliorer la fertilité dans les élevages.

Prévalence de l'infection du virus de l'arthrite encéphalite caprine au Québec et performance de son dépistage à partir du lait de réservoir

Auteurs : **Molly Vézina**¹, Julie Arsenault¹

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

L'arthrite encéphalite caprine (AEC) est une maladie des chèvres endémiques dans plusieurs pays, dont le Canada. Elle est causée par un lentivirus de la famille des Retroviridae. Ce virus cause des lésions chroniques principalement dans les articulations, la glande mammaire et les poumons. Au Québec, la prévalence de l'infection est inconnue. Ce projet vise à estimer la séroprévalence de l'AEC à l'échelle des troupeaux et des animaux, à déterminer les facteurs de risque liés à la séropositivité et à évaluer l'utilité du lait de réservoir pour le dépistage de cette infection dans le contexte québécois.

Des échantillons individuels de sérum et de lait de réservoir collectés dans 45 troupeaux de caprins laitiers sélectionnés aléatoirement seront utilisés. La race, la parité, l'état de chair et le stade de lactation sont disponibles pour chaque animal, ainsi qu'un questionnaire sur les pratiques de régie. Tous les échantillons seront soumis à un test ELISA. Des modèles de régression logistiques seront utilisés à l'échelle des animaux et des troupeaux pour évaluer les associations avec les résultats respectifs des examens individuels et du questionnaire. Le résultat du test de lait de réservoir sera comparé à celui obtenu en agrégeant les tests individuels.

Les premiers résultats obtenus à l'aide de l'Elitest ont permis d'estimer une prévalence individuelle ajustée pour l'effet de troupeau de 85,7% (IC95 :78,4%-93,1%) et une prévalence à l'échelle de troupeau de 98,6% (IC95 :95,7%-100,0%). La taille de troupeau et la participation au programme d'assainissement sont des facteurs de risque à étudier.

Distribution des types de séquence parmi les sérotypes cliniquement pertinents de *Streptococcus suis* au Québec (Canada), 2020-2024

Auteurs : **Pauline Treichel**¹ ; Sonia Lacouture¹ ; Nahuel Fittipaldi¹ ; Marcelo Gottschalk¹

(1) Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal, Saint-Hyacinthe, Québec, Canada

Streptococcus suis est une bactérie à coloration Gram-positive reconnue pour sa pathogénicité chez le porc et son potentiel zoonotique. Parmi les 29 sérotypes décrits, certains font partie de la flore commensale porcine, tandis que d'autres sont associés à des infections sévères, notamment des méningites, des septicémies et des arthrites, entraînant d'importantes pertes économiques dans l'industrie porcine. Au Canada, les sérotypes 1, 1/2, 2, 9 et 14 sont fréquemment isolés dans de tels cas.

Cette étude visait à caractériser les changements récents dans la répartition des types de séquence (« sequence types » - ST) au sein de ces sérotypes, parmi les isolats récupérés au Québec, Canada, entre 2020 et 2024. Un total de 199 isolats a été analysé à l'aide du schéma standard du typage multilocus des séquences (MLST) pour *S. suis*, ciblant les gènes *aroA*, *gki*, *dpr*, *recA*, *mutS*, *thrA* et *cpn60*.

Les STs dominants étaient les ST1, ST28, ST25, ST94 et ST620. Tous les isolats ST1, associés à une forte virulence, étaient limités aux sérotypes 1 et 14. Contrairement aux précédents rapports, nous avons observé l'émergence des ST126 et ST156 parmi les sérotypes 1 et 14, respectivement. De plus, neuf isolats du sérotype 14 appartenaient à un ST nouveau, précédemment non décrit, attribué au complexe clonale 1372.

Pour le sérotype 2, les principaux ST étaient ST28 et ST25 ; il est à noter que nous n'avons pas détecté le génotype ST1, hautement virulent, couramment retrouvé parmi les isolats de sérotype 2 en Europe et en Asie.

Nos résultats apportent de nouvelles connaissances sur la structure populationnelle changeante de *S. suis* en Amérique du Nord et peuvent guider les futures stratégies de surveillance et de développement de vaccins.

Impact of Salmonella Typhimurium on the gut proteome of newly weaned piglets and the role of dietary supplements

Authors: **Najib Ullah**¹, Mohamed Rhouma¹, Julie Brassard², Dominic Poulin-Laprade³,
Alexandre Thibodeau¹

(1) Chaire de recherche en salubrité des viandes (CRSV), Department of Pathology and Microbiology,
Faculté de médecine vétérinaire (FMV), Université de Montréal

(2) Saint Hyacinthe Research and Development Centre, Agriculture and Agri Food Canada (AAFC)

(3) Sherbrooke Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada (AAFC)

The gut proteins were associated with physiological and metabolic functions. The intestinal epithelium is exposed to external stimuli, leading to protein secretion, and previous studies have shown that proteins are altered in the intestines of *S. Typhimurium*-infected pigs. The aim of this to investigate the impact *S. Typhimurium* on gut proteome and the role of dietary supplements on it. This study was conducted on 64 piglets and weaned at 21 days of age and fed commercial diets with or without dietary supplements. After two weeks of treatment, piglets were orally inoculated with *S. Typhimurium* except a negative control. The groups were as followed: (1) non-infected and commercial diet, (2) infected with *S. Typhimurium* and commercial diet (3) infected, commercial diet with bovine colostrum (4) infected, commercial diet with colostrum, MCFA and yeast extract. Half of the piglets were euthanized at 3 days post infection (DPI) and others half at 10 DPI. The colon contents were collected and sent to Allumiqs for proteomic analysis by using LC-MS/MS platform.

Results: *S. Typhimurium* and dietary supplementation altered the protein expression in the gut of newly weaned piglets. Gene Ontology (GO) and KEEG pathway analyses were performed for altered proteins at both 3 and 10 DPI. Collectively, the GO terms results of significantly altered proteins were associated with protein degradation, immune cell recruitment, and stress-related defense mechanisms and extracellular signaling. The KEEG pathway analyses results were involved in proteins digestion and absorption, fatty acid biosynthesis, renin-angiotensin system and various other biological pathways.

Évaluation de l'innocuité du robenacoxib chez les poissons : analyse rétrospective à l'Aquarium du Québec

Auteurs : **Giulia Figueira Rodrigues Vieira**¹, Sarah Hébert¹, Stéphane Lair^{1,2}, Shannon Ferrell^{1,2},
Claire Vergneau-Grosset^{1,2}

(1) Groupe de recherche en médecine zoologique, Département de sciences cliniques, Faculté de
médecine vétérinaire, Université de Montréal

(2) Aquarium du Québec, SEPAQ

Les effets des anti-inflammatoires non stéroïdiens demeurent peu étudiés chez les poissons. Le robenacoxib (Onsior®, Elanco) administré par injection intramusculaire (IM) produit un effet anti-inflammatoire prolongé pendant 3 jours chez des truites à 13°C. L'utilisation du robenacoxib serait avantageuse dans un contexte de projets de terrain si son innocuité peut être documentée chez d'autres espèces. L'objectif de cette étude était de documenter l'innocuité du robenacoxib chez diverses espèces piscicoles.

Les dossiers médicaux de l'Aquarium du Québec (2018-2025) ont été analysés rétrospectivement pour évaluer la tolérance au robenacoxib. Les individus présentant un pronostic défavorable ont été exclus. Les paramètres suivants ont été consignés : posologie, nombre d'injections, indication thérapeutique, effets indésirables, survie et résultats nécropsiques.

Quarante spécimens de poissons appartenant à 29 espèces ont été inclus. Les indications thérapeutiques incluaient des plaies, des chirurgies, et des problèmes de flottabilité. La posologie standard était de 2 mg/kg IM, avec deux exceptions : une raie aigle (4 mg/kg) et une carpe koï ayant accidentellement reçu 19 mg/kg.

Onze poissons (27%) sont morts durant le mois suivant le traitement au robenacoxib. Cependant, les examens post-mortem n'ont révélé aucune hémorragie ni lésion digestive, rénale ou hépatique attribuable au robenacoxib. Le cas de surdosage à 19 mg/kg n'a causé aucune complication clinique et cette carpe koï est en vie. Aucun poisson n'a présenté de toxicité attribuable au robenacoxib.

L'administration d'une dose de robenacoxib est bien tolérée chez plusieurs espèces et constitue une option sécuritaire pour le traitement post-opératoire de divers poissons dans des études de terrain.

Approche basée sur les alternatives naturelles aux anticoccidiens et leur combinaison vaccinale pour contrer la coccidiose aviaire chez le poulet de chair

Auteurs : **Feriel Yacini**¹, Jacinthe Julien², Vincent Demers-Caron², Guillaume St-Jean¹, Marie-Lou Gaucher^{1,3}, Carl Julien²

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

(2) Centre de recherche en sciences animales de Deschambault

(3) Chaire de recherche en salubrité des viandes, Faculté de médecine vétérinaire, Université de Montréal

La coccidiose aviaire, causée par *Eimeria*, entraîne des pertes économiques importantes, affectant l'absorption des nutriments et la conversion alimentaire (CA). L'efficacité des stratégies de contrôle classiques, telles la chimioprophylaxie et la vaccination, est limitée par la résistance aux anticoccidiens et la complexité de la gestion vaccinale, suscitant un intérêt pour des alternatives naturelles.

Un essai de 35 jours a été réalisé sur 3384 poulets mâles d'un jour, divisés en 8 répétitions, soumis à 2 conditions expérimentales et, répartis en 9 groupes expérimentaux : 1X dose d'un vaccin contre la coccidiose (Coccivac®-B52) ; 30X la dose (Coccivac®-B52). La vaccination 1X a été administrée dans l'aliment au j1 et le challenge *Eimeria* a été induit au j14.

Les paramètres de performance, les effets des additifs sur la coccidiose ont été évalués par le score de lésions intestinales et l'excrétion fécale d'oocystes. Les données ont été analysées avec un modèle mixte et des tests de Kruskal-Wallis.

Avec Coccivac®-B52 1X, aucune formulation n'a eu d'effet significatif. Chez les poulets challengés 30X, PHY2 a amélioré la CA 20-34 j (3,1 %, $P<0,05$), l'indice européen de performances des poulets à griller (EBI) 20-34 j (+6,7 %, $P<0,05$), a réduit l'excrétion fécale des oocystes (-42 %, $P<0,05$) et augmenté l'indice anticoccidien (ACI), (+56 %, $P<0,05$), avec une tendance à l'amélioration globale (0-34 j) de la CA (-1,7 %, $P=0,09$) et de l'EBI (+5,5 %, $P=0,09$), sans perturber le cycle vaccinal.

Ces résultats suggèrent que PHY2 pourrait constituer une alternative anticoccidienne efficace chez le poulet de chair.