



Reproduction

Objectif de l'étude

Éclaircir l'histoire et l'écologie de *M. bovis* afin de mieux comprendre l'épidémiologie des infections à *M. bovis* et l'apparition de mammites cliniques.

► *Vet Microbiol.* 2016 Nov 30;196:63-66.

A dominant lineage of Mycoplasma bovis is associated with an increased number of severe mastitis cases in cattle.

Bürki S, Spengler J, Bodmer M, Pilo P.

Faits marquants et commentaires

- Une nouvelle lignée de *M. bovis* circule à la frontière Est de l'Europe occidentale.
- Cette lignée est associée à une augmentation des cas de mammites cliniques.
- Cette lignée n'est pas la lignée prédominante actuellement en France.
→ Si à ce jour, peu de mammites à *M. bovis* sont détectées en France, notons que la recherche des mycoplasmes sur lait de bovin n'est pas une pratique courante. Les observations faites dans ces pays frontaliers devraient peut-être nous encourager à étendre les analyses bactériologiques aux mycoplasmes plus fréquemment.

Synthèse par Xavier Nouvel,
Département Élevage et Produits,
Santé Publique Vétérinaire,
Pathologie de la Reproduction,
École Nationale Vétérinaire
de Toulouse.

disponible
sur www.neva.fr



ÉMERGENCE D'UNE LIGNÉE DE *MYCOPLASMA BOVIS* ASSOCIÉE À UNE AUGMENTATION DU NOMBRE DE CAS DE MAMMITES SÉVÈRES chez les bovins

• *Mycoplasma bovis* est l'un des principaux agents des mycoplasmoses bovines. Deux formes cliniques se distinguent selon l'âge des individus atteints : mammites chez les vaches adultes et pneumonie, arthrite otites chez les veaux.

• Alors qu'en France, *M. bovis* est majoritairement associé à des atteintes des jeunes, une augmentation des cas de mammites sévères à *M. bovis* est observée en Suisse, mais aussi en Autriche, et en Italie du Nord au milieu des années 2000.

• Les études de typage bactérien suggèrent une infection des animaux dès leur introduction et une colonisation ultérieure par une souche prédominante dans les troupeaux atteints. Dans cette étude de la diversité phylogénétique des isolats, les auteurs analysent 76 isolats de Suisse, d'Autriche, d'Allemagne et du Royaume-Uni par *Multi Locus Sequence Typing* (MLST).

Matériels et méthodes

• Après culture et lyse de 76 isolats de *M. bovis* d'Autriche, d'Allemagne, de Suisse et du Royaume-Uni, et la souche type PG45 isolée aux États-Unis, un typage moléculaire par comparaison de la séquence de six gènes a été réalisé selon la méthode MLST développée par Register et coll en 2015.

• Grâce à la base de données MLST (www.pubmlst.org/mbovis/), un profil MLST (ST) a été attribué à chaque isolat. Les nouveaux profils ST décrits ont été soumis à la base de données pour attribution d'un nouveau ST.

• Les séquences nucléotidiques concaténées ont été utilisées pour reconstruire un arbre phylogénétique avec le programme MEGA6 (algorithme du maximum de vraisemblance, 1000 bootstraps, modèle de substitution de Kimura).

• Une analyse de type arbre couvrant minimum à l'aide du programme *BioNumerics* a été réalisée avec les données MLST des 76 isolats de l'étude, et 94 isolats de *M. bovis* présents dans les bases de données MLST.

Résultats

• L'arbre phylogénétique des séquences des 76 isolats de cette étude permet de distinguer deux lignées, séparant les isolats recueillis avant 2007 qualifiés d'isolats anciens, et ceux recueillis après 2007 (isolats nouveaux ou récents). Les nouveaux iso-

lats autrichiens, allemands et suisses appartiennent aux ST5, ST33, ST34 et ST36-40, alors que les isolats suisses anciens sont de ST17 et ST35. Huit nouveaux ST (ST33-40) ont été décrits.

• L'analyse de type arbre couvrant minimum des 76 isolats de l'étude additionnés aux 94 isolats de *M. bovis* de la base de données MLST révèle la présence de six complexes clonaux (CC1-CC6).

• Les 76 isolats nouvellement caractérisés sont regroupés dans les complexes clonaux CC1, CC4 et CC5. Le CC1 regroupe 62 d'entre eux, tous collectés après 2007 en Suisse, en Allemagne ou en Autriche. Parmi ces 62 isolats récents CC1, 40 ont été isolés du lait ou de la glande mammaire, 21 du poumon ou des cavités nasales et un de liquide synovial. Les isolats anciens se retrouvent uniquement dans les CC4 et CC5 (CC4 : une unique souche, isolée au Royaume-Uni avant 2007, CC5 : 14 isolats recueillis avant 2007).

Conclusion

• Les résultats de cette étude indiquent que l'apparition de cas de mammites cliniques sévères à *M. bovis* à l'Est de l'Europe occidentale est associée à une modification des isolats en circulation qui s'est produite en 2007. Ce modèle est similaire aux observations faites en Israël, où un changement des clones circulants associé à une augmentation des cas de mammites cliniques associées à *M. bovis* a été constatée en 2008 après de rares isollements de *M. bovis* du lait dans le passé.

• Parallèlement en France, l'apparition d'un nouveau sous-type dominant dans la population bovine a été détectée. Cependant, la situation semble différente puisque ce ST émergent (ST18 selon le schéma MLST de Register) n'a été associé qu'à des cas de pneumonie chez le veau, et aucune augmentation du nombre de cas de mammites à *M. bovis* n'a été enregistrée.

• Ces résultats démontrent les apports d'un suivi épidémiologique moléculaire des isolats pour l'explication et l'éventuelle prévision de l'apparition de nouvelles manifestations cliniques. Des données expérimentales seraient toutefois nécessaires pour confirmer ces hypothèses et comprendre les mécanismes moléculaires conduisant aux changements observés dans l'expression des affections dues à *M. bovis*. □