

revue internationale

synthèse des meilleurs articles

CARACTÉRISTIQUES DES MICROBIOTES FÉCAL ET ILÉAL DE VEAUX LAITIERS lors d'une infection précoce par *Mycobacterium avium subspecies paratuberculosis*

● La paratuberculose est une maladie incurable des ruminants causée par *Mycobacterium avium subspecies paratuberculosis* (MAP). Cette maladie entraîne des pertes économiques conséquentes pour les élevages bovins (de l'ordre de 75 € par vache et par an pour un élevage laitier infecté). L'infection par MAP induit une inflammation granulomateuse chronique du tractus intestinal dont l'expression clinique est tardive. La sensibilité des tests diagnostiques actuellement disponibles ne permet pas un dépistage précoce et fiable des animaux infectés asymptomatiques.

● Afin de déterminer si une dysbiose intestinale associée à MAP pouvait être un biomarqueur potentiel pour la détection précoce des animaux infectés, Derakhshani et collaborateurs ont étudié le microbiote fécal et le microbiote de la muqueuse iléale chez des veaux infectés expérimentalement.

Matériels et méthodes

● Sur un total de 56 veaux naïfs, 50 veaux ont été inoculés avec MAP par voie orale à l'âge de 2, 3, 6, 9 ou 12 mois (10 animaux pour chaque âge) et 6 veaux non inoculés ont constitué le lot témoin. Les 56 veaux ont été euthasiés à 17 mois. Une recherche de MAP a été réalisée par culture sur les prélèvements nécropsiques.

● Parmi les veaux inoculés, MAP a été détecté sur 28 veaux. Les prélèvements de fèces et de muqueuse iléale réalisés à l'autopsie sur ces veaux et sur 5 veaux contrôles MAP-négatifs ont été utilisés pour extraction d'ADN génomique. Le séquençage Illumina à haut débit (plateforme MiSeq, 150 paired-end) de la région hypervariable V4 du gène de l'ARN 16S a été réalisé sur ces 28+5 extractions après amplification par PCR et multiplexage. Les données brutes ont été traitées par bioinformatique afin de décrire la diversité bactérienne présente dans les échantillons sous la forme d'Unités taxonomiques opérationnelles (OTU). Des analyses de biostatistiques et de bioinformatiques ont ensuite été utilisées pour comparer les microbiotes des différents animaux.

Résultats

● Les analyses statistiques (PERMANOVA, LEfSe) révèlent des différences du microbiote associé à la muqueuse iléale (MI) et du microbiote fécal (MF) chez les infectés par rapport aux témoins. Plusieurs taxons bactériens dans

le phylum des Protéobactéries sont sur-représentés dans le MI des veaux témoins. De plus, une analyse bioinformatique de reconstruction des voies métaboliques fonctionnelles présentes (PICRUSt) montre une sur-représentation des voies du métabolisme de la lysine et de l'histidine et une sous-représentation de celles du glutathion et des voies de dégradation de la leucine et de l'isoleucine dans le MI des veaux infectés. Ceci suggère des contributions potentielles du MI dans le développement de l'inflammation intestinale. Enfin, le MF des veaux infectés montre une sur-représentation simultanée des familles *Planococcaceae* et *Paraprevotellaceae*, ainsi qu'une sous-représentation des genres *Faecalibacterium* et *Akkermansia*. Cette différence du microbiote fécal pourraient être un biomarqueur potentiel pour l'identification des bovins infectés au cours des stades subcliniques.

Conclusions

● Cette approche de métagénomique identifie des taxons et des fonctions microbiennes associées à l'infection MAP. De manière globale, les différences de composition taxonomique et de prédictions fonctionnelles observées laissent entrevoir le microbiote intestinal des bovins comme un réseau dynamique de micro-organismes ayant un rôle actif dans l'homéostasie intestinale lors d'infection par MAP.

● La surreprésentation de certaines familles bactériennes (*Planococcaceae* et *Paraprevotellaceae*) et la sous-représentation de certains genres (*Faecalibacterium* et *Akkermansia*) dans le microbiote fécal des animaux infectés pourraient servir d'indicateurs de l'infection par MAP. La sensibilité et la spécificité de ces marqueurs doivent toutefois être validées dans des études de terrain à grande échelle. □

Commentaires de Xavier Nouvel

● Le séquençage du microbiome fécal comme moyen de dépistage de *Mycobacterium avium subspecies paratuberculosis* chez les bovins peut paraître très futuriste. En effet, si la diminution du coût du séquençage haut-débit est réelle, la complexité du traitement et de l'analyse des données générées

n'est pas encore envisageable pour des analyses de routine.

● Ces résultats de métagénomique sont toutefois prometteurs. Ils pourraient permettre d'identifier des marqueurs accessibles et utilisables pour le dépistage de maladies comme la Paratuberculose dans un futur proche.



Diagnostic

Objectif de l'étude

■ Déterminer si une dysbiose intestinale associée à MAP pouvait être un biomarqueur potentiel pour la détection précoce des animaux infectés.

► *Front Microbiol.*
2016;31(7):426.

The features of fecal and ileal mucosa-associated microbiota in dairy calves during early infection with Mycobacterium avium subspecies paratuberculosis.

Derakhshani H, De Buck J, Mortier R, Barkema HW, Krause DO, Khafipour E.

Synthèse par Xavier Nouvel,
Département Elevage et Produits,
Santé Publique Vétérinaire,
Pathologie de la Reproduction,
Ecole Nationale Vétérinaire
de Toulouse