

AXE 1. PREVENTION DES MALADIES MULTIFACTORIELLES ET DU PARASITISME

Apport de la biologie moléculaire dans la mise au point d'une démarche de maîtrise des infections intramammaires à *Streptococcus uberis* des vaches laitières

Présentation et état d'avancement

Janvier 2013



Contexte et objectif général

NEWS

Les mammites cliniques et subcliniques en lactation contribuent aujourd'hui encore pour un tiers à l'impact économique des troubles de santé en élevage bovin laitier. Depuis 30 ans, on a pu constater une diminution de la prévalence des mammites subcliniques dues aux pathogènes à réservoir mammaire. Cette évolution favorable est toutefois contrebalancée par une constante augmentation des épisodes de mammites cliniques, majoritairement à *Streptococcus uberis* qui est considéré comme une bactérie à réservoir environnemental mais qui peuvent persister dans la mamelle et contribuer à une augmentation des niveaux cellulaires des laits.

Force est de constater que malgré l'expertise des agents de développement, les stratégies d'intervention mises en place fondées à la fois sur l'hygiène de la traite et de l'environnement de l'animal se soldent le plus souvent par des échecs et entraînent le recours à des mesures préventives et curatives (traitements antibiotiques) toujours plus drastiques.

L'objectif général du programme est d'améliorer la connaissance de l'épidémiologie des mammites à *Streptococcus uberis* dans les troupeaux laitiers par une description de la variabilité des souches à partir d'une technique de typage moléculaire novatrice ayant pour finalité de proposer *in fine* aux acteurs de terrain un guide méthodologique d'intervention incluant ce type d'analyse. La principale question à explorer est celle de la détermination des voies de transmission de *Streptococcus uberis* dans un troupeau donné.

Ce travail est financé dans le cadre des appels à projets CAS-DAR.

Groupe de travail « *Streptococcus uberis* » (animateurs en vert-gras ; porteur en souligné)

- IE : Philippe Roussel, Valérie David,
- UMR BioEpAR : Nathalie Bareille
- INRA IASP Nouzilly : Florence Gilbert
- UBGDS : Ivonne Leperlier
- GDS PL : Loïc Fulbert
- URGTV Bretagne : Jean-François Labbé
- URGTV PL : Nathalie My
- Filière Blanche : Francis Sérieys
- Pôle Herbivores-CRA Bretagne : Marylise Le Guenic.

La dernière réunion du groupe de travail s'est tenue le 16 novembre 2012.

Programme des travaux

Méthode retenue : 18 élevages ont été choisis sur la base d'une fréquence élevée des infections à *S. uberis* en période hivernale. Toutes les 6 semaines, des prélèvements exhaustifs de lait de quartier des vaches en production ont été réalisés et ceci à 5 reprises en début d'année 2011. Les analyses bactériologiques et de typage MLVA des souches de *S. uberis* ont été réalisées.

Etude de la variabilité des souches pour déterminer les voies de transmission

Objectif : Mise en évidence de la voie de transmission *S. uberis* dans un élevage infecté.

Principaux résultats : Les analyses ont permis de mettre en évidence 703 isolats de *S. uberis*, soit une prévalence de 5,2% avec des variations importantes suivant les élevages de 1,8% à 15,9%. Ils appartenaient à 207 souches distinctes selon leur profil MLVA. Les quartiers nouvellement infectés par *S. uberis* pendant la période de suivi l'étaient, pour moitié, par des souches déjà présentes dans le troupeau (contagion entre vaches probable) et, pour l'autre moitié, par des souches non encore présentes dans le troupeau (contamination probable par l'environnement). Dans tous les troupeaux, des contaminations par l'environnement ont été rencontrées ce qui justifie la mise en place de mesures de renforcement de l'hygiène du logement lors d'infections à *S. uberis*. La contagion entre vaches n'est présente que dans certains troupeaux, et il nous reste à explorer s'il y a des conduites d'élevage pouvant expliquer ces différences de voies de transmission entre élevages.

Recherche d'outils diagnostiques basés sur l'analyse MLVA

Objectif : Rechercher un indicateur basé sur des analyses de lait de mélange ou de lait individuel ciblés afin de caractériser la dynamique des infections à *S. uberis* (présence *versus* absence de contagion)

Principaux résultats : L'analyse MLVA appliquée au lait de mélange ne permet pas de connaître les souches présentes dans le troupeau. Nous avons montré que plus la contagion entre vaches est élevée dans un troupeau, moins le nombre de souches différentes retrouvées un moment donné est élevé. Cependant, même en effectuant un prélèvement des quartiers infectés des vaches à CCS élevées, il faudrait réaliser au moins 30 analyses MLVA pour pouvoir repérer les troupeaux à forte contagion, d'où un coût trop élevé.

Détermination du niveau d'infections persistantes après antibiothérapie

Objectif : Mise en évidence de souches de *S. uberis* résistantes aux traitements antibiotiques.

Principaux résultats : Les infections à *S. uberis* sont peu persistantes après un traitement au tarissement (0%), moyennement persistantes lors d'un traitement en lactation (29%) et très persistantes en l'absence de traitement antibiotique (53%) ce qui confirme les connaissances antérieures.

Capitalisation des résultats

La capitalisation des résultats aura lieu à l'issue des différents travaux programme prévue en 2013.

Publications et livrables

- Thirouard A., 2011. Intérêt de la technique de génotypage MLVA dans l'épidémiologie des mammites à *Streptococcus uberis* de la vache laitière. Thèse de doctorat vétérinaire, Nantes, 117 p.
- Eudes J., 2012. Utilisation de la MLVA pour décrire la dynamique des souches de *Streptococcus uberis* et diagnostiquer le profil épidémique des infections intramammaires dans les troupeaux de vaches laitières. Thèse de doctorat vétérinaire, Nantes, 108 p.

Pour toute information

Philippe Roussel

UMT Maîtrise de la Santé des Troupeaux Bovins

UMR 1300 ONIRIS-INRA Biologie, Epidémiologie et Analyse de Risque en Santé Animale (BioEpAR)

ONIRIS, Atlanpole-La Chantrerie . CS 40706 . 44307 NANTES Cedex 03

☎ 02 40 68 28 19 📠 02 40 68 77 68 ✉ philippe.roussel@idele.fr