

# Intérêt de l'épidémiologie moléculaire dans l'identification de facteurs de risque de tuberculose bovine

## Interest of molecular epidemiology in identifying bovine tuberculosis risk factors

HUMBLET M.-F. (1), GILBERT M. (2,3), WALRAVENS K. (4), GOVAERTS M. (4), FAUVILLE-DUFAUX M. (5), SAEGERMAN C (1).

(1) UREAR, Département des maladies infectieuses et parasitaires, Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Liège, B42, Boulevard de Colonster 20, B-4000 Liège, Belgique

(2) LUBIES, Université Libre de Bruxelles, avenue F.D. Roosevelt 50, B-1050 Brussels, Belgique

(3) FNRS, rue d'Egmont 5, B-1000 Bruxelles, Belgique

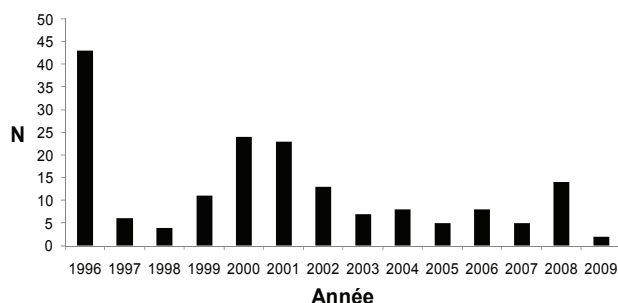
(4) CERVA, Département de bactériologie, 99 Groeselenberg, B-1180 Bruxelles, Belgique

(5) Division Mycobactériologie, Département des maladies infectieuses et transmissibles, ISP, SPF, Santé, Sécurité de la Chaîne Alimentaire et Environnement, rue Juliette Wytsman 14, B-1050 Bruxelles

### INTRODUCTION

Bien que la Belgique soit officiellement indemne de tuberculose bovine (bTB) depuis 2003, 5 à 10 foyers sont notifiés chaque année (Fig. 1). De nombreux facteurs de risque de bTB ont été identifiés dans le monde entier, mais aucune étude n'a jamais été menée en Belgique à ce sujet. Avant d'assouplir les mesures de surveillance, il semblait indispensable d'effectuer une telle approche afin d'adapter et d'éventuellement réorienter le plan de surveillance. Cette étude avait pour objectif l'analyse de la dynamique spatio-temporelle de la bTB en Belgique et l'identification d'éventuels facteurs de risque de la maladie.

Figure 1: Nombre annuel de foyers de bTB (N) en Belgique entre 1996 and 2009



### 1. MATERIEL ET METHODES

Une base de données reprenant les souches de *M. bovis* isolées en Belgique entre 1995 et 2006 a été élaborée sur base du typage moléculaire (*Spoligotyping*, RFLP et MIRU-VNTR). Le spoligotype SB0162 ([www.Mbovis.org](http://www.Mbovis.org)) s'est avéré prédominant (27% des isolats). Ces informations ont été incluses dans une base reprenant les données relatives à plusieurs facteurs de risque à tester (prédicteurs): antécédent de bTB, densité de bovins, mouvements d'animaux, densité de plusieurs espèces sauvages, données bioclimatiques, occupation des terres, longueur des lisières et altitude. La surface de la Belgique a été divisée en cellules de 5kmx5km. Tous les prédicteurs (N = 49) ont été convertis par cellule et par an (de 1995 à 2006). Les mouvements ont été référencés par le nombre total de mouvements d'animaux, le nombre total de mouvements à partir d'une cellule « infectée » et la proportion résultante de mouvements depuis une cellule infectée. L'influence des mouvements enregistrés l'année précédente a été testée d'une part, et celle des mouvements survenus pendant l'année en cours l'ont été par ailleurs. L'association possible entre bTB et prédicteurs a été testée au moyen d'une régression logistique multiple à étapes (Gilbert *et al.*, 2005) dans le logiciel R (prédicteur = facteur de risque lorsque  $P < 0,05$ ). Une première approche a considéré toutes les souches de *M. bovis* tandis que seules les souches du spoligotype SB0162 ont été incluses dans une seconde approche.

### 2. RESULTATS

Plusieurs facteurs de risque ont été identifiés quand toutes les souches étaient considérées : antécédent de bTB dans un troupeau ( $P < 0,001$ ), voisinage d'un foyer ( $P < 0,001$ ) et densité de bovins ( $P < 0,001$ ). La surface d'une cellule occupée par les forêts ( $P < 0,001$ ), la densité de chevreuils ( $P = 0,002$ ), la densité de cerfs ( $P = 0,007$ ) et l'altitude ( $P = 0,002$ ) ont présenté une relation significative négative avec la présence de bTB (facteurs de « protection »). La seconde approche (spoligotype SB0162) a mis en évidence une relation significative avec les prédicteurs suivants: antécédent de bTB dans un troupeau ( $P < 0,001$ ), voisinage d'un foyer ( $P < 0,001$ ) et proportion de mouvements au cours de l'année depuis une zone infectée ( $P = 0,007$ ).

### 3. DISCUSSION

Plusieurs facteurs de risque de bTB ont été identifiés en Belgique. Un antécédent de bTB est un risque soit parce que la source de l'infection n'a pas été éliminée correctement, soit parce que des facteurs spécifiques favorisent une ré-émergence (White et Benhin, 2004). Plus la densité de bovins augmente, plus les interactions entre individus sont importantes et le risque de contamination accru. La proportion de mouvements au départ d'une zone infectée est un facteur de risque, donc les contrôler reste primordial. Les densités en espèces sauvages, les forêts et l'altitude peuvent être considérées comme facteurs de « protection » et sont corrélés dans le sud du pays (climat « plus rude » qui influencerait la survie environnementale de *M. bovis* ?).

### CONCLUSION

Une différence de comportement entre souches de *M. bovis* (SB0162 vs. toutes les souches) est à envisager. Il reste indispensable de contrôler les mouvements d'animaux. Même si *M. bovis* n'a pas encore été isolé en faune sauvage en Belgique, la surveillance reste de mise.

Cette étude a été financée par le SPF, Santé Publique, Sécurité de la Chaîne Alimentaire et Environnement.

Les auteurs remercient les vétérinaires responsables des UPC et des abattoirs, Mr Jean-Marie Robjins (AFSCA), Mme Valérie Duran (DNF, Région Wallonne) et Mr Jim Casaer (INBO, Région Flamande) pour leur collaboration.

Gilbert, M., Mitchell, A., Bourn, D., Mawdsley, J., Clifton-Hadley, R., Wint, W. 2005. *Nature* 435, 491-6  
White, PC, Benhin, JK. 2004. *Prev. Vet. Med.* 63, 1