

La paratuberculose : la résistance par l'amélioration génétique, on y travaille!

- La paratuberculose, ou maladie de Johne, entraîne des pertes économiques de 15 M\$ par an pour l'industrie laitière canadienne. Si l'identification des animaux infectés reste un défi, les progrès en matière de génétique devraient changer la donne sous peu.

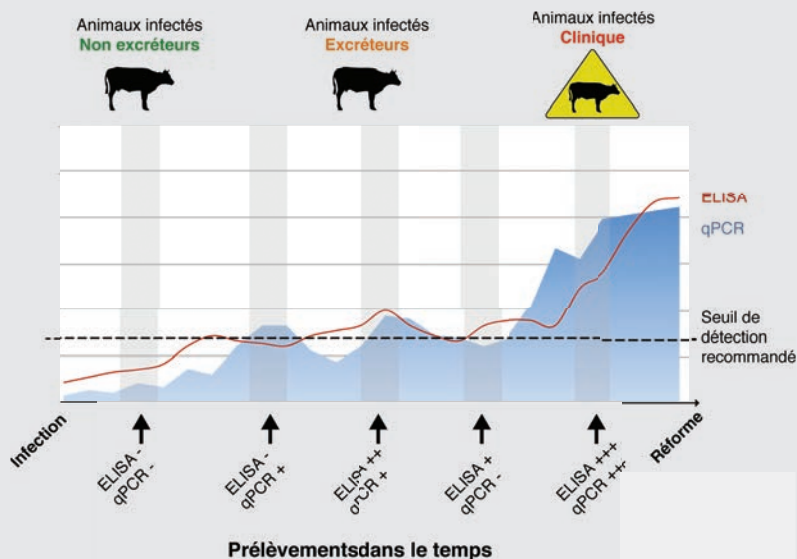
En raison de ses effets néfastes (perte de production laitière, diminution de la fertilité, amaigrissement progressif et diarrhée), on estime à plus de 3000 \$ la perte annuelle pour chaque ferme aux prises avec cette maladie. Plusieurs études scientifiques s'entendent pour associer le pathogène responsable, soit *Mycobacterium avium* spp *paratuberculosis* (MAP), à différentes pathologies humaines telles que l'arthrite rhumatoïde, l'athérosclérose et la maladie de Crohn.

DISTINGUER LES VACHES ATTEINTES

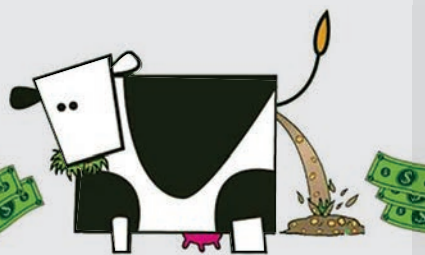
Tous les efforts sont actuellement mis en place pour réduire la prévalence

de la paratuberculose à la ferme. Des mesures de biosécurité ont été instaurées. De plus, en partenariat avec l'industrie, Agriculture et Agroalimentaire Canada a déployé bon nombre d'efforts et d'investissements pour identifier avec le maximum de rigueur les animaux en voie de développer la maladie (dits « susceptibles ») et les animaux résistants. En effet, certains ont des anticorps contre le pathogène, mais ne l'excrètent pas et n'évoluent pas vers le stade clinique. Notre étude longitudinale effectuée auprès de 23 fermes situées au Québec et en Ontario nous a permis de discriminer avec plus de précision les vaches résistantes de celles excrétaut du MAP dans leur fumier en effectuant des mesures répétées sur 4-5 ans (Figure 1).

FIGURE 1

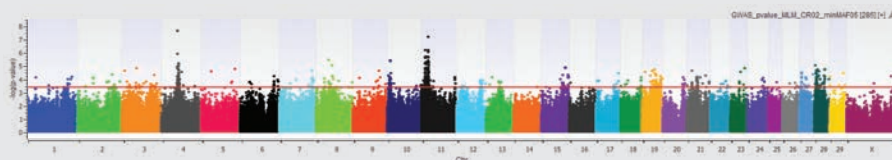


Exemple de progression (4 à 6 ans) de la maladie chez une vache susceptible d'évoluer vers le stade clinique de la paratuberculose bovine. Le profil est très différent d'une vache à l'autre, d'où la difficulté d'identifier un animal infecté par un seul test appliqué à un seul moment. Les mesures répétées sur 4-5 ans nous ont permis d'identifier les animaux infectés et excréteurs de MAP dans leur fumier.



La paratuberculose toucherait de 5 à 10 % des troupeaux québécois, et possiblement beaucoup plus, si l'on en croit une étude américaine (jusqu'à 69 %). La paratuberculose, ou maladie de Johne, est coûteuse. Malgré le maintien de l'appétit, la vache infectieuse maigrit de manière inexorable.

FIGURE 2



Analyse génétique utilisant près d'un million de marqueurs distribués sur les chromosomes de la vache. Avec seulement 50 vaches, nous arrivons à identifier des marqueurs génétiques (les points sur cette figure) associés à la susceptibilité de développer la maladie. Chaque couleur représente un chromosome différent dans le génome de la vache. Les points au-dessus de la ligne rouge sont des marqueurs pour la résistance dont l'association génétique est à l'étude sur 3500 vaches.

AMÉLIORER LA RÉSISTANCE PAR LA GÉNÉTIQUE

La communauté scientifique est d'accord sur ce point : l'amélioration génétique est possible. Les avancées ont été discrètes jusqu'à ce jour, à cause du manque de sensibilité des tests, mais surtout par l'absence de mesures répétées dans le temps. Notre équipe a utilisé les outils diagnostiques les plus sensibles et spécifiques pour étudier la progression de la maladie chez près de 3500 vaches sur 4-5 ans. Les analyses préliminaires sont probantes : il est possible d'identifier des marqueurs associés à la paratuberculose bovine (Figure 2).

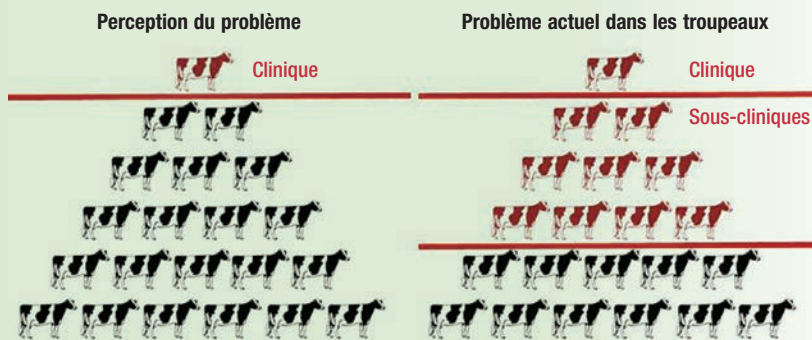
Dans le cadre du projet financé par Les Producteurs laitiers du Canada sous le programme Cultivons l'avenir 3 d'Agriculture et Agroalimentaire Canada, nous analyserons la génétique des 3500 vaches à l'étude. À l'aide des outils génétiques développés par notre équipe et nos collaborateurs de l'Université de Guelph, nous identifierons les marqueurs associés à la paratuberculose bovine. Ces marqueurs génétiques pourront identifier les vaches susceptibles d'évoluer vers le stade clinique de la maladie. D'autres marqueurs permettront d'identifier les vaches qui résistent à l'infection ou à l'évolution de la maladie. En introduisant au troupeau une génétique procurant une résistance naturelle et à l'aide des mesures de biosécurité mises en place dans les fermes, tout sera mis en œuvre pour combattre cette maladie incurable.

POUR UN MEILLEUR DIAGNOSTIC

Au stade sous-clinique, c'est-à-dire lorsqu'aucun symptôme (signe d'amaigrissement, de perte en production laitière ou autre telle la diarrhée) n'est apparent, les animaux peuvent excréter le MAP dans leur fumier et par conséquent dans l'environnement (Figure 4). MAP va donc circuler dans le troupeau et infecter d'autres animaux. Bien qu'il soit très important d'éliminer ces animaux excréteurs pour contrôler la maladie, les méthodes de diagnostic actuelles sont insuffisantes. Ces méthodes comprennent la détection d'anticorps dirigés contre le MAP dans le sang (test ELISA), la détection du pathogène par la culture fécale ou sa détection directe par la PCR fécale.

On sait d'ores et déjà que ces techniques, aussi spécifiques soient-elles, sont parfois peu sensibles lorsque prises séparément et surtout lorsqu'utilisées au stade sous-clinique de la maladie. En effet, durant cette phase, l'excrétion du MAP dans les fèces peut être irrégulière et la production d'anticorps contre le MAP chez l'animal est faible, reflétant une stimulation discrète du système immunitaire (c'est-à-dire peu détectable par le test ELISA). L'infection passe souvent sous le radar lorsque l'analyse est appliquée une seule fois. Il est donc de mise de privilégier une analyse longitudinale basée sur des prélèvements réguliers et répétés échelonnés sur une longue période de suivi (4-5 ans). Cette approche nous a permis une meilleure classification diagnostique des sujets infectés (infectieux) et de ceux qui sont en voie de l'être.

FIGURE 4



La prévalence apparente et celle attribuée au nombre réel d'animaux infectés sont très différentes. L'écart est dû à l'évolution imprévisible de la maladie et au manque de sensibilité des tests lorsqu'ils sont pris individuellement. ■