

VIROSES RESPIRATOIRES DES VOLAILLES : APPORT DES NOUVEAUX OUTILS DIAGNOSTIQUES POUR CARACTERISER LES VIRUS ET LES COÏNFECTIONS

Jean-Luc GUERIN¹, Jocelyn MARGUERIE²

¹ENVT, INRA, UMR IHAP, Chaire de biosécurité aviaire, 23 chemin des Capelles, 31076 TOULOUSE

²Fili@Vet, Réseau Cristal, 7 Rue des Artisans, 79300 BRESSUIRE
jl.guerin@envt.fr & j.marguerie@reseaucristal.fr

RÉSUMÉ

Les syndromes respiratoires sont parmi les plus fréquemment rencontrés en élevage de volailles de chair. Ils n'impactent pas seulement la croissance et la viabilité des animaux, mais mènent également à des arthrites bactériennes secondaires et des retraits à l'abattoir. Les principaux virus aviaires à tropisme respiratoires sont les paramyxovirus aviaires de type 1 (PMV-1), les virus influenza A (VIA), le coronavirus de la bronchite infectieuse (VBI), le métapneumovirus (aMPV), et le virus de la laryngotrachéite infectieuse (LTI). Les lésions primaires dues à un ou plusieurs virus sont le plus souvent aggravées par la surinfection par une ou plusieurs bactéries. Le laboratoire d'analyses vétérinaires sera très utile pour déterminer le ou les agents primaires et les agents de surinfection.

L'usage des outils de biologie moléculaire et en particulier des tests PCR s'est démocratisé et a largement contribué à une meilleure connaissance des infections respiratoires. Les perspectives d'apport des outils de la génomique concernent essentiellement une meilleure connaissance des coïnfections au niveau de l'appareil respiratoire. Les perspectives sont extrêmement prometteuses et permettront dans quelques années aux vétérinaires et aux organisations de production de disposer de données toujours plus précises et rapides pour éclairer la décision dans la prise en charge d'un lot de volailles ou la définition d'un plan de prophylaxie.

ABSTRACT

Viral respiratory diseases of poultry: the benefit of new diagnostic tools to characterize viruses and coinfections

Respiratory syndromes are among the most frequently diagnosed in broiler poultry production. They not only impact the growth and viability of birds, but also lead to secondary bacterial arthritis and withdrawals at slaughterhouse. The main avian respiratory viruses are avian paramyxovirus type 1 (PMV-1), influenza A virus (VIA), infectious bronchitis coronavirus (IBV), metapneumovirus (aMPV), and laryngotracheitis virus infectious disease (LTI). Primary lesions due to one or more viruses are most often aggravated by superinfection by one or more bacteria. The veterinary diagnostic laboratory will be very useful in determining the primary and superinfection agents.

The use of molecular biology tools and in particular PCR tests has become more widespread and has contributed to a better knowledge of respiratory infections. The prospects of bringing genomics tools essentially concern a better knowledge of coïnfections in the respiratory system. The prospects are extremely promising and will enable veterinarians and production organizations to obtain ever more accurate and rapid data in a few years to inform the decision on the management of a batch of poultry or the definition of a prophylaxis plan.

INTRODUCTION

Les syndromes respiratoires sont parmi les plus fréquemment rencontrés en élevage de volailles de chair. Ils sont notamment critiques en milieu et fin de croissance chez le poulet et la dinde de chair. Ils sont aussi associés à des syndromes de type « chute de pontes » chez les volailles pondeuses et reproductrices, avec des pertes en production d'œufs et de poussins d'un jour.

Chez les volailles de chair, les syndromes respiratoires n'impactent pas seulement la croissance et la viabilité des animaux, mais mènent également à des arthrites bactériennes secondaires et des retraits à l'abattoir. Ils sont enfin une indication importante de prescription d'antibiotiques.

1. Les virus et leur contribution à la pathologie respiratoire

Les principaux virus aviaires à tropisme respiratoires sont les paramyxovirus aviaires de type 1 (PMV-1), les virus influenza A (VIA), le coronavirus de la bronchite infectieuse (VBI), le métapneumovirus (aMPV), et le virus de la laryngotrachéite infectieuse (LTI). Les lésions primaires dues à un ou plusieurs virus sont le plus souvent aggravées par la surinfection par une ou plusieurs bactéries, *Escherichia coli*, *Ornithobacterium rhinotracheale*, *Riemerella anatipestifer*, *Pasteurella multocida*, *Mycoplasma gallisepticum* ou *synoviae*, staphylocoques et entérocoques, *Avibacterium* (ex-*Haemophilus*) *paragallinarum*, *Bordetella avium*, etc...

Le rôle de ces coïnfections est de plus en plus documenté en pathologie respiratoire aviaire, que ce soit en modèle « virus+ virus » ou « virus+ bactérie » (Umar et al, 2017).

2. La démarche diagnostique en pathologie virale respiratoire

La première étape diagnostique, lors de la visite d'élevage, consiste à bien cerner les manifestations cliniques, les lésions et les facteurs de risques zootechniques : l'enjeu est

d'évaluer l'impact respectif des facteurs de risque techniques et des agents infectieux.

Le laboratoire d'analyses vétérinaires sera très utile pour déterminer le ou les agents primaires et les agents de surinfection : cette notion d'agent primaire et secondaire est d'ailleurs de plus en plus discutée, compte tenu de la synergie réciproque qui peut s'opérer. Rappelons que la plupart du temps, plusieurs agents infectieux (virus, bactéries, champignon) peuvent être isolés simultanément. En fonction de l'espèce concernée, on ciblera les agents les plus classiques de coïnfection respiratoire : *E. coli* et mycoplasmes chez le poulet, la poule et la dinde, auquel s'ajoutent *Ornithobacterium rhinotracheale* chez la dinde ou *Riemerella anatipestifer* chez le canard.

La détermination de profils sérologiques est une méthode d'évaluation indirecte d'une infection virale. Si les tests ELISA permettent d'obtenir une réponse strictement quantitative et peu discriminante, le recours à des tests plus spécifiques comme l'inhibition de l'hémagglutination (IHA), permet un typage plus fin, comme dans le cas de la discrimination entre génotypes de VBI. Pour autant ces outils ne permettent pas toujours une discrimination robuste entre souches sauvages et vaccinales au sein d'un même groupe génétique.

L'usage des outils de biologie moléculaire et en particulier des tests PCR s'est démocratisé et a largement contribué à une meilleure connaissance des infections respiratoires, notamment pour les virus VBI, PMV-1, LTI et VIA. Au-delà de la détection et de l'évaluation de la charge virale dans la prise d'essai, le typage du virus peut être particulièrement précieux pour déterminer des liens épidémiologiques éventuels ou la pertinence d'un protocole vaccinal. La manipulation de ces données est néanmoins souvent délicate pour le vétérinaire praticien : là encore, la discrimination entre souches sauvages et vaccinales demande une analyse très fine des séquences et n'est pas toujours univoque.

3. Perspectives : quels outils au service du clinicien dans le futur ?

Les perspectives d'apport des outils de la génomique concernent essentiellement une meilleure connaissance des coïnfections, c'est-à-dire du « pathobiome » respiratoire, qui représente l'écosystème microbien, dans son

ensemble, au niveau de l'appareil respiratoire (Vayssier-Taussat et al, 2014). L'enjeu est de mieux comprendre les coïnfections (i.e. apprécier la contribution pathologique de chaque virus) et tracer les virus (suivre leur évolution et les voies de transmission intra- et inter- élevages).

La détection simultanée de plusieurs agents infectieux dans un même échantillon est un enjeu diagnostique majeur en virologie respiratoire. Ce changement de paradigme s'est opéré en virologie respiratoire humaine il y a plus de 10 ans avec la mise à disposition de tests multiplex commerciaux permettant de détecter simultanément et rapidement plus de 10 agents infectieux. Le recours à ces tests a ainsi permis de mettre en évidence la prévalence réelle de certains agents, mais pour autant, a-t-elle amélioré la prise en charge des patients ? Ce point est très discuté dans la communauté médicale (Iroh Tam et al, 2017).

En pathologie aviaire, le recours à ces outils, qu'il s'agisse de tests multiplex « vrais » ou de tests PCR à haut débit est encore du domaine de la recherche clinique. Ces outils peuvent apporter une amélioration de la connaissance épidémiologique et des informations extrêmement précieuses pour l'industrie du vaccin et du diagnostic vétérinaire (Croville et al, 2018a ; Laamiri et al, 2016).

Les outils de nouvelle génération de séquençage (NGS) apportent une perspective encore plus intéressante, mais là aussi, sont encore dans le champ de la recherche clinique. Ce séquençage massif, ciblé ou sans *a priori*, permet de générer de très grandes quantités de

données génétiques à partir d'un échantillon biologique. Les outils bio-informatiques permettent ensuite de « trier » ces données et d'identifier les séquences potentiellement virales, de les aligner et les interpréter. Les délais d'obtention des résultats (plusieurs semaines ou mois) rendent difficile l'application au diagnostic. Des premiers travaux sont pour autant prometteurs (Qiu et al, 2019).

Des outils de NGS de « 3^{ème} génération », de format bien plus petit, permettent de réaliser des tests dans des délais de quelques heures à jours, sous réserve de la disponibilité d'outils d'analyse bio-informatique adaptés... pour le moment (en 2019) ce scénario de séquençage « en temps réel » est purement théorique, car le pipe-line depuis la prise en charge de l'échantillon jusqu'à l'analyse bio-informatique reste du domaine de laboratoires très bien équipés et n'est pas encore applicable en routine. Des résultats prometteurs ont par exemple été obtenus par NGS sur des formes cutanées ou respiratoires de variole aviaire (Croville et al, 2018b).

CONCLUSION

Au final, les perspectives sont extrêmement prometteuses et permettront dans quelques années aux vétérinaires et aux organisations de production de disposer de données toujours plus précises et rapides pour éclairer la décision dans la prise en charge d'un lot de volailles ou la définition d'un plan de prophylaxie.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Croville G., Foret C., Heuillard P., Senet A., Delpont M., Mouahid M., Ducatez MF., Kichou F., Guerin JL., 2018a. Avian Pathol, Feb 27:1-8.
- Croville G., Le Loc'h G., Zanchetta C., Manno M., Camus-Bouclainville C., Klopp C., Delverdier M., Lucas MN., Donnadiou C., Delpont M., Guerin JL., 2018b. J Virol Methods, nov;261:34-39.
- Iroh Tam PY., Zhang L., Cohen Z., 2017. Children (Basel). 2017 Jan 7;4(1). pii: E3.
- Laamiri N., Fällgren P., Zohari S., Ben Ali J., Ghram A., Leijon M., Hmila I., 2016. J Clin Microbiol. Nov;54(11):2716-2725.
- Qiu Y., Wang S., Huang B., Zhong H., Pan Z., Zhuang Q, 2019. PLoS ONE 14(2): e0211553.
- Umar S., Guerin JL., Ducatez MF., 2017. Avian Dis. Mar;61(1):3-15.
- Vayssier-Taussat M., Albina E., Citti C., Cosson JF., Jacques MA., Lebrun MH., Le Loir Y., Ogliastro M., Petit MA., Roumagnac P., Candresse T., 2014. Front Cell Infect Microbiol. Mar 5;4:29.