

Identification et caractérisation du virome et du bactériome respiratoire chez les veaux atteints de bronchopneumonie infectieuse

Gilles Meyer, Elias Salem & PF biostatistique de Toulouse

Projet 5^{ème} année INSA - 2017/2018

Mots clés : bronchopneumonie infectieuse, bovin, métagénomique

1 Contexte biologique

Les bronchopneumonies infectieuses des veaux sont une pathologie majeure des filières de jeunes bovins. Elles représentent, avec les diarrhées, entre 30 à 90% de la mortalité constatée dans les élevages de veaux. Ces affections sont très difficiles à maîtriser car elles impliquent plusieurs agents infectieux, parmi lesquels on distingue des virus (virus respiratoire syncytial bovin, parainfluenza bovin de type 3, coronavirus bovin) et des bactéries (*Mannheimia haemolytica*, *Pasteurella multocida*, *Histophilus somni*, *Mycoplasma bovis*). Ces agents agissent le plus souvent en association que ce soit de manière décalée (infection virale qui favorise une surinfection bactérienne) ou en co-infection (entre virus, entre virus et bactéries). Jusqu'à présent il existe très peu de données de la littérature sur ces co-infections de pathogènes (mécanismes d'action coopératifs, prévalence incidence, ...).

Dans ce cadre, les données qui seront à analyser proviennent d'un projet qui s'intéresse aux agents infectieux des bronchopneumonies des jeunes veaux. Pour cela, des prélèvements respiratoires ont été réalisés dans 23 élevages de jeunes veaux atteints de bronchopneumonie depuis moins de 3 jours, non encore traités aux antibiotiques et non vaccinés. Ces prélèvements ont concerné l'appareil respiratoire supérieur (cavités nasales, par écouvillonnage nasal ou EN) et l'appareil respiratoire profond (poumons, par lavage broncho-alvéolaire ou LBA). Pour chaque élevage, 3 à 5 veaux ont ainsi été prélevés à la fois par EN et LBA. En parallèle des prélèvements similaires ont été réalisés dans 6 élevages ne présentant pas de pathologie respiratoire.

Les données qui seront fournies dans le cadre de ce projet comprennent :

- des données de microbiote, qui sont des données d'abondance (nombre de fois où le virus/la bactérie a été repéré dans l'échantillon) d'un grand nombre de virus et bactéries et obtenues par séquençage haut débit NGS ;
 - des données de présence / absence de 7 pathogènes (virus et bactéries) cibles,
- chacun de ces deux types de données étant disponible pour chaque élevage et chaque lieu de prélèvement (appareil respiratoire supérieur et inférieur).

2 Description des problématiques à traiter

Les objectifs de cette étude sont :

- de comprendre les relations entre microbiote respiratoire haut (cavités nasales) versus bas (poumons) chez des veaux malades versus sains ;
- d'évaluer les conséquences de la présence de certains virus ou bactéries pathogènes connus sur le microbiote respiratoire haut et bas (influence sur les genres bactériens présents et leur abondance, impact sur la diversité du microbiote).

Les outils statistiques qui pourront être utilisés pour aborder ses questions sont (de manière non exhaustive) :

- tests standards, modèles linéaires et ANOVA sur les données de comptages transformées ;
- NMF pour déterminer des profils de microbiotes ;
- analyses factorielles et méthodes de *machine learning*...

3 Les encadrants

Le projet sera conjointement encadré par deux biologistes de l'école vétérinaire de Toulouse et des statisticiens de la plateforme de biostatistique de Toulouse <https://perso.math.univ-toulouse.fr/biostat/>.

Contact : Nathalie Villa-Vialaneix nathalie.villa@toulouse.inra.fr, chargée de recherche en statistique.