

Décryptage du génome de *Taylorella equigenitalis*, une première étape vers la compréhension des mécanismes infectieux de la Métrite Contagieuse Équine

La métrite contagieuse équine (MCE), maladie inscrite sur les listes de l'Organisation mondiale de la santé animale, n'est pas une maladie clinique sévère ; pourtant, ses conséquences économiques pour l'élevage et les échanges commerciaux justifient de s'y intéresser. L'Europe est la principale région du monde concernée par la MCE et la France n'est pas épargnée.

Contexte de l'étude

Le Laboratoire de Pathologie équine de Dozulé de l'Anses (Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail) a la charge des activités nationales et européennes de référence pour la MCE. Ses missions de référence orientent sa recherche vers :

- l'amélioration du diagnostic,
- le développement d'un outil de typage des isolats à des fins d'épidémiologie,
- l'étude et la comparaison de la pathogénicité de *T. equigenitalis*, l'agent de la MCE et de *T. asinigenitalis*, espèce bactérienne proche considérée comme non pathogène malgré la présence de signes cliniques de métrite chez des juments infectées expérimentalement.

L'obtention de l'information génétique exhaustive de ces deux espèces bactériennes est apparue essentielle pour aborder ces problématiques de manière globale. Aussi, le projet « Séquençage et comparaison des génomes complets de *T. equigenitalis* et *T. asinigenitalis* » a été réalisé à l'aide d'un co-financement Anses / CRBN / IFCE.

Obtention des séquences génomiques

Les premiers génomes de *T. equigenitalis* et *T. asinigenitalis* ont été obtenus en combinant deux technologies de séquençage haut débit (454 et Illumina) et des PCR pour terminer et valider l'assemblage en deux génomes complets (Figure 1). Par la suite, une analyse bioinformatique poussée a permis de localiser et annoter chaque gène avant de procéder à la comparaison des deux génomes entre eux (étape réalisée par l'Anses en collaboration avec l'équipe informatique de l'Unité Génétique Microbienne, INRA de Jouy-

en-Josas). Ainsi, depuis janvier 2012, l'ensemble des données est accessible à la communauté scientifique et montre que *T. equigenitalis* et *T. asinigenitalis* sont proches avec 85% de gènes en communs.

Besoins nutritionnels

L'analyse des données génétiques dévoile que le genre *Taylorella* n'utilise que trois sources d'énergie pour se nourrir (malate, glutamate et alpha-cétoglutarate). Ces données, validées expérimentalement, sont nécessaires pour envisager de développer un milieu de culture plus adapté aux exigences nutritionnelles de *T. equigenitalis* afin d'augmenter les performances du diagnostic bactériologique de la MCE.

Pouvoir pathogène

D'après les analyses, *T. equigenitalis* serait mieux équipé que *T. asinigenitalis* en termes de facteurs de virulence puisqu'un plus grand nombre de gènes impliqués dans l'adhésion et la colonisation de l'hôte sont présents dans son génome. Néanmoins, avant de conclure sur le fait de ne pas déclarer la présence *T. asinigenitalis*, sur la base d'une moindre virulence, il reste indispensable de tester un plus grand nombre d'isolats, puisque chez *T. equigenitalis* la virulence et la contagiosité sont variables en fonction des isolats.

Perspectives et retombées

Grâce au décryptage de l'information génétique de *T. equigenitalis* et *T. asinigenitalis*, l'équipe impliquée dans ce travail se focalise désormais sur l'amélioration des performances du diagnostic bactériologique de la MCE et l'étude de la pathogénicité du genre *Taylorella* avec en préalable la mise au point d'un modèle infectieux.

Les retombées de ce travail sont déjà d'actualité puisque cette équipe vient de développer un outil basé sur

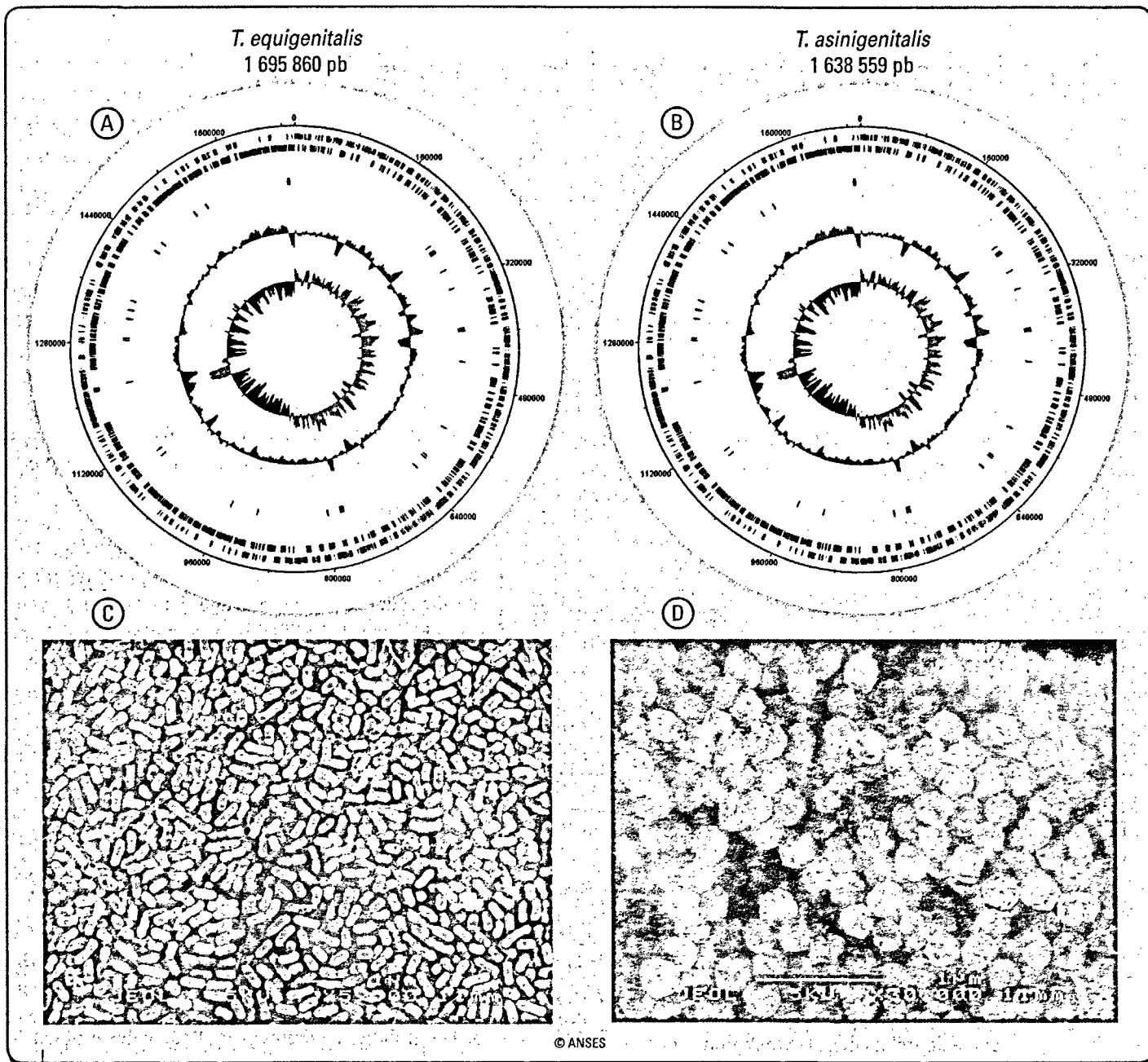


Figure 1 / Représentation circulaire des génomes et observation en microscopie électronique de *T. equigenitalis* (A et C) et de *T. asinigenitalis* (B et D)

la comparaison de fragments d'ADN pour déterminer les liens génétiques entre isolats de différentes origines et ainsi mieux comprendre la manière dont la maladie se propage et également surveiller l'émergence d'isolats plus ou moins virulents ou contagieux.

Laurent HEBERT,
Fabien DUQUESNE,
Claire LAUGIER,
Sandrine PETRY,

Anses, Laboratoire de pathologie équine de Dozulé - Goustranville.

Pour en savoir plus :

Hébert L., Moumen B., Pons N., Duquesne F., Breuil M.F., Goux D., Batto J.M., Laugier C., Renault P., Petry S. (2012). Genomic characterization of the *Taylorella* genus. *PLoS One*: 7(1):e29953.

Hébert L., Moumen B., Duquesne F., Breuil M.F., Laugier C., Batto J.M., Renault P., Petry S. (2011). Genome sequence of *Taylorella equigenitalis* MCE9, the causative agent of contagious equine metritis. *Journal of Bacteriology*. 193(7), 1785.