



## Recherche pour la référence

### La chlamydie aviaire : vers l'identification de nouvelles souches

K. Laroucau, Afssa, Maisons-Alfort (France)

Le genre *Chlamydomphila* constitue, avec le genre *Chlamydia*, la famille des *Chlamydiaceae* et comprend actuellement 6 espèces : *Chlamydomphila (C.) abortus*, *C. caviae*, *C. felis*, *C. pecorum*, *C. pneumoniae* et *C. psittaci* (Everett *et al.*, 1999).

La chlamydie aviaire (anciennement connue sous le nom d'ornithose-psittacose) est une zoonose due à *C. psittaci*. Les sérovars qui composent cette espèce présentent une spécificité d'hôte : le sérovar A est le plus souvent retrouvé chez les psittacidés, le B chez les pigeons, le C chez les canards et les oies, le D chez les dindes, le E chez les pigeons et les ratites et le F chez les psittacidés. Cette classification repose sur l'utilisation d'un panel d'anticorps monoclonaux. Les nouveaux outils de biologie moléculaire tendent à préciser et à affiner cette classification. Ainsi, des outils de génotypage alternatifs, Micro-Array (Sachse *et al.*, 2008a et 2008b) et MLVA (Laroucau *et al.*, 2008a), ont très récemment été décrits et mettent en évidence une plus large diversité au sein de cette espèce.

De répartition mondiale, la chlamydie aviaire touche de nombreux oiseaux sauvages ou d'élevage. Ainsi, l'infection a pu être décrite chez plus de 467 espèces d'oiseaux appartenant à 30 ordres différents. Chez l'animal, la symptomatologie est fonction de la virulence des souches et de la sensibilité des oiseaux mais les infections à *C. psittaci* sont le plus souvent latentes ou inapparentes.

L'homme s'infecte par inhalation d'aérosols ou par contact direct avec des fientes ou des sécrétions respiratoires infectées. La psittacose est difficile à diagnostiquer, elle est parfois asymptomatique. L'incubation est comprise le plus souvent entre 5 et 14 jours. Elle se présente cliniquement sous forme d'un syndrome grippal, associant fièvre, myalgies et céphalées ou sous forme d'une pneumopathie atypique. Le retard à la mise en œuvre d'un traitement approprié explique les complications, telles que les syndromes respiratoires aigus qui, dans de rares cas, peuvent conduire au décès du patient. À l'inverse, en cas de traitement adapté et précoce, la maladie demeure bénigne et l'évolution vers la guérison est rapide.

En 2005, 2006 et 2007, 17, 15 et 28 cas humains ont respectivement été signalés à l'Institut de veille sanitaire (InVS) par le Centre national de référence (CNR) qui assure une surveillance passive de la psittacose humaine (Laroucau *et al.*, 2008b). Sur cette période, plusieurs foyers humains de psittacose, en lien avec le canard mulard, ont fait l'objet d'investigations et ont permis de faire le lien entre l'animal et l'homme (Laroucau *et al.*, 2008c).

Toutefois, devant le peu d'informations actuellement disponibles tant chez l'homme que chez l'animal, la gravité potentielle de la maladie humaine et la persistance d'épisodes épidémiques dans des contextes professionnels divers, une étude descriptive de la psittacose humaine, pilotée par l'InVS, a débuté en janvier 2008 pour une période de 2 ans. Elle a pour objectifs de déterminer, dans 15 départements ayant une forte activité avicole, l'incidence des cas humains hospitalisés, de déterminer la fréquence des cas groupés et de décrire les expositions des malades, les souches impliquées chez l'homme et l'animal et les caractéristiques des élevages afin d'améliorer les connaissances sur les facteurs favorisant la transmission de l'animal à l'homme pour orienter les mesures de prévention et

de contrôle (<http://www.invs.sante.fr/surveillance/psittacose/default.htm>).

Dans le cadre de cette étude, les analyses sérologiques et/ou bactériologiques concernant les prélèvements humains sont réalisées par le CNR (Université Bordeaux 2) tandis que l'Afssa intervient sur les prélèvements collectés sur les oiseaux présents dans l'environnement des patients. Lorsque cela est possible, les prélèvements humains et aviaires sont génotypés et comparés. Les premiers résultats de cette étude sont disponibles sur le site Internet précédemment cité.

L'outil moléculaire mis en place à l'Afssa permet la détection et la quantification de l'ensemble des bactéries composant la famille des *Chlamydiaceae*, y compris donc *C. psittaci*. C'est ainsi que, l'année dernière, des investigations ont été conduites sur des poulets, des canards et des pintades suite à plusieurs cas de pneumopathies atypiques inexplicables dans un petit abattoir de volailles en Charente.

Des *Chlamydiaceae* ont été mises en évidence par PCR chez les différentes espèces d'oiseaux investiguées. Les niveaux d'excrétion au niveau du cloaque étaient, pour certains lots d'animaux, très élevés. Le génotypage des prélèvements à l'aide d'outils spécifiques de *C. psittaci* n'a abouti que pour 1 seul des prélèvements diagnostiqués positifs (prélèvement collecté sur un lot de canards).

L'analyse préliminaire d'un des échantillons atypiques sur une puce à ADN (Sachse *et al.*, 2006) a montré qu'il s'agissait d'une souche qui appartenait au genre *Chlamydomphila* mais qui était bien distincte de toutes les espèces décrites à ce jour.

Les prélèvements ont été mis en culture et 6 souches ont d'ores et déjà pu être isolées. Le séquençage partiel des gènes ARN16S et *ompA* a permis de constater que ces souches avaient des séquences ARN16S quasiment identiques au contraire des séquences *ompA* qui étaient toutes différentes. L'analyse phylogénétique a confirmé les données préliminaires délivrées par la puce à ADN.

En Europe, trois autres séquences apparentées à celles obtenues dans cette étude ont récemment été décrites à



## Recherche pour la référence

partir de prélèvements effectués sur des poules en Allemagne (Gaede *et al.*, 2008). L'utilisation d'outils ciblant très largement la famille des *Chlamydiaceae*, permet dorénavant la détection de nouvelles souches, voire de nouvelles espèces.

Le pouvoir pathogène de ces souches pour l'homme n'est pas, à ce jour, confirmé et reste à explorer. Les sérums humains collectés à partir des patients vont prochainement être analysés.

Une étude préliminaire, conduite avec l'Institut national de la recherche agronomique (Inra), n'a pas permis de mettre en évidence une quelconque virulence de ces nouvelles souches dans un modèle murin, en opposition à *C. psittaci* ou encore à *C. abortus*. Les nouvelles souches semblent davantage s'apparenter aux souches de *C. pecorum*. Cette espèce (très hétérogène également) n'est pas invasive dans ce même modèle murin. Pourtant, en dépit des idées reçues, certaines souches de *C. pecorum* sont associées à des cas d'avortements chez des ruminants. Les nouveaux outils moléculaires permettent désormais de mieux caractériser les souches et donc de mieux déterminer les espèces en cause. Il se pourrait que parmi ces nouvelles *Chlamydia*, des souches présentent des niveaux de virulence différents.

Se pose également la question du réservoir, de la source de contamination pour ces nouvelles *Chlamydia*. Quatre des lots infectés avaient pour origine le même lot de poules reproductrices. Or, les 4 souches isolées à partir de ces lots sont toutes différentes, sur la base des séquences du gène *ompA*. Des investigations environnementales sont en cours de réalisation et pourraient permettre de mieux comprendre, d'une façon plus générale, l'origine de la contamination et la pathogénie des *Chlamydiaceae*.

### Références

- Everett KD, Bush RM, Andersen AA. 1999. Emended description of the order *Chlamydiales*, proposal of *Parachlamydiaceae* fam. nov. and *Simkaniaceae* fam. nov., each containing one monotypic genus, revised taxonomy of the family *Chlamydiaceae*, including a new genus and five new species, and standards for the identification of organisms. *International Journal of Systematic Bacteriology* 49(2): 415-40. <http://ijs.sgmjournals.org/cgi/reprint/49/2/415>.
- Gaede W, Reckling KF, Dresenkamp B, Kenklies S, Schubert E, Noack U, Irmscher HM, Ludwig C, Hotzel H, Sachse K. 2008. *Chlamydia* *psittaci* infections in humans during an outbreak of psittacosis from poultry in Germany. *Zoonoses Public Health*. 55(4): 184-8. <http://www3.interscience.wiley.com/journal/119423739/abstract>.
- Laroucau K, Thierry S, Vorimore F, Blanco K, Hoop R, Magnino S, Vanromay D, Sachse K, Myers G, Bavoil P, Vergnaud G, Pourcel C. 2008a. High resolution typing of *Chlamydia psittaci* by Multilocus VNTR Analysis (MLVA). *Infection, Genetics and Evolution* 8(2): 171-181. doi:10.1016/j.meegid.2007.12.002.
- Laroucau K, Vorimore F, Clerc M, Capek I, Garin-Bastuji B, Bébéar C, de Barbeyrac B. 2008b. Les infections à *Chlamydia psittaci* en France : données actuelles et enquête épidémiologique 2008-2009. *AEEMA*: 59-68.
- Laroucau K, de Barbeyrac B, Vorimore F, Clerc M, Bertin C, Harkinezhad T, Verminen K, Obeniche F, Capek I, Bébéar C, Vanrompay D, Garin-Bastuji B, Sachse K. 2008c. Chlamydial infections in duck farms associated with human cases of psittacosis in France. *Veterinary Microbiology* doi:10.1016/j.vetmic.2008.09.048.
- Sachse K, Laroucau K, Hotzel H, Schubert E, Ehrlich R, Slickers P. 2008a. Genotyping of *Chlamydia psittaci* using a new DNA microarray test based on sequence analysis of *ompA* genes. *BMC Microbiology*. 8: 63. <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=2362127>.
- Sachse K, Laroucau K, Vorimore F, Magnino S, Feige J, Müller W, Hotzel H, Schubert E, Slickers P, Ehrlich R. 2008b. DNA microarray-based genotyping of *Chlamydia psittaci* strains from cell culture and clinical samples. *Veterinary Microbiology*. doi:10.1016/j.vetmic.2008.09.041.
- Sachse K, Hotzel H, Slickers P, Ehrlich R. 2006. The use of DNA microarray technology for detection and genetic characterisation of chlamydiae. *Developments in Biological (Basel)*. 126: 203-10; discussion 326-7. [http://www.clondiag.com/pub/NewDiagnosticTechnologies\\_DevBiol.pdf](http://www.clondiag.com/pub/NewDiagnosticTechnologies_DevBiol.pdf).