

L'amélioration génétique sur le comptage de cellules somatiques du lait s'accompagne d'une meilleure qualité hygiénique chez la chèvre.

Genetic improvement on milk somatic cell counts is associated with better milk hygienic quality in goats.

HUAU C. (1), FOUCRAS G. (2), TABOURET G. (2), CAUBET C, BOUVIER F. (3), FASSIER T. (3), RAINARD P. (4), MARTIN P. (5), TOSSER-KLOPP G. (1), RUPP R. (1)

(1) INRA, UMR1388 Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage (GenPhySE), F-31326 Castanet-Tolosan

(2) INRA, INP-ENV, UMR1225, Interactions Hôtes-Agents Pathogènes (IHAP), F-31076 Toulouse

(3) INRA UE332, Domaine de Bourges-La Sapinière, F-18390 Osmoy

(4) INRA, UMR1282 Infectiologie et Santé Publique (ISP), F-37380 Nouzilly

(5) INRA, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative (GABI), F-78530 Jouy-en-Josas.

INTRODUCTION

La concentration en cellules somatiques (CCS) du lait de chèvre augmentent régulièrement depuis 15 ans. L'amélioration génétique constitue un levier intéressant pour la maîtrise des mammites et de la qualité hygiénique du lait en élevage, en complément des mesures prophylactiques et curatives. Dans cette perspective, une indexation pour le caractère CCS a été officialisée en 2014 afin d'intégrer la résistance aux mammites dans les objectifs de sélection des caprins laitiers. Pour évaluer les effets d'une telle sélection, nous avons procréé des lignées divergentes sur le CCS à l'unité expérimentale INRA de Bourges depuis 2010, en race alpine. Le premier objectif de ce travail est de dresser un bilan du suivi de ces lignées depuis 2010. En second lieu, nous avons également évalué une méthode de PCR quantitative (qPCR) haut débit pour la caractérisation du statut sanitaire des échantillons de lait.

1. MATERIEL ET METHODES

266 chèvres en lactation de rang 1 à 3 et 4086 contrôles laitiers entre 2010 et 2014 ont été étudiés. Les chèvres étaient issues des lignées CCS+ (CCS élevés) et CCS- (CCS faibles) (Caillat et al., 2011). Elles ont été prélevées à quatre reprises (pour chaque hémimamelle) en mars, mai, juillet et septembre de chaque année, pour un début de lactation entre janvier et février. Les analyses bactériologiques conventionnelles sur gélose (2010-2013) ont été réalisées par le Laboratoire Départemental du Cher, et les CCS par le LILCO de Surgères. La bactériologie moléculaire a été mise au point à IHAP (INP-ENV Toulouse) en combinant une technique d'extraction originale (pré-centrifugation du lait en plaques 96 puits ; lyse enzymatique ; extraction d'ADN semi-automatisée) et une qPCR moyen débit (384 échantillons avec distribution par un robot). Le résultat est un titre bactérien (quantité de génome bactérien présent dans 10 µL de lait), exprimé sur une échelle logarithmique. Au total, 318 échantillons de lait de l'ensemble des primipares CCS (n=62) ont été analysés avec cette technique entre 2013 et 2014.

L'analyse des données a été réalisée à l'aide de la procédure mixed de SAS pour les données répétées de SCS (transformation log du CCS) et titre bactérien (en log).

2. RESULTATS

2.1. BILAN DE 5 ANNEES DE SELECTION DIVERGENTE SUR LES CCS CHEZ LA CHEVRE ALPINE

La numération cellulaire était en moyenne, de 1 471 000 cellules/mL et de 930 000 cellules/mL dans les lignées CCS+ et CCS-, respectivement, soit une différence significative ($p < 0.0001$) de 0,97 point de SCS entre les lignées. La fréquence des échantillons de lait positifs en bactériologie conventionnelle était plus élevée dans la lignée CCS+ (n=1994; 51%±5), que dans la lignée CCS- (n=1684; 32%±5).

2.2. BACTERIOLOGIE MOLECULAIRE : UNE TECHNIQUE PLUS SENSIBLE QUI CONFIRME LES DIFFERENCES ENTRE LIGNEES

Les deux techniques confirment des titres bactériens élevés associés à certains staphylocoques (*S. aureus*, *S. xylosus*, *S. epidermidis*). La proportion d'échantillons négatifs (absence de staphylocoque) était toutefois inférieure en qPCR (14%) à celui de la bactériologie conventionnelle (57%), suggérant une plus grande sensibilité de la qPCR.

L'analyse statistique des résultats de qPCR a permis de mettre en évidence une augmentation significative ($p < 0,001$) du titre bactérien au cours de la lactation (variant de +1 à +1,7 log) en interaction avec un effet de la campagne (Figure 1.A). Par ailleurs, nous avons conforté une différence significative ($p = 0,02$) du titre bactérien entre les lignées (+0,4 log) : les échantillons de lait de la lignée CCS-, résistante, contiennent des titres bactériens plus faibles que ceux des chèvres de la lignée CCS+, sensible (Figure 1.B)

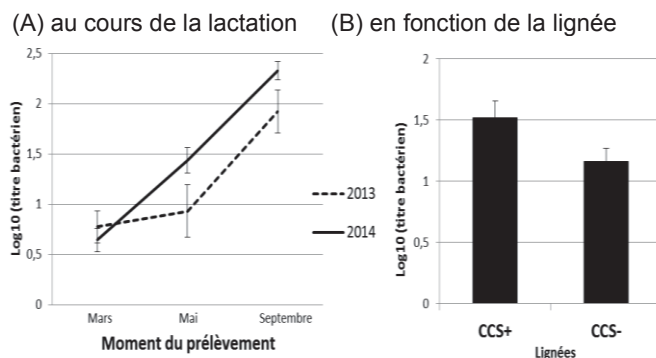


Figure 1 : Evolution du titre bactérien

CONCLUSION

La sélection sur le CCS s'accompagne d'une meilleure qualité hygiénique du lait chez la chèvre. Par ailleurs, en alternative à la bactériologie conventionnelle, l'utilisation de la qPCR permet d'accélérer les délais d'obtention des résultats et d'augmenter la sensibilité, sans augmenter les coûts. Cette technique présente de plus les avantages i) d'une moindre sensibilité aux conditions de conservation des échantillons par la congélation, ii) d'une possibilité de caractériser des facteurs de virulence importants ou des gènes de résistance aux antibiotiques. Déjà commercialisée pour les bovins sous la forme d'une trousse analytique, cette technologie mériterait, sans doute de se généraliser et être appliquée aux autres espèces de ruminants.

Cette étude a été financée par les projets Capricel et Caprimam (Région Centre), Mamovicap (CASDAR) et 3SR (EU Teme PCRD).

Caillat H., et al., 2011. 3R.18.