

MODÉLISATION DE LA TRANSMISSION DE *MYCOBACTERIUM BOVIS* ENTRE ANIMAUX DOMESTIQUES ET SAUVAGES : COMPARAISON DE TROIS ZONES D'ENZOOTIE

Le génotypage de *Mycobacterium bovis* utilisant des techniques classiques (spoligotypage et MIRU-VNTR) permet de tracer l'origine de l'infection d'un très grand nombre de foyers de tuberculose bovine mais ne permet pas de reconstruire des scénarios de transmission, notamment dans les zones où l'incidence de la maladie est la plus forte et où des profils génotypiques dominants sont partagés par les bovins et la faune sauvage. L'utilisation du séquençage du génome complet apporte des données à très fine résolution pour pallier ce problème. Nous avons donc séquencé les souches de *M. bovis* dans trois zones enzootiques pour la tuberculose bovine (Côte-d'Or, Dordogne/Haute-Vienne et Pyrénées-Atlantiques/Landes). Les données génomiques combinées à des données épidémiologiques ont été intégrées dans des modèles bayésiens. Ces études ont permis de mettre en évidence des systèmes de transmission qui semblent être spécifiques à chaque zone. Des mesures d'intervention adaptées pour chaque contexte pourraient être envisagées pour interrompre ces cycles de transmission localement.

Modelling Mycobacterium bovis's transmission between domestic and wild animals: comparison of three endemic areas

Genotyping of Mycobacterium bovis using classical techniques (spoligo-typing and MIRU-VNTR) allows to trace the origin of infection of a very large number of bovine tuberculosis outbreaks, but does not make it possible to reconstruct transmission scenarios, particularly in areas where the incidence of the disease is high and where dominant genotypes are shared by cattle and wildlife. The use of whole genome sequencing provides very fine resolution data to overcome this problem. We therefore sequenced M. bovis strains in three endemic areas for bovine tuberculosis (Côte-d'Or, Dordogne/Haute-Vienne and Pyrénées-Atlantiques/Landes). The genomic data, combined with epidemiological data were integrated into Bayesian models. These studies highlighted transmission systems that appear to be specific to each zone. Intervention measures adapted to each context could be considered to interrupt these transmission cycles locally.