



HAL
open science

Le typage des souches *E. coli*

Eugénie Baril, Sonia Tenailleau

► **To cite this version:**

Eugénie Baril, Sonia Tenailleau. Le typage des souches *E. coli*. Les cahiers de la Recherche : Santé, Environnement, Travail, 2013, Les multi-résistances, 3, pp.48-49. anses-01691089

HAL Id: anses-01691089

<https://anses.hal.science/anses-01691089v1>

Submitted on 23 Jan 2018

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

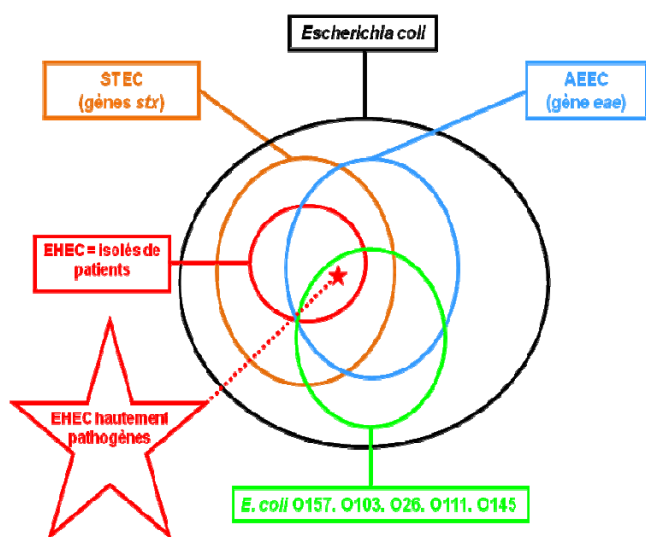
Le typage des souches *E. coli*

*L'identification et l'étude des profils de virulence des souches d'*E. coli**

Eugénie BARIL et Sonia TENAILLEAU

Mots-clés : alimentation, bovins, contamination, diarrhée, *Escherichia coli*, shigatoxines, virulence

Le réservoir principal des *Escherichia coli* à shigatoxines (STEC) est le tube digestif des animaux à sang chaud (principalement des bovins). L'homme se contamine par la consommation d'aliments souillés, d'eau non traitée et/ou par une transmission interhumaine. Les symptômes sont variables allant de la diarrhée jusqu'à une atteinte rénale sévère pouvant être fatale (syndrome hémolytique et urémique), notamment chez les jeunes enfants. Les principaux aliments à risque sont les produits d'origine animale (contamination directe) et végétale (contamination indirecte en contact avec des animaux). La grande diversité des ingrédients utilisés dans l'alimentation, et leurs origines largement internationales intensifie les possibilités d'échanges génétiques entre les micro-organismes.



Classification schématique des *E. coli*
d'après l'Anses, 2010

Ce travail vise à mieux surveiller et prévenir les épidémies liées à l'émergence des *Escherichia coli* entéro hémorragiques (EHEC), sous population de STEC particulièrement dangereux, en prenant en compte la grande diversité de certains aliments composés à la fois de produits végétaux et animaux. L'objectif de ce travail est d'établir un bilan national des caractéristiques génétiques (notamment la présence de gènes qui rendent ces bactéries virulentes, c'est-à-dire agressives pour l'homme) et du profil d'antibiorésistance des souches STEC qu'elles soient d'origine humaine, animale ou alimentaire. Ce bilan permettra d'obtenir des données nécessaires à l'évaluation des risques pour la santé publique, liés à la présence de souches EHEC dans les aliments, l'eau et l'environnement en France.

La première phase du projet concerne l'identification et l'étude des profils de virulence des souches d'*E. coli*. Les souches d'intérêt sélectionnées, ayant circulé en France entre 2011 et 2012, représentent les sérotypes (catégories d'*E. coli* identifiées à partir de tests immunologiques) et les combinaisons de gènes de virulence les plus fréquents⁶⁸. Au total, 158 souches humaines (isolées de patients atteints de syndrome hémolytique et urémique ou de diarrhées glairo-sanglantes, 140 souches non humaines (isolées d'animaux, de produits laitiers ou carnées) et 15 souches de référence sont étudiées.

⁶⁸ Notamment les 5 sérotypes majeurs O157:H7, O26:H11, O103:H2, O145:H28, O111:H8.

Les profils de virulence sont établis par PCR⁶⁹ en temps réel et en haut débit permettant de tester 48 marqueurs génétiques par plaque. Les différents marqueurs génétiques sont des fragments d'ADN dont la présence rend la bactérie dangereuse : marqueurs génétiques relatifs aux shigatoxines (protéine toxique pour l'homme), aux antigènes somatiques et flagellaires, à l'intimine protéine qui permet à la bactérie d'adhérer à l'intestin... Les résultats montrent une grande homogénéité des profils de virulence pour les souches de même sérotype, qu'elles soient humaines ou non.

D'autres méthodes de caractérisation génétique⁷⁰ indiquent qu'une grande diversité génétique des souches circule en France. Toutefois les données doivent encore être analysées en fonction des sérotypes, des origines et des profils de virulence des souches. La diversité et la proximité génétique des STEC entre eux sont également en cours d'évaluation.

La seconde phase du projet concerne la réalisation de profil d'antibiorésistance des souches d'*E. coli* pathogènes d'origine humaine ou non. Les profils d'antibiorésistance sont déterminés par la méthode de diffusion d'un antibiotique sur gélose. Cette étude est réalisée dans un but de connaissance des caractéristiques des bactéries présentes en France et pourra éventuellement avoir des retombées sur les traitements à appliquer aux patients par la détermination de concentration minimale inhibitrice⁷¹. Ces résultats seront ensuite analysés en fonction des différentes origines des souches.

La troisième phase du projet concerne l'exploitation des données obtenues et la comparaison des profils des souches circulant en France. Cette analyse comparée permettra d'établir l'existence de relations clonales et de suivre la dissémination des gènes de virulence et d'antibiorésistance.

En vue d'assurer la surveillance des EHEC dans la durée et de permettre de construire des bases de données fiables, il serait souhaitable de reconduire ces travaux régulièrement. Ce projet se terminera d'ici la fin 2014.

⁶⁹ Acronyme anglais de « *Polymerase Chain Reaction* » : voir glossaire p. 73

⁷⁰ Méthodes PFGE, MLVA et MLST.

⁷¹ Voir un exemple de plaque, p. 53.