
Compartimentation différente de l'antibiorésistance entre phages et bactéries dans un continuum rivière - effluents de station d'épuration.

Charlène Sagrillo^{*1}, Christophe Merlin¹, and Xavier Bellanger^{*1}

¹Laboratoire de Chimie Physique et Microbiologie pour les Matériaux et l'Environnement – Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7564, Université de Lorraine, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR7564 – France

Résumé

La transduction est probablement l'un des grands mécanismes de transfert horizontal permettant à l'antibiorésistance de se disséminer entre bactéries commensales, pathogènes et environnementales. Si ce mécanisme est bien décrit *in vitro*, sa fréquence reste difficile à évaluer dans l'environnement et les paramètres et acteurs qui l'y régissent sont méconnus. Dans ce travail, nous avons étudié la compartimentation de gènes d'antibiorésistance dans les bactéries et les phages de communautés microbiennes présentes dans l'eau d'une rivière, la Meurthe, et dans les effluents d'une station d'épuration s'y déversant au cours du temps. Les ADN des bactéries et phages ont été extraits séparément en vérifiant, pour ces derniers, qu'aucun ADN libre non-encapsidé n'ait contaminé les extraits. Les ADNr 16s et un panel de 10 gènes d'antibiorésistance et 9 éléments génétiques mobiles choisis pour leur pertinence environnementale et/ou clinique ont ensuite été quantifiés par PCR quantitative ou digitale. La quantification d'ADNr 16s dans les ADN issus des fractions phagiques a permis de confirmer la présence de phages transducteurs contenant de l'ADN chromosomique dans les différentes communautés microbiennes. Si, dans les eaux de rivières, les phages transducteurs sont peu abondants et ne véhiculent qu'aux maximum 0,08% des ADNr 16s présents dans l'ensemble d'une communauté microbienne, cette valeur peut atteindre 16,3% dans les effluents de station d'épuration, démontrant ainsi la très forte proportion de phages transducteurs dans ce milieu. Cette tendance a également été observée avec les différents marqueurs suivis où, par exemple, les intégrons de classe 1 n'étaient jamais véhiculés à plus de 0,01% par les phages de communautés de rivières mais jusqu'à 2% par les phages de communautés d'effluents. Dans des cas extrêmes, des effluents ont même vu plus de la moitié des gènes *sul1* et plus du quart des gènes *vanA* être contenus dans la fraction phagique ! Globalement, la tendance présentée par les gènes d'antibiorésistance et les éléments mobiles à être encapsidés s'est avérée variable d'un marqueur à l'autre et d'un milieu à l'autre. Si les effluents étaient bien plus chargés en antibiorésistance que les eaux de rivière, aucune augmentation significative de l'antibiorésistance n'a pu être détectée dans les eaux en aval du point de rejet de la station d'épuration. La question se pose cependant de l'impact des bactéries et surtout des nombreux phages transducteurs des effluents en ce qui concerne leurs rôles respectifs dans la dissémination de l'antibiorésistance dans l'environnement.

^{*}Intervenant

Mots-Clés: Transduction, Antibiorésistance, Eléments génétiques mobiles, Rivière, Station d'épuration