

Exploration des communautés bactériennes résistantes aux antibiotiques dans des environnements aquatiques de la région de Montpellier

A. Almakki¹, C. Roure¹, A. Masnou¹, K. Esteves¹, T. Mosser¹, M. Hery², E. Jumas-Bilak¹⁻³, P. Licznar-Fajardo¹

¹Université Montpellier 1 CNRS, UMR5119 ECOSYM, ²UMR Hydrosciences de Montpellier, ³Département d'hygiène hospitalière, CHRU de Montpellier, Montpellier, France

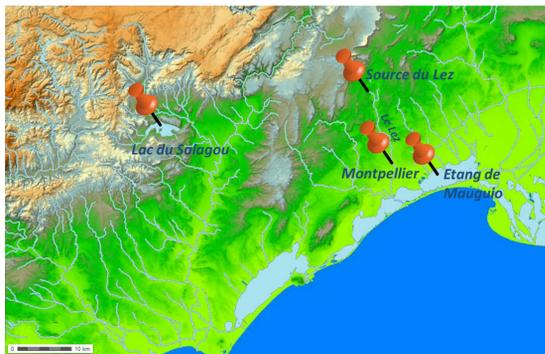
Introduction et objectifs

Les écosystèmes aquatiques naturels soumis à des pressions anthropiques sont des systèmes intégrateurs générant un résistome riche et dynamique⁽¹⁾. Le résistome est le plus souvent étudié en conditions de fortes pressions de sélection (sols agricoles ou environnement hospitalier) mais rarement dans les eaux non soumises à des pressions qualifiées. Pourtant, la connaissance des communautés microbiennes résistantes des écosystèmes naturels proches de l'homme permettrait d'argumenter le rôle de l'antibiorésistance environnementale dans l'émergence infectieuse⁽²⁾.

L'objectif de cette étude est d'évaluer le niveau de résistance et la diversité des communautés bactériennes résistantes dans des eaux de la région de Montpellier présentant des caractéristiques contrastées : souterraines ou de surface, douces ou saumâtres, plus ou moins impactées par les activités humaines. Ce territoire présente une interface rapprochée entre les niches urbaines incluant un hôpital de 2700 lits et les eaux naturelles continentales et côtières.

Méthodes

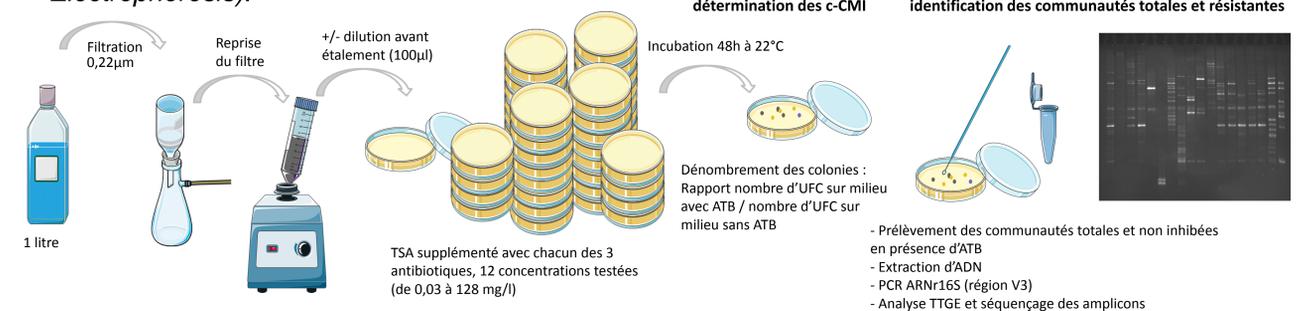
Les échantillons d'eau sont prélevés à la source du Lez (eau souterraine karstique au Nord de Montpellier), dans le Lez en zone urbaine (fleuve côtier), dans l'étang de Mauguio (zone lagunaire côtière) et dans le lac du Salagou (eau continentale en zone peu anthropisée).



Pour chaque échantillon d'eau :

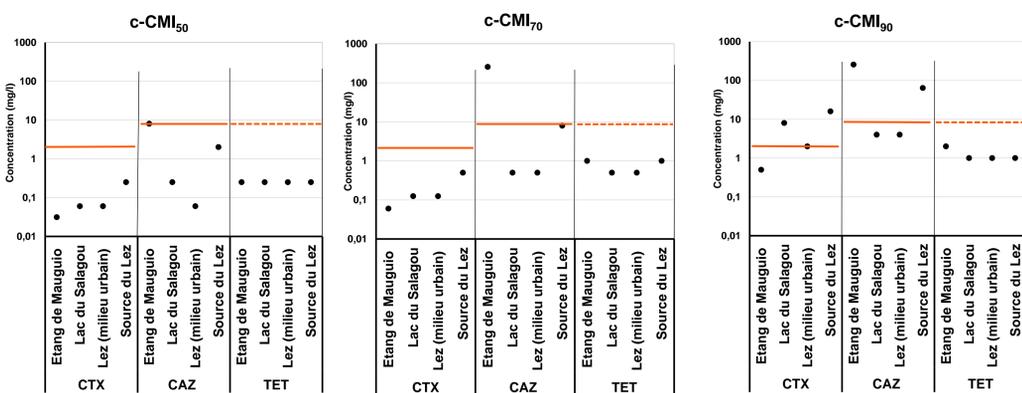
i) la résistance des communautés bactériennes à 3 antibiotiques (ATB) a été évaluée par détermination des c-CMI (c-CMI₅₀, c-CMI₇₀ et c-CMI₉₀) : concentrations minimales de céfotaxime (CTX), ceftazidime (CAZ) ou tétracycline (TET) qui inhibent 50%, 70% et 90% de la communauté cultivable totale.

ii) la diversité de la communauté bactérienne cultivable totale et résistante est évaluée par analyse de la région variable V3 de l'ARNr 16S par PCR-TTGE (Temporal Temperature Gel Electrophoresis).



Résultats

Exemple de communautés cultivables (source du Lez) en présence de concentrations croissantes en ceftazidime (0,125 mg/l, 1 mg/l, 16 mg/l et 128 mg/l)



— Concentrations critiques non reliées à une espèce (recommandations EUCAST, CA-SFM 2014)
 - - - Concentrations critiques pour les diverses classes d'antibiotiques (recommandations CA-SFM 2013)

CTX : quel que soit le site de prélèvement : c-CMI₇₀ < seuil critique clinique (2mg/l)
 Pour les prélèvements du lac du Salagou et de la source du Lez : c-CMI₉₀ > seuil critique 10% de ces communautés est constitué d'espèces résistantes.

CAZ : des concentrations d'ATB > seuil critique clinique (8mg/l) sont nécessaires pour inhiber respectivement plus de 70% et 90% des communautés de l'étang de Mauguio et de la source du Lez alors que les c-CMI₉₀ des communautés du Lez (milieu urbain) et du lac du Salagou sont < seuil critique clinique.

TET : les communautés sont globalement sensibles à la TET : c-CMI₉₀ < à 4mg/l (seuil critique clinique = 8mg/l).

	Lac du Salagou				Etang de Mauguio				Lez (milieu urbain)				Source du Lez			
	total	TET	CAZ	CTX	total	TET	CAZ	CTX	total	TET	CAZ	CTX	total	TET	CAZ	CTX
<i>Acinetobacter</i>																
<i>Aeromonas</i>																
<i>Citrobacter</i>																
<i>Enterobacter</i>																
<i>Klebsiella</i>																
<i>Marinobacter</i>																
<i>Pseudomonas</i>																
<i>Rheinheimera</i>																
<i>Vibrio</i>																
<i>Aerococcus</i>																
<i>Bacillus</i>																
<i>Exiguobacterium</i>																
<i>Lysinibacillus</i>																
<i>Marinibacillus</i>																
<i>Paenibacillus</i>																
<i>Paenisporosarcina</i>																
<i>Staphylococcus</i>																
<i>Virgibacillus</i>																
<i>Agrobacterium</i>																
<i>Brevundimonas</i>																
<i>Cellulophaga</i>																
<i>Chryseobacterium</i>																
<i>Flavobacterium</i>																
<i>Iodobacter</i>																
<i>Janthinobacterium</i>																
<i>Arthrobacter</i>																
<i>Microbacterium</i>																
<i>Pedobacter</i>																
<i>Uruburuella</i>																
<i>Arcobacter</i>																

Les communautés bactériennes totales et résistantes (concentration d'ATB ≥ c-CMI₉₀) ont été analysées par TTGE :

- : genres présents dans la communauté cultivable totale
- : genres sélectionnés par TET : 11 genres, principalement des classes *γ-proteobacteria*, *bacilli* et *flavobacteria*.
- : genres sélectionnés par CAZ : large distribution de cette résistance dans l'eau du Lez en milieu urbain (6 genres résistants CAZ contre seulement 2 ou 3 genres résistants pour les autres sites de prélèvement).
- : genres sélectionnés par CTX : distribués dans 9 genres, 5 classes.

Conclusions

Alors que peu de données sont disponibles sur les communautés microbiennes et les résistomes des écosystèmes naturels proches de l'homme, cette étude a permis une première exploration du niveau de résistance aux ATB de communautés bactériennes hydriques dans des environnements naturels de la région montpelliéraine, avec notamment la mise en évidence de niveaux de résistances aux céphalosporines différents selon les communautés bactériennes, *i. e.* selon l'origine des eaux. La détermination de l'antibiorésistance au niveau des communautés et l'étude de la composition des communautés totales et résistantes sera poursuivie lors de campagnes de prélèvements programmées (étude temporelle). Le lien entre la résistance bactérienne environnementale et l'épidémiologie de la résistance chez l'homme pourra être évalué en confrontant ces résultats aux données d'épidémiologie régionales de la résistance.

⁽¹⁾ Baquero *et al*, Curr Opin Biotechnol. 2008 ; ⁽²⁾ Vaz-Moreira *et al*, FEMS Microbiol Rev. 2014