

L'epicPCR, une approche innovante pour caractériser le spectre d'hôtes de l'ICE SXT, vecteur de résistance aux antibiotiques, dans des environnements aquatiques

Véronica Roman¹ (veronica.roman@univ-lorraine.fr), Xavier Bellanger¹, Jesse Vänttinen², Marko Virta², Christophe Merlin¹

¹LCPME UMR7564, Université de Lorraine - CNRS, Vandoeuvre-lès-Nancy, France

²Department of Microbiology, University of Helsinki, Helsinki, Finlande

Introduction et objectifs :

SXT est un élément intégratif et conjugatif notamment impliqué dans la dissémination de gènes d'antibiorésistance chez des pathogènes du genre *Vibrio*. La dissémination de SXT est liée à la consommation de certains antibiotiques qui peuvent avoir un rôle sélectif, mais aussi stimulateur du transfert lorsqu'ils génèrent un stress génotoxique. L'objectif de ce travail est d'étudier la dissémination de SXT dans des environnements aquatiques sous pression anthropiques, (i) en étudiant son abondance dans différents écosystèmes, et (ii) en caractérisant le spectre d'hôtes de l'élément en lien avec les polluants et caractéristiques d'un environnement donné.

Matériels et méthodes :

L'abondance de SXT a été déterminée par qPCR à l'aide d'un nouveau jeu d'amorces élaboré spécifiquement pour cette étude. Le spectre d'hôtes de SXT a été caractérisé par epicPCR[1] (Emulsion, Paired Isolation and Concatenation PCR), une technique innovante qui consiste à isoler les bactéries d'un échantillon environnemental dans des billes de polyacrylamide, puis à lier un fragment d'ADN propre à SXT avec celui d'un marqueur phylogénétique (ADNr 16S) lors d'une PCR fusion. Les produits de cette PCR fusion issues de cellules porteuses de SXT sont ensuite séquencés par NGS afin de les assigner taxonomiquement.

Résultats, discussion et conclusion :

L'analyse de plusieurs écosystèmes aquatiques montre que SXT forme une famille d'éléments relativement abondants, avec 10^{-5} copies/ADNr 16S en effluents de station d'épuration, et plus généralement 10^{-4} à 10^{-6} copies/ADNr 16S dans d'autres environnements aquatiques (rivières, étangs, bassins piscicoles). L'epicPCR a permis de démontrer que, contrairement à ce qui était pensé jusqu'à présent, les hôtes de SXT ne se limitent pas aux bactéries des genres *Vibrio* ou *Proteus* mais sont également retrouvés chez des protéobactéries propres aux environnements étudiés. Cela montre également que l'acquisition de gènes de résistance aux antibiotiques chez les pathogènes du genre *Vibrio* pourrait suivre une voie de dissémination complexe impliquant des bactéries autochtones.

Mots clés : SXT - Élément intégratif conjugatif - EpicPCR - Antibiorésistance.

Références :

1. Spencer SJ, Tamminen MV, Preheim SP, Guo MT, Briggs AW, Brito IL, et al. Massively parallel sequencing of single cells by epicPCR links functional genes with phylogenetic markers. ISME J. févr 2016;10(2):42736.