

IMPACT DES ACTIVITÉS HUMAINES SUR L'OCCURENCE, LA DIVERSITÉ ET LA MOBILISATION DES GÈNES DE RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES AU SEIN DES COMMUNAUTES BACTÉRIENNES DE L'ENVIRONNEMENT »

par Dr Pascal **Simonet**¹ et Dr Joseph **Nesme**²

Des quantités considérables d'antibiotiques provenant du recyclage des eaux usées et des déjections des animaux de ferme sont quotidiennement rejetées dans l'environnement. L'impact exact de ces polluants sur la résistance à des antibiotiques des bactéries du sol et notamment la dissémination de leurs gènes reste encore largement à démontrer mais le problème est d'autant plus sérieux qu'environ la moitié (tant qualitativement que quantitativement) de tous les antimicrobiens disponibles sur le marché ont un usage vétérinaire, ces antibiotiques ayant un mode d'action similaire à ceux utilisés en médecine humaine.

Tout aussi controversé est l'impact de l'utilisation des antibiotiques dans le monde agricole sur les souches pathogènes ainsi rendues résistantes impliquées dans les infections chez l'homme. Pour certains auteurs, la détection de gènes codant la résistance à un large spectre de bêta-lactamines ou d'autres gènes conférant la résistance au ceftiofur (céphalosporines de troisième génération) présentant des séquences identiques chez des souches isolées de volailles et celles d'environnements clinique démontre clairement le lien entre ces écosystèmes. En tout état de cause, de nombreux indices et preuves indirectes indiquent les possibles conséquences sur la santé humaine et sur l'environnement de ce type de pollutions.

Notre présentation dans le cadre de ce colloque fera le point sur les différents travaux réalisés soit en conditions de laboratoire (microcosmes ou mésocosmes) soit à partir d'échantillons prélevés directement sur le terrain. En ce qui concerne les sols, nous étairons notre propos à partir des travaux réalisés dans notre laboratoire alors que l'impact sur les communautés microbiennes des milieux aquatiques sera illustré d'après les résultats obtenus au Laboratoire M2C à l'Université de Rouen (Pr. F. Petit). Nous montrerons comment des questions sociétales joignant environnement et santé bénéficient des avancées de la microbiologie environnementale moléculaire combinant approches classiques en microbiologie basées sur l'isolement *in vitro* et nouvelles technologies de métagénomique faisant appel au séquençage massif de l'ADN, à la PCR quantitative, aux puces à ADN taxonomiques. Des activités humaines aussi différentes que le recyclage des eaux usées, l'épandage de fumiers provenant de fermes faisant usage d'antibiotiques ou la culture de plantes transgéniques peuvent ainsi être étudiées à des niveaux de sensibilité très élevés pour en définir l'impact sur la charge en gènes de résistance (aspect quantitatif), leur diversité et leurs potentialités à être transférées du fait de leur présence sur des éléments génétiques mobiles.

Les conclusions sur l'impact respectif de ces différentes activités humaines sur ces deux types d'environnement (sol et eau) seront discutées et des recommandations seront proposées afin de limiter le transfert de ces gènes de résistance entre bactéries saprophytes du sol et bactéries pathogènes.

¹ Directeur de Recherche au CNRS, Responsable de l'équipe "Génomique Microbienne Environnementale", Laboratoire Ampère, UMR CNRS 5005, École Centrale de Lyon

² Équipe "Génomique Microbienne Environnementale", Laboratoire Ampère, UMR CNRS 5005, École Centrale de Lyon