

Résumé de mes travaux de recherche en vue de la soutenance au diplôme à l'Habilitation à Diriger des Recherches (HDR)

Caractérisation de bactéries pathogènes majeures rencontrées en pisciculture d'eau douce en France

De formation universitaire, docteur en sciences (spécialité : Microbiologie), je suis maître de Conférences à ONIRIS dans la discipline Pathologie Aquacole depuis 2008.

Mes travaux de recherche ont été réalisés au sein de l'UMR BIOEPAR (UMR 1300 INRAE/ONIRIS). Ils ont porté sur l'étude des bactéries pathogènes rencontrées en élevage de truite arc en ciel.

J'ai travaillé sur différentes bactéries, *Yersinia ruckeri*, *Flavobacterium psychrophilum* et le genre *Aeromonas* et cela à différentes échelles : l'échelle individuelle et populationnelle ainsi qu'à l'échelle phénotypique et génotypique.

Mes travaux de recherche menés jusqu'à aujourd'hui se divisent en trois parties :

- Diversité phénotypique et génétique des bactéries pathogènes rencontrées en pisciculture

J'ai décrit la structure de population des communautés bactériennes appartenant à l'espèce *Yersinia ruckeri* et à l'espèce *F. psychrophilum* à partir d'isolats collectés en France. J'ai pu mettre en évidence une diversité génétique importante de la population *F. psychrophilum* provenant d'isolats non pathogènes et cela à une petite échelle, correspondant à un bassin versant. Des mutations impliquées dans l'évolution d'un biotype appartenant à *Y. ruckeri* ont été décrit, conférant à ce biotype un contournement du vaccin commercial. Sur le volet de l'antibiorésistance, les isolats français ne montraient pas d'augmentation de la résistance, même si l'existence d'isolats présentant des résistances élevées à certains antibiotiques a été montrée.

- Caractérisation du genre *Aeromonas* rencontrées en étangs

J'ai travaillé sur la perception des éleveurs de poissons d'étangs sur la présence et le risque associé des bactéries du genre *Aeromonas* dans ces élevages. Selon les sites, nous avons pu mettre en avant des pratiques à risque. A partir d'isolats terrain, nous avons pu décrire une diversité du genre *Aeromonas* présents sur les poissons d'étangs. Ces isolats ne sont pas tous pathogènes mais l'étude de leur antibiorésistance a montré l'existence de bactéries multi résistantes.

- Antibiorésistance chez l'hôte, le poisson

Après avoir travaillé sur les bactéries isolées du poisson en élevage, nous avons étudié la flore bactérienne et leur antibiorésistance à partir du filet de poisson en utilisant des méthodes de génomique haut débit, le métabarcoding 16S et la technique smartchip qPCR. Les flores bactériennes présentes sur le filet de poisson étaient celles attendues avec tout de fois des fortes représentations de population du genre *Pseudomonas* sur certains filets. Les gènes de résistance détectés étaient peu nombreux et à des valeurs de détection faible. Sur les 248 gènes recherchés, onze ont été détecté sur au moins 20% des filets, les gènes tetM et tetV, les gènes blaDHA et blaACC, le gène mphA, les gènes vanTG et vanWG conférant respectivement une résistance aux tétracyclines, aux b-lactamines, aux macrolides et à la vancomycine ainsi que les gènes mdtE, mexF, vgaB et msrA participant à de multiples résistances.

Mon projet de recherche porte sur le transfert de gènes de résistance aux antibiotiques dans un environnement complexe. En effet le milieu aquatique et un milieu où se rencontrent différentes bactéries provenant de différentes origines (humaine, animale). Il est intéressant de décrire et de comprendre les transferts de gènes de résistance possibles d'une bactérie à une autre et ainsi d'identifier des scénarii à risque pour la santé animale et la santé publique.

Sékolène CALVEZ