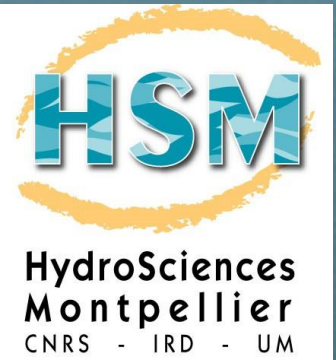




Approche pour une modélisation de la dynamique des *Vibrio* pathogènes humains dans les lagunes Languedociennes (Golfe d'Aigues Mortes et lagune de Thau) et dans une lagune de Corse (Lagune de Biguglia)

Patrick MONFORT



UMR 5569 HydroSciences Montpellier (CNRS, IRD, Université Montpellier)
Equipe Pathogènes Hydriques Santé Environnement



Genre *Vibrio*

- Famille des *Vibrionaceae*
- Milieux marins et marins-côtiers
- 98 espèces

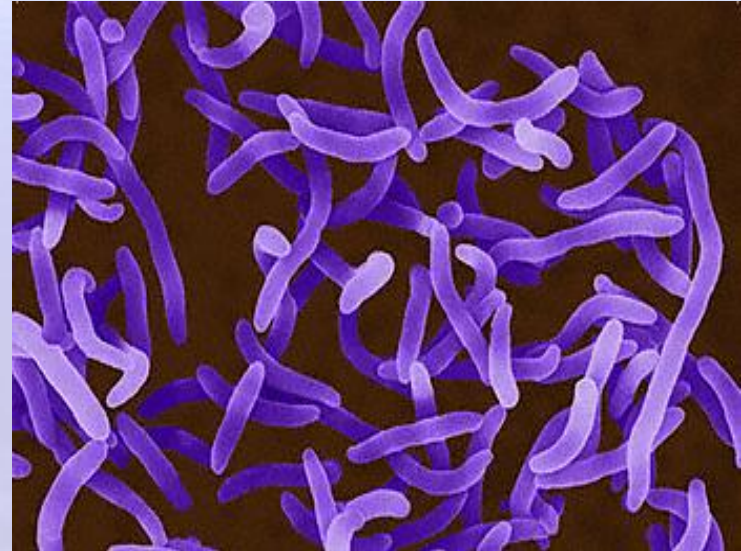
- Pathogènes

Vibrio aesturianus (huître)

Vibrio parahaemolyticus

Vibrio vulnificus

Vibrio cholerae



➡ Infections humaines

Infections humaines à *Vibrio*

- *V. parahaemolyticus*

Thermostable Direct Hemolysin (TDH)

TDH-Related Hemolysin (TRH)

- *V. vulnificus*

Toxines et hémolysines (vvhA, ...)

- *V. cholerae* non-O1 / non-O139

- *V. cholerae* O1 / O139

CT (Cholera toxine), RTX (Repeat in toxin),
hémolysine (HlyA), TCP (Toxin coregulated
pilus)

- ☐ Exposition de plaies à l'eau de mer
- ☐ Ingestion de produits de la mer crus ou mal cuits



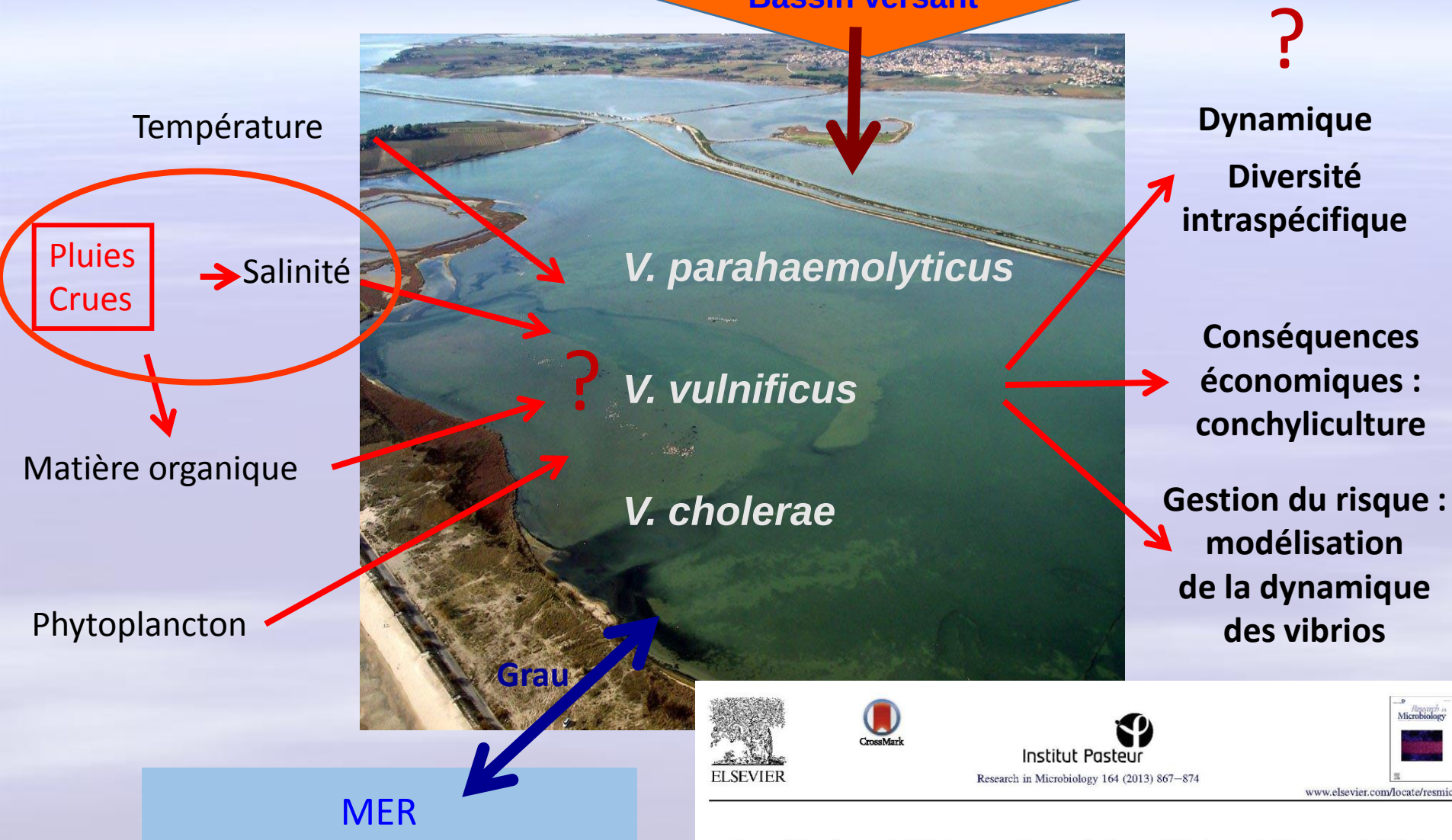
- Gastro-entérites
- Infection cutanée, septicémie

- ☐ Ingestion de produits de la mer crus ou mal cuits, eau contaminée
- ☐ Contamination inter-humaine



- Cholera

Problématique



Financement AFSSET 2005-2008



Institut Pasteur
Research in Microbiology 164 (2013) 867–874

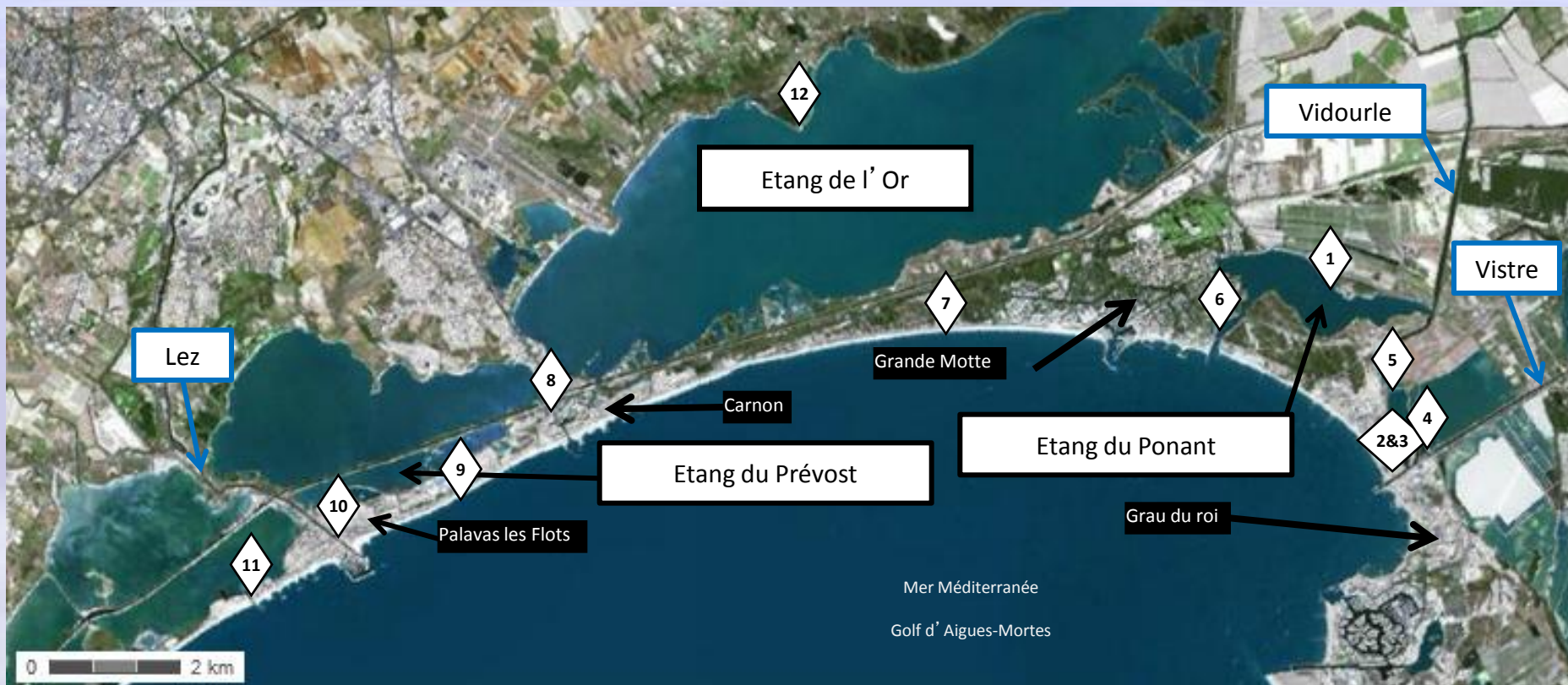


www.elsevier.com/locate/resmic

Quantification of *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio vulnificus* and *Vibrio cholerae* in French Mediterranean coastal lagoons

Franck Cantet ^{a,1}, Dominique Hervio-Heath ^{b,1}, Audrey Caro ^a, Cécile Le Mennec ^b,
Caroline Monteil ^a, Catherine Quéméré ^c, Anne Jolivet-Gougeon ^c, Rita R. Colwell ^d,
Patrick Monfort ^{a,*}

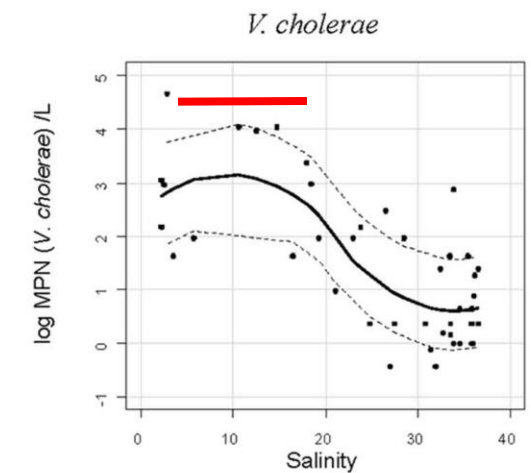
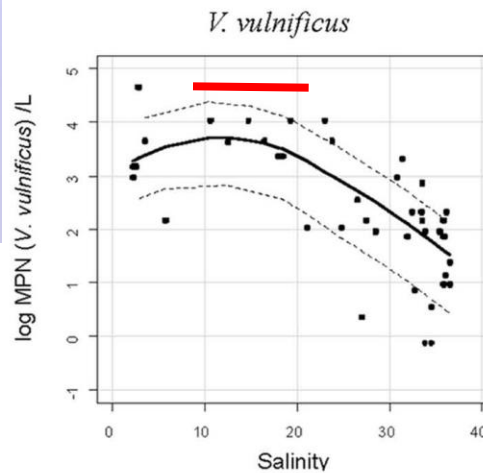
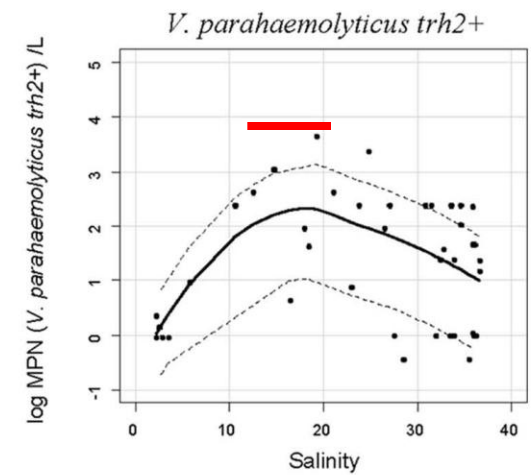
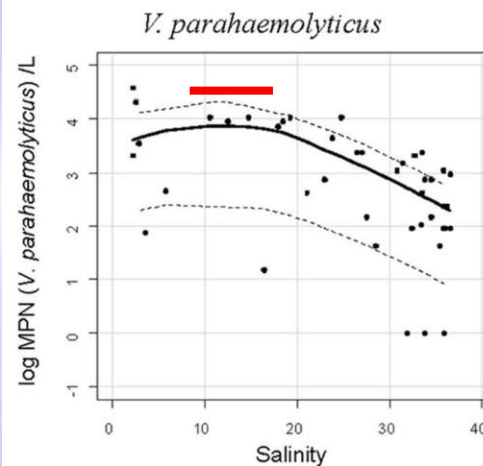
Dynamique des *Vibrio* pathogènes dans des lagunes méditerranéennes du Golfe d'Aigues Mortes



Quelques résultats du projet 2013 financé par l'OHM
Et par le GIS Climat Environnement Société (2013-2014)

Forte diminution de la salinité provoquée par les apports d'eau douce lors des crues.

Augmentation importante des concentrations des *Vibrio* lors des dessalures des étangs.



Rapid Proliferation of *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio vulnificus*, and *Vibrio cholerae* during Freshwater Flash Floods in French Mediterranean Coastal Lagoons

Kevin Esteves,^a Dominique Hervio-Heath,^b Thomas Mosser,^a Claire Rodier,^a Marie-George Tournoud,^a Estelle Jumas-Bilak,^a Rita R. Colwell,^c Patrick Monfort^a

HydroSciences Montpellier, UMR 5569, CNRS, IRD, Université Montpellier, Montpellier, France^a; Ifremer, RBE, SG2M, Laboratoire Santé, Environnement et Microbiologie-LNR Microbiologie, Plouzané, France^b; Center for Bioinformatics and Computational Biology and Institute for Advanced Computer Studies, University of Maryland, College Park, Maryland, USA^c

La diversité génétique des souches de *V. cholerae* et de *V. parahaemolyticus* est équivalente à la diversité mondiale.

La présence dans ces souches de ST (séquence type) trouvés dans les infections humaines aussi bien que la fréquence d'évènements de recombinaisons génétiques dans les populations de ces vibrios permet de dire qu'il existe un potentiel de risque épidémiologique.

Highly diverse recombining populations of *Vibrio cholerae* and *Vibrio parahaemolyticus* in French Mediterranean coastal lagoons

Kévin Esteves¹, Thomas Mosser¹, Fabien Aujoulat¹, Dominique Hervio-Heath², Patrick Monfort¹ and Estelle Jumas-Bilak^{1,3*}

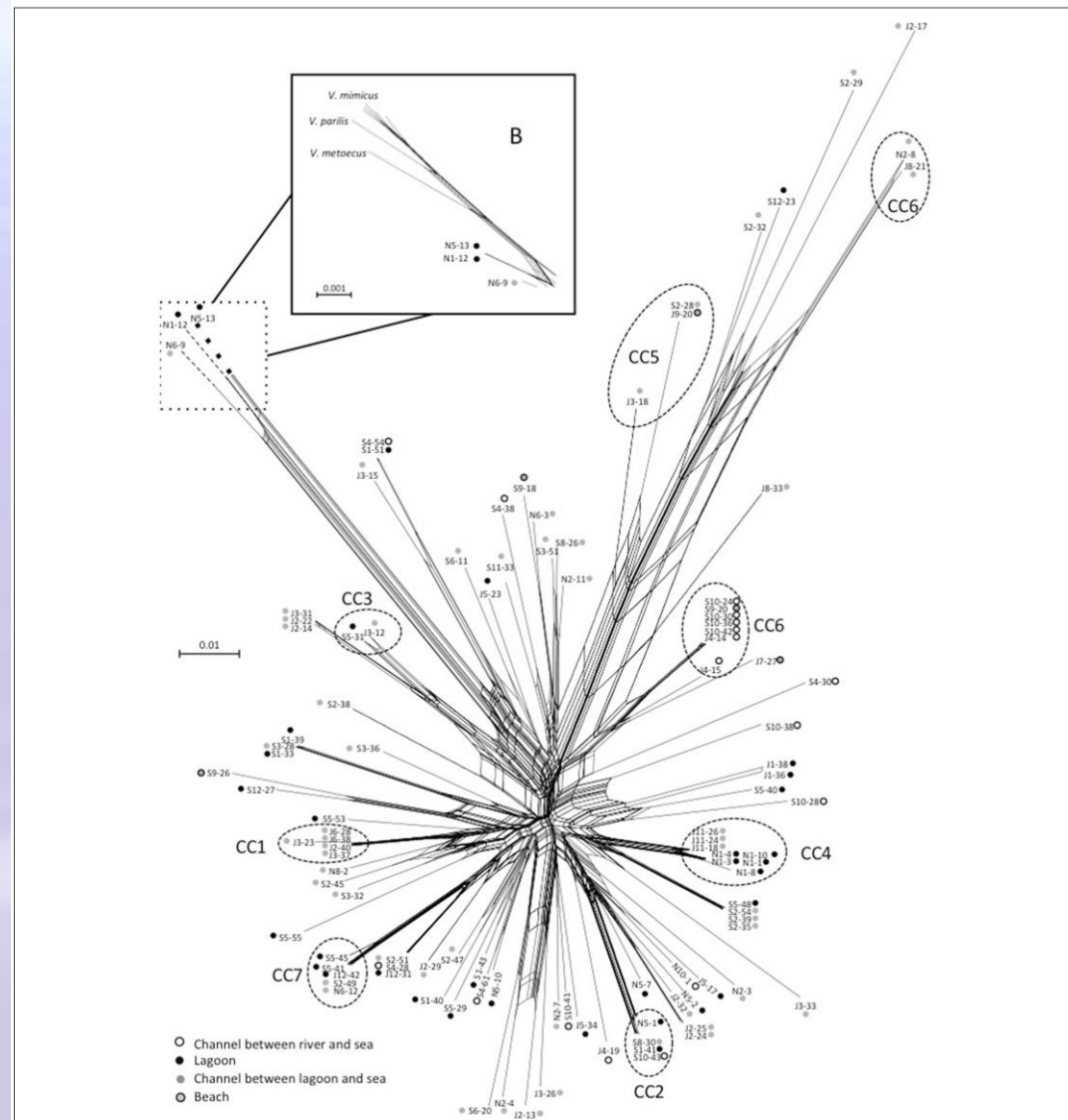


FIGURE 7 | Neighbor-net graph reconstructed from the concatenated sequences of the 109 strains of *V. cholerae* using Splits Tree 4.0. A network-like graph indicates recombination events. ST numbering and type of sampling site (as indicated in the legend) are shown at the branch tips. The

position of *V. metoecus*, *V. parilis*, and *V. mimicus* regarding the emerging sub-clade B is indicated in the frame B. Dotted circles indicated clonal complexes as determined by goeBURST. The scale bars indicate the number of substitutions per nucleotide position.

Projet 2015 - 2016

Objectifs



Modèle prédictif de présence de *Vibrio* pathogènes reliés à des facteurs environnementaux facile à mesurer (T° , S‰,) permettant de mettre en place des mesures de gestion

Trois sites d'étude contrastés :

Les étangs du Golfe d'Aigues Mortes

Valider les observations liées aux événements climatiques.

L'étang de Thau (siège d'une importante conchyliculture)

Effet des crues sur les concentrations des *Vibrio* dans les coquillages.

L'étang de Biguglia (stratification de la salinité longitudinale) :

Vérification du rôle de la salinité indépendamment d'un événement climatique.

Projet 2015 - 2016

Objectifs

Eviter une nouvelle crise majeure de la conchyliculture.

Anticiper des problèmes sanitaires d'usage des milieux (ressources, récréatifs) dus à l'émergence de pathogènes nouveaux

➤ **Nécessité d'une prise en compte du risque par les acteurs : conchyliculteurs, gestionnaires, politiques.**



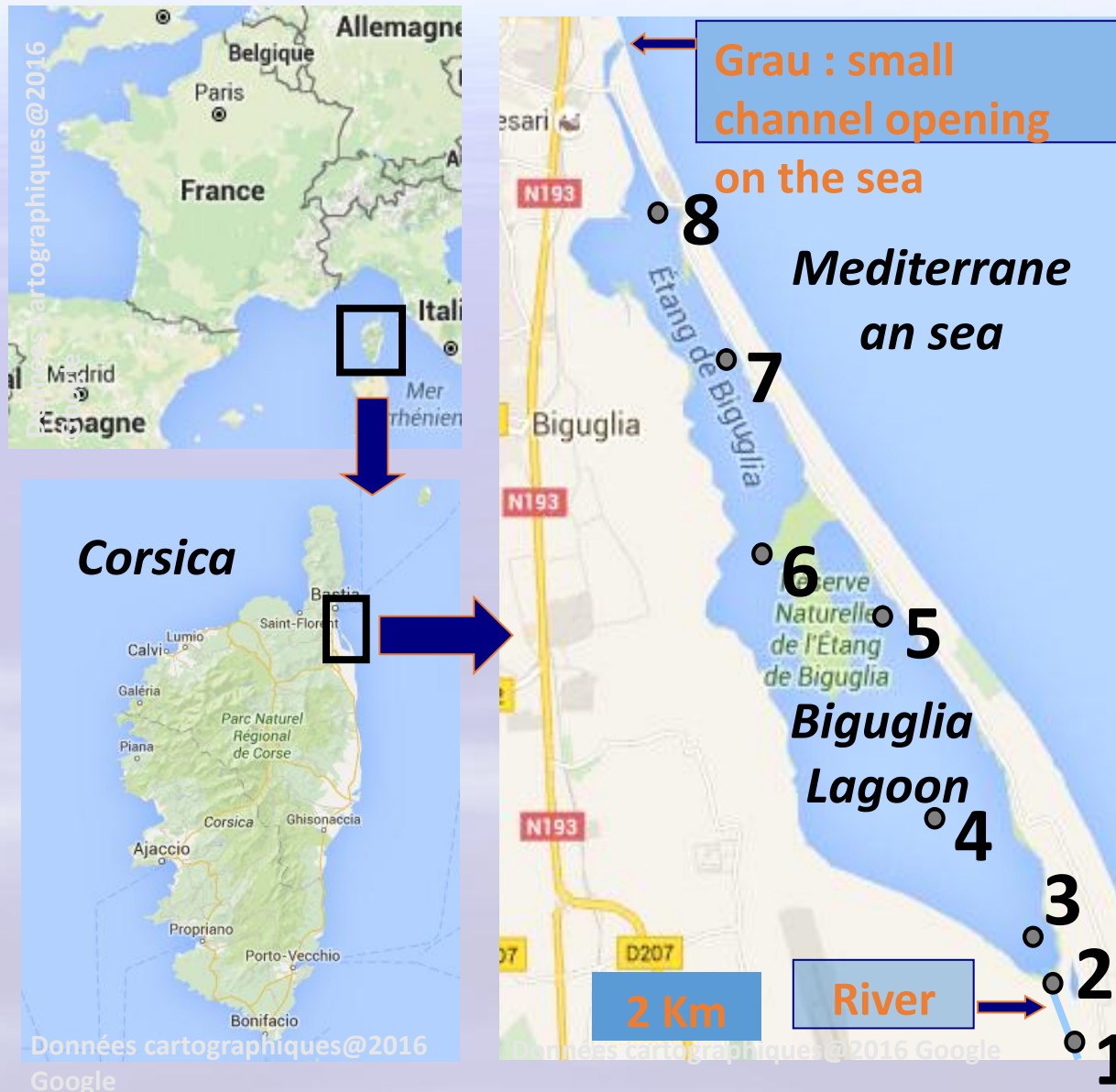
Impliquer les acteurs dans la gestion du risque

LE CEPRALMAR est partie prenante du projet en accord avec la région LR : Acteur régional pour favoriser le développement durable du secteur des pêches et de la gestion intégrées de la zone côtière.

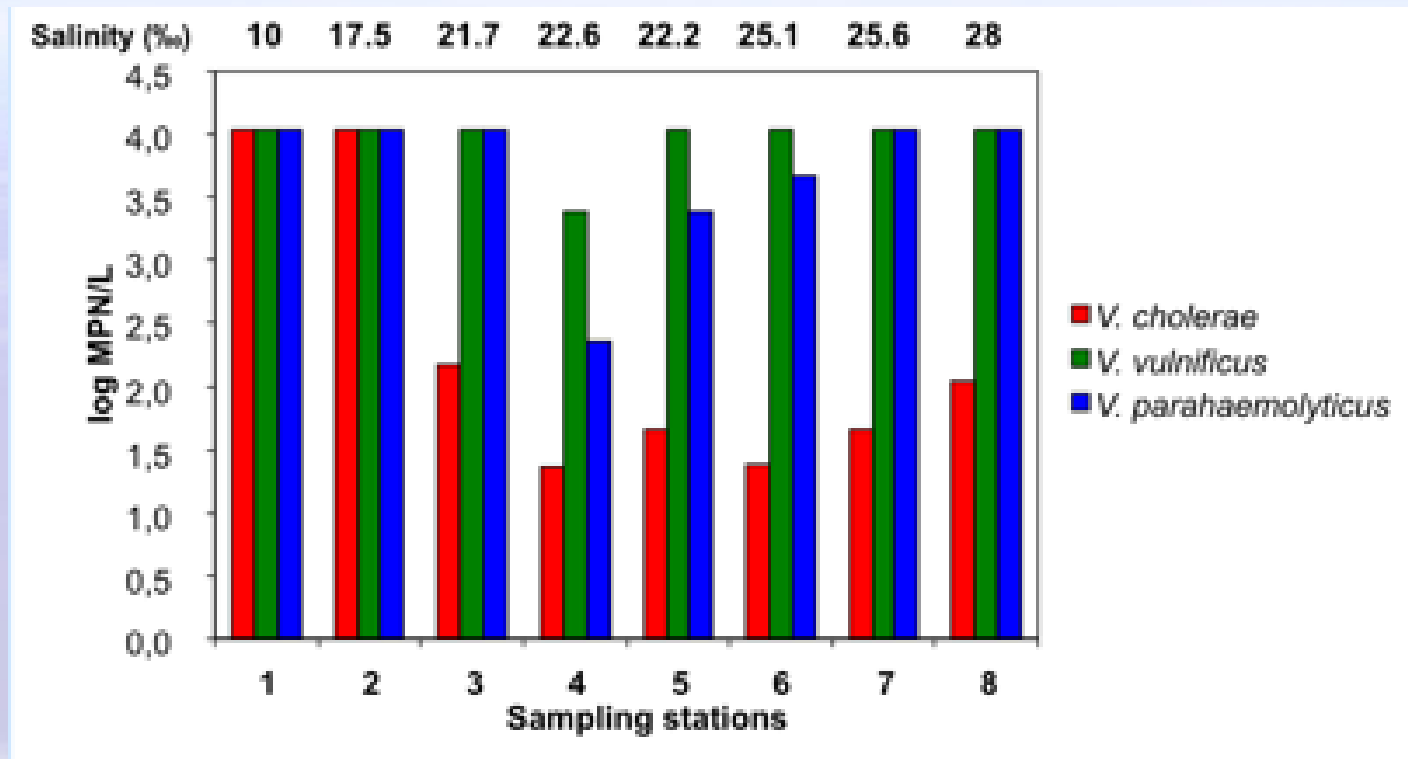
Créer un lien entre les acteurs politiques, les professionnels et les scientifiques.

Démarche en amont d'un problème émergent : Anticiper une gestion de crise

Prevalence and diversity of *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio vulnificus*, and *Vibrio cholerae* in the Biguglia Lagoon, Corsica, France



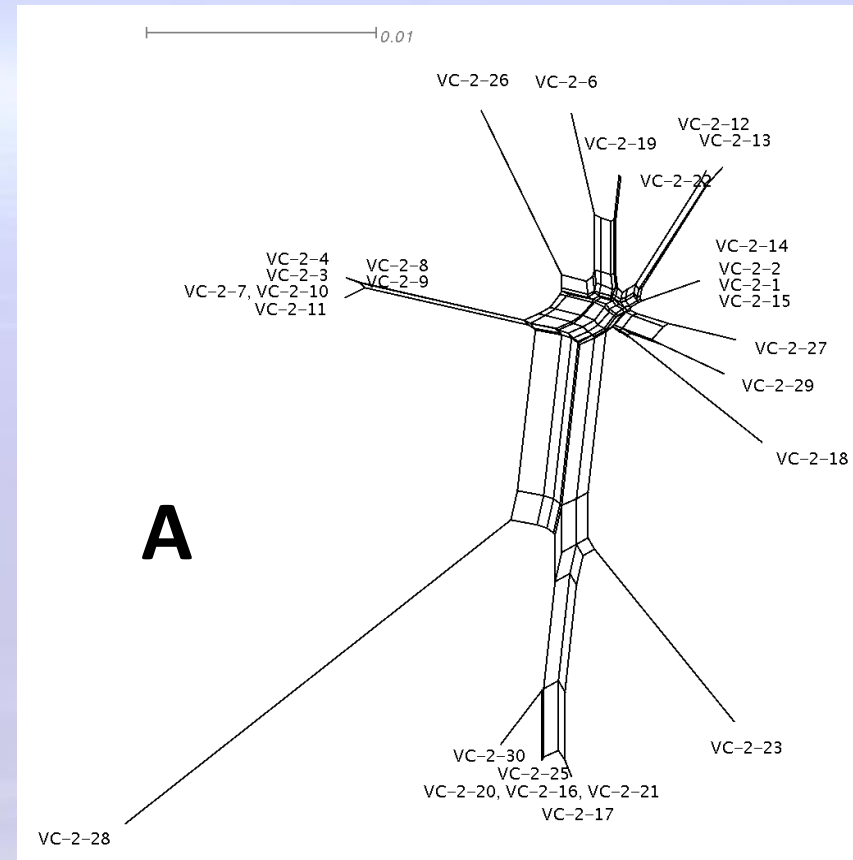
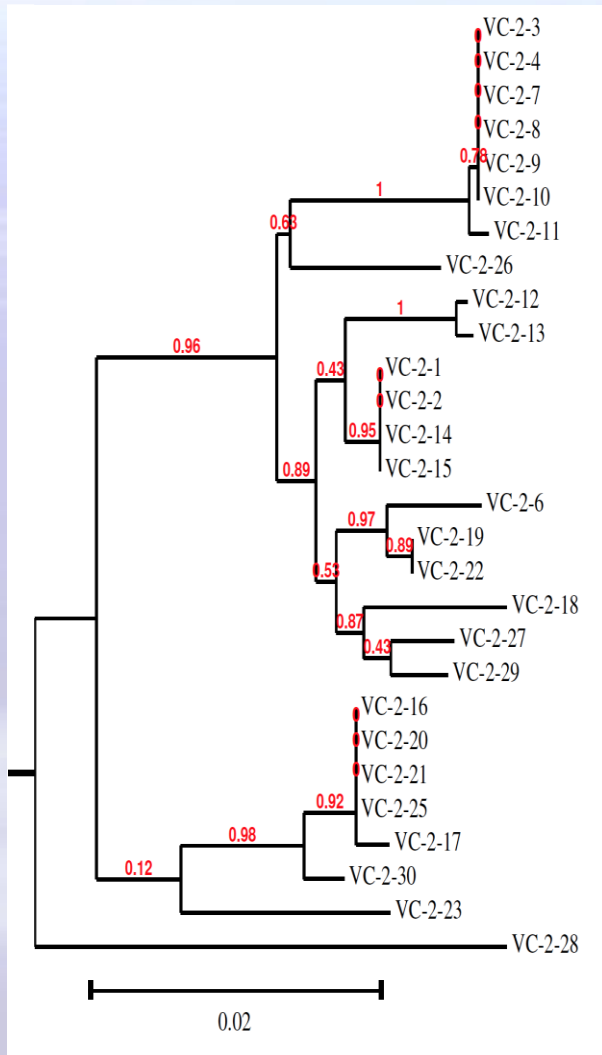
Concentrations des vibrios dans la lagune de Biguglia, 1 septembre 2016



- Concentrations des 3 vibrios particulièrement élevées, dans des conditions de T° (27° C) et de salinité favorables (cf résultats lagunes du Golfe d'Aigues Mortes)
- Concentrations de *V. cholerae* plus élevée quand la salinité < 20‰
- 130 souches prélevées de *V. cholerae*, 80 *V. parahaemolyticus*, 17 *V. vulnificus*

Recombinaison génétique

Diversité phylogénétique



Analyse génétique des souches de *V. cholerae* à la station 2

Les résultats montrent une forte diversité de *V. cholerae* probablement sous-estimée avec des évènements significatifs de recombinaison génétique.

Conclusions

- Présence des 3 vibrios dans la lagune de Biguglia qui représente ainsi un bon terrain d'étude pour modéliser leur dynamique.
- Qu'en est il dans les autres lagunes de Corse ? Risques potentiels selon les usages ?





Merci de votre attention

UMR 5569 HydroSciences, Montpellier

Equipe Pathogène Hydrique Environnement Santé – P. Monfort, E.

Jumas-Bilak, F. Aujoulat, M. Toubiana

Pollutions Urbaines et Hydrologie – M-G Tournoud, C. Salles

UMR 6134 SPE CNRS Université de Corté - Vanina Pasqualini

Equipe Microbiologie environnementale, IFREMER, Brest –

D Hervio-Heath

CEPRALMAR Région Languedoc Roussillon - Matthew Hebert