

Revue bibliographique : risques de contamination des coquillages par les contaminations d'origine aviaire

Gourmelon Michèle, Serghine Joelle, Boukerb Amine, Garry Pascal

09/04/2020

**Laboratoire Santé Environnement et Microbiologie, LNR Microbiologie des coquillages
Unité Santé, Génétique et Microbiologie des Mollusques
Département Ressources Biologique et Environnement**

Les oiseaux sauvages tout comme la volaille, les animaux d'élevage, les animaux sauvages ou l'Homme hébergent des communautés bactériennes très diverses et peuvent être des réservoirs pour certaines bactéries pathogènes (Waite et Taylor, 2014 ; Liao *et al.*, 2018). Des bactéries telles que les *E. coli* pathogènes, les *Salmonella* spp. ou les *Campylobacter* spp. ont été ainsi mises en évidence dans les fientes d'oiseaux sauvages (pour revue, Chung et al., 2018 ; Smith *et al.*, 2020).

Pour que les oiseaux sauvages soient une source d'apports de microorganismes pathogènes pour l'Homme lors de l'ingestion d'eaux ou la consommation de coquillages, ils doivent être porteurs de bactéries potentiellement pathogènes pour l'Homme, de préférence de bactéries responsables de cas cliniques (comparaison possible des souches aviaires aux souches humaines par une approche d'attribution de sources) et que les bactéries d'origine aviaire survivent suffisamment longtemps dans l'environnement à une dose infectieuse (Smith *et al.*, 2020).

Le risque est accru quand les oiseaux fréquentent à la fois des décharges ou des stations d'épuration et des plages ou des zones conchylicoles. Il a été ainsi mis en évidence aux Etats-Unis que des goélands étaient capables d'acquérir des bactéries associées aux déchets fécaux humains (Alm *et al.*, 2018). Le marqueur *Bacteroidales* associé à l'Homme, HF183, a été ainsi retrouvé dans les fientes de goélands sur des plages et au niveau de stations d'épuration et également dans les fientes de goélands (n= 27) capturés sur des plages et équipés d'émetteurs de radio-télémetrie permettant de suivre leurs mouvements. Ils ont montré que cinq d'entre eux avaient visité à la fois des sites avec des déchets d'origine humaine (décharges ou lagunes d'eaux usées) et des plages (Alm *et al.*, 2018).

Les oiseaux sauvages sont connus pour héberger des concentrations importantes en indicateurs de contamination fécale, tels que *Escherichia coli*. Ainsi, des concentrations moyennes en coliformes fécaux de $3,7 \cdot 10^8$ par g de fèces et de $1,5 \cdot 10^4$ par g de fèces ont été obtenues respectivement dans des fientes de goélands (n=249) et d'oies Bernache (n=236) aux Etats-Unis (Alderisio et DeLuca, 1999). L'effarouchement des goélands présents sur une plage du lac Michigan aux Etats-Unis a de plus permis d'améliorer la qualité de la plage (Converse *et al.*, 2012).

Un certain nombre d'études ont recherché à la fois les *Campylobacter* spp., les *Salmonella* spp. et les *E. coli* pathogènes ou résistants à des antibiotiques chez des oiseaux sauvages. Ainsi, des prévalences de *Salmonella*, *Campylobacter* et *E. coli* respectivement de 0 %, 11,2 % et 72,6 % ont été retrouvées dans des oies du Canada (n=250) dans la période 2013-2015 au Canada. Parmi les isolats d'*E. coli*, 7,9 % étaient résistants à la classe d'antimicrobiens ≥ 1 et 5,6 % étaient résistants à la classe d'antimicrobiens ≥ 2 (Vogt *et al.*, 2018). En Espagne, une absence de *Salmonella* et la présence de *Campylobacter* spp. dans 12,58 % des fientes d'oiseaux de neuf espèces d'oiseaux aquatiques (40/318) ont été observés ; la prévalence de *Campylobacter coli* était supérieure à celle de *C. jejuni* (11,64 % versus 0,94 % ; Antilles *et al.*, 2013).

Les *Campylobacter* spp. semblent être les bactéries potentiellement pathogènes pour l'Homme les plus présentes dans les fientes des oiseaux sauvages. Ainsi, dans la méta-analyse des publications de Smith *et al.*, en 2020, il a été retrouvé une prévalence de *Campylobacter* spp. de 27 % chez les oiseaux sauvages, tandis que les estimations de prévalence des *E. coli* pathogènes (20 %) et de *Salmonella* spp. (6,4 %) étaient plus faibles.

Dans le cadre du projet CampyShell (coord. M. X., ANSES), au LSEM à Ifremer, nous avons recherché la présence de bactéries de ce genre dans des fientes d'oiseaux de bord de mer en Bretagne : 12 espèces d'oiseaux (goélands, cormorans, bécasseaux, tadornes, oies Bernaches

...) et 454 fientes analysées (collectées principalement sur l'estran, plages et zones conchylicoles) de juin 2016 à décembre 2018. La présence de *Campylobacter* spp. a été mise en évidence dans 50,7 % des fientes d'oiseaux analysées, avec des pourcentages variables selon les types d'oiseaux (37,5 % chez les oies Bernache, 44,4 % chez les goélands, 86,7 % chez les limicoles ... ; Gourmelon *et al.*, 2019 ; Serghine *et al.*, 2019). L'espèce *Campylobacter lari* était la plus souvent isolée (52,1 % des isolats) devant *C. jejuni* (26,8 %) et *C. coli* (12,9 %).

Ces trois espèces de *Campylobacter* ont été impliquées dans des infections à *Campylobacter* chez l'Homme. En effet, *Campylobacter* spp. est la principale cause de maladies diarrhéiques bactériennes d'origine alimentaire dans le monde. Plus de 246 000 cas humains sont signalés chaque année dans l'Union européenne (UE), principalement causés par des *Campylobacter* thermotolérants tels que *Campylobacter jejuni* et *Campylobacter coli*, avec moins d'infections par *Campylobacter lari* (EFSA, 2018).

Notre étude a ainsi confirmé que les oiseaux du littoral pouvaient être donc un réservoir plus ou moins important de *Campylobacter*, selon les oiseaux. Ce résultat est en accord avec ceux de l'étude de Waldenstrom *et al.*, en 2002, qui avaient montré la présence de *Campylobacter* spp. dans 21,6 % des fientes des oiseaux migrateurs en Suède (n = 1 794) avec des variations de 0 à 100 % selon les espèces (dont 79,6 % chez les limicoles). D'autres études ont aussi montré la présence de *Campylobacter* spp. dans les fientes d'oiseaux sauvages. Une étude sur des oies Bernache en Finlande a montré une prévalence de *C. jejuni* dans leurs fientes (*Branta leucopsis* ; Bernache nonnette ; n =924) respectivement de 11,5 % et 23,1 % en 2011 et 2012 et une prévalence de *C. coli* seulement de 0,2 % sur ces deux années (Llerena *et al.*, 2015). En Norvège, *C. jejuni* a été mis en évidence dans 28,4 % des fientes de 540 oiseaux sauvages de 40 espèces différentes, avec les taux les plus élevés, respectivement de 89,8 %, 51,3 % et 50,0 % observés chez les corbeaux, les macareux et les goélands (Kapperud et Rosef, 1983).

Afin d'évaluer si les oiseaux sauvages sont une source potentielle d'apport de *Campylobacter* spp. à l'Homme, une approche plus précise consiste à comparer les souches isolées chez l'Homme à celles isolées chez les oiseaux sauvages par une approche d'attribution de sources sur la base de données de typage (MultiLocus Sequence Typing ; MLST, comparaison sur 7 gènes de ménage ; cgMLST, core genome MLST, comparaison sur plus de 700 gènes). L'étude de Thépault *et al.*, en 2017 a ainsi montré que des souches humaines de *C. jejuni* étaient plus proches des souches isolées chez la volaille ou les bovins que de l'environnement et des oiseaux sauvages. Au Luxembourg, cette approche a montré que les souches de *Campylobacter jejuni* et *C. coli* d'eaux de surface étaient attribuées principalement à des oiseaux sauvages (61 %) plutôt qu'à la volaille (18,8 %) ou aux ruminants (15,9 % ; Mughini-Gras *et al.*, 2016).

Nous pouvons aussi signaler que des *E. coli* pathogènes, des salmonelles et des *Campylobacter* spp. avaient été retrouvés dans des zones conchylicoles et leurs bassins versants en Bretagne et en Normandie lors d'une précédente étude en 2013-2015 en France (Balière *et al.*, 2011 ; Rincé *et al.*, 2018). Les salmonelles avaient été retrouvées seulement dans 3 lots de coquillages (n=237) ; les *Campylobacter* spp. dans 26,6 % et des *E. coli* potentiellement pathogènes (STEC, *E. coli* producteurs de Shiga-toxines ; présence d'au moins un gène *stx* dans la bactérie isolée et EPEC, *E. coli* entéropathogènes) dans respectivement 30,3 % et 43,6 % des lots de coquillages analysés (n=237). Toutefois, l'origine aviaire ou non de ces bactéries n'avait pas été recherchée.

Cette revue bibliographique montre donc que les oiseaux sauvages peuvent être une source de bactéries potentiellement pathogènes pour l'homme à considérer tout comme les animaux d'élevages, les effluents de stations d'épuration et les autres sources potentielles.

Par ailleurs les oiseaux peuvent également être à l'origine de la contamination de l'environnement par des protozoaires tels que *Cryptosporidium* sp., *Giardia* sp (Graczyk et al., 2007, Anses, 2019, Santé Canada, 2017).

Références :

- Alderisio KA, DeLuca N. Seasonal enumeration of fecal coliform bacteria from the feces of ring-billed gulls (*Larus delawarensis*) and Canada geese (*Branta canadensis*). *Appl Environ Microbiol* 65(12):5628-5630.
- Alm EW, Daniels-Witt QR, Learman DR, Ryu H, Jordan DW, Gehring TM, Santo Domingo J., 2018. Potential for gulls to transport bacteria from human waste sites to beaches. *Sci Total Environ*. 615:123-130. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.09.232.
- ANSES 2019, Fiche de description de danger biologique transmissible par les aliments : *Cryptosporidium* spp. Saisine n°2016-SA-0077
- Antilles N, Sanglas A, Cerda-Cuellar M, 2013. Free-living waterfowl as a source of zoonotic bacteria in a dense wild bird population area in northeastern Spain. *Transbound Emerg Dis* doi:10.1111/tbed.12169
- Balière C, Rincé A, Blanco J, Dahbi G, Harel J, Vogeeler P, Giard JC, Mariani-Kurkdjian P, Gourmelon M., 2015. Prevalence and characterization of shiga toxin-producing and enteropathogenic *Escherichia coli* in shellfish-harvesting areas and their Watersheds. *Front Microbiol* 1;6:1356. doi:10.3389/fmicb.2015.01356.
- Chung DM, Ferree E, Simon DM, Yeh PJ, 2018. Patterns of bird-bacteria associations. *Ecohealth* 15(3):627-641. doi: 10.1007/s10393-018-1342-5.
- Converse RR, Kinzelman JL, Sams EA, Hudgens E, Dufour AP, Ryu H, Santo-Domingo JW, Kelty CA, Shanks OC, Siefring SD, Haugland RA, Wade TJ, 2012. Dramatic improvements in beach water quality following gull removal. *Environ Sci Technol* 46(18):10206-13. doi: 10.1021/es302306b.
- EFSA. EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. *EFSA Journal* 2018;16(12):5500, 5262p.
- Graczyk, T.K., McOliver, C., Silbergeld, E.K., Tamang, L. and Roberts, J.D. (2007) Risk of handling as a route of exposure to infectious waterborne *Cryptosporidium parvum* oocysts by Atlantic blue crabs (*Callinectes sapidus*). *Appl Environ Microbiol* 73, 4069– 4070.
- Gourmelon M., Boukerb A., Serghine J., Nabi N., Cheve J., Penny C., Cauvin E., Rincé A., Denis M., 2019. Shorebirds, a possible source of *Campylobacter* spp. in shellfish? 20th International Symposium on Health-Related Water Microbiology (IWA), 15-20 September 2019, Vienna, Austria.
- Kapperud G, Rosef O, 1983. Avian wildlife reservoir of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni*, *Yersinia* spp., and *Salmonella* spp. in Norway. *Appl Environ Microbiol* 45:375–380.
- Liao F, Gu W, Li D, Liang J, Fu X, Xu W, Duan R, Wang X, Jing H, Dai J., 2019. Characteristics of microbial communities and intestinal pathogenic bacteria for migrated *Larus ridibundus* in southwest China. *Microbiology open*. 8(4):e00693. doi: 10.1002/mbo3.693.
- Llarena AK, Skarp-de Haan CP, Rossi M, Hanninen ML, 2015. Characterization of the *Campylobacter jejuni* population in the barnacle geese reservoir. *Zoonoses Public Health* 62:209–221. doi:10.1111/zph.12141
- Mughini-Gras L, Penny C, Ragimbeau C, Schets FM, Blaak H, Duim B, Wagenaar JA, de Boer A, Cauchie HM, Mossong J, van Pelt W, 2016. Quantifying potential sources of surface water contamination with *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*. *Water Res*. 2016 Sep 15;101:36-45. doi: 10.1016/j.watres.2016.05.069.
- Rincé A, Balière C, Hervio-Heath D, Cozien J, Lozach S, Parnaudeau S, Le Guyader FS, Le Hello S, Giard JC, Sauvageot N, Benachour A, Strubbia S, Gourmelon M., 2018. Occurrence of bacterial pathogens and human noroviruses in shellfish-harvesting areas and their catchments in France. *Front Microbiol* 9:2443. doi: 10.3389/fmicb.2018.02443.

- Santé Canada, 2017, Protozoaires entériques dans l'eau potable : Giardia et Cryptosporidium Document de consultation publique
- Serghine J., Nabi N., Boukerb A., Cheve J., Penny C., Walczak C., Cauvin E, Denis M., Rose V., Gourmelon M., 2019. Les oiseaux de bord de mer : une potentielle source d'apport de *Campylobacter* spp. au littoral ? MICROBE, 15ème congrès de la SFM, 30 sept-02 oct. 2019
- Thépault A, Méric G, Rivoal K, Pascoe B, Mageiros L, Touzain F, Rose V, Béven V, Chemaly M, Sheppard SK, 2017. Genome-wide identification of host-segregating epidemiological markers for source attribution in *Campylobacter jejuni*. *Appl Environ Microbiol* 83(7). pii: e03085-16. doi: 10.1128/AEM.03085-16.
- Vogt NA, Pearl DL, Taboada EN, Mutschall SK, Janecko N, Reid-Smith R, Bloomfield B, Jardine CM, 2018. Epidemiology of *Campylobacter*, *Salmonella* and antimicrobial resistant *Escherichia coli* in free-living Canada geese (*Branta canadensis*) from three sources in southern Ontario. *Zoonoses Public Health* 65(7):873-886. doi: 10.1111/zph.12511.
- Waite DW, Taylor MW, 2014 Characterizing the avian gut microbiota: membership, driving influences, and potential function. *Front Microbiol* 5:223. doi: 10.3389/fmicb.2014.00223.
- Waldenström J, Broman T, Carlsson I, Hasselquist D, Achterberg RP, Wagenaar JA, Olsen B, 2002. Prevalence of *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, and *Campylobacter coli* in different ecological guilds and taxa of migrating birds. *Appl Environ Microbiol* 68(12):5911-7.