

# MICROBIOLOGIE, INFECTIOLOGIE ET IMMUNOLOGIE



## CONFÉRENCE

### DR ANTONY VINCENT

Chercheur postdoctoral  
Centre Armand-Frappier Santé Biotechnologie  
Institut national de la recherche scientifique (INRS)  
Université du Québec  
Laval, Canada.

#### D'un hôte à l'autre : un choix ou une contrainte ?

Les microorganismes ont développé une multitude de mécanismes adaptatifs, tels que la résistance aux antibiotiques et les facteurs de virulence, qui leur permettent de coloniser de nombreux environnements et hôtes. Malgré la caractérisation d'éléments génétiques reliés à la pathogénicité, les forces évolutives qui dirigent l'adaptation à divers hôtes demeurent largement méconnues. Deux modèles bactériens ont été étudiés jusqu'à maintenant afin de faire la lumière sur les mécanismes favorisant une adaptation à différents hôtes : *Aeromonas salmonicida* et *Leptospira*.

Historiquement, *A. salmonicida* était considérée comme psychrophile et n'infectant que des poissons d'eaux froides. Notre description de souches mésophiles de cette bactérie a permis de montrer que des hôtes à sang chaud peuvent aussi être infectés. Certaines séquences d'insertions induisent des réarrangements génomiques lorsque les souches psychrophiles sont cultivées à 25°C, contraignant ces dernières à s'adapter à des hôtes à sang froid. Parallèlement, *A. salmonicida* possède des éléments d'ADN mobiles cruciaux pour son adaptation et qui proviennent d'autres bactéries pathogènes. C'est le cas du plasmide pSN254b, retrouvé chez *Salmonella enterica*, qui confère une résistance à tous les antibiotiques approuvés par le Canada. Nous avons postulé qu'*A. salmonicida* occupe un rôle central au sein d'un réseau microbien comportant d'autres agents pathogènes et qu'elle pourrait être un relais pour l'échange de matériel génétique.

Dans le cas de *Leptospira*, des centaines de génomes ont été séquencés et analysés pour clarifier l'évolution de cette bactérie dont les espèces peuvent infecter une vaste gamme d'hôtes. Ce travail a permis de trouver 33 nouvelles espèces de *Leptospira* et de déterminer que celles hautement pathogènes ont une grande variabilité de leur répertoire en gènes, à l'image de la quantité d'hôtes pouvant être infectés par ces bactéries. De plus, il semble que les séquences d'insertions induisent aussi chez *Leptospira* des réarrangements génomiques et des pseudogènes, occasionnant une relation de dépendance des bactéries envers leurs hôtes. Finalement, nous avons prouvé qu'un facteur sigma sous influence épigénétique orchestre la virulence chez les espèces pathogènes et que la méthylation de l'ADN peut être une composante importante de l'adaptation bactérienne.

Je désire maintenant étendre mon programme de recherche à d'autres bactéries possédant plusieurs hôtes et qui sont d'intérêt clinique afin de faire la lumière sur les mécanismes généraux responsables de l'adaptation bactérienne. De plus, en utilisant une approche intégrative basée sur la métagénomique, il sera possible de cibler les réseaux microbiens favorisant l'évolution des agents pathogènes. Ce programme de recherche permettra donc de quantifier les composantes moléculaires, biologiques et environnementales promouvant l'adaptation des agents pathogènes.

**Jeudi 6 février 2020 à 11h30**  
**Pavillon Claire-McNicoll, salle Z-205**

Invité par Dr Hugo Soudeyns  
Tél. 514 343-6285  
Courriel: hugo.soudeyns@umontreal.ca