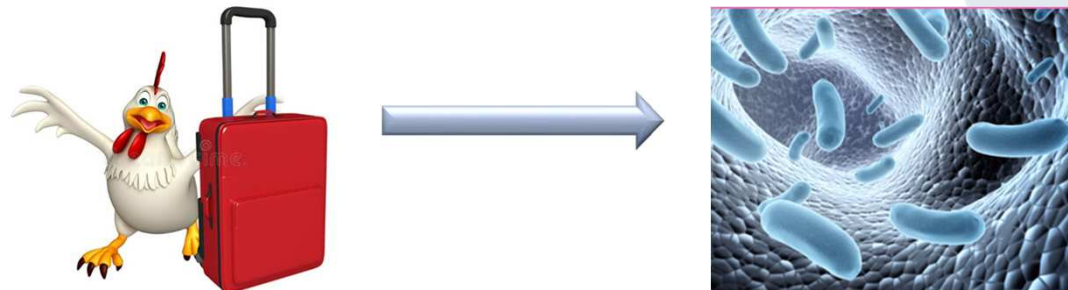


Des outils diagnostiques innovants pour la maîtrise des risques sanitaires associés aux poulaillers urbains

Marie Souvestre, Jean-Luc Guérin, Guillaume Le Loc'h, Guillaume Croville

Mardi 22 juin 2021 – Environnement et santé
Regards croisés du terrain au laboratoire



« Surveiller » les agents infectieux, pourquoi faire?



- Identification « rapide » de « nouveaux » agents pathogènes
- Génomes complets → chaînes de transmission
- Suivi de l'évolution de pathogènes « connus »
- Identification de populations complexes de virus/bactéries

➔ Prélever

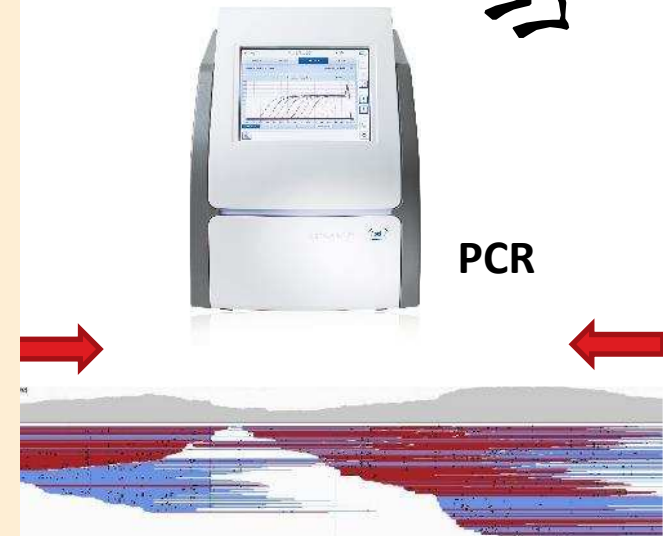
➔ Analyser

➔ Interpréter et donner du sens !

« Surveiller » : comment faire?



- Identification « rapide » de « nouveaux » pathogènes
- Génomes complets → chaînes de transmission
- Suivi de l'évolution de pathogènes « connus »
- Identification de populations complexes de virus/bactéries



PCR

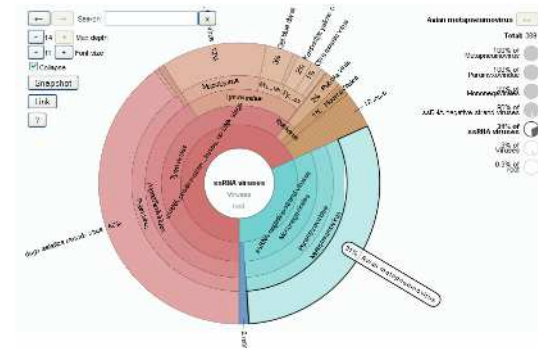
NGS ciblé

« Deep sequencing »

➔ Prélever

➔ Analyser

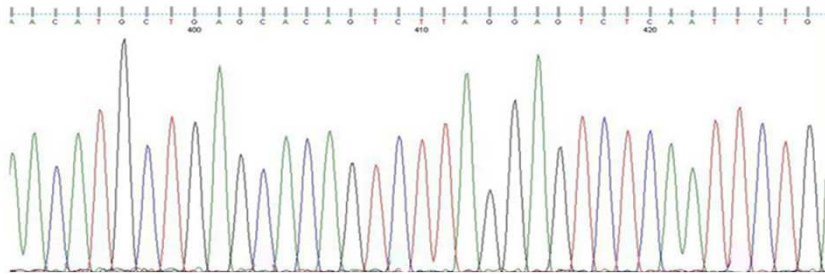
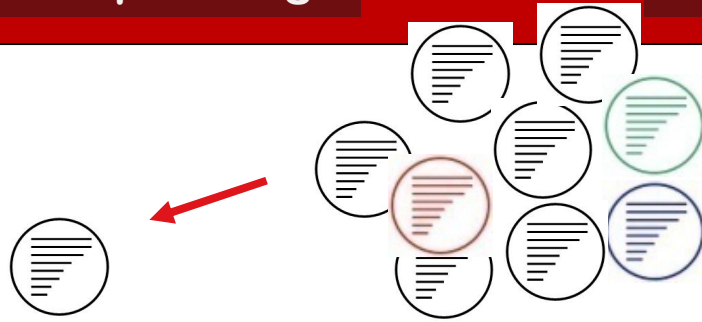
➔ Interpréter et donner du sens !



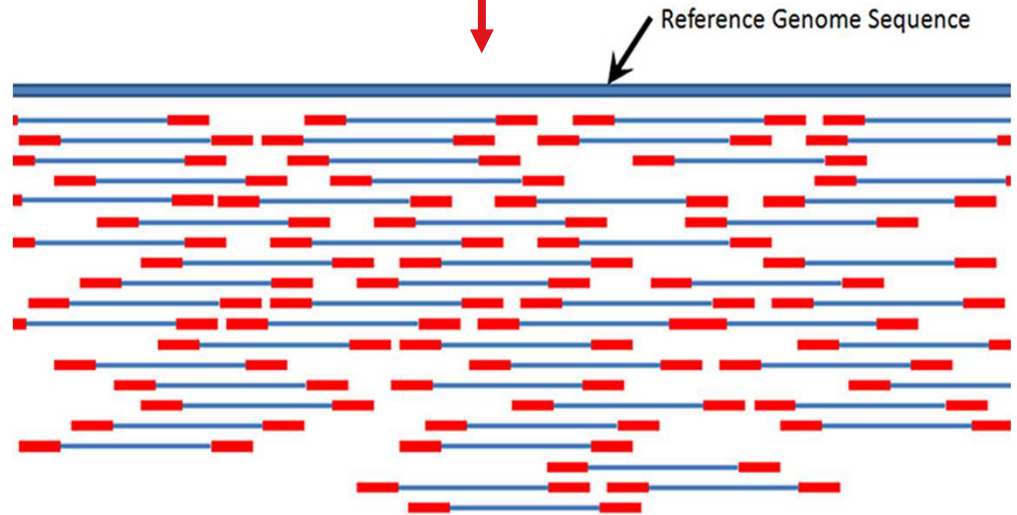
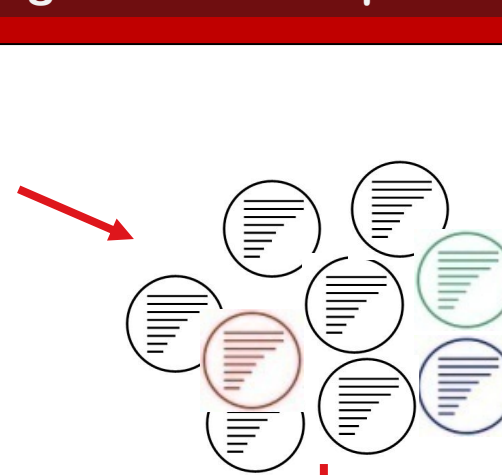
Métagénomique sans a priori

Sanger sequencing

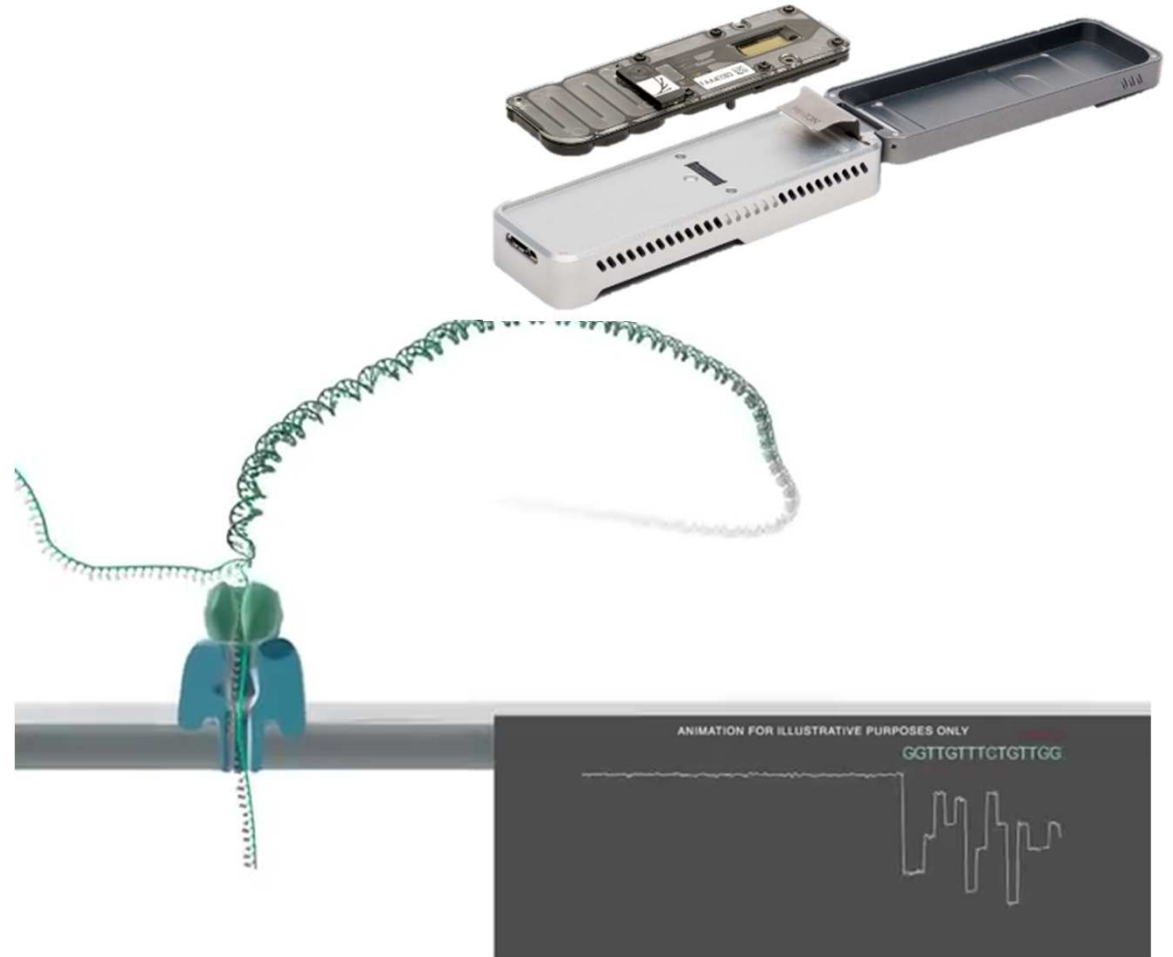
Next generation sequencing



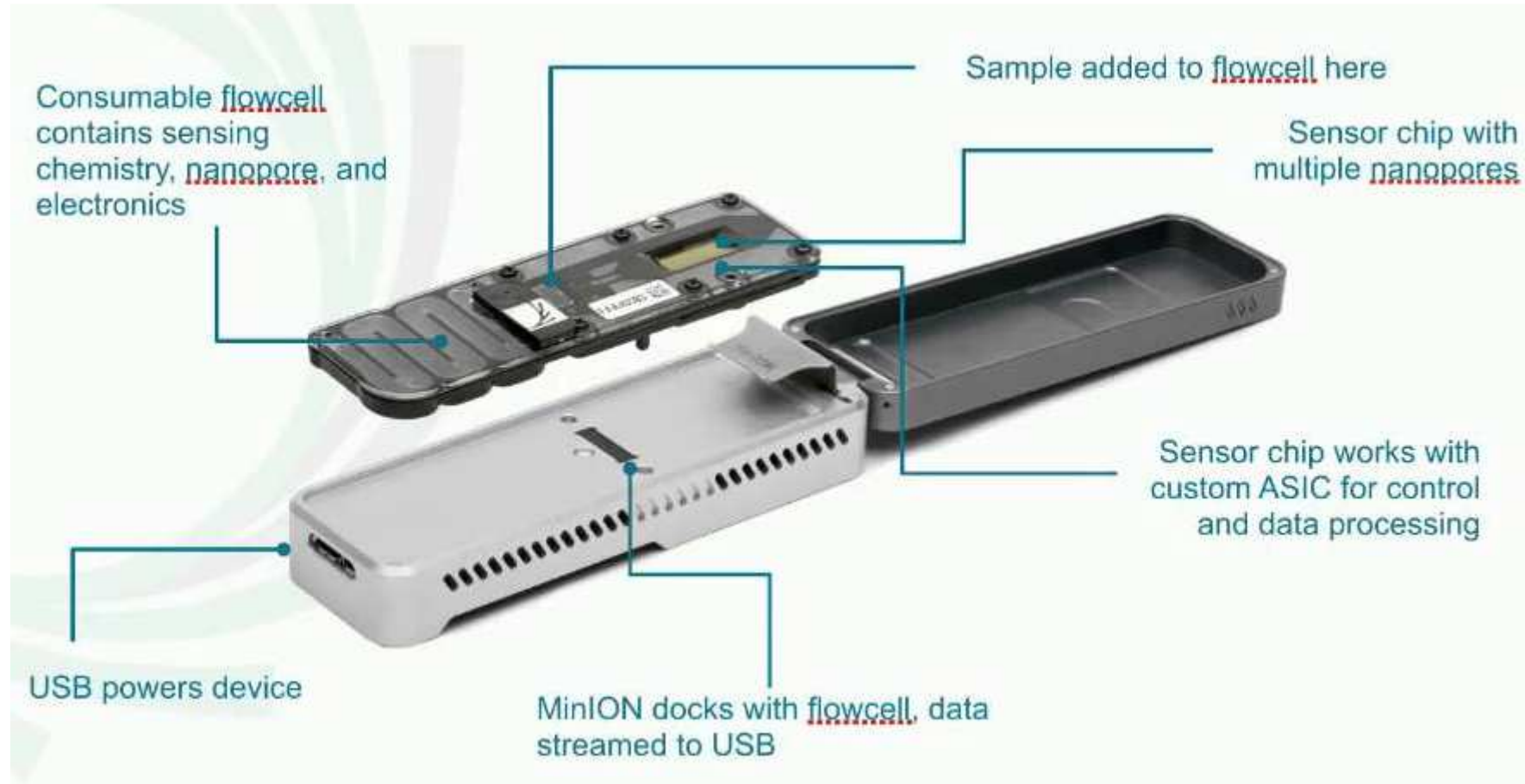
AATCGGCTGCAACTGTCCTGTTTGTCAACTGAGTCCAA



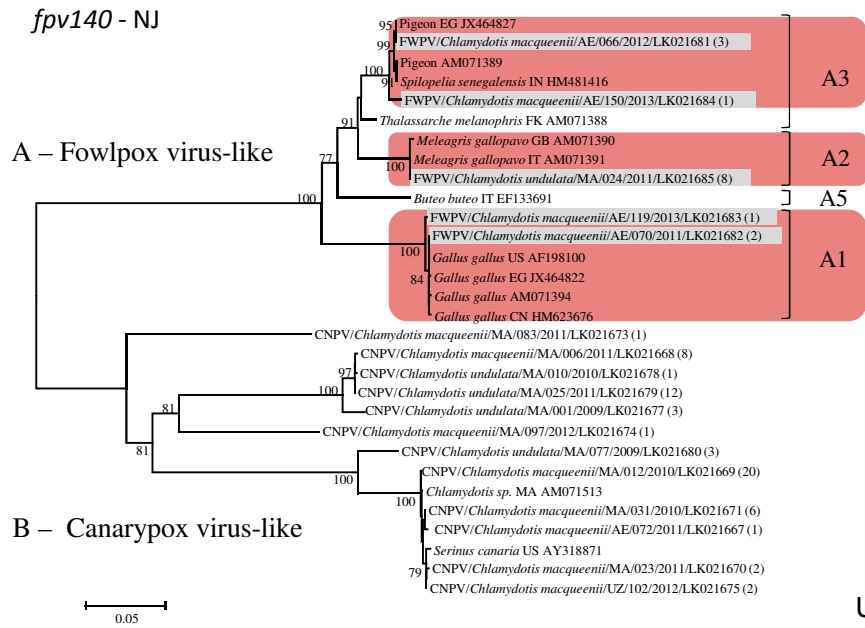
Séquençage de 3^{ème} génération Oxford Nanopore



Séquençage de 3^{ème} génération Oxford Nanopore



L'exemple de la variole aviaire



UAE

Morocco > UAE

UAE > Morocco

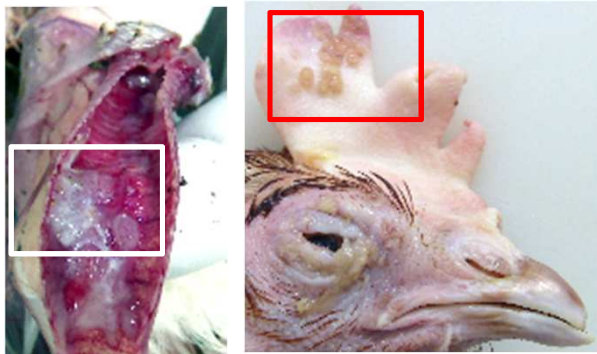


RESEARCH **Open Access**

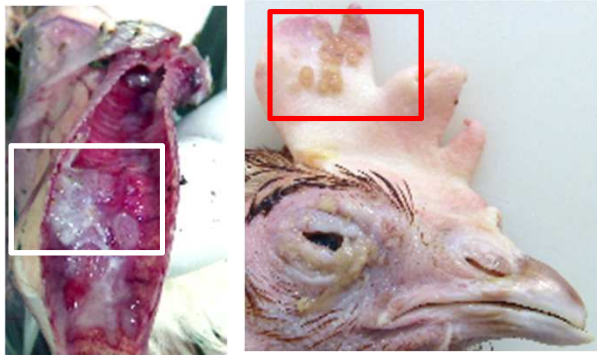
Diversity of avipoxviruses in captive-bred Houbara bustard

Guillaume Le Loc'h^{1,2,3*}, Mariette F Ducatez^{2,3}, Christelle Camus-Bouclainville^{3,2}, Jean-Luc Guérin^{3,2} and Stéphane Bertagnoli^{3,2}

Séquencer directement des échantillons biologiques

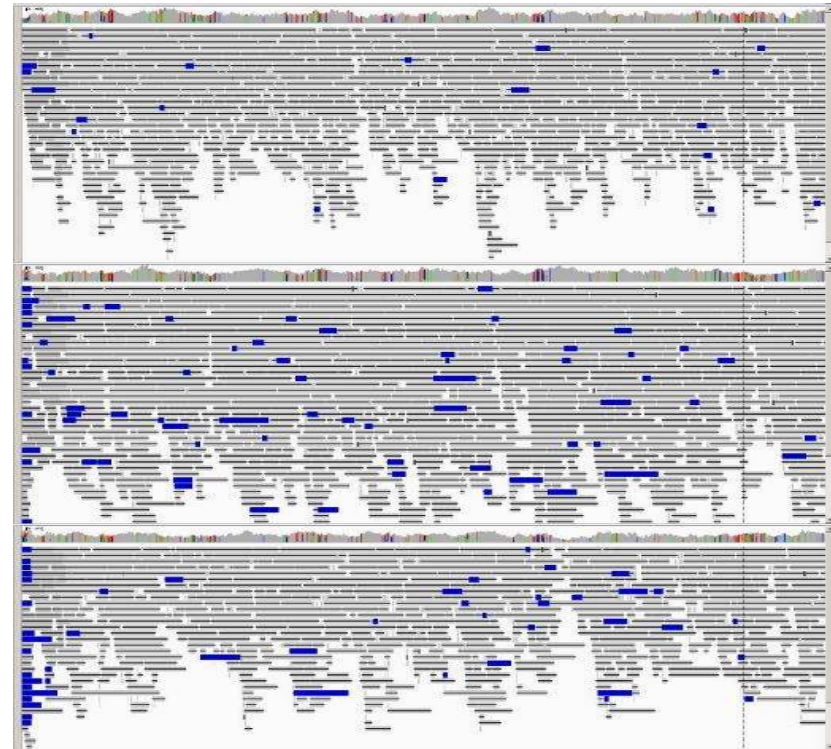
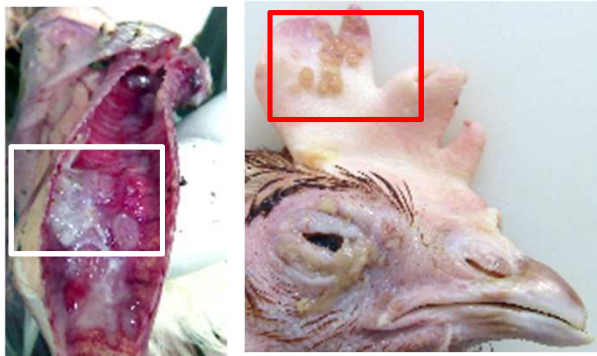


Séquencer directement des échantillons biologiques

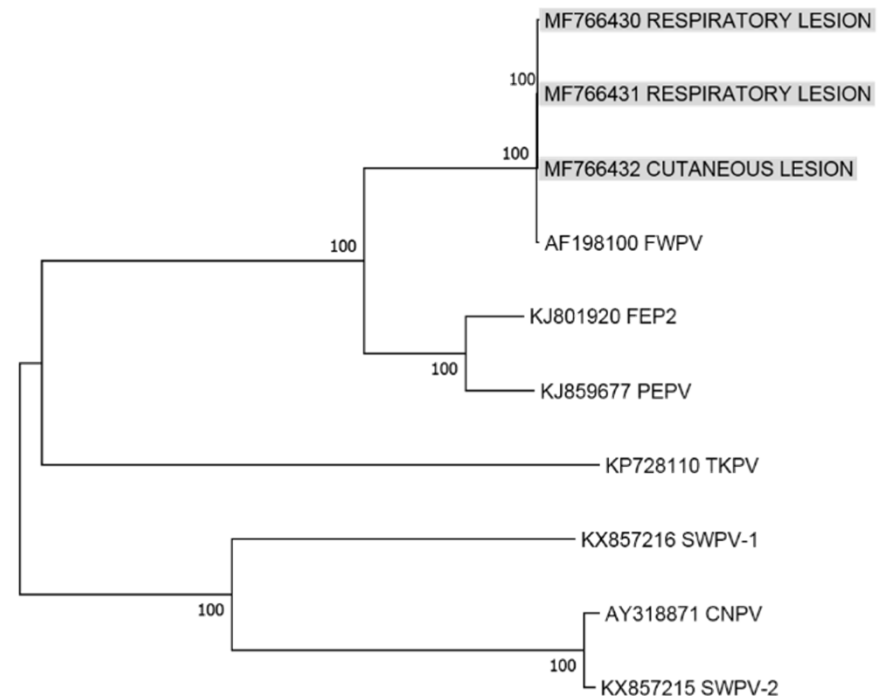
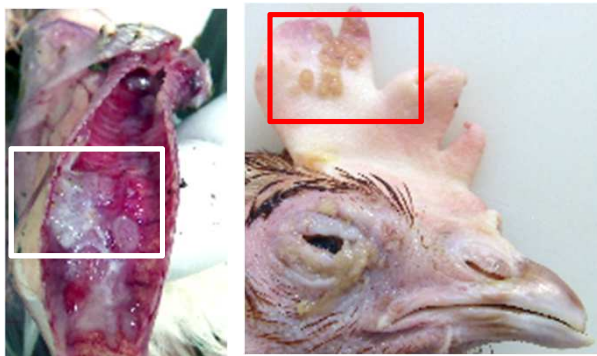


	Filtered reads	Mean read size (bp)	Fowlpox reads	% identity vs ref. genome	Sequencing depth	Longest read
Cutaneous lesion	163 824	1 352	3 905	99,7	22X	61 912
Tracheal lesion	124 534	2 568	3 265	99,8	30X	49 439
Tracheal lesion	141 670	3 253	2 234	99,8	19X	37 780

Séquencer directement des échantillons biologiques



Séquencer directement des échantillons biologiques



Rapid whole-genome based typing and surveillance of avipoxviruses using nanopore sequencing

Guillaume Croville^a, Guillaume Le Loc'h^a, Catherine Zanchetta^b, Maxime Manno^b,
Christelle Camus-Bouclainville^a, Christophe Klopp^c, Maxence Delverdier^a, Marie-Noëlle Lucas^a,
Cécile Donnadiou^b, Mattias Delpont^a, Jean-Luc Guérin^{a,*}

Journal of Virological Methods 261 (2018) 34–39

Reconstituer l'historique d'infection en élevage à partir des données moléculaires

OPEN Integration of genetic and epidemiological data to infer H5N8 HPAI virus transmission dynamics during the 2016-2017 epidemic in Italy

Received: 21 August 2018
Accepted: 24 November 2019
Published online: 21 December 2018

P. Mulatto, A. Fusaro, F. Scolamacchia, B. Zecchin, A. Azzolini, G. Zamperin, C. Terregino, G. Cunial, I. Morne & S. Marangon

Confronter les réseaux de contacts épidémiologiques (mouvements d'animaux, de personnes, etc) aux réseaux reconstruits à partir des données de séquence

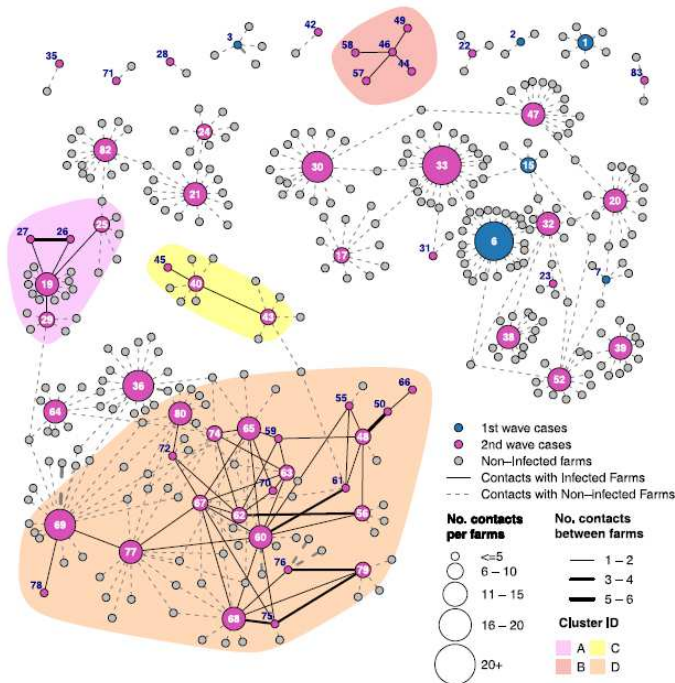


Figure 5. Representation of the network of contacts during for the 2017 H5N8 HPAI epidemic in Italy; numbers reported in the graph refer to the outbreak ID.

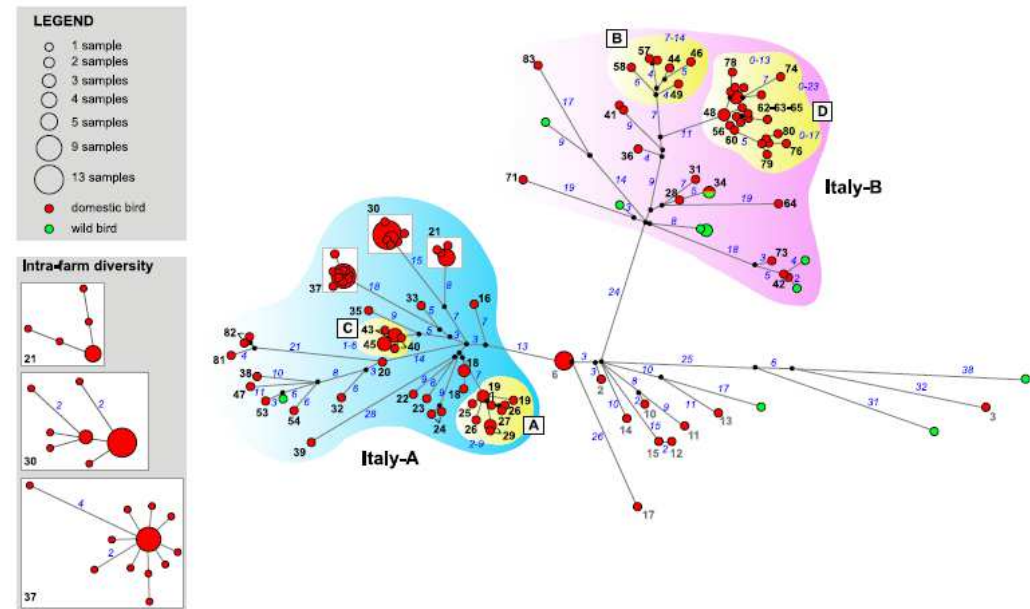
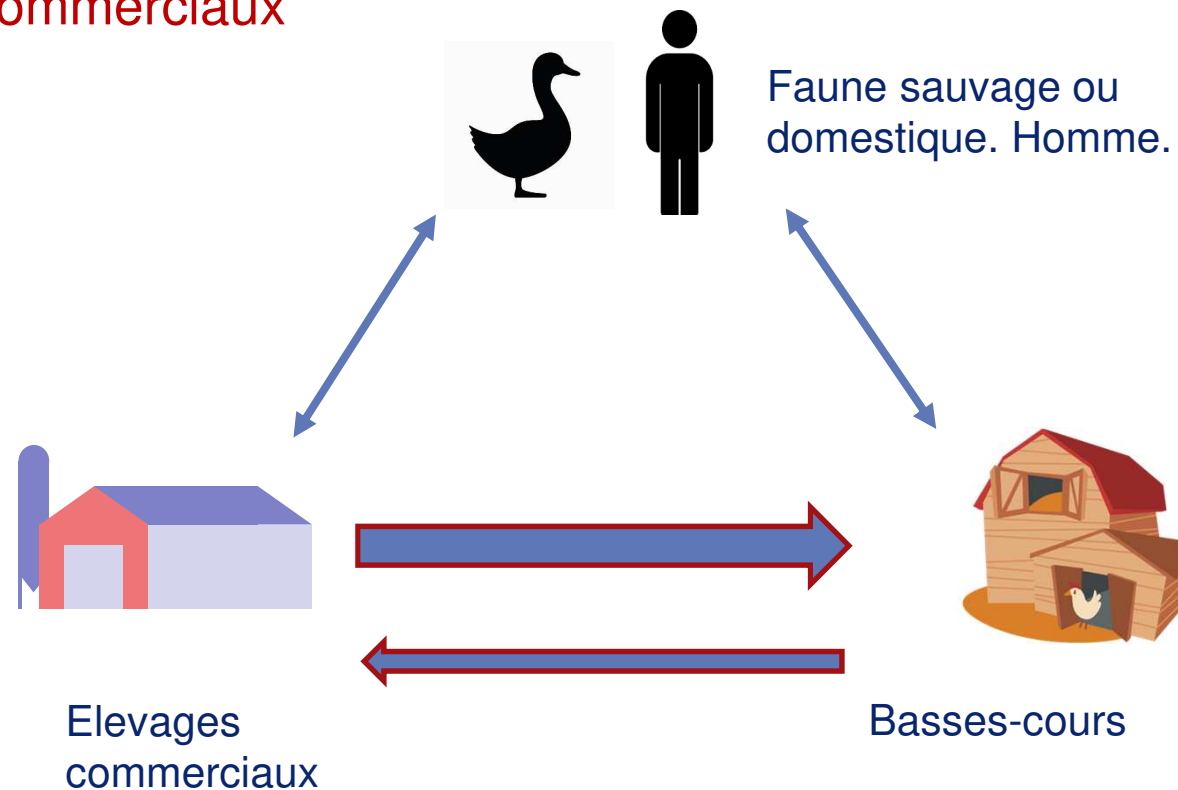


Figure 4. Median-joining phylogenetic network of the eight concatenated gene segments of the 2016-2017 Italian HPAI H5N8 viruses. Each unique sequence genotype is represented by a circle sized relative to its frequency in the data set. Branches represent the shortest trees and are proportional to the number of nucleotide mutations (in blue) that separate each node. Median vectors are indicated as black circles.

Thèse : étude de la santé des poulaillers en France

- ➔ Enjeux de santé publique ?
- ➔ Etude des interfaces : faune sauvage/domestique et élevages commerciaux



Exemple de l'influenza aviaire IAHP (H5N8)



Influenza aviaire H5N8 HP, **France**,

- 2016-2017, 484 foyers dont 20 basses-cours - Sud-Ouest
- 2020-2021 : 475 foyers dont basses-cours – Sud-Ouest



Suivi sanitaire de l'adoption de poules de réforme



T0

Ecouvillons
trachéaux
Prise de sang

Elevage
6000
pondeuses

56 participants

**592 poules adoptées de
l'élevage**

6 mois



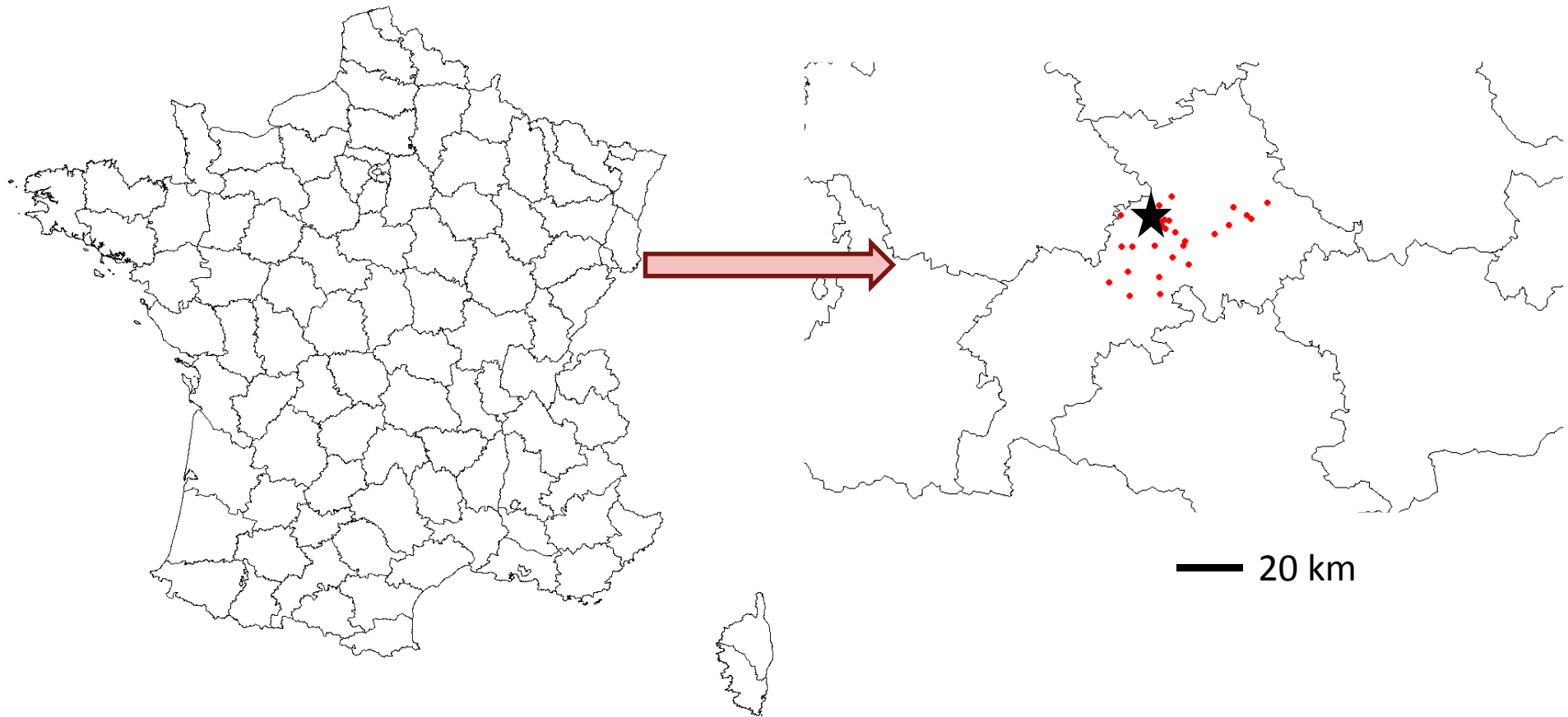
T1

Ecouvillons
trachéaux
Prise de sang

28 poulaillers prélevés

147 oiseaux

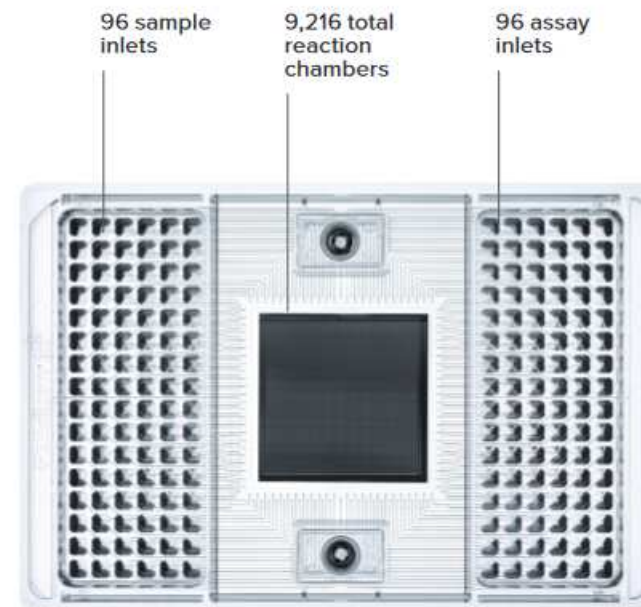
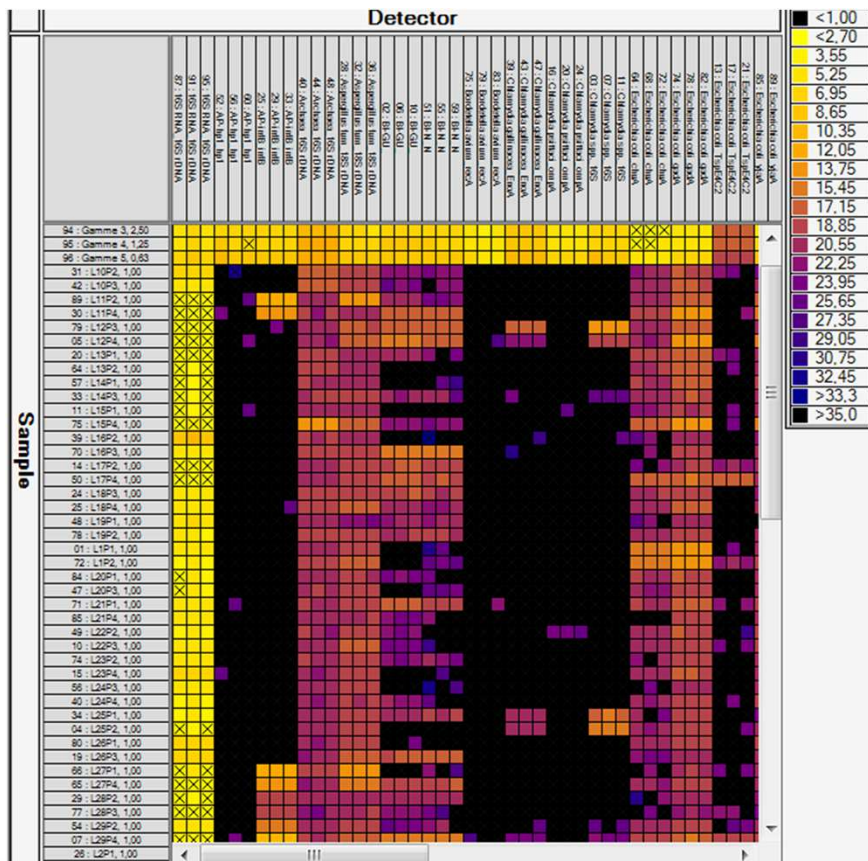
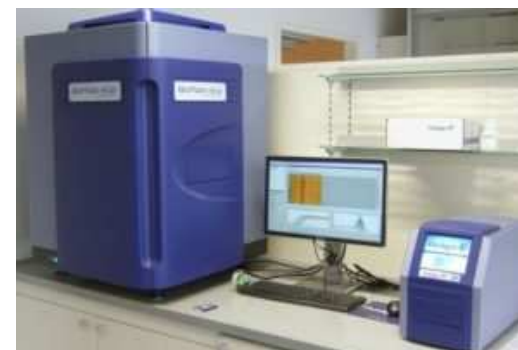
Suivi sanitaire de l'adoption de poules de réforme



Suivi sanitaire de l'adoption de poules de réforme

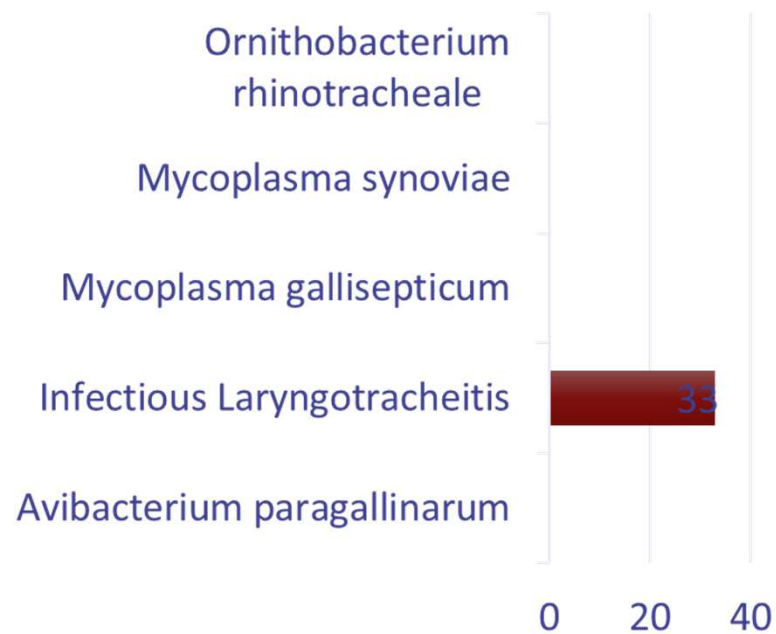


Biomark : qPCR nanofluidique, pathogènes respiratoires

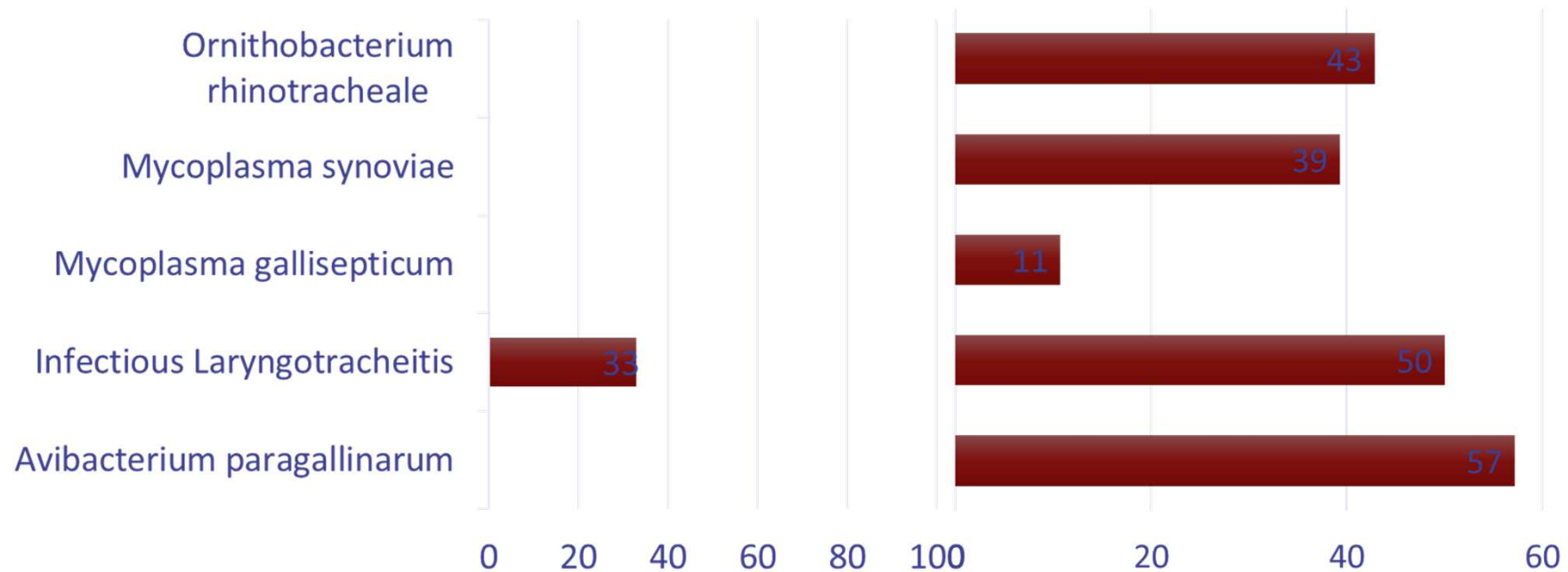


Suivi sanitaire de l'adoption de poules de réforme

Proportion de positif à T0



Proportion de poulaillers positifs à 6 mois



Conclusion : détection et sensibilisation

➔ Etude du risque associé à la détention de poules

**Arrêtez d'embrasser vos poulets,
implorent les autorités sanitaires
américaines**



Merci pour votre attention !

