



HAL
open science

Quantification des adénovirus infectieux et détection du sérotype 41 infectieux dans des eaux de rivière

Maryse Iris Sedji, Mihayl Varbanov, Marie Meo, Marius Colin, Laurence Mathieu, I. Bertrand

► **To cite this version:**

Maryse Iris Sedji, Mihayl Varbanov, Marie Meo, Marius Colin, Laurence Mathieu, et al.. Quantification des adénovirus infectieux et détection du sérotype 41 infectieux dans des eaux de rivière. Journées Française de virologie, 2018, -, France. hal-03749248

HAL Id: hal-03749248

<https://hal.univ-lorraine.fr/hal-03749248>

Submitted on 10 Aug 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Quantification des adénovirus infectieux et détection du sérotype 41 infectieux dans des eaux de rivière

Maryse Iris Sedji¹, Mihayl Varbanov², Marie Meo¹, Marius Colin², Laurence Mathieu³, Isabelle Bertrand^{1*}

¹Université de Lorraine, CNRS, LCPME, F-54000 Nancy
²Université de Lorraine, CNRS, L2CM, F-54000 Nancy
³EPHE, PSL Research University, LCPME, F-54000 Nancy
 *Isabelle.Bertrand@univ-lorraine.fr



Introduction

Les 54 sérotypes d'adénovirus humains (HAdVs) sont excrétés par voie fécale quelle que soit la pathologie induite. Leur résistance aux conditions environnementales contribue également à leur forte prévalence dans le milieu hydrique. Ces virus ont ainsi été proposés comme indicateurs de contamination virale du milieu hydrique.

Des données sont publiées sur la prévalence environnementale du génome des HAdVs, mais peu de comparaisons avec les autres virus pathogènes ont été réalisées. De plus, les données sur l'infectiosité des HAdVs dans l'environnement sont quasiment inexistantes.

Objectifs

Etudier le potentiel des HAdVs et notamment du sérotype entérique 41 (HAdV-41) en tant qu'indicateurs environnementaux de contamination virale à partir d'eaux de rivière récemment influencées par des eaux usées traitées :

- Comparaison des concentrations en génome : adénovirus : HAdVs, HAdV-41 / norovirus : NoV GGI et NoV GGII
- Quantification des HAdVs infectieux
- Détection des HAdV-41 infectieux

Matériel et Méthodes

Eaux de rivière → Concentration virale → Quantification des génomes viraux (PCR digitale) [2, 3]

Aval de la station d'épuration des eaux usées du Grand Nancy (250 000 habitants)
 20 L
 n=15, janvier-mars 2016

Laine de verre [1]

20 L ⇔ 20 mL

HAdVs

HAdV-41

NoV GGI

NoV GGII

► Quantification des HAdVs infectieux (24h)

ICC-qPCR (PCR quantitative intégrée à la culture cellulaire)

- Quantification des HAdVs infectieux

- Détection des HAdV-41 infectieux

ICC-qPCR

J₂ : Lignée cellulaire 293A : 2x10⁶ cellules/puits

J₀ : Infection des cellules

Inoculum : 1 mL

Temps de contact : 2 h

2 lavages

Incubation

J₀ : analysé immédiatement

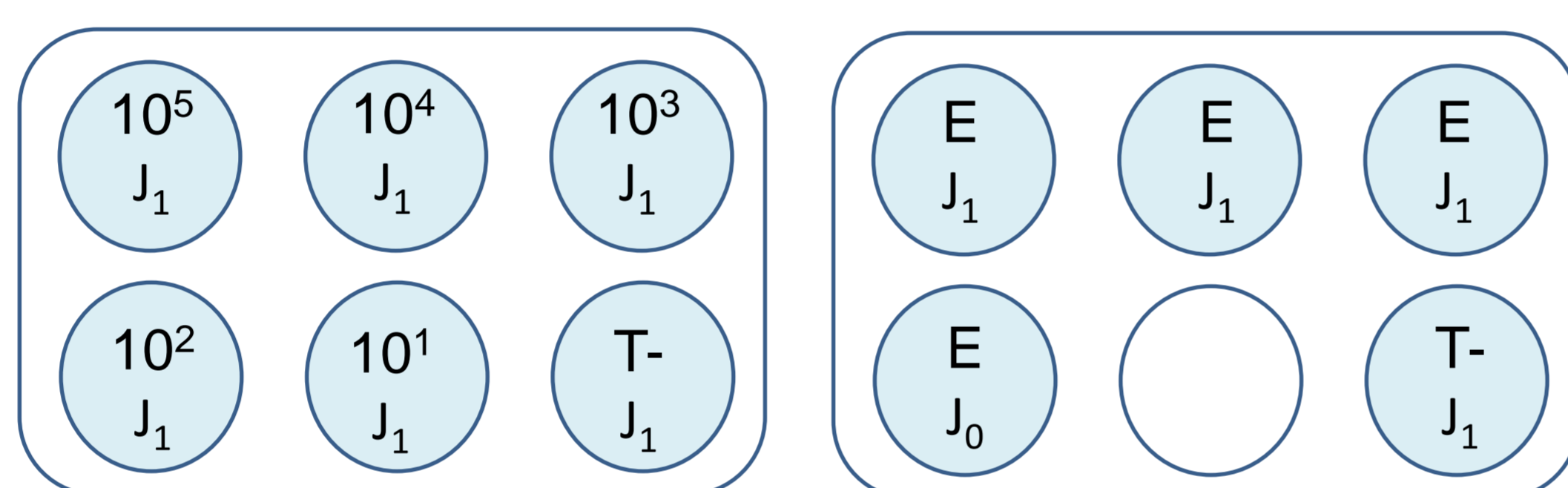
J₁ : analysé après 24 h

Standard

HAdV sérotype 2 (HAdV-2)
 10¹ – 10⁵ NPPUC/mL (n=2)

Concentrat eau rivière (E)

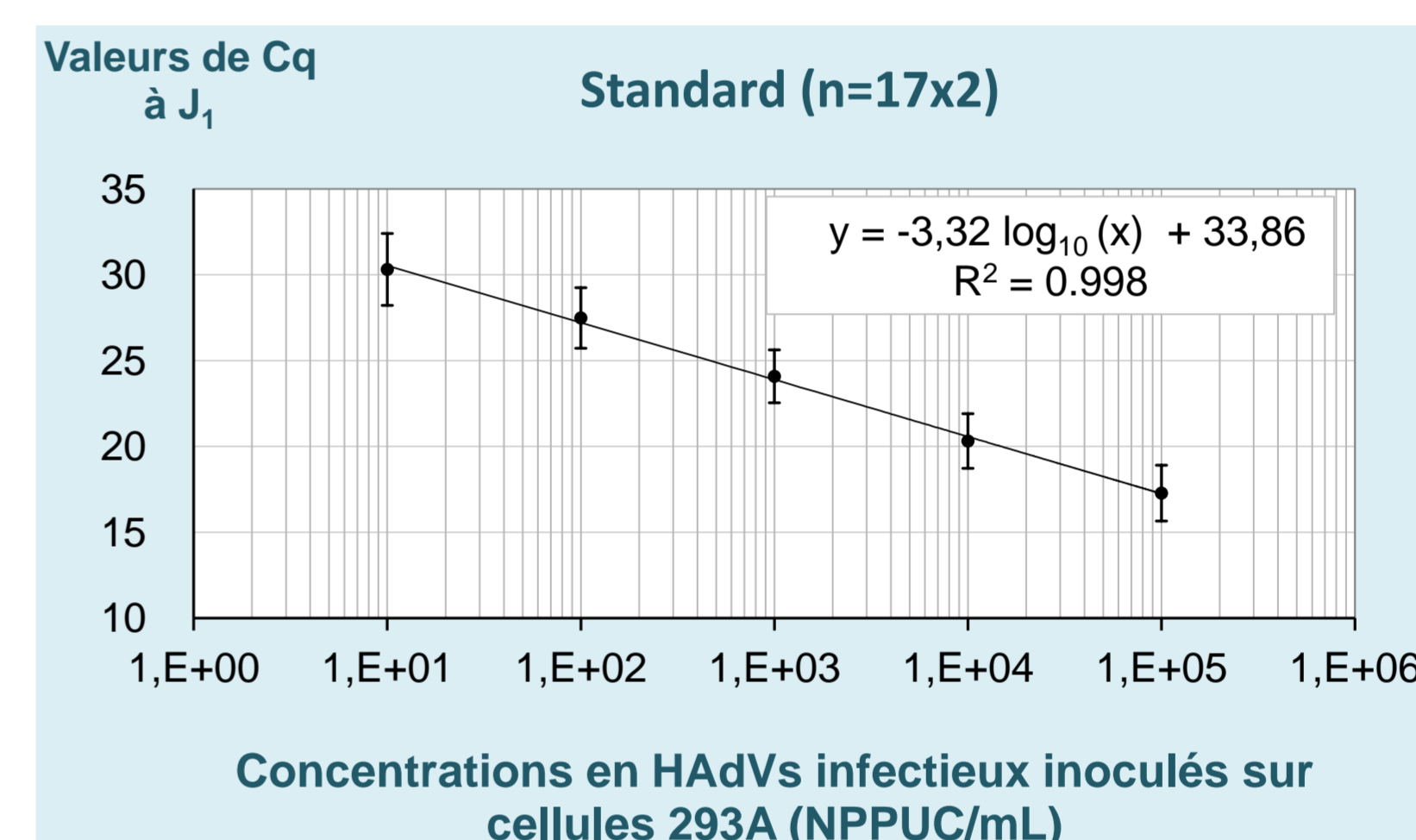
(T_{0h} n=1 / T_{24h} n=3)



NPPUC: Nombre le Plus Probable d'Unités Cytopathiques

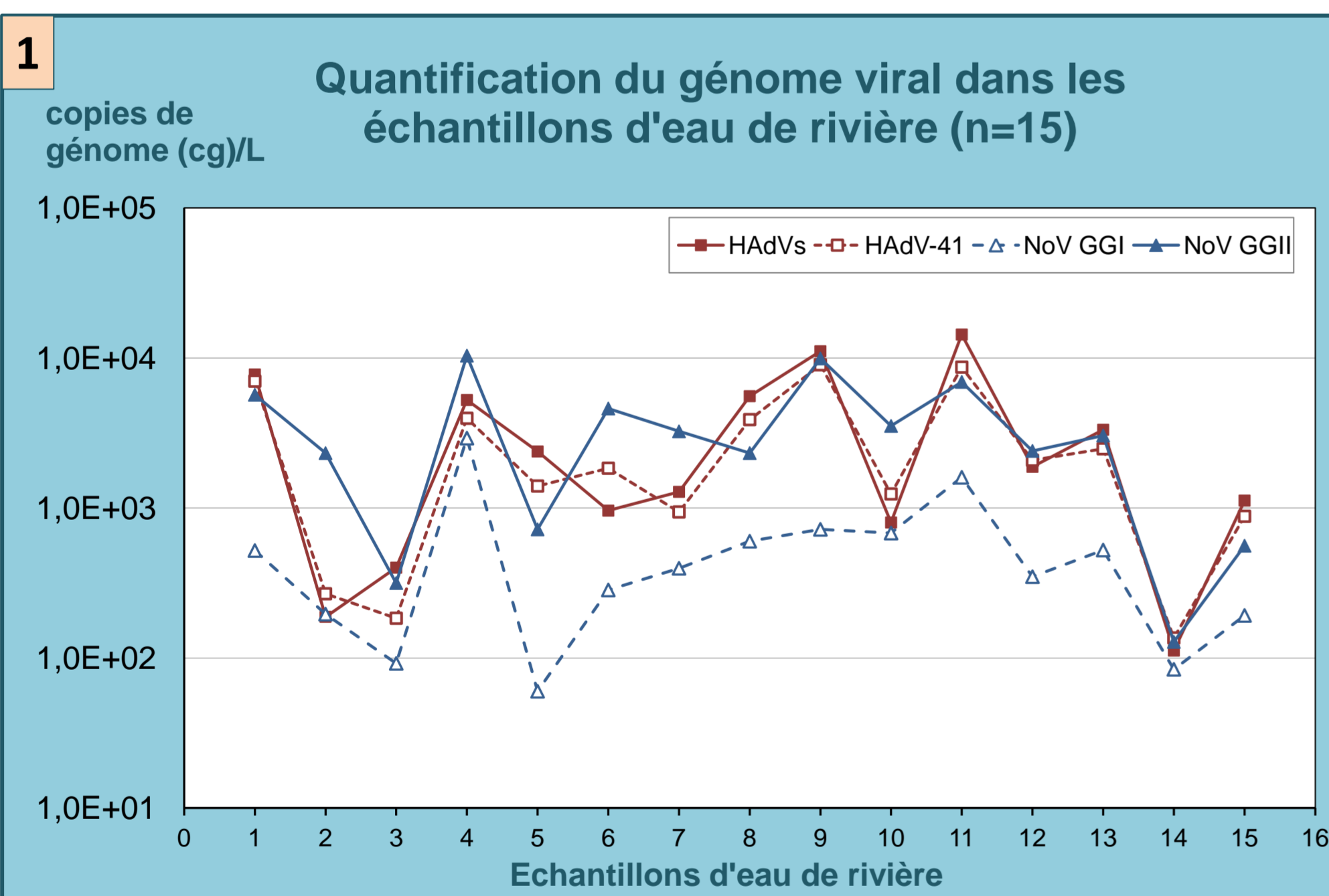
J1 : Analyse par qPCR quantitative

- Augmentation de l'ADN viral entre J₀ et J₁ = HAdVs infectieux
- Quantité d'ADN viral à J₁ ► Quantification des HAdVs infectieux



Limite de quantification : 10 eq NPPUC/L d'eau de rivière

Résultats



100 % des échantillons positifs en génome d'HAdVs, HAdV-41, NoV GGI et NoV GGII

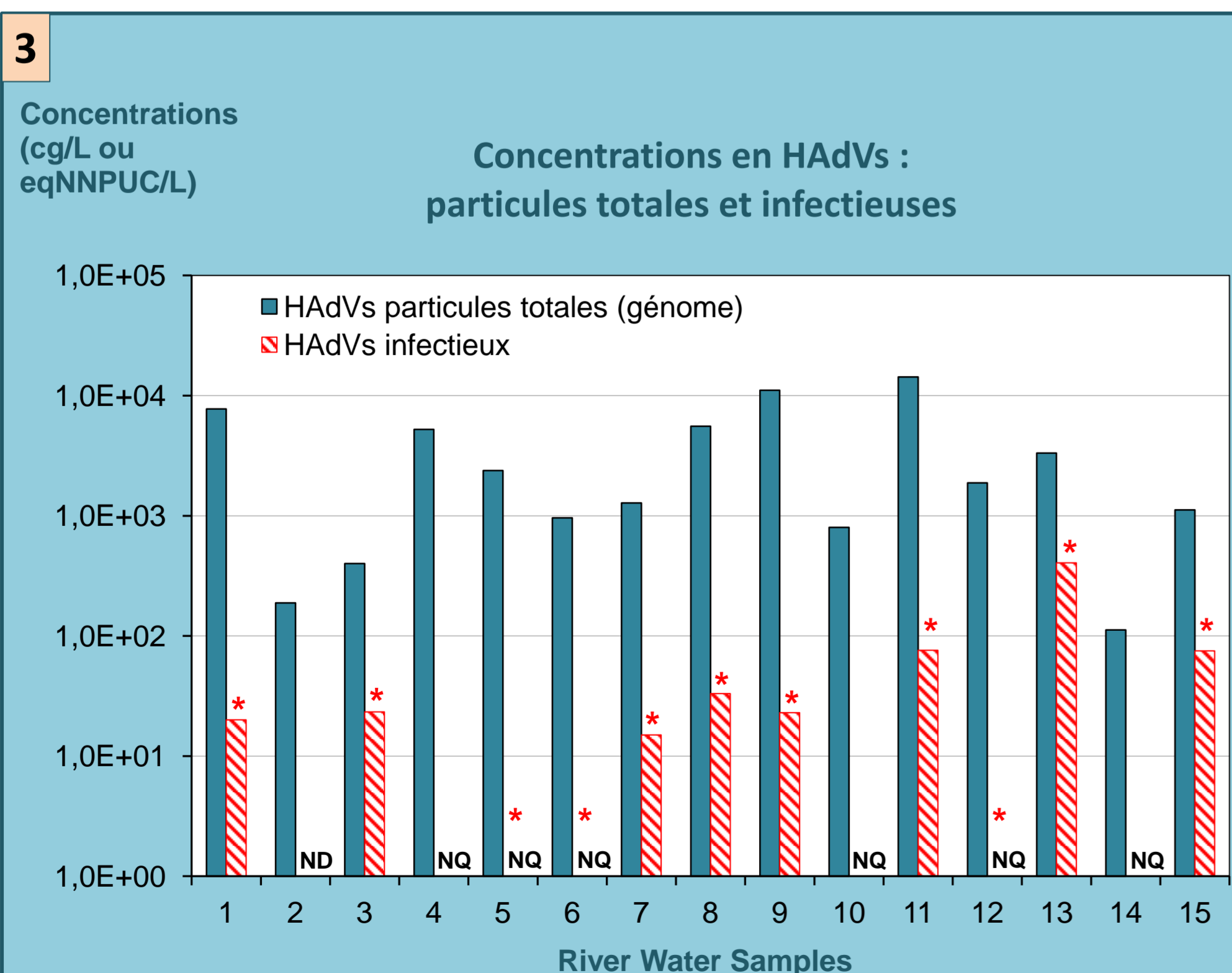
HAdVs : 3,6.10³ ± 4,4.10³ cg/L

HAdV-41 : 2,9.10³ ± 2,9.10³ cg/L

NoVGGI : 6,1.10² ± 7,4.10² cg/L

NoVGGII : 3,7.10³ ± 3,2.10³ cg/L

NoV GGI = Les plus faibles concentrations en génome



HAdVs infectieux

Détectés : 93% (14/15)

Quantifiables : 53% (8/15)

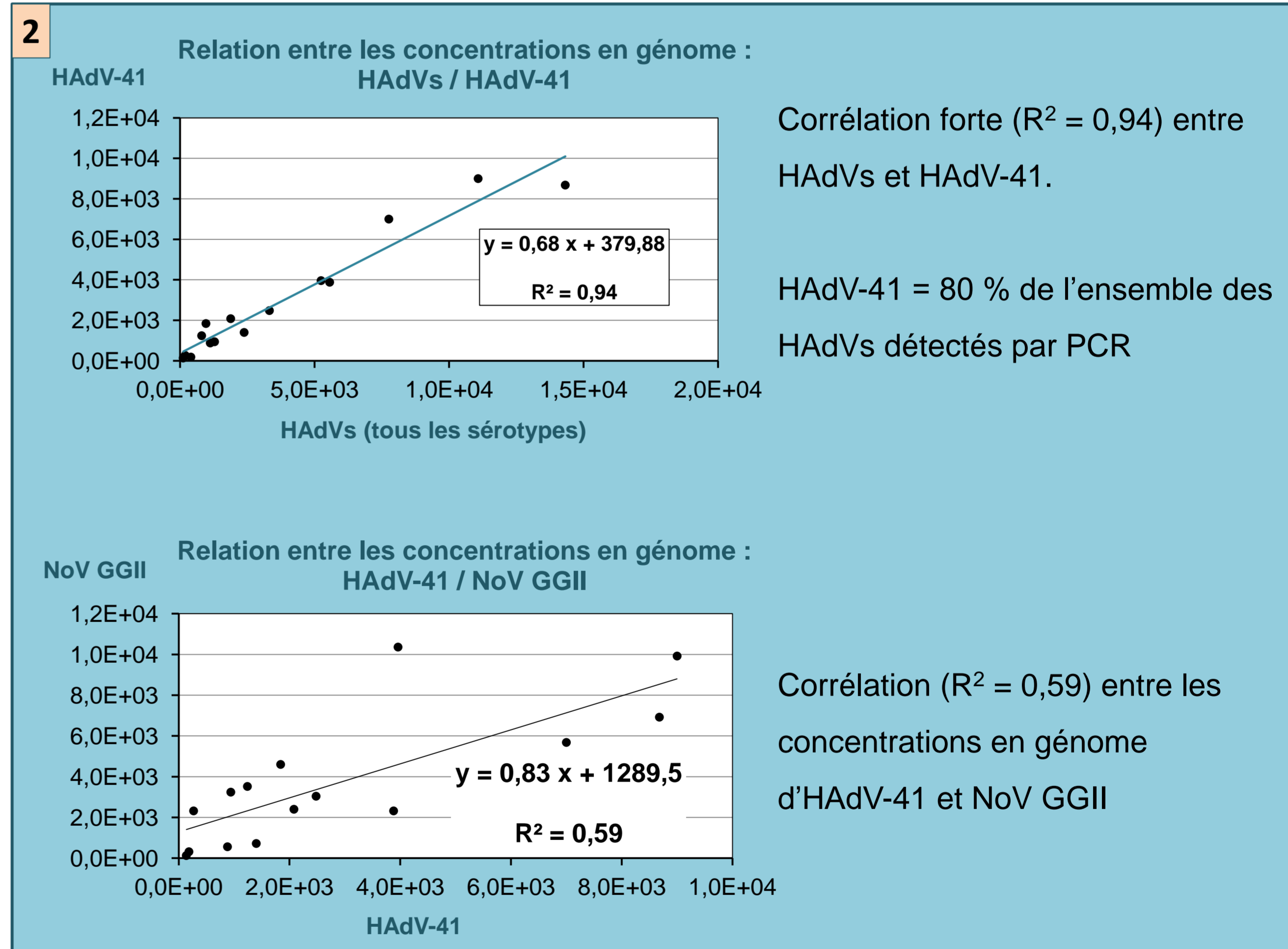
1,5.10¹ ± 4,1.10² eqNPPUC/L

HAdV-41 infectieux

Détectés : 73% (11/15)

ND : HAdVs infectieux non détectés / NQ : HAdVs infectieux en-dessous de la limite de quantification

* : Echantillons positifs en HAdV-41 infectieux



Conclusions

Sur ce site caractérisé par une contamination fécale récente :

- Une corrélation a été observée entre les concentrations en génome de HAdV-41 et NoV GGII.
- Une prévalence très élevée a été observée pour le génome d'HAdVs (100%), mais aussi pour les HAdVs infectieux (93%). Les HAdVs infectieux dépassaient la limite de quantification de 10 eqNPPUC/L dans plus de 50% des échantillons.
- Le sérotype 41 représentait environ 80% de l'ensemble des HAdVs détectés par PCR et les HAdV-41 infectieux ont été détectés dans plus de 70% des échantillons.
- Le sérotype 41 devrait être plus particulièrement étudié dans l'environnement.

Remerciements : Cette étude a bénéficié du soutien financier de l'Institut Jean Barriol, CNRS, Nancy, France

References

- [1] Wyn-Jones *et al.* (2011). Surveillance of adenoviruses and noroviruses in European recreational waters. *Water Research* 45:1025-1038.
 [2] Hernroth B.E., Conden-Hansson A.C., Rehnstam-Holm A.S., Girones R., Allard A.K. (2002). Environmental factors influencing human viral pathogens and their potential indicator organisms in the blue mussel, *Mytilus edulis*: the first scandinavian report. *Applied and Environmental Microbiology* 68(9): 4523-4533.
 [3] International Organization for Standardization. 2017. ISO/TS 152616-1:2017. <https://www.iso.org/standard/65681.html>