



11/09/2023

ALIMENTATION ET NUTRITION HUMAINE

# Listeria monocytogenes : une bactérie aux capacités d'adaptation insoupçonnées

Dans les aliments, chez les animaux d'élevage et sauvages, dans le sol, l'eau, la végétation... *Listeria monocytogenes* est une bactérie très largement répandue. Le projet européen Listadapt s'est intéressé aux capacités d'adaptation des souches de cette bactérie à ces différents milieux. Il a révélé que ces capacités sont indépendantes du milieu d'origine des souches ou de leur appartenance à un sous-groupe donné.

Accès rapides

*Listeria monocytogenes* est la bactérie responsable de la **listériose** chez l'être humain. En France, la maladie reste rare mais représente la **deuxième cause de décès d'origine alimentaire**. Elle peut entraîner une septicémie ou une infection du système nerveux central. L'infection chez la femme enceinte peut provoquer un avortement, un accouchement prématuré ou une infection néonatale grave.

Le projet européen **Listadapt** avait pour objectif de comprendre les mécanismes d'**adaptation des souches de *Listeria* à leur environnement**. En effet, la bactérie comprend de nombreuses souches qui ne vivent pas dans les mêmes milieux : « *nous avons précédemment constaté que certaines souches étaient présentes dans les aliments mais pas chez les animaux ni dans l'environnement naturel, et inversement.* », explique Sophie Roussel, coordinatrice du projet et responsable de l'équipe de recherche de l'unité Salmonella et Listeria au sein du laboratoire de sécurité des aliments de l'Anses à Maisons-Alfort.

Connaître leurs mécanismes d'adaptation permettrait notamment de savoir quelles souches sont susceptibles de proliférer au contact des aliments et quelles sont celles pouvant être par exemple résistantes à un désinfectant ou à un antibiotique. Listadapt a été financé de 2018 à 2020 par le programme One Health EJP, coordonné par l'Anses. Le projet réunissait 8 partenaires de 7 pays européens. Au sein de l'Anses, en plus du laboratoire de sécurité des aliments qui a coordonné le projet, celui de Fougères a été impliqué dans l'étude de la résistance aux antibiotiques et aux produits biocides, tandis que celui de Ploufragan-Plouzané-Niort a contribué à l'obtention des génomes avec sa plateforme de séquençage à haut débit.

## 1 485 nouvelles souches de bactéries

Grâce à la collaboration d'instituts et de laboratoires dans toute l'Europe, les membres du projet ont rassemblé **1 485 nouvelles souches de *Listeria monocytogenes***. Certaines ont été prélevées spécialement dans le cadre de Listadapt. D'autres provenaient de collections existantes mais n'avaient pas encore été étudiées. « *Ces souches couvrent toute la diversité de *Listeria monocytogenes*, souligne la scientifique. Elles ont des origines variées et appartiennent à 80 familles clonales.* » Les familles clonales, appelées aussi complexes clonaux sont des sous-groupes de *Listeria monocytogenes* différenciés sur la base de certains gènes. Premier constat : certaines familles clonales sont préférentiellement présentes dans des environnements spécifiques. Mais contrairement à ce que les scientifiques pouvaient supposer, ceci **ne s'explique pas par une capacité accrue à survivre dans ces milieux**.

## Des caractéristiques différentes entre les souches d'une même famille clonale

Parmi les souches collectées, les scientifiques ont sélectionné un sous-panel de 100 souches environnementales ou animales et 100 souches alimentaires pour étudier finement leurs caractéristiques. « *Nous avons par exemple découvert que certaines souches prélevées dans les aliments peuvent survivre dans le sol et d'autres non, même si elles appartiennent à une même famille clonale* », explique Sophie Roussel. Les capacités des bactéries à former des biofilms, à adhérer à des surfaces et à résister à des désinfectants et des antibiotiques ont également été étudiées. Là aussi, une **grande variabilité au sein d'une même famille clonale** a été constatée.

Certains résultats suggèrent que les différences de capacité d'adaptation des souches pourraient venir de l'**effet cumulé de petites variations génétiques**. Des études supplémentaires sont cependant nécessaires pour confirmer cette piste. « *Il y a énormément*

*de données. Même si le projet est officiellement terminé, il nous faudra encore 2 ou 3 ans pour tout analyser.* » conclue Sophie Roussel.

## En savoir plus

[Retrouvez les publications du projet Listadapt sur le site de l'One Health EJP \(en anglais\)](#)

[Lire la brochure du projet ListAdapt \(en anglais\)](#)