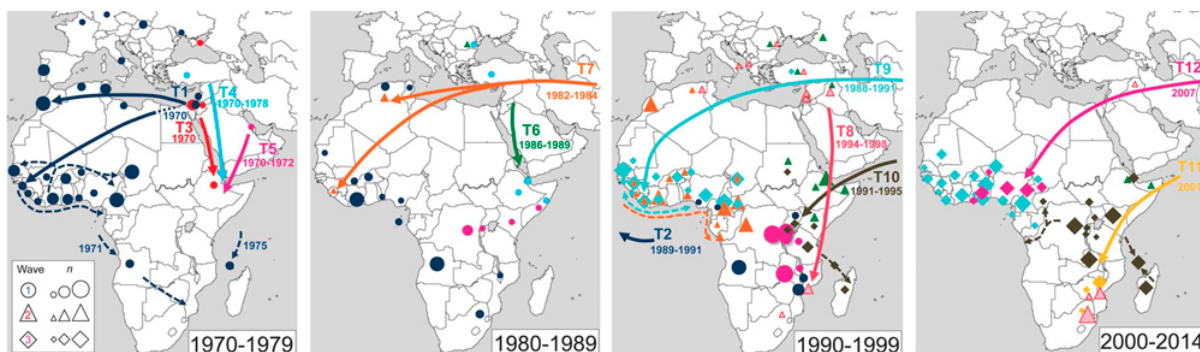


ROUTES DE PROPAGATION DE LA SEPTIÈME PANDÉMIE DE CHOLÉRA

Maître de conférences à l'UFR des Sciences de la Santé Simone Veil de l'UVSQ, et associé à L'Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) du Museum d'Histoire Naturelle, Guillaume Sapriel a récemment collaboré à un article scientifique sur l'épidémiologie de *Vibrio Cholerae* à l'échelle mondiale, publié dans la revue *Science*. Résumé.

Publié dans la lettre de la recherche n°38



Crédit photo : *Science*

Une collaboration internationale réalisée avec l'Institut Pasteur, le Wellcome Trust Sanger Institute, l'organisation Médecins Sans Frontière, et impliquant de nombreux chercheurs, dont un membre de l'UFR des sciences de la santé de l'UVSQ, a abouti à la publication d'une étude retraçant l'histoire des épidémies de choléra ayant touché l'Afrique, l'Amérique latine et les Caraïbes, ces 60 dernières années (Genomic history of the seventh pandemic of cholera in Africa. François-Xavier Weill et al. *Science*, 10 Nov 2017).

Grâce à l'analyse génomique de plus d'un millier de souches de *Vibrio cholerae*, les chercheurs ont démontré que l'Asie est l'origine géographique d'où sont issues les différentes souches responsables de toutes les épidémies de choléra, qui ont explosé en Afrique et en Amérique à plusieurs reprises sur cette période. Cette étude montre aussi que, pour ce pathogène, la majorité des souches multi-résistantes aux antibiotiques provient du continent asiatique.

Ces découvertes, publiées le 10 novembre 2017 dans la revue *Science*, éclairent la dynamique de propagation internationale des épidémies de choléra. Elles pourraient donc permettre d'anticiper le risque d'apparition de nouvelles épidémies, et d'adapter les stratégies des pouvoirs publics afin de lutter contre la dissémination de cette redoutable maladie infectieuse.

INFORMATIONS COMPLÉMENTAIRES

En savoir plus

Références

Genomic history of the seventh pandemic of cholera in Africa

François-Xavier Weill, Daryl Domman, Elisabeth Njamkepo, Cheryl Tarr, Jean Rauzier, Nizar Fawal, Karen H. Keddy, Henrik Salje, Sandra Moore, Asish K. Mukhopadhyay, Raymond Bercion, Francisco J. Luquero, Antoinette Ngandjio, Mireille Dosso, Elena Monakhova, Benoit Garin, Christiane Bouchier, Carlo Pazzani, Ankur Mutreja, Roland Grunow, Fati Sidikou, Laurence Bonte, Sébastien Breurec, Maria Damian, Berthe-Marie Njanpop-Lafourcade, Guillaume Sapriel, Anne-Laure Page, Monzer Hamze, Myriam Hens, Goutam Chowdhury, Martin Mengel, Jean-Louis Koeck, Jean-Michel Fournier, Gordon Dougan, Patrick A. D. Grimont, Julian Parkhill, Kathryn E. Holt, Renaud Piarroux, Thandavarayan Ramamurthy, Marie-Laure Quilici and Nicholas R. Thomson
Science 358 (6364), 785-789. DOI: 10.1126/science.aad5901

> Asia is the cradle of almost every cholera epidemic genome studies show

> UFR des Sciences de la Santé Simone Veil UVSQ

