

Année 2020

**ÉTUDE DE *CAMPYLOBACTER SPP.*
CHEZ LES ANIMAUX
DU PARC ZOOLOGIQUE DE PARIS**

THÈSE

pour obtenir le grade de

DOCTEUR VÉTÉRINAIRE

présentée et soutenue publiquement devant

LA FACULTÉ DE MÉDECINE DE CRÉTEIL

le 23 janvier 2020

par

Benjamin, Taë, François, Gabriel DROUET

Sous la co-direction de : **Henri-Jean BOULOUIS** et **Alexis LÉCU**

Président du jury :	Mme Hélène ROUARD	Professeur à la Faculté de Médecine de CRÉTEIL
1^{er} Assesseur :	M. Henri-Jean BOULOUIS	Professeur à l'EnvA
2nd Assesseur :	Mme Julie RIVIÈRE	Maître de Conférences à l'EnvA

Liste des membres du corps enseignant



Directeur : Pr Christophe Degueurce
 Directeur des formations : Pr Henry Chateau
 Directrice de la scolarité et de la vie étudiante : Dr Catherine Colmin
 Directeurs honoraires : MM. les Professeurs C. Pilet, B. Toma, A.-L. Parodi, R. Moraillon, J.-P. Cotard, J.-P. Mialot & M. Gogny

Département d'Élevage et de Pathologie des Équidés et des Carnivores (DEPEC) Chef du département : Pr Grandjean Dominique - Adjoint : Pr Blot Stéphane

<p>Unité pédagogique d'anesthésie, réanimation, urgences, soins intensifs</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Fernandez Parra Rocio, Maître de conférences associée - Pr Verwaerde Patrick* <p>Unité pédagogique de clinique équine</p> <ul style="list-style-type: none"> - Pr Audigé Fabrice - Dr Bertoni Léila, Maître de conférences - Dr Bourzac Céline, Chargée d'enseignement contractuelle - Dr Coudry Virginie, Praticien hospitalier - Pr Denoix Jean-Marie - Dr Giraudet Aude, Praticien hospitalier - Dr Herout Valentin, Chargé d'enseignement contractuel - Dr Jacquet Sandrine, Praticien hospitalier - Dr Mespoulhès-Rivière Céline, Praticien hospitalier* - Dr Moiroud Claire, Praticien hospitalier <p>Unité pédagogique de médecine et imagerie médicale</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Benchekroun Ghita, Maître de conférences - Pr Blot Stéphane* - Dr Canonne-Guibert Morgane, Maître de conférences - Dr Freiche-Legros Valérie, Praticien hospitalier - Dr Maurey-Guéneq Christelle, Maître de conférences 	<p>Unité pédagogique de médecine de l'élevage et du sport</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Cléro Delphine, Maître de conférences - Dr Fontbonne Alain, Maître de conférences - Pr Grandjean Dominique* - Dr Maenhoudt Cindy, Praticien hospitalier - Dr Nudelmann Nicolas, Maître de conférences <p>Unité pédagogique de pathologie chirurgicale</p> <ul style="list-style-type: none"> - Pr Fayolle Pascal - Dr Manassero Mathieu, Maître de conférences - Pr Viateau-Duval Véronique* <p>Discipline : cardiologie</p> <ul style="list-style-type: none"> - Pr Chetboul Valérie <p>Discipline : ophtalmologie</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Chahory Sabine, Maître de conférences <p>Discipline : nouveaux animaux de compagnie</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Pignon Charly, Praticien hospitalier
---	--

Département des Productions Animales et de Santé Publique (DPASP) Chef du département : Pr Millemann Yves - Adjoint : Pr Dufour Barbara

<p>Unité pédagogique d'hygiène, qualité et sécurité des aliments</p> <ul style="list-style-type: none"> - Pr Augustin Jean-Christophe* - Dr Bolnot François, Maître de conférences - Pr Cartier Vincent <p>Unité pédagogique de maladies règlementées, zoonoses et épidémiologie</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Crozet Guillaume, Chargé d'enseignement contractuel - Pr Dufour Barbara* - Pr Haddad/Hoang-Xuan Nadia - Dr Rivière Julie, Maître de conférences <p>Unité pédagogique de pathologie des animaux de production</p> <ul style="list-style-type: none"> - Pr Adjou Karim - Dr Belbis Guillaume, Maître de conférences* - Dr Delsart Maxime, Maître de conférences associé - Pr Millemann Yves - Dr Plassard Vincent, Praticien hospitalier - Dr Ravary-Plumioën Bérangère, Maître de conférences 	<p>Unité pédagogique de reproduction animale</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Constant Fabienne, Maître de conférences* - Dr Denis Marine, Chargée d'enseignement contractuelle - Dr Desbois Christophe, Maître de conférences (rattaché au DEPEC) - Dr Mauffré Vincent, Maître de conférences <p>Unité pédagogique de zootechnie, économie rurale</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Arné Pascal, Maître de conférences - Pr Bossé Philippe* - Dr De Paula Reis Alline, Maître de conférences - Pr Grimard-Ballif Bénédicte - Dr Leroy-Barassin Isabelle, Maître de conférences - Pr Ponter Andrew - Dr Wolgust Valérie, Praticien hospitalier
---	--

Département des Sciences Biologiques et Pharmaceutiques (DSBP) Chef du département : Pr Desquillet Loïc - Adjoint : Pr Pilot-Storck Fanny

<p>Unité pédagogique d'anatomie des animaux domestiques</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Boissady Emilie, Chargée d'enseignement contractuelle - Pr Chateau Henry - Pr Crevier-Denoix Nathalie - Pr Robert Céline* <p>Unité pédagogique de bactériologie, immunologie, virologie</p> <ul style="list-style-type: none"> - Pr Boulouis Henri-Jean - Pr Eloit Marc - Dr Lagrée Anne-Claire, Maître de conférences - Pr Le Poder Sophie - Dr Le Roux Delphine, Maître de conférences* <p>Unité pédagogique de biochimie, biologie clinique</p> <ul style="list-style-type: none"> - Pr Bellier Sylvain* - Dr Deshuillers Pierre, Chargé d'enseignement contractuel - Dr Lagrange Isabelle, Praticien hospitalier - Dr Michaux Jean-Michel, Maître de conférences <p>Unité pédagogique d'histologie, anatomie pathologique</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Cordonnier-Lefort Nathalie, Maître de conférences - Pr Fontaine Jean-Jacques - Dr Laloy Eve, Maître de conférences - Dr Reyes-Gomez Edouard, Maître de conférences* <p>Unité pédagogique de management, communication, outils scientifiques</p> <ul style="list-style-type: none"> - Mme Conan Muriel, Professeur certifié (Anglais) - Pr Desquillet Loïc, (Biostatistique, Epidémiologie) - Dr Marnagnac Geneviève, Maître de conférences* 	<p>Unité de parasitologie, maladies parasitaires, dermatologie</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Blaga Radu, Maître de conférences (rattaché au DPASP) - Dr Briand Amaury, Assistant d'Enseignement et de Recherche Contractuel (rattaché au DEPEC) - Dr Cochet-Faivre Noëlle, Praticien hospitalier (rattaché au DEPEC) - Pr Guillot Jacques* - Dr Polack Bruno, Maître de conférences - Dr Risco-Castillo Veronica, Maître de conférences <p>Unité pédagogique de pharmacie et toxicologie</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Kohlhauer Matthias, Maître de conférences - Dr Perrot Sébastien, Maître de conférences* - Pr Tissier Renaud <p>Unité pédagogique de physiologie, éthologie, génétique</p> <ul style="list-style-type: none"> - Dr Chevallier Lucie, Maître de conférences (Génétique) - Dr Crépeaux Guillemette, Maître de conférences (Physiologie, Pharmacologie) - Pr Gilbert Caroline (Ethologie) - Pr Pilot-Storck Fanny (Physiologie, Pharmacologie) - Pr Tiret Laurent (Physiologie, Pharmacologie)* <p>Discipline : éducation physique et sportive</p> <ul style="list-style-type: none"> - M. Philips Pascal, Professeur certifié
--	--

* responsable d'unité pédagogique

Professeurs émérites :

Mmes et MM. : Combrisson Hélène, Enriquez Brigitte, Panthier Jean-Jacques, Paragon Bernard.

Remerciements

Au Président du Jury de cette thèse, Professeur à la Faculté de Médecine de Créteil,
Pour m'avoir fait l'honneur d'accepter la présidence de ce jury de thèse,
Hommage respectueux.

À M. Henri-Jean BOULOUIS, Professeur à l'EnvA,
Pour m'avoir fait l'honneur de diriger cette thèse,
Sincères remerciements.

À M. Alexis LÉCU, Chef du service vétérinaire du Parc Zoologique de Paris
Pour m'avoir confié ce projet passionnant,
Mes remerciements les plus sincères.

À Mme Julie RIVIÈRE, Maître de conférences à l'EnvA,
Pour avoir accepté d'être mon assesseur, pour l'aide dans l'élaboration du protocole et de la détermination des objectifs, pour la relecture détaillée et la rigueur apportée à ce document,
Sincères remerciements.

À toute l'équipe du Parc Zoologique de Paris, et en particulier à Sylvie LAIDEBEURE, à Luca MORINO, à Delphine ROULLET, à Laurent BARTHELEMY, à Nathalie DOGNA, à Laëtitia REDON. Pour m'avoir permis d'obtenir les prélèvements dans les meilleures conditions et pour l'aide apportée.

À l'Association Française des Vétérinaires de Parcs Zoologiques, pour le soutien financier apporté.

À Mme Agnès CHAMOIN, et à toute l'équipe du Laboratoire Central des Services Vétérinaires de l'ANSES Alfort. Pour votre accueil chaleureux, pour m'avoir permis de faire les isolements dans les meilleures conditions.

À Mme Christelle GANDOIN, À Mme Corinne BOUILLIN, du laboratoire de bactériologie du Biopôle de l'EnvA. Pour m'avoir aidé pour l'identification de ces bactéries capricieuses !

À Mme Elisabeth REPERANT, À Mme Martine DENIS, du Laboratoire National de Référence Campylobacter de l'ANSES Ploufragan. Pour votre disponibilité et vos précieux conseils.

À M. Francis MÉGRAUD, À Mme Émilie BÉSSÈDE, et à toute l'équipe du Centre National de Référence des Campylobacters et Hélicobacters de Bordeaux. Pour m'avoir permis de visiter le CNR pendant quelques jours et comprendre les méthodes de bactériologie adaptée aux *Campylobacter*.

À toutes les personnes qui m'ont aidé et soutenu dans mes projets professionnels.

À toute l'équipe du Parc Zoologique et Botanique de Mulhouse, en particulier à Benoît, Brice, Tony, Marine et Mélanie. Pour tout ce que j'apprends à vos côtés. Merci !

*À toi mon papy, À mes grands-parents, À papou, je vous dédie cette thèse.
À ma grande et belle famille, À mes parents, À mes frères,
Car vous m'avez prouvé que l'Amour n'est pas une question de sang.
À Manue, Car je partage tout avec toi depuis 7 ans déjà.
À mes amis, Simplement, merci.*

Table des matières

Liste des figures	5
Liste des tableaux	7
Liste des abréviations	9
Introduction	11
Première partie : Synthèse bibliographique sur la campylobactériose et sur l'infection par <i>Campylobacter</i> de la faune sauvage	13
I. Les bactéries du genre <i>Campylobacter</i>	15
A. Généralités	15
1. Définition	15
2. Historique	16
3. Importance	18
B. Etude bactériologique	20
1. Taxonomie	20
2. Morphologie	21
3. Caractères culturels.....	22
4. Caractéristiques biochimiques	24
5. Survie	25
C. Propriétés antigéniques	27
1. Structure antigénique.....	27
2. Sérotypage.....	27
3. Test de détection ELISA	27
4. Vaccin	27
D. Pathogénie.....	28
1. Motilité et chimiotactisme	28
2. Adhésion et invasion	29
3. Toxines.....	29

II.	Étude clinique	30
A.	Formes cliniques chez l'Homme et l'animal	30
B.	Lésions	31
C.	Diagnostic	32
1.	Bactériologie.....	32
2.	Hématologie et biochimie	32
3.	Imagerie médicale	32
4.	Identification	32
D.	Traitement.....	33
E.	Prévention	33
III.	Épidémiologie.....	34
A.	<i>Campylobacter</i> chez l'Homme	34
1.	Épidémiologie descriptive	34
2.	Épidémiologie analytique	34
B.	Facteurs de risques du portage de <i>Campylobacter</i> par la faune sauvage	35
1.	Conditions extérieures, habitat.....	35
2.	Comportement alimentaire.....	37
3.	Facteurs biotiques	37
C.	Voies de transmission de <i>Campylobacter</i> dans la faune sauvage.....	38
D.	Liens entre les souches humaines de <i>Campylobacter</i> et les souches de la faune sauvage ..	39
IV.	Importance de <i>Campylobacter spp.</i> dans la faune sauvage.....	41
A.	Importance de <i>Campylobacter spp.</i> dans les parcs zoologiques.....	41
1.	Études rétrospectives.....	41
2.	Études prospectives.....	42
3.	Cas cliniques de campylobactériose en parcs zoologiques	44
4.	Précautions pour le transfert de PNH au regard de <i>Campylobacter</i> en parc zoologique .	44
B.	Importance de <i>Campylobacter spp.</i> dans la faune sauvage.....	45
1.	Chez les primates.....	45
2.	Chez les mammifères marins	48
3.	Chez les autres mammifères	49
4.	Chez les oiseaux.....	53
5.	Chez les reptiles.....	58
C.	<i>Arcobacter</i> et <i>Helicobacter</i> dans la faune sauvage	60

Deuxième partie : Étude expérimentale de <i>Campylobacter</i> chez les animaux du Parc Zoologique de Paris	63
I. Contexte et objectifs	65
II. Matériels et méthodes	66
A. Lieu de l'étude : Le Parc Zoologique de Paris.....	66
B. Prélèvements.....	66
1. Échantillonnage des animaux.....	66
2. Identification des prélèvements.....	67
3. Méthode de récolte des prélèvements.....	67
4. Transport au laboratoire	68
C. Isolement.....	68
1. Matériel	68
2. Protocole bactériologique	69
3. Lecture des géloses et congélation des souches isolées.....	71
D. Identification	71
III. Résultats	72
A. Prélèvements réalisés.....	72
B. Isolement.....	72
C. Prévalences de <i>Campylobacteraceae</i> chez les animaux du PZP	72
D. Prévalences de <i>Campylobacteraceae</i> chez les PNH	77
E. Répartition spatiale de <i>C. jejuni</i> chez les PNH.....	78
F. Espèces de <i>Campylobacteraceae</i> identifiées	79
IV. Discussion	80
A. Épidémiologie de <i>Campylobacter</i> chez les PNH du PZP	80
B. <i>Campylobacter</i> chez les oiseaux du PZP.....	80
C. <i>Campylobacter</i> non classiques chez les animaux du PZP.....	81
1. <i>Campylobacter upsaliensis</i> chez des grands hapalémurs	81
2. <i>Arcobacter butzleri</i> chez des babouins de Guinée	81
3. <i>Arcobacter</i> chez un tapir terrestre	81
4. <i>C. upsaliensis</i> chez une otarie à crinière.....	81
5. <i>C. fetus</i> et <i>Arcobacter</i> chez deux reptiles	81

D. Limites	82
1. Prélèvements.....	82
2. Culture	82
3. MALDI-TOF	83
E. Applications en parc zoologique	83
1. Amélioration des techniques de détection	83
2. Surveillance et prévention.....	84
3. Gestion du risque zoonotique	84
4. <i>Campylobacter</i> et Marmoset Wasting Disease	84
Conclusion	85
Liste des références bibliographiques	87
Annexes	101

Liste des figures

Figure 1 : Photographie d'une culture pure de <i>C. jejuni</i> en microscopie optique	15
Figure 2 : Photographie d'un <i>Campylobacter</i> isolé par McFadyean et Stockman	16
Figure 3 : Pyramide de la surveillance de maladies infectieuses et des causes de sous-déclaration ..	18
Figure 4 : Schéma de l'évolution d'une campylobactériose et calcul de l'EVCI	19
Figure 5 : Taxonomie interne des principales espèces du genre <i>Campylobacter</i>	20
Figure 6 : Taxonomie externe de <i>Campylobacter</i>	21
Figure 7 : Aspects macroscopiques de <i>Campylobacter</i> sur une gélose au sang	22
Figure 8 : Technique d'isolement de <i>Campylobacter</i> par filtration	23
Figure 9 : Technique d'isolement de <i>Campylobacter</i> par gélose sélective (lecture à 48h d'une gélose CASA®)	23
Figure 10 : Profil d'un <i>C. jejuni</i> d'après une galerie d'identification biochimique API-CAMPY®	24
Figure 11 : Structure moléculaire du flagelle de <i>Campylobacter</i> spp.	28
Figure 12 : Chronologie d'une infection à <i>Campylobacter</i>	31
Figure 13: Structure microscopique de la membrane de filtration	68
Figure 14 : Protocole bactériologique utilisé pour la recherche de <i>Campylobacter</i> chez les animaux du PZP	70
Figure 15 : Dépôt d'une suspension de matières fécales sur un filtre préalablement déposé sur une gélose au sang	71
Figure 16 : Répartition spatiale de <i>C. jejuni</i> chez les PNH du PZP	78
Figure 17 : Diversité macroscopique des <i>Campylobacter</i>	83

Liste des tableaux

Tableau 1 : Résultats de l'identification des <i>Campylobacter</i> chez les animaux du PZP	73
Tableau 2 : Prévalences de <i>Campylobacteraceae</i> chez les familles de PNH du PZP	77

Liste des abréviations

ADN	Acide désoxyribonucléique
AFLP	<i>Amplified fragment length polymorphism</i> (Polymorphisme de longueur des fragments amplifiés)
Anses	Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail
ARNr	Acide ribonucléique ribosomique
AVFPZ	Association Française des Vétérinaires de Parcs Zoologiques
CDC	<i>Center for Disease Control and Prevention</i> (Centre pour le contrôle et la prévention des maladies)
CDT	<i>Cytolethal distending toxin</i> (Toxine cytolétale distendante)
CFA	Gélose CampyFood Agar
CFU	<i>Colony-forming unit</i> (Unité formant colonie)
CHU	Centre Hospitalier Universitaire
CNRCH	Centre National de Référence des <i>Campylobacter</i> et <i>Helicobacter</i>
COS	Gélose Columbia + 5 % sang de mouton
DMSO	Diméthylsulfoxyde
ECVI	Espérance de vie corrigée de l'incapacité
ELISA	<i>Enzyme-linked immunosorbent assay</i> (Dosage d'immunoabsorption par enzyme liée)
EnvA	Étude Nationale Vétérinaire d'Alfort
FELASA	<i>Federation of European Laboratory Animal Science Associations</i> (Fédération Européenne des Associations pour la Science des Animaux de Laboratoire)
FERG	<i>Foodborne Disease Burden Epidemiology Reference Group</i> (Groupe de référence sur l'épidémiologie des maladies d'origine alimentaire)
HSP	<i>Heat shock protein</i> (Protéine de choc thermique)
LCSV	Laboratoire Central des Services Vétérinaires
LNR	Laboratoire National de Référence
LPSN	<i>List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature</i> (Liste approuvée des noms bactériens)

MALDI-TOF	<i>Matrix Assisted Laser Desorption Ionization - Time Of Flight</i> (Désorption-ionisation laser assistée par matrice -Temps de vol)
MLST	<i>Multi-Locus Sequence Typing</i> (Typage par séquençage Multilocus)
NCBI	<i>National Center for Biotechnology Information</i> (Centre américain pour les informations biotechnologiques)
OMS	Organisation Mondiale de la Santé
PBS	<i>Phosphate buffered saline</i> (Tampon phosphate salin)
PCR	<i>Polymerase Chain Reaction</i> (Réaction en chaîne par polymérase)
PNH	Primates non humains
PZP	Parc Zoologique de Paris
RAPD	<i>Random amplified polymorphic DNA</i> (Amplification aléatoire d'ADN polymorphe)
RFLP	<i>Restriction fragment length polymorphism</i> (Polymorphisme de longueur des fragments de restriction)
SSP	<i>Species Survival Plan</i> (Plan pour la survie des espèces)
UI	Unité Internationale
VBNC	<i>Viable But Not Culturable</i> (Viable mais non cultivable)
YLD	<i>Years Lived with Disability</i> (Années vécues avec un handicap)
YLL	<i>Years of Life Lost</i> (Années de vie perdues).
ZSL WZ	<i>Zoological Society of London Whipsnade zoo</i> (Zoo de Whipsnade de la Société zoologique de Londres)

Introduction

Les infections à *Campylobacter* sont la première cause de gastroentérite bactérienne chez l'Homme. *C. jejuni* et *C. coli* sont les deux agents les plus fréquemment retrouvés dans les cas de campylobactérioses humaines. Le réservoir principal de la maladie est constitué des volailles domestiques, et la transmission de la bactérie à l'Homme se fait majoritairement par la contamination des carcasses par les matières fécales lors de l'abattage puis ingestion.

L'étude des *Campylobacter* est très récente. En effet, il a fallu attendre de nouvelles techniques de culture microbiologique (atmosphère microaérophile, milieu sélectif, filtration ...) et de biologie moléculaire pour réussir à mettre en évidence en routine les *Campylobacter* dans les laboratoires de biologie médicale et vétérinaire.

De nombreux cas de diarrhées, parfois associées à une mortalité, ont été décrits chez des primates non humains (PNH) du Parc Zoologique de Paris (PZP), entre la réouverture du parc en 2014 et 2016. Les cultures bactériologiques et les coproscopies n'ont pas permis de mettre en évidence un agent pathogène bactérien ou parasitaire. Afin d'investiguer plus profondément l'hypothèse infectieuse des diarrhées, des analyses par Polymerase Chain Reaction (PCR) ont révélé la présence de *Campylobacter sp.* parmi les PNH qui présentaient une diarrhée chronique ou une mortalité, ainsi que chez d'autres PNH et d'autres mammifères sains.

Dans ce cadre, j'ai travaillé sur les *Campylobacter* de la faune sauvage captive, en prenant pour exemple les animaux du PZP. Ce projet comprend plusieurs parties. Le premier défi était d'isoler ces bactéries alors que les laboratoires de biologie vétérinaire n'avaient pas réussi. Le second objectif était d'identifier ces bactéries, alors que les *Campylobacter* de la faune sauvage ne sont pas encore bien étudiés, notamment les *Campylobacter* émergents. Enfin, un génotypage des souches isolées sera nécessaire pour mieux comprendre leurs caractéristiques épidémiologiques. Des antibiogrammes seront également réalisés.

Dans une première partie, une étude bibliographique de *Campylobacter* a été réalisée. Les généralités ont été rappelées brièvement, puis les propriétés bactériologiques, cliniques et épidémiologiques abordées. Nous avons également présenté une synthèse bibliographique de *Campylobacter* chez la faune sauvage, captive ou libre. Dans un second temps, nous avons décrit de façon exhaustive l'étude expérimentale de *Campylobacter* chez les animaux du PZP et discuté les résultats obtenus.

Première partie :
Synthèse bibliographique
sur la campylobactériose
et
sur l'infection par *Campylobacter*
de la faune sauvage

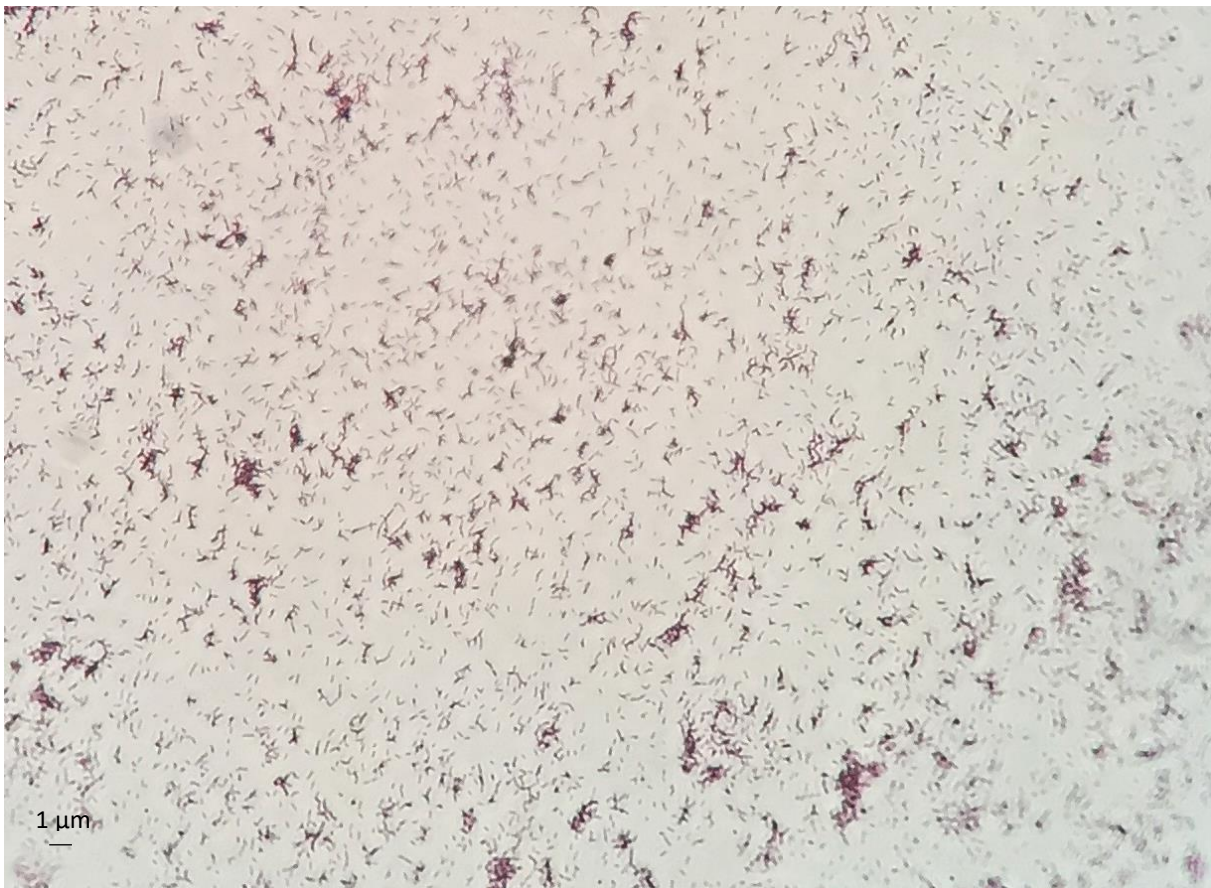
I. Les bactéries du genre *Campylobacter*

A. Généralités

1. Définition

La campylobactériose est une maladie infectieuse causée par les bactéries du genre *Campylobacter* (ANSES, 2016 ; CDC, 2017). C'est une maladie d'importance capitale chez l'Homme, car elle est la première étiologie de gastroentérite bactérienne humaine au niveau mondial (OMS, 2018). Son incidence annuelle est difficile à estimer (World Health Organization, 2013), mais semble se trouver autour entre 100 et 300 millions de cas par an à l'échelle mondiale (Kirk *et al.*, 2015). Les bactéries du genre *Campylobacter* sont des bactéries ayant une morphologie caractéristique, spiralée et de petite taille (figure 1).

Figure 1 : Photographie d'une culture pure de *C. jejuni* en microscopie optique (coloration de Gram, grossissement 400) (photographie personnelle).
C. jejuni est une bactérie Gram négative, dont la morphologie est spiralée à hélicoïdale.

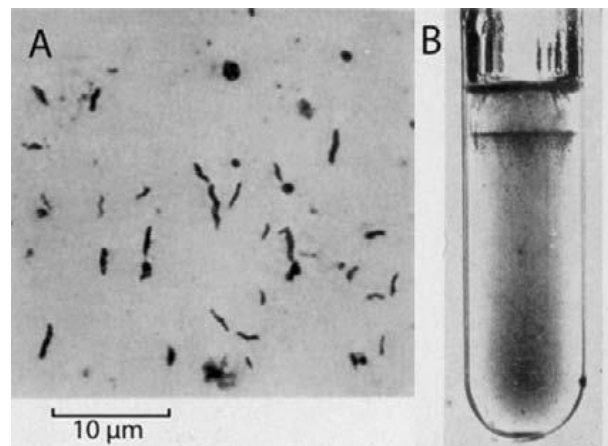


2. Historique

La première mention de *Campylobacter* daterait de 1886 (Escherich, 1886 ; Kist, 1986 ; Butzler, 2004). Thomas Escherich publia alors une série d'articles sur des bactéries spiralées présentes dans le colon et dans les selles d'enfants morts de « *Cholera infantum* » et de chatons. Ces bactéries n'étaient pas cultivables sur milieu solide, mais détectables par un examen direct en microscopie optique.

Le premier isolement de *Campylobacter* remonte au 2 février 1906 (Butzler, 2004 ; Skirrow, 2006). Les vétérinaires John McFadyean et Stewart Stockman étaient chargés d'enquêter sur une épizootie d'avortements chez des brebis, sur demande du *Board of Agriculture and Fisheries* (Conseil de l'Agriculture et des Pêches) du gouvernement britannique. Ils isolèrent une bactérie ressemblant à un vibron sur les avortons. La découverte fut fortuite car *Campylobacter* (« *Vibrio* ») nécessitait des conditions similaires à *Brucella abortus*, c'est-à-dire une atmosphère microaérophile (figure 2). Quelques années plus tard, Theobald Smith et Marian Taylor isolèrent une bactérie similaire, suite à des avortements de bovins aux Etats-Unis (Smith et Taylor, 1919 ; Butzler, 2004 ; Skirrow, 2006). Ils proposèrent alors le nom *Vibrio fetus*. Les premières mentions de diarrhées associées à des *Campylobacter* ont été décrites chez des veaux par Jones (1931) puis chez des porcs par Doyle (1944).

Figure 2 : Photographie d'un *Campylobacter* isolé par McFadyean et Stockman (d'après Skirrow, 2006)



A : *Campylobacter* en microscopie optique

B : Culture microaérophile (bande de croissance sous la surface)

Le premier *Campylobacter* isolé chez l'Homme a été décrit par Vinzent *et al.* (1947). Ils ont isolé « *Vibrio fetus* » dans le sang de trois femmes enceintes, dont deux ont avorté. En 1957, Elizabeth King émet l'hypothèse qu'il existe un lien entre les diarrhées et les vibrions qu'elle a isolé dans le sang de quatre humains (King, 1957 ; Butzler, 2004 ; Skirrow, 2006). En 1972, seulement 12 cas d'infections par *Campylobacter* chez l'Homme étaient recensés dans la littérature. En effet, la bactérie ne pouvait être isolée qu'à partir du sang des patients bactériémiques, car les techniques de culture sélective n'existaient pas encore (Butzler, 2004). Elizabeth King pensait que l'infection par *Campylobacter* chez l'Homme n'était pas si rare, et qu'il fallait inventer une méthode de détection pour la culture de ces organismes à partir de fèces.

En 1963, deux français ont proposé un nouveau nom pour le genre qu'ils découvrent en étudiant les teneurs en bases nucléiques de l'Acide DésoxyriboNucléique (ADN) sur les bactéries apparentées à *Vibrio* : *Campylobacter*, du grec « campylos » courbe (Sebald et Veron, 1963 ; Veron et Chatelain, 1973).

L'avancée majeure pour l'isolement des *Campylobacter* à partir de fèces a eu lieu au début des années 1970 (Dekeyser *et al.*, 1972 ; Butzler, 2004). Deux équipes ont développé en collaboration une technique innovante : Dekeyser au Laboratoire National de Recherches Vétérinaires de Bruxelles et Butzler au centre hospitalier universitaire (CHU) Saint-Pierre de Bruxelles. En 1968, une femme a été admise au CHU pour une diarrhée et une fièvre sévères. *C. jejuni* a été isolé à partir de son sang, puis de ses selles. Pour cela, ils ont dilué les selles dans bouillon liquide puis ils ont fait traverser le surnageant dans un filtre Millipore de 0,65µm. Le filtrat était alors appliqué sur une gélose au sang sélective, contenant 25 unités internationales (UI) de bacitracine, 10 UI de polymyxine B, 0,005mg de novobiocine et 0,05mg de cycloheximide par millilitre. La gélose était alors incubée à 37°C en atmosphère modifiée (appauvrie en O₂ et enrichie en CO₂) pendant trois jours. À partir de cette méthode révolutionnaire pour l'isolation de *Campylobacter*, *C. jejuni* ou *C. coli* ont ainsi pu être isolé chez 44/900 individus diarrhéiques et chez 13/1000 individus non diarrhéiques (Butzler *et al.*, 1973 ; Butzler, 2004). Ces auteurs ont également découvert la sensibilité particulière de ces bactéries à l'érythromycine (Butzler, 2004). En 1977, Skirrow a amélioré la technique en abandonnant le filtre et en utilisant une gélose sélective par l'ajout de vancomycine (10mg/L), polymyxine B (2,5 UI/mL) et triméthoprime (5 mg/L), avec une incubation à 43°C en atmosphère microaérophile à 5 % O₂, 10 % CO₂ et 85 % N₂.

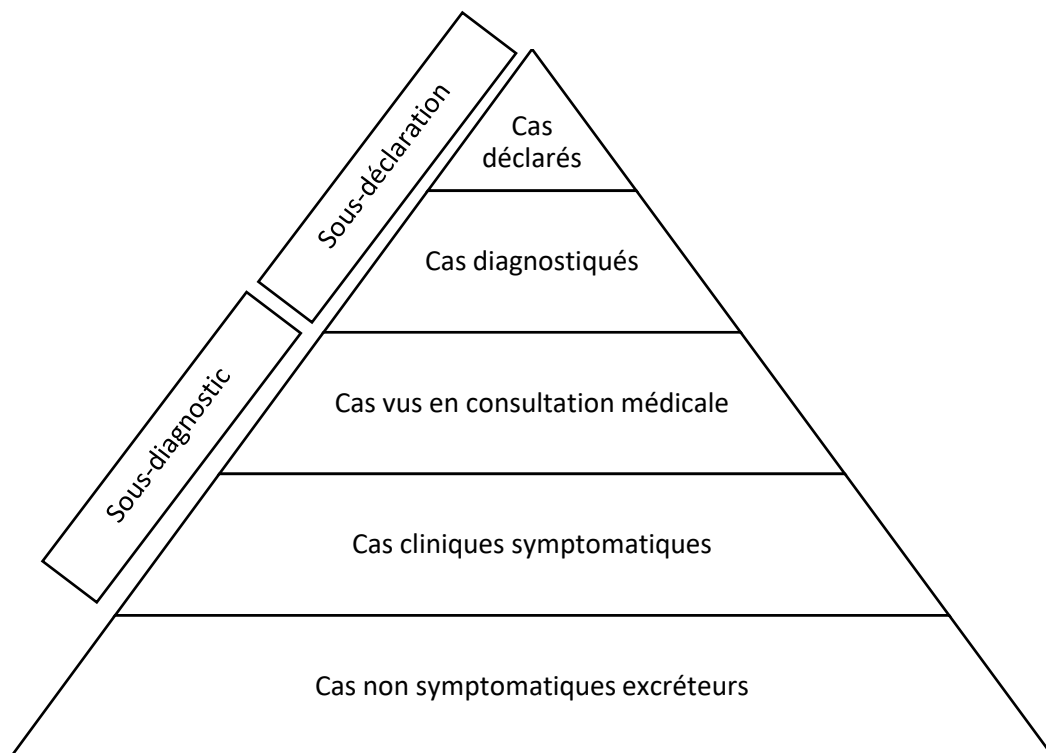
C'est seulement au milieu des années 1980 que les *Campylobacter* ont été reconnus comme l'une des causes les plus fréquentes d'entérites bactériennes chez l'Homme, et qu'ils ont été isolé de différentes sources, c'est-à-dire humaine, animale et environnementale (Butzler, 2004 ; Vandamme *et al.*, 2008).

3. Importance

Les bactéries du genre *Campylobacter*, en particulier *C. jejuni* et *C. coli*, sont une cause majeure et mondiale d'entérites chez l'Homme (OMS, 2018). La campylobactériose est notamment la zoonose la plus déclarée en Europe. Au total, 214 779 cas de campylobactériose étaient recensés en Europe en 2013, contre 82 694 cas de salmonelloses (EFSA et ECDPC, 2015). La maladie a été décrite dans toutes les régions du monde avec des incidences élevées (Kaakoush *et al.*, 2015).

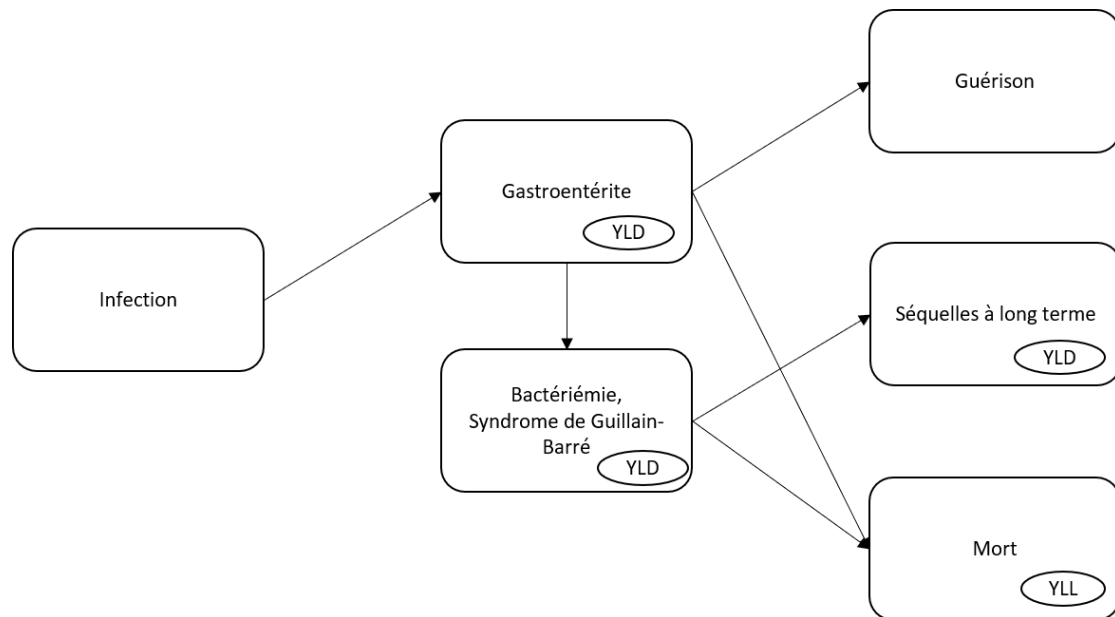
Il est cependant difficile de connaître les chiffres réels de l'incidence de la campylobactériose dans le monde (World Health Organization, 2013). En effet, ces chiffres varient considérablement pour une même région. Ces variations peuvent s'expliquer par des raisons liées aux conceptions des études (différences de sensibilité de la méthode de détection, de population étudiée, d'échelle de l'étude) ou liées aux pratiques locales de lutte contre la bactérie (Kaakoush *et al.*, 2015). Notamment, les études dans les pays en voie de développement sont plus souvent des études fondées sur des cohortes (souvent des enfants de moins de cinq ans), alors que les études dans les pays développés sont plus souvent des études fondées sur la population (World Health Organization, 2013). Par exemple, plusieurs pays dont la France ne font pas de déclaration obligatoire pour *Campylobacter* (figure 3).

Figure 3 : Pyramide de la surveillance de maladies infectieuses et des causes de sous-déclaration
D'après van Cauteren (2017) et Mølbak et Havelaar (2008)



L'importance de la maladie peut être estimée en mesurant l'espérance de vie corrigée de l'incapacité, EVCI, ou *Disability Adjusted Life Years*, DALY en anglais (Mølbak et Havelaar, 2008). L'EVCI correspond à la somme des années vécues avec un handicap (*Years Lived with Disability* ou YLD) et des années de vie perdues (*Years of Life Lost* ou YLL). Pour une campylobactériose, les YLD correspondent aux années vécues avec une gastroentérite, des complications ou des séquelles à long terme, tandis que les YLL correspondent aux années de vie perdues en cas de mort précoce liée à la maladie (fig. 4).

Figure 4 : Schéma de l'évolution d'une campylobactériose et calcul de l'EVCI (d'après Mølbak et Havelaar, 2008)



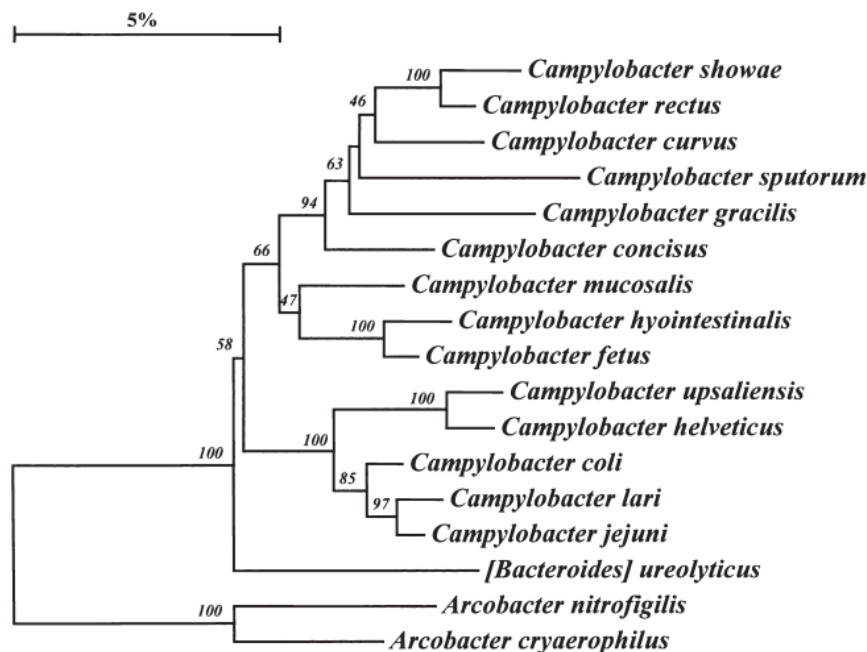
Une étude du groupe de référence sur l'épidémiologie des maladies d'origine alimentaire (FERG) établi par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) en 2010 a permis de connaître pour la première fois le poids mondial des 22 principales maladies d'origine alimentaire, dont *Campylobacter spp.* (Kirk *et al.*, 2015). Ils ont ainsi estimé, au niveau mondial et par an, environ 166 millions de cas de campylobactériose et environ 37 000 morts liés à cette maladie. Par ailleurs, 58 % des cas de campylobactériose seraient d'origine alimentaire d'après cette étude. Le poids estimé de la campylobactériose est important principalement à cause du syndrome de Guillain-Barré et est d'environ 3,7 millions d'années de vie en bonne santé perdues au niveau mondial. La campylobactériose à *Campylobacter spp.* est ainsi l'une des dix maladies les plus importantes en terme de poids de maladie, comme les norovirus, les *Salmonella* typhiques et non typhiques, les *E. coli* entéropathogènes et entérotoxigènes, les *Vibrio cholerae* et les *Shigella spp* (Kirk *et al.*, 2015). Cependant, le poids des campylobactérioses est sous-estimé car l'infection par des *Campylobacter* autres que *C. jejuni* ou *C. coli* est vraisemblablement sous-déclarée (figure 3) (Platts-Mills et Kosek, 2014 ; François *et al.*, 2018).

B. Etude bactériologique

1. Taxonomie

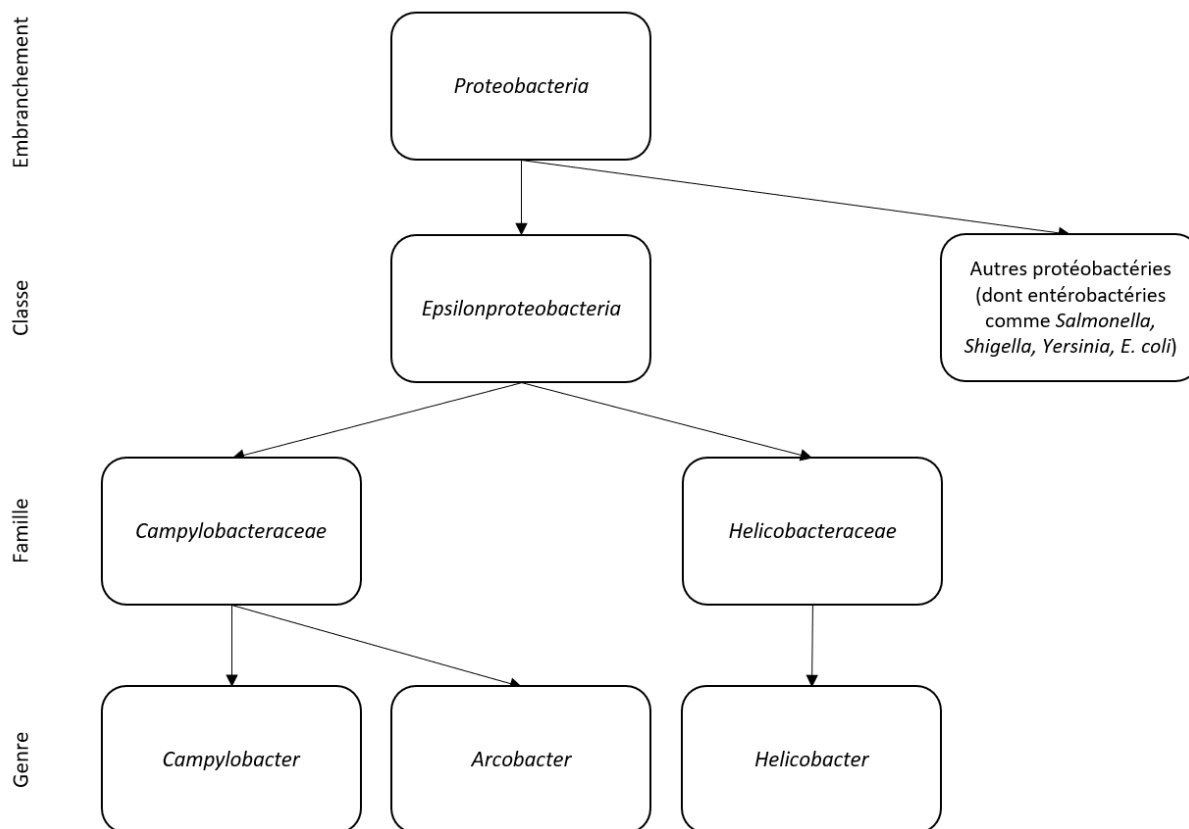
Le genre *Campylobacter* a été décrit par Sébald et Veron en 1963 (Vandamme *et al.*, 2015). Au total, 35 espèces sont décrites en 2019 selon le site du centre américain pour les informations biotechnologiques (NCBI) et de la liste approuvée des noms bactériens (LPSN, 2019 ; NCBI, 2019), dont 16 ont été validées (Vandamme *et al.*, 2015). La taxonomie est présentée sur la figure 5. Le genre contient plusieurs sous-groupes d'espèces dont celui des *Campylobacter* thermotolérants, composé de *C. jejuni*, *C. lari*, *C. coli*, *C. upsaliensis*, et *C. helveticus* (Vandamme *et al.*, 2015). *C. fetus* et *C. hyointestinalis* forment aussi un groupe. Les autres espèces ne sont pas très proches phylogénétiquement et sont dépendantes d'hydrogène.

Figure 5 : Taxonomie interne des principales espèces du genre *Campylobacter* (d'après Vandamme *et al.*, 2015)



Le genre *Campylobacter* fait partie de la classe des *Epsilonproteobacteria*. Cette classe a été définie sur la base de l'analyse de l'acide ribonucléique ribosomique (ARNr) 16S (Vandamme *et al.*, 2015). Waite *et al.* (2017) pensent que les *Epsilonproteobacteria* forment une classe à part, en dehors du taxon des Protéobactéries, sur la base de nouvelles analyses génomiques. Parmi les *Epsilonproteobacteria*, on trouve l'ordre des *Campylobacterales* composé des deux familles *Campylobacteraceae* (comprenant *Campylobacter* et *Arcobacter*) et *Helicobacteraceae* (comprenant *Helicobacter*) (Vandamme *et al.*, 2015).

Figure 6 : Taxonomie externe de *Campylobacter* (schéma adapté de Waite *et al.* (2017) et de NCBI (2019))



2. Morphologie

Les bactéries du genre *Campylobacter* sont des bacilles Gram négatif, incurvées ou spiralés, minces, dont la taille est de 0,2 - 0,8 µm de large et 0,5 - 5 µm de long (Vandamme *et al.*, 2015). Il peut y avoir une ou plusieurs spirales. Lorsque deux cellules sont liées, elles prennent une forme en S caractéristique appelée « en vol de mouette ». Elles ne forment pas de spores. Les bactéries dans les cultures âgées peuvent prendre des formes coccoïdes. Elles possèdent un flagelle polaire sur un ou deux pôles de la cellule. La plupart de ces bactéries sont motiles avec un déplacement caractéristique rapide dit « en tire-bouchon » ou « en vol de moucheron ».

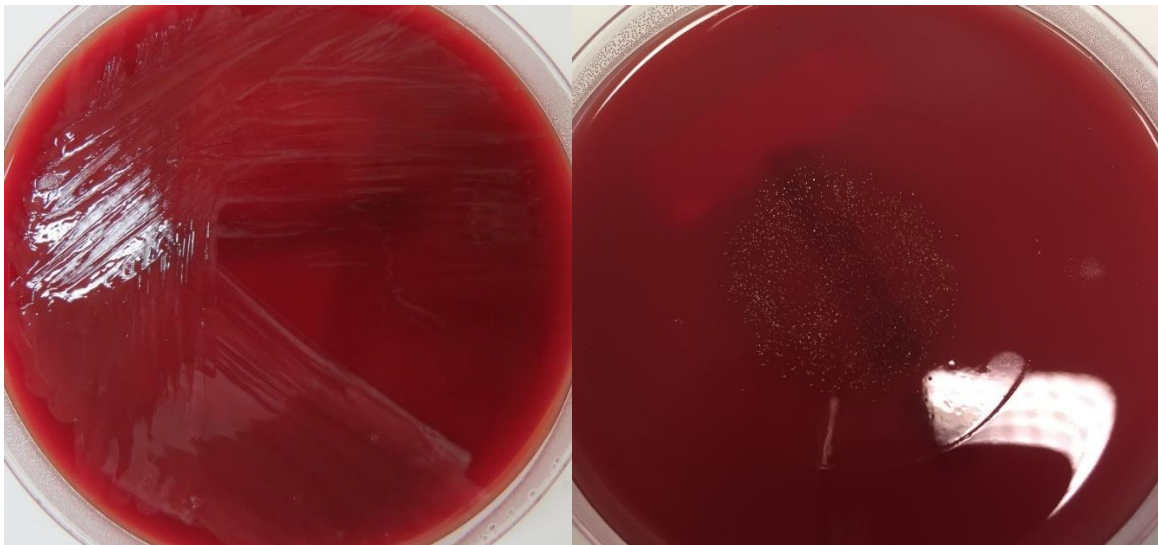
Il existe cependant une grande diversité de morphologies au sein de ce genre. Certains *Campylobacter* n'ont pas la morphologie typique (Man, 2011) : non motile (*C. gracilis*), avec de multiples flagelles (*C. showae*), sans flagelle et en forme de bâtonnet (*C. hominis*, *C. ureolyticus*). Un nombre différent de flagelles peut être observé dans une même culture chez *C. hyointestinalis*.

3. Caractères cultureux

Les bactéries du genre *Campylobacter* ont un métabolisme de type respiratoire (Vandamme *et al.*, 2015). Elles ont besoin d'une atmosphère microaérophile, c'est-à-dire d'une concentration d'O₂ entre 3 et 15 % et d'une concentration en CO₂ de 35 %. Certaines espèces nécessitent une anaérobiose pour une croissance optimale et peuvent croître en microaérophilie en présence d'hydrogène ou de formiate. Elles peuvent croître à 35-37°C mais pas à 4°C. La présence de sang ou de sérum stimule la croissance, mais n'est pas nécessaire (Vandamme *et al.*, 2015).

Plusieurs types de colonies sont observables sur gélose (Vandamme *et al.*, 2015). Pour *C. jejuni*, il existe deux types de colonies (figure 7). La première est basse, plate, grisâtre, finement granuleuse et d'apparence translucide avec des bords irréguliers, avec une tendance à former des nuées. La seconde est ronde, de 1 à 2 mm de diamètre, élevée, convexe, lisse, brillante avec un bord complet et translucide et un centre plus sombre et opaque. L'activité hémolytique est peu fréquente.

Figure 7 : Aspects macroscopiques de *Campylobacter* sur une gélose au sang (photographie personnelle)
Gauche : aspect en colonies coalescentes. Droite : aspect en colonies isolées.



Plusieurs protocoles existent pour l'isolement des *Campylobacter* (Man, 2011 ; Vandamme *et al.*, 2015). Il existe deux principales méthodes. La première méthode implique la filtration des bactéries à travers une membrane de filtration dont les pores font 0,45, 0,65 ou 0,8 μm de diamètre (figure 8). Cette méthode repose sur le fait que les *Campylobacter* sont de petites bactéries et sont motiles. Puis, l'isolement se réalise sur une gélose Columbia (COS). La seconde méthode repose sur l'utilisation d'une gélose sélective. De nombreuses géloses sélectives ont été décrites pour l'isolement des *Campylobacter* : géloses de Skirrow, Butzler, Preston, mCCDA et Karmali (Corry *et al.*, 1995). Une

température de 42-43°C augmente la sélectivité en permettant l'élimination des autres bactéries intestinales, mais elle augmente aussi la sélectivité pour les *Campylobacter*. Il n'y a toutefois pas de gold standard pour l'isolement des *Campylobacter*. L'utilisation des deux méthodes simultanément est considérée comme la solution optimale (Vandamme *et al.*, 2015). Cependant, pour l'isolement de *C. jejuni* ou *C. coli*, une gélose sélective en atmosphère microaérophile est une méthode satisfaisante (norme ISO 10272-1:2017).

La culture des *Campylobacter* peut se faire à partir d'un très faible nombre de bactéries, autour de 10 à 100 CFU/ml (Hazeleger *et al.*, 2018).

Figure 8 : Technique d'isolement de *Campylobacter* par filtration (photographie personnelle)
Gauche : Dépôt. Droite : Lecture des résultats à 48h.

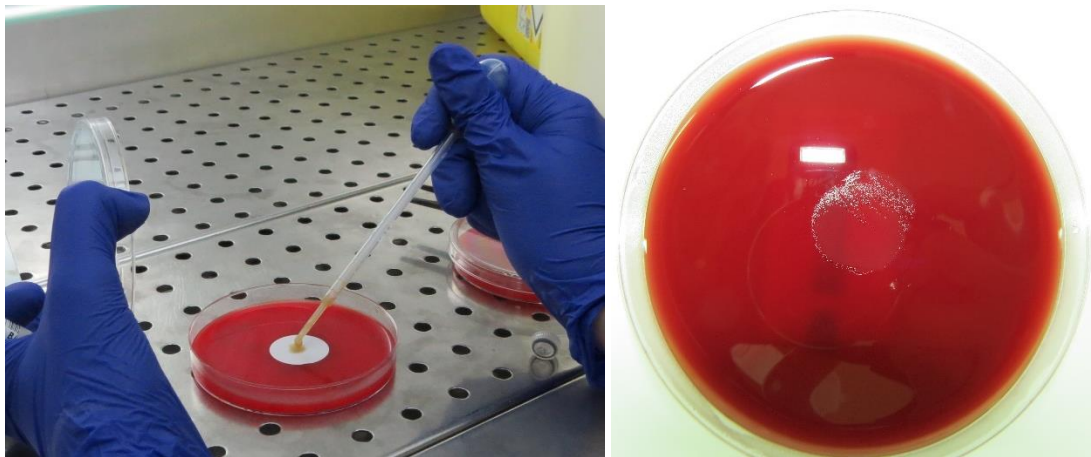


Figure 9 : Technique d'isolement de *Campylobacter* par gélose sélective (lecture à 48h d'une gélose CASA®)
(Source : bioMérieux)



4. Caractéristiques biochimiques

Les bactéries du genre *Campylobacter* sont chimioorganotrophes (Vandamme *et al.*, 2015). L'énergie est extraite de la dégradation des acides aminés ou des intermédiaires du cycle de l'acide tricarboxylique. Elles ne peuvent pas dégrader les glucides, et elles ne peuvent pas hydrolyser la gélatine, la caséine, l'amidon et la tyrosine. Elles sont négatives pour le test du rouge de méthyle et à la réaction de Voges-Proskauer. Une activité oxydase est présente chez la quasi-totalité des espèces. Une activité arylsulfatase est présente chez quelques espèces, mais pas la lipase ou la lécithinase. La plupart des espèces réduisent le nitrate. Aucun pigment n'est produit.

L'identification conventionnelle des *Campylobacter* thermotolérants repose sur les critères suivants (Huysmans *et al.*, 1995 ; Lehours, 2005 ; Lastovica, 2006) : ce sont des bacilles incurvés Gram négatif, avec une morphologie sur gélose caractéristique, catalase positive, oxydase positive, uréase négative et poussant à 42°C. *C. jejuni* et *C. coli* sont naturellement résistant à la céphalotine et sensible à l'acide nalidixique. Seul *C. jejuni* donne un résultat positif au test de l'hydrolyse de l'hippurate. La galerie API-CAMPY® est une galerie d'identification sur la base de caractères biochimiques qui a été mise au point par bioMérieux en collaboration avec le Centre National de Référence des *Campylobacters* et *Helicobacters* (CNRCH) (figure 10).

Figure 10 : Profil d'un *C. jejuni* d'après une galerie d'identification biochimique API-CAMPY®.
© Pascal Fraperie (microbiologiemedicale.fr)



L'identification par méthode biochimique peut néanmoins s'avérer difficile, notamment pour les *Campylobacter* non classiques (On *et al.*, 1996). Une étude a montré l'incapacité des méthodes phénotypiques à identifier les *Campylobacter* des éléphants de mer du Nord (*Mirounga angustirostris*) (Stoddard *et al.*, 2007). Une table d'identification a été développée par Lastovica (2006) afin d'identifier les « *Campylobacter* émergents » sur des critères biochimiques simples (indoxylacétate, hippurate, aryl sulfatase ...).

5. Survie

a. Stockage

Les *Campylobacter* peuvent être stockés pendant plusieurs années par lyophilisation, par congélation à -80°C ou par stockage dans l'azote liquide (Vandamme *et al.*, 2015). Des agents cryoprotecteurs comme le diméthylsulfoxyde (DMSO) ou du glycérol à 10 %, et des concentrations en bactéries suffisantes doivent être utilisés.

b. Mécanismes de survie

Les *Campylobacter* pourraient entrer dans une forme viable mais non cultivable (VBNC), quand les conditions du milieu sont défavorables (Bronowski *et al.*, 2014 ; Smith *et al.*, 2016). Il s'agit d'une hypothèse encore très controversée (Murphy *et al.*, 2006 ; Smith *et al.*, 2016). Lorsque les bactéries entrent en VBNC, elles perdraient la capacité à former des colonies sur gélose, mais seraient toujours viables et se transformeraient d'une forme motile et spiralée à une forme coccoïde, plus petite. Dans cet état, la cellule serait capable de survivre et de retourner à l'état initial, ce qui expliquerait que *C. jejuni* peut survivre pendant sept mois dans du tampon phosphate salin (PBS) à 4°C.

La capacité de *Campylobacter* à former des biofilms lui permet de se protéger du stress oxydatif (Bronowski *et al.*, 2014). Ces bactéries peuvent ainsi survivre une semaine à 10°C en conditions atmosphérique naturelle. Il a été observé que *C. jejuni* formait un biofilm sur des tissus iléaux humains (Man, 2011). De nombreuses espèces de *Campylobacter* peuvent former des biofilms sur différents supports tels que du verre, de l'acier, du polystyrène (Man, 2011). Certaines espèces comme *C. rectus* participeraient à la formation de la plaque dentaire, un biofilm, et auraient ainsi un rôle dans la périodontite (Man, 2011 ; Kaakoush *et al.*, 2015).

D'autres mécanismes de survie sont connus chez *Campylobacter*. *C. jejuni* possède des protéines de choc thermiques (HSP), notamment DnaJ, dont on suppose qu'elles ont un rôle *in vivo* (Murphy *et al.*, 2006). Les *Campylobacter* possèdent aussi des systèmes de régulation de transduction du signal, dont six histidine kinase et neuf régulateurs de réponse potentiels (Murphy *et al.*, 2006). Enfin, le mécanisme de communication bactérien, appelé *quorum sensing*, a été démontré chez *C. jejuni* (Elvers et Park, 2002).

c. Sensibilité aux stress environnementaux

Les *Campylobacter* sont sensibles au stress oxydatif induit par le dioxygène et les espèces réactives de l'oxygène (Bronowski *et al.*, 2014). Il a été montré que ces bactéries se défendent contre le stress oxydatif grâce à la catalase katA et à la superoxyde dismutase SodB, mais ne possèdent pas de SodA (Murphy *et al.*, 2006 ; Bronowski *et al.*, 2014).

Les *Campylobacter* sont en général reconnus pour être sensibles au forte température (Murphy *et al.*, 2006). Garénaux *et al.* (2008) ont montré que *C. jejuni* était plus sensible au stress oxydatif à 42°C et plus résistant à 4°C ; Blaser (1980) a également montré une meilleure survie à 4°C dans plusieurs milieux biologiques.

Les *Campylobacter* sont très sensibles à la dessiccation (Murphy *et al.*, 2006). Au contraire, il a été montré que *Campylobacter* peut survivre dans l'eau pendant plusieurs jours (Bronowski *et al.*, 2014). De nombreuses études ont montré la présence de *Campylobacter* dans les eaux environnementales (Abulreesh *et al.*, 2006 ; Pitkänen, 2013 ; Kim *et al.*, 2016 ; Mughini-Gras *et al.*, 2016). La survie est meilleure à des températures faibles (10-16°C) (Bronowski *et al.*, 2014). Plusieurs études ont montré que la prévalence de *Campylobacter* dans fèces fraîches d'animaux était plus forte que dans des fèces sèches (Abdollahpour *et al.*, 2015). *Campylobacter* peut survivre entre 2 et 14 jours dans les fèces de mouton, d'oie ou de cheval, avec un meilleur taux de survie à 10-20°C et lors fortes pluies (Smith *et al.*, 2016).

Les *Campylobacter* sont plus sensibles aux radiations ultraviolettes que les *E. coli*. Une protéine produite lors de stress, la RecA, qui est une protéine impliquée dans la réparation de l'ADN, pourrait participer à une meilleure résistance aux UV (Murphy *et al.*, 2006).

Le pH optimal de croissance de *Campylobacter* est compris entre 6,5 et 7,5, bien que toutes les souches poussent entre 5,5 et 8,0 (Murphy *et al.*, 2006).

d. Sensibilité aux agents chimiques

Les concentrations standards de désinfectants recommandées sont adaptées pour détruire *C. jejuni* : eau de Javel à 5,25 %, povidone iodée à 1 %, éthanol à 70 %, ammonium quaternaire (Wang *et al.*, 1983). Les procédures de désinfection classiques à base de chlore pour le traitement des eaux de boisson sont également adaptées pour éliminer *C. jejuni* (Blaser *et al.*, 1986).

C. Propriétés antigéniques

1. Structure antigénique

Deux classes d'antigènes ont été décrites chez *C. jejuni* (Vandamme *et al.*, 2015) : les antigènes thermostables et les thermolabiles. Les antigènes thermostables sont généralement reconnus comme étant liés au lipopolysaccharide, et les antigènes thermolabiles liés au flagelle.

Des variations des protéines du flagelle peuvent permettre un échappement à la réponse immunitaire de l'hôte (Vandamme *et al.*, 2015). Des recombinaisons des gènes codant ces protéines peuvent augmenter le répertoire immunogénique d'une souche.

2. Sérotypage

Le génome de *Campylobacter* a une grande plasticité, par rapport à d'autres bactéries entéropathogènes. C'est pourquoi aucune méthode ne remplit tous les critères de typage pour *Campylobacter*, c'est-à-dire discrimination, typabilité, reproductibilité et répétabilité (McKay *et al.*, 2001).

3. Test de détection ELISA

Un test de détection des antigènes de *Campylobacter* par méthode de dosage immuno-enzymatique sur support solide (ELISA) a été développé (Giltner *et al.*, 2013). Il a montré une faible valeur prédictive positive (42 %) lors de test de diagnostic de routine. Les tests de détection des antigènes sur fèces ne sont pas sensibles ni spécifiques (Fitzgerald *et al.*, 2008).

4. Vaccin

Des vaccins ont été développés contre *Campylobacter* chez la volaille (Łaniewski *et al.*, 2014 ; Singh *et al.*, 2019). Cependant, leur efficacité reste très limitée et peu d'études ont prouvé leur efficacité (Kaakoush *et al.*, 2015).

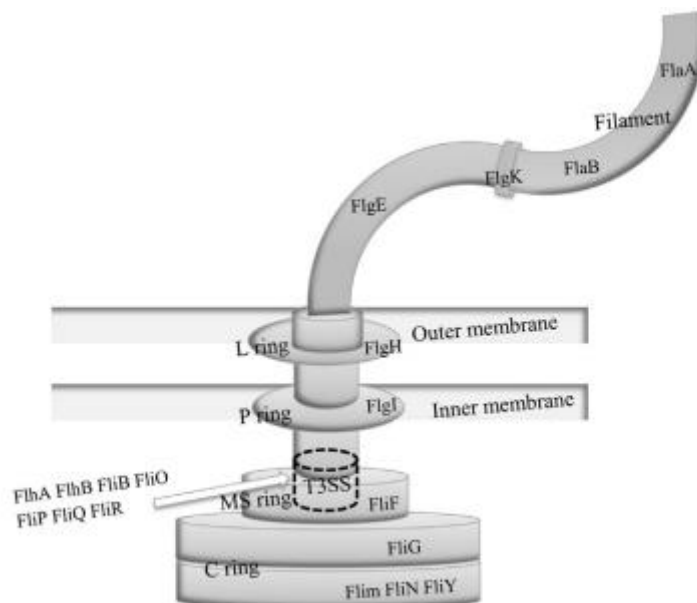
D. Pathogénie

1. Motilité et chimiotactisme

La motilité de *C. jejuni* est assurée par un flagelle polaire composé de flagelline O-glycosylée (Dasti *et al.*, 2010 ; Bolton, 2015). Le flagelle est composé d'un corps basal et d'un filament extracellulaire. Le corps basal comprend une base incorporée dans la membrane interne et le cytoplasme, une barre périplasmique associée à un anneau, et ainsi qu'un crochet en surface. Le filament extracellulaire est un polymère de flagelline FlaA et FlaB. Le gène flaA est très conservé dans le genre *Campylobacter*.

Ce flagelle est essentiel pour la colonisation de l'intestin (Dasti *et al.*, 2010 ; Bolton, 2015). En effet, le flagelle en forme de crochet et la forme de la bactérie en hélice lui confère son mouvement caractéristique en tire-bouchon. Cela permet à la cellule de se mouvoir dans des substances visqueuses telles que le mucus intestinal. Ce flagelle serait également le support d'un système de sécrétion de type 3, c'est-à-dire qu'il permettrait le transport de facteurs d'invasion au sein du cytoplasme de la cellule hôte.

Figure 11 : Structure moléculaire du flagelle de *Campylobacter spp.* d'après Bolton (2015)



Le chimiotactisme est régulé par de nombreuses protéines (Bolton, 2015). *C. jejuni* utiliserait le chimiotactisme pour localiser des sites de colonisation préférentiels tels que les cryptes des *caeca* chez les oiseaux. Les molécules chimioattractrices sont les mucines et glycoprotéines, constituant du mucus. Il a été montré que ces sites sont colonisés 24h après ingestion.

2. Adhésion et invasion

L'adhésion de *Campylobacter* aux cellules épithéliales gastrointestinales est nécessaire pour la colonisation (Dasti *et al.*, 2010 ; Bolton, 2015). De nombreux facteurs d'adhésion sont connus chez *C. jejuni*, comme la protéine CadF, la protéine CapA ou la phospholipase A (pldA). Le gène cadF est très conservé et code une protéine CadF permettant l'attachement à la fibronectine. Cet attachement à la fibronectine provoque l'internalisation de la bactérie.

3. Toxines

Campylobacter produit plusieurs toxines dont la toxine cytolétale distendante ou CDT (Bolton, 2015). Cette toxine est produite par de nombreuses bactéries Gram négatif. Elle est composée de trois sous-unités cdtA, cdtB et cdtC. La CDT entre dans le noyau de la cellule hôte et bloque l'entrée en mitose. Ainsi, elle provoque la mort cellulaire par distension de la cellule.

Les lipooligosaccharides produits par le flagelle sont impliqués dans les syndromes de Guillain-Barré et de Miller-Fisher.

II. Étude clinique

A. Formes cliniques chez l'Homme et l'animal

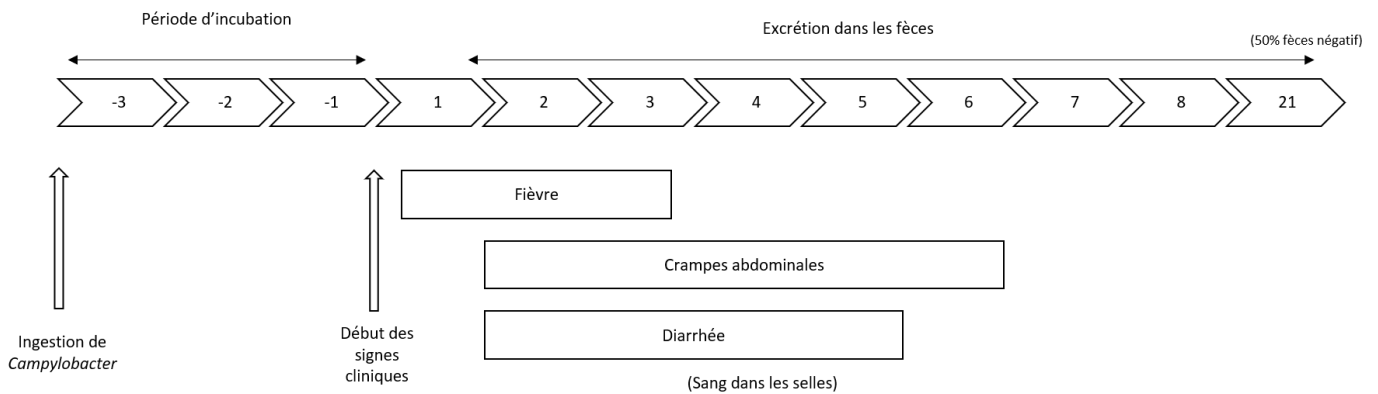
La campylobactériose est une entérite due à une infection par *Campylobacter*, qui se manifeste par une maladie diarrhéique aiguë et dont le tableau clinique est similaire à celui d'une salmonellose ou d'une shigellose (Blaser et Engberg, 2008). L'infection par *C. jejuni* est indistinguable de l'infection par *C. coli*. De nombreuses autres espèces de *Campylobacter* provoquent aussi des entérites. La plupart des cas sont discrets à modérés et ne nécessitent pas d'avis médicaux. Les signes cliniques très fréquents sont la diarrhée (84 %) et la douleur abdominale (79 %) (Blaser et Engberg, 2008). Les signes cliniques fréquents sont la fièvre (50 %), la myalgie (42 %) et les maux de tête (41 %) (Blaser et Engberg, 2008). Les signes cliniques rares sont les vomissements (15 %) et la présence de sang dans les selles (15 %) (Blaser et Engberg, 2008). Le taux d'hospitalisation se situe autour de 5 à 10% (Blaser et Engberg, 2008).

La dose infectante de *C. jejuni* est faible. Des études sur des volontaires humains ont montré qu'une dose de 500 bactéries pouvait induire une infection chez l'Homme (Kaakoush *et al.*, 2015). Des modèles mathématiques ont prédit que la dose 9×10^4 CFU/mL a le plus haut ratio maladie/infection.

La durée d'incubation moyenne de l'entérite à *Campylobacter* est de 3,2 jours, avec un intervalle allant de 1 à 7 jours (Blaser et Engberg, 2008). Cette durée est plus longue que pour les autres infections intestinales telles que les salmonelloses.

Le début de la maladie est souvent brusque, avec des crampes abdominales rapidement suivies de diarrhée (Blaser et Engberg, 2008). Environ 30 % des malades ont un syndrome fébrile non spécifique. Ces prodromes peuvent être très trompeurs, car malgré les signes cliniques généraux, les signes cliniques abdominaux peuvent être absents durant deux à trois jours. Dans un second temps, la phase diarrhéique se manifeste par une diarrhée d'origine intestinale : elle est profuse, aqueuse, parfois teintée de bile. Du sang en nature peut apparaître dans les selles après un à deux jours de diarrhée, et indique une progression de l'infection vers le colon. Après trois à quatre jours de diarrhée en moyenne, la diarrhée diminue et la condition générale du patient est meilleure. La douleur abdominale s'estompe au bout de six jours. Des rechutes sont possibles si le patient remange trop vite et en trop grande quantité. Une perte de poids allant jusqu'à cinq kilogrammes est parfois observée. Les patients continuent d'excréter la bactérie pendant plusieurs semaines.

Figure 12 : Chronologie d'une infection à *Campylobacter*, d'après Blaser et Engberg (2008)



De nombreuses complications sont possibles (Blaser et Engberg, 2008 ; Kaakoush *et al.*, 2015). Il peut y avoir des complications gastrointestinales telles qu'une appendicite et une colite. Des études suggéreraient le lien entre *Campylobacter* et des maladies telles que la maladie inflammatoire chronique de l'intestin, les maladies de l'œsophage, la maladie parodontale, les troubles gastrointestinaux fonctionnels, la maladie cœliaque, la cholécystite et le cancer du côlon. Les autres espèces de *Campylobacter* peuvent provoquer différentes manifestations cliniques tels que septicémie, abcédation, infection génitale, *etc* (Lastovica, 2006 ; Allos et Lastovica, 2008 ; Man, 2011).

B. Lésions

La principale lésion histologique lors d'entérite à *Campylobacter* est une entérite inflammatoire aiguë, pouvant s'étendre au colon et au rectum. Chez les patients dont l'infection est suffisamment sévère, une inflammation du gros intestin (colon) est observée dans la majorité des cas. Ainsi, le nom *C. jejuni* peut être trompeur car la campylobactériose est principalement due à une inflammation du colon. Une iléite terminale et appendicite avec adénite mésentérique sont parfois observées selon l'extension de l'infection. On observe des lésions focales et segmentaires, un œdème de la muqueuse, une infiltration par des polynucléaires neutrophiles, avec une architecture des cryptes préservée et des abcès des cryptes (Blaser, 2008). Dans les cas les plus sévères, on peut observer une ulcération de la muqueuse intestinale, des cellules avec des noyaux pyknotiques avec une chromatine dense (Russell *et al.*, 1993). Des bactéries peuvent être trouvées dans le cytoplasme des cellules épithéliales et libres dans la sous-muqueuse.

C. Diagnostic

1. Bactériologie

Le diagnostic de certitude repose sur la bactériologie (Blaser et Engberg, 2008). Le transport doit être le plus rapide possible à cause de la fragilité de *Campylobacter*. Les échantillons doivent être réfrigérés et conservés dans un milieu de transport de type Cary-Blair, si non traités dans la journée. L'examen direct des selles par coloration de Gram permet un diagnostic rapide mais la sensibilité est faible et variable.

2. Hématologie et biochimie

L'hématologie et la biochimie ne sont nécessaires que chez les patients ayant des complications (Blaser et Engberg, 2008). Le nombre de leucocytes est généralement dans les normes ou légèrement élevés. Une caractéristique des infections à *Campylobacter* est le haut pourcentage de neutrophiles non segmentés (15 % environ). Les valeurs biochimiques sont en général normales, bien qu'une acidose métabolique puisse être notée. Les transaminases sériques et les phosphatases alcalines peuvent être légèrement augmentées.

3. Imagerie médicale

L'apport de l'imagerie médicale est faible (Blaser et Engberg, 2008). Cependant, l'endoscopie peut permettre de réaliser des biopsies rectales. La radiographie abdominale peut montrer des anses intestinales dilatées, et l'ajout de produit de contraste peut montrer un épaississement nodulaire de l'iléon terminal. L'utilisation du scanner pourrait permettre de différencier l'appendicite de l'adénite mésentérique.

4. Identification

L'identification des *Campylobacter* par phénotype est difficile (Fitzgerald *et al.*, 2008) (voir partie I.B.4. pour le détail des tests phénotypiques).

L'identification moléculaire est très sensible. Anderson *et al.* (2014) ont comparé la culture à la PCR pour la détection des *Campylobacter* sur selles. Ils ont montré que la PCR atteignait une sensibilité de 100 %, contre 43,8 % pour la culture. Cependant, cette méthode ne permet d'identifier que le genre *Campylobacter*, ou les espèces *C. jejuni*, *C. coli* ou *C. fetus*. Si le genre a été identifié mais pas l'espèce, il faut alors réaliser un séquençage de l'ARN16S. La PCR nécessite 3 à 4h de pour l'obtention des résultats, et l'ARN16S 48 à 72h. Ces méthodes ne sont pas disponibles dans tous les laboratoires. Enfin, un avantage de la PCR est de fournir un résultat semi-quantitatif.

Le MALDI-TOF est une méthode émergente dans le domaine de la microbiologie (Singhal *et al.*, 2015). C'est la méthode utilisée au CNRCH (Bessède *et al.*, 2011). Seul 0,4 % des échantillons sont mal identifiés par cette méthode, contre 4,5 % pour des méthodes conventionnelles. En effet, le principal point faible de cette méthode est l'absence d'identification si le profil de la souche n'a pas été saisi au préalable dans la base de données. Les avantages majeurs de cette méthode sont le très faible coût (5 centimes par souche) et la rapidité (2 minutes pour identifier 96 souches après dépôt).

D. Traitement

Un traitement de soutien est à appliquer chez les patients atteints de campylobactériose (Blaser et Engberg, 2008). Il consiste en : la réhydratation orale des fluides et électrolytes perdus par la diarrhée. Une antibiothérapie peut être engagée, cependant le diagnostic bactériologique n'arrive qu'au début de la rémission. D'autre part, des études ont décrit une campylobactériose plus courte et un arrêt de l'excrétion lorsque le traitement est administré au début de la maladie. Les indications pour une antibiothérapie sont une absence d'amélioration des signes cliniques, ainsi que les cas d'infections sévères ou avec des complications. Celui-ci est également recommandé chez les personnes immunodéprimées, et chez les personnes dont le risque de transmission aux autres humains est élevé, par exemple les personnes malades dans les pays en voie de développement.

Les macrolides, dont l'érythromycine, l'azithromycine et la clarithromycine, sont les antibiotiques de choix pour le traitement des campylobactérioses (Blaser et Engberg, 2008). Les résistances aux fluoroquinolones et aux tétracyclines sont très fréquentes. Les tétracyclines, le chloramphénicol et l'amoxicilline – acide clavulanique peuvent aussi avoir une activité sur *Campylobacter*. Dans les cas les plus graves, un aminoglycoside tel que la gentamycine ou l'imipénème devrait être utilisé.

E. Prévention

La prévention repose principalement sur le contrôle de la transmission de la campylobactériose de l'animal à l'Homme (Kaakoush *et al.*, 2015). Des pistes pour réduire cette transmission sont : les bactériocines, les bactériophages, les probiotiques et la vaccination. D'autre part, la prévention repose sur le contrôle des eaux pouvant être consommées par l'Homme.

III. Épidémiologie

A. *Campylobacter* chez l'Homme

1. Épidémiologie descriptive

Le nombre de cas de campylobactériose déclarés est en augmentation depuis les années 1980 (Olson *et al.*, 2008 ; Kaakoush *et al.*, 2015). Le nombre de cas a augmenté en Amérique du Nord, en Europe et en Australie. La campylobactériose semble être endémique en Afrique, en Asie et au Moyen-Orient. Le nombre de cas est difficile à évaluer car il varie substantiellement. L'incidence annuelle de la maladie se situe autour de 10 à 100 pour 100 000 personnes dans la plupart des pays développés, et la bactérie est isolée dans environ 5 à 15 % des gastroentérites dans les pays en voie de développement (World Health Organization, 2013 ; Kaakoush *et al.*, 2015). En Europe, 214 779 cas de campylobactériose ont été déclarés en 2013 (EFSA et ECDPC, 2015). La grande majorité des campylobactérioses sont des cas sporadiques. Ce sont les agents pathogènes gastrointestinaux les plus déclarés depuis 2005. Les épidémies à *Campylobacter* ne sont pas rares (Kaakoush *et al.*, 2015), mais elles sont souvent mal déterminées, car difficiles à diagnostiquer, petites ou dispersées, en comparaison avec les épidémies de salmonellose par exemple (Olson *et al.*, 2008). Par exemple, 4 936 cas épidémiques dus à *Campylobacter* aux Etats-Unis ont été déclarés entre 1999 et 2008 selon le *Center for Disease Control and Prevention* (CDC).

2. Épidémiologie analytique

Les réservoirs de la maladie sont les animaux en général, et en particulier les oiseaux, sauvages ou domestiques. En ce qui concerne les épidémies de campylobactérioses, leurs sources ont évolué au cours du temps (Olson *et al.*, 2008). Dans les années 1980, les sources les plus fréquentes étaient l'eau et le lait non pasteurisé (Olson *et al.*, 2008). Puis, d'autres sources d'épidémies sont apparues dans les années 1990, comme la nourriture préparée, les salades etc. Les épidémies ayant pour origine l'eau ou le lait sont plus fréquentes au printemps et en automne.

Les principales voies de transmission identifiées pour la campylobactériose sporadique ou épidémique sont la consommation ou le contact avec la volaille domestique, la transmission directe par un animal ou la boisson d'eau ou de lait contaminé (Olson *et al.*, 2008 ; Kaakoush *et al.*, 2015). Une sollicitation d'expert a indiqué que les probabilités des sources de campylobactérioses étaient de 62,3 % pour l'alimentation, 9,3 % pour l'eau de boisson, 15,9 % pour le contact avec un animal et de 7,7 % pour la transmission directe entre personne (Butler *et al.*, 2015). Le contact avec les animaux, par exemple les animaux de compagnie ou les animaux de ferme pédagogique est une source importante et un facteur de risque identifié de *Campylobacter* (Lindmark *et al.*, 2009 ; Pintar *et al.*,

2015). La prévalence chez les carnivores domestiques se situe entre 25 et 40 % au niveau mondial (Man, 2011 ; Acke, 2018 ; Karama *et al.*, 2019).

L'eau de boisson contaminée est une voie de transmission importante, notamment dans les pays en voie de développement (Olson *et al.*, 2008). Il s'agit également du facteur de risque le plus important identifié par MacDonald *et al.* (2015) en Norvège. Par exemple, l'eau de montagne peut être contaminée par des fientes d'oiseaux sauvages. Chez la volaille, la voie de transmission majeure est la voie horizontale, par contact orofécal.

Une étude a montré l'implication de plusieurs facteurs de risque tels que la consommation de poulet, d'abats, de pâté, l'exposition à des oiseaux de ferme ou des poules de compagnie (Unicomb *et al.*, 2008). La volaille était le principal facteur de risque pour 4/5 génotypes de *C. jejuni* basés sur le gène flaA, ce qui montrait la diversité de *C. jejuni* que les volailles peuvent transmettre à l'Homme (Unicomb *et al.*, 2008). Une enquête cas-témoins a été réalisée aux Pays-Bas afin de déterminer les facteurs de risque de la campylobactériose humaine (Mughini-Gras *et al.*, 2016) : dans cette étude, la volaille a également été reconnu comme facteur de risque principal, avec 66 % des infections humaines dues à des volailles. Les infections par voie environnementale représentaient 10,2 % des cas.

Le nombre de cas recensés est plus important en été, de façon très régulière au cours des années (Olson *et al.*, 2008 ; EFSA et ECDPC, 2015). Des études ont montré que l'été est un facteur de risque de la campylobactériose (Lindmark *et al.*, 2009 ; Mughini-Gras *et al.*, 2016).

Les hommes sont plus à risque que les femmes, bien que la raison soit pour l'instant toujours inconnue (Friedman *et al.*, 2004).

B. Facteurs de risques du portage de *Campylobacter* par la faune sauvage

1. Conditions extérieures, habitat

Waldenström *et al.* (2002) pensent que l'habitat chez les oiseaux peuvent induire différents niveaux d'exposition. Ils ont ainsi émis l'hypothèse (non prouvée statistiquement) que les passereaux étaient davantage porteurs de *C. jejuni*, et les autres oiseaux de *C. lari*. Un autre habitat à risque selon Waldenström *et al.* (2002) serait les eaux peu profondes. Les limicoles notamment utilisent ce type d'habitat et vivent en grandes colonies multi-spécifiques.

Carbonero *et al.* (2014) ont montré que les facteurs de risque liés à l'infection par *Campylobacter* chez les sangliers (*Sus scrofa*) sont la densité animale, la présence de mares artificielles et la saison hivernale. D'autre part, Morton *et al.* (1983) ont montré une augmentation de la prévalence de *Campylobacter* chez des macaques fascicularis (*Macaca fascicularis*) après capture, de

36 à 77 %, qui pourrait s'expliquer par une augmentation de la promiscuité entre les individus. Cette théorie est appuyée par l'étude de Johnson *et al.* (2001), qui a montré un développement de l'infection à *Campylobacter* chez des tamarins pinchés (*Saguinus oedipus*) en colonie, mais pas d'infection chez des individus isolés. En effet, il est probable que l'augmentation de densité induise une augmentation des contacts oro-fécaux entre les animaux. D'autre part, Sowerby (2015) a fait l'hypothèse qu'un nettoyage quotidien par les soigneurs permettait de réduire de la transmission de *Campylobacter*.

C. jejuni peut survivre dans l'eau et l'eau de boisson est une des voies majeures de transmission de la bactérie (Pitkänen, 2013). La survie de l'agent pathogène dans l'eau est augmentée par une température faible et l'absence de lumière. *Campylobacter* peut aussi survivre dans les amibes. Stoddard *et al.* (2008) ont démontré que l'échouage sur des sites avec un plus grand écoulement d'eau douce était un facteur de risque de portage de *Campylobacter* chez les éléphants de mer du Nord. Ils ont supposé que *C. jejuni* était lessivé par les eaux de pluie et que cela produisait une pollution de l'environnement marin par ces bactéries fécales. Baily *et al.* (2015) ont également décrit une contamination par *Campylobacter* de l'environnement marin. En effet, les auteurs pensent que la transmission de *Campylobacter* aux phoques gris (*Halichoerus grypus*) est attribuable à des eaux de lessivage provenant de terres agricoles. Oates *et al.* (2012) ont expliqué la forte prévalence de *C. jejuni* chez les loutres de mer (*Enhydra lutris*) par le fait qu'elles se nourrissent d'invertébrés filtreurs près des eaux côtières, pouvant être contaminées par les fèces humains.

Stirling *et al.* (2008) ont également recensé la présence de *C. jejuni* dans le lac du Belfast Zoological Gardens, qui est l'habitat de plusieurs espèces d'oiseaux dont des flamants roses (*Phoenicopterus roseus*) captifs porteur de cette bactérie. Taema *et al.* (2008) s'intéressaient aux facteurs de risque potentiels, biotiques (co-infection par une bactérie ou un parasite) et abiotiques (température, pluviométrie). Ils ont montré une augmentation des gastroentérites à *Campylobacter* avec l'augmentation de la température. Ces auteurs ont émis l'hypothèse que le taux d'infection à *Campylobacter* par une espèce est influencé par des différences comportementales, notamment le type d'alimentation, le comportement de fourragement et l'habitat. Dans leur étude, ils ont montré une prévalence élevée de *Campylobacter* chez les ciconiiformes et chez les gruiformes, espèces qui se nourrissent dans les eaux de bord d'étangs.

Enfin, Adesiyun *et al.* (2009) ont émis l'hypothèse que l'absence de *Campylobacter* chez les chauves-souris insectivores de Trinité serait due à une absence d'exposition (alimentation, habitat et contacts limités avec le bétail ou les humains).

2. Comportement alimentaire

Certains comportements alimentaires ont été décrits comme pouvant être un facteur de risque de portage de *Campylobacter*. Les oiseaux fourrageant, notamment ceux qui consomment des insectes et des invertébrés, sont plus à risque d'être infectés par *Campylobacter* que les oiseaux granivores ou herbivores (Sowerby, 2015). Une étude de Waldenström *et al.* (2002) a analysé le portage de *Campylobacter* en fonction des guildes écologiques chez 1 794 oiseaux migrateurs en Suède. Les oiseaux les plus infectés étaient les oiseaux se nourrissant d'invertébrés sur le littoral (76,8 %) et les oiseaux opportunistes, principalement des corvidés (50,0 %). Des prévalences moyennes étaient trouvées chez des oiseaux se nourrissant au sol (20,3 % pour les insectivores, 11,0 % pour les oiseaux se nourrissant d'invertébrés, 18,8 % pour les oiseaux se nourrissant de plantes) et chez les rapaces (12,6 %). Presque aucun *Campylobacter* n'a été identifié chez les oiseaux granivores, chez les insectivores arboricoles, chez les insectivores aériens et chez insectivores des buissons.

Tegner *et al.* (2019) ont trouvé une différence de prévalence entre les macaques à toque (*Macaca sinica*) et les langurs gris (*Semnopithecus priam*). Les langurs sont des herbivores polygastriques frugivores avec une activité bactériolytique importante dans l'estomac. Les macaques à toque sont des herbivores monogastriques moins sélectifs, ce qui pourrait expliquer une forte prévalence chez ces derniers.

3. Facteurs biotiques

Taema *et al.* (2008) ont montré une association positive entre la présence de *Campylobacter* et la présence d'autres agents pathogènes gastrointestinaux (helminthes et protozoaires chez les mammifères et bactéries chez les oiseaux). En effet, l'excrétion de *Campylobacter* peut être provoquée par une coinfection telle que du parasitisme intestinal. Les auteurs rappellent que les *Campylobacter* peuvent infecter des protozoaires (comme les amibes).

Le sexe et l'âge des oiseaux ne semblent pas être des facteurs de risque selon Taema *et al.* (2008) et Grange *et al.* (2015), ce qui contredit d'autres études qui ont montré que l'âge était un facteur de risque de portage de *Campylobacter* chez les oiseaux (Colles *et al.*, 2009). Plusieurs études ont montré ou indiqué une sensibilité plus importante aux gastroentérites à *Campylobacter* chez les jeunes PNH (Russell *et al.*, 1988 ; Andrade *et al.*, 2007 ; Leclerc *et al.*, 2016). Leclerc *et al.* (2016) ont notamment mis en évidence une prévalence plus élevée chez les PNH malades (41 %) que chez les PNH asymptomatiques (12 %). La prévalence de *Campylobacter* était plus élevée chez des éléphants de mer du Nord juvéniles échoués que chez ceux n'ayant pas quitté la colonie (Stoddard *et al.*, 2005). Le fait d'être échoué pourrait indiquer un moindre état de santé, c'est-à-dire une immunodépression, et donc une plus grande réceptivité à la bactérie.

C. Voies de transmission de *Campylobacter* dans la faune sauvage

La transmission de *Campylobacter* chez les animaux en parcs zoologiques ou captifs semble se faire de manière horizontale par des contacts oro-fécaux plutôt que par des contacts par des vecteurs mécaniques (Simmons et Gibson, 2012 ; Clayton *et al.*, 2019). Selon Misawa *et al.* (2000), l'analyse des profils génotypiques (RAPD) de *C. hyointestinalis* issus de PNH indiquait que les voies de transmission probables de la bactérie étaient une transmission par contact direct, par voie oro-fécale ou par le biais de nourriture ou d'eau contaminée.

Selon Gilbert *et al.* (2014) aussi, le génotypage par l'analyse des profils génotypiques amplifiés (AFLP) montrait que des reptiles sans lien taxonomique portaient les mêmes variants, ce qui indiquait une transmission horizontale par voie directe ou indirecte (même logement, même zoo ou même transport). Les auteurs suggèrent que les reptiles hébergés en captivité ont plus de contacts que les reptiles non captifs. Ils proposent aussi deux hypothèses de transmission : une origine alimentaire commune ou des comportements alimentaires à risque, comme la coprophagie chez les tortues terrestres. Une étude a montré que l'infection chez des macaques fascicularis vivant en semi-liberté ne semblait pas provenir de la nourriture (Koga *et al.*, 2015). En effet, ils étaient nourris avec de la nourriture et de l'eau désinfectée, mais présentait des prévalences de 15 % au Cambodge et de 36 % en Chine. Selon les auteurs, une transmission horizontale est probable à partir de l'Homme ou d'autres animaux sauvages (oiseaux, rongeurs).

Une autre étude (Clayton *et al.*, 2019) a montré que deux espèces différentes hébergées dans le même enclos n'excrétaient pas les mêmes *Campylobacter*. En effet, *C. jejuni* a été isolé chez trois sakis à face blanche (*Pithecia pithecia*) et une nouvelle espèce de *Campylobacter* chez deux tamarins de Geoffroy (*Callithrix geoffroyi*). Cela indiquerait une spécificité d'hôte, ou de façon moins probable une faible excrétion de ces bactéries. Misawa *et al.* (2000) ont aussi montré une grande diversité génétique des souches de *C. jejuni* et de *C. coli* chez des animaux de zoo. Ils proposèrent deux hypothèses : soit une colonie d'animaux de zoo peut être infectée par de multiples souches de *C. jejuni* et de *C. coli* ; soit les souches acquièrent une diversité génétique *in vivo*.

D. Liens entre les souches humaines de *Campylobacter* et les souches de la faune sauvage

Une étude a investigué le pouvoir pathogène de *Campylobacter* isolés de fientes d'oiseaux prélevés sur des aires de jeux d'enfants (French *et al.*, 2009). Les auteurs ont ainsi isolé 24 souches. Environ la moitié de ces souches appartenait à la séquence multilocus ST-45, qui est associée à de nombreuses espèces dont les oiseaux sauvages et l'Homme. Les fèces d'oiseaux sont donc des sources potentielles de *C. jejuni* pathogènes pour l'Homme. Cependant, selon les auteurs, la source de contamination majeure reste les volailles. Une autre étude (Abdollahpour *et al.*, 2015) a aussi montré une prévalence élevée de *Campylobacter* dans les fientes des oiseaux sur des aires de jeux d'enfants. Odermatt *et al.* (1998) ont montré une prévalence de près de 100 % de *Campylobacter spp.* chez des étourneaux (*Sturnus vulgaris*) d'une école.

D'autre part, plusieurs études ont montré que des souches de *Campylobacter* de la faune sauvage peuvent infecter les humains. Scarcelli *et al.* (2005) ont montré que quatre souches étaient partagées par les PNH et l'Homme, et qu'une souche était partagée par un PNH et une volaille. Krawiec *et al.* (2017) ont montré une occurrence élevée de facteurs de virulence et de toxine, tels que le gène *virB11* ou le *flaA* codant pour le flagelle, dans les *Campylobacter* d'oiseaux sauvages en Pologne. Selon les auteurs, cela pourrait indiquer que les oiseaux sauvages libres peuvent excréter dans leur fèces des *Campylobacter* qui sont potentiellement pathogènes chez l'Homme.

Les animaux peuvent agir comme des vecteurs de transmission de *Campylobacter*, et sur de grandes distances pour les oiseaux (Waldenström *et al.*, 2002). Plusieurs études ont suggéré qu'il existait une contamination environnementale par des souches humaines de *Campylobacter* (Oates *et al.*, 2012 ; Baily *et al.*, 2015). Bien qu'une étude ait montré l'absence de *C. jejuni* en milieu antarctique (Johansson *et al.*, 2018), une autre étude a prouvé le contraire (Cerdà-Cuellar *et al.*, 2018). Ces derniers ont montré l'existence de génotypes humains de *C. jejuni* chez des oiseaux de l'Antarctique. De plus, Waldenström *et al.* (2010) ont montré qu'une souche humaine ne provoque pas de signes cliniques chez l'oiseau, ce qui indiquerait qu'ils peuvent être porteurs asymptomatiques et donc diffuser la bactérie dans l'environnement et la transmettre à nouveau à l'Homme. Quant aux PNH, les souches humaines de *C. jejuni* peuvent aussi les infecter, ce qui indique qu'ils sont sensibles aux mêmes souches que l'Homme et inversement (Fitzgeorge *et al.*, 1981 ; Flores *et al.*, 1991 ; Russell *et al.*, 1993 ; Jones *et al.*, 2006).

Des études ont également montré que le portage de *Campylobacter* était souvent associé chez l'animal à la proximité avec l'Homme. Tresierra-Ayala et Fernandez (1997) ont comparé les prévalences de portage de *Campylobacter* entre les primates sudaméricains captifs et sauvages au Pérou. Les singes captifs étaient plus fréquemment porteurs de *Campylobacter* que les singes sauvages (31,9 % pour les

premiers contre 20,9 % pour les seconds). Whittier *et al.* (2010) ont mis en évidence une prévalence élevée de *Campylobacter* chez des gorilles de montagne (*Gorilla beringei beringei*) habitués à l'Homme. Nizeyi *et al.* (2001) ont montré que la prévalence de *Campylobacter spp.* et *Salmonella spp.* a doublé entre 1994 et 1998 chez des gorilles des montagnes. Ils font l'hypothèse que cette augmentation de prévalence est due à une augmentation des contacts entre humains et Gorilles, par exemple via l'eau ou un habitat partagé. Ramos *et al.* (2010) ont prélevé 182 goélands leucophées (*Larus michahellis*) dans trois colonies du Nord-Est de la côte espagnole. Ils ont ainsi montré que la prévalence de *Campylobacter* était corrélée positivement avec leur niveau de consommation dans les décharges humaines. Selon les auteurs, les oiseaux s'infectent après avoir été exposés à des environnements altérés par l'Homme.

Enfin, ces *Campylobacter* disséminés notamment par les oiseaux sont souvent résistants voire multirésistants aux antibiotiques. Migura-Garcia *et al.* (2017) ont ainsi mis en évidence le rôle de goélands ayant des comportements alimentaires opportunistes, parfois proche de l'Homme, dans la dissémination de *Campylobacter* résistants à de nombreux antibiotiques d'intérêt en santé publique (tétracycline, enrofloxacin, ciprofloxacine et acide nalidixique).

IV. Importance de *Campylobacter spp.* dans la faune sauvage

A. Importance de *Campylobacter spp.* dans les parcs zoologiques

La littérature n'est pas riche en informations sur les *Campylobacter* en parcs zoologiques (Sowerby, 2015). Seuls neuf parcs zoologiques ont étudié cette bactérie dans leurs collections animales. Deux études rétrospectives se sont intéressées aux infections digestives à *Campylobacter* en parcs zoologiques (Taema *et al.*, 2008 ; Leclerc *et al.*, 2016). Quelques cas cliniques de campylobactériose chez des animaux de zoo ont été décrits (Forsyth *et al.*, 2012 ; Benejat *et al.*, 2014). Sept études prospectives ont recherché le portage de *Campylobacter* par des animaux de zoo (Luechtefeld *et al.*, 1981 ; Adesiyun *et al.*, 1998 ; Misawa *et al.*, 2000 ; Stirling *et al.*, 2008 ; Gilbert *et al.*, 2014 ; Sowerby, 2015 ; De Witte *et al.*, 2018). Une seule étude longitudinale a été réalisée chez des PNH en captivité (Clayton *et al.*, 2019).

1. Études rétrospectives

L'étude de Taema *et al.* (2008) a porté sur les données des examens microbiologiques du *Zoological Society of London Whipsnade Zoo (ZSL WZ)* compilées entre 1990 et 2003. Tout animal (mammifères, oiseaux et reptiles) présentant une diarrhée ou une autre maladie gastrointestinale a été testé pour *Campylobacter* sur un prélèvement de fèces durant cette période. Les prélèvements étaient mis en incubation dans les 24 h suivant la collecte. Au total, 1 747 prélèvements ont été réalisés. Après exclusion, 1 201 résultats de 683 mammifères et de 518 oiseaux ont été utilisés pour l'étude. Le protocole bactériologique utilisé reposait sur un isolement direct sur gélose mCCDA sans enrichissement en atmosphère microaérophile à 37°C pendant 48h. Les isolats étaient considérés comme positifs sur la base de leur morphologie macroscopique et microscopique et sur un test oxydase positif.

Le taux d'infection par *Campylobacter* chez les animaux (mammifères ou oiseaux) du ZSL WZ ayant une diarrhée ou une maladie gastrointestinale était de 17,7 % (212/1 201). Le détail des prévalences par espèce est indiqué en annexe 1. Les taxons dont les taux d'infection étaient les plus élevés étaient les primates, les artiodactyles et les diprotodontes chez les mammifères ; et les gruiformes, les ciconiiformes, les ansériformes, les charadriiformes, les passériformes chez les oiseaux. Les taxons dont les taux d'infection étaient faibles étaient : les rongeurs, les carnivores, les périssodactyles, les pinnipèdes, les proboscidés chez les mammifères ; et les falconiformes, les strigiformes, les psittaciformes, les coraciiformes, les piciformes et les pélicaniformes chez les oiseaux.

La méthode d'identification ne permettait pas d'identifier avec certitude le genre de la bactérie. Ainsi, la prévalence de *Campylobacter* a peut-être été surestimée dans cette étude. D'autre part, il est surprenant que les auteurs n'aient trouvé aucun *Campylobacter* chez certains taxons, comme chez les pinnipèdes par exemple, souvent porteurs de *Campylobacter* d'après la littérature (Gilbert *et al.*, 2017a). Enfin, il aurait été intéressant de connaître l'identification de l'espèce en cause.

L'étude de Leclerc *et al.* (2016) portait sur l'analyse de 246 résultats de bactériologie au cours d'une période de 17 ans, issus de prélèvement de selles d'animaux sains ou malades, appartenant à 30 espèces de primates. L'isolement a été réalisé sur des géloses sélectives Campyloset Agar (bioMérieux) au laboratoire Bio Médi Qual Centre. La prévalence globale était de 24 %, dont 41 % chez des animaux malades et 12 % chez des animaux sains. Il semblait qu'il y ait une sensibilité plus élevée des animaux jeunes, un tiers des *Campylobacter* ayant été isolé chez des animaux de moins d'un an. Les résultats détaillés de prévalence sont indiqués en annexe 2. Tous les taxons de PNH présentaient une prévalence élevée, comprise entre 10 et 55 %.

Ainsi, ces études ont montré la forte prévalence de *Campylobacter* chez les animaux diarrhéiques en parcs zoologiques. Cependant, il faut maintenant comprendre l'épidémiologie de la bactérie chez les animaux en parcs zoologique.

2. Études prospectives

Luechtefeld *et al.* (1981) ont prélevé 619 fèces sur une période d'un an au *Denver Zoo*. Ils ont décrit un isolement de la bactérie chez de nombreux taxons (12 espèces de primates, deux de félins, 13 d'ongulés, six d'oiseaux, un de reptile et des pandas roux *Ailurus fulgens*).

Adesiyun *et al.* (1998) ont conduit une étude sur 433 animaux de l'*Emperor Valley Zoo*, à Trinité et Tobago. Le protocole bactériologique était une inoculation sur gélose sélective CCDA, incubée en atmosphère à 8 % CO₂ à 42°C pendant 48h. Ils ont isolé 11 *C. jejuni* dont neuf chez des oiseaux. La prévalence globale était très faible, cependant ils n'ont pas utilisé une atmosphère microaérophile à 5 % O₂, 10 % CO₂ et 85 % N₂, comme recommandé par la littérature (Skirrow, 1977).

Une étude a été conduite sur 104 animaux prélevés en une seule fois, au *Phoenix Zoological Garden* au Japon par Misawa *et al.* (2000). Le protocole bactériologique consistait en un prélèvement de 1g de fèces, transporté dans un milieu de Cary-Blair et isolé sur une gélose sélective (milieu de Blaser sans céfalotine ou mBlaser). Quatre méthodes d'isolement ont été utilisées : avec ou sans enrichissement pour *Campylobacter* et à une température de 37 ou 42°C. L'identification était réalisée sur la base de la morphologie macroscopique et microscopique, et sur les caractères biochimiques

pour l'espèce. Ils ont trouvé 45/104 animaux porteurs de *Campylobacter*, et une prévalence élevée chez les PNH (13/15). Ils ont suggéré que la charge bactérienne en *Campylobacter* des fèces d'animaux de zoo sains était faible car l'utilisation d'un enrichissement augmentait la prévalence. Ils recommandent aussi l'utilisation de nouvelles techniques telles que l'utilisation d'un filtre pour isoler des *Campylobacter* inhabituels d'animaux de zoo.

Stirling *et al.* (2008) ont prélevé 317 animaux de 44 espèces (dont 42 de mammifères) au *Belfast Zoological Gardens* entre juillet et septembre 2006. Le protocole bactériologique consistait en un étalement sur gélose sélective de Preston, incubée en atmosphère microaérophile à 42°C pendant 48h. Les colonies suspectes étaient identifiées par PCR au niveau du genre puis par galerie API CAMPY au niveau de l'espèce. La prévalence globale était de 23/317 animaux, et 11/44 espèces. Les PNH était le taxon avec la prévalence la plus importante. *Campylobacter* a aussi été isolé chez d'autres mammifères : tapir malais (*Tapirus indicus*), loup à crinière (*Chrysocyon bradypus*), panda roux, kangourou roux (*Macropus rufus*), et manchot (*Spheniscidae*). L'étude s'intéressait aussi à d'autres agents pathogènes gastrointestinaux tels que *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella*, *Shigella* et *Yersinia*. Dans cette étude, *Campylobacter* a été isolé le plus fréquemment. Les auteurs ont également décrit la présence de *C. jejuni* dans le lac qui est l'habitat de plusieurs espèces d'oiseaux dont des flamants roses captifs.

Sowerby (2015) a réalisé 202 prélèvements individuels ou collectifs d'animaux du *Auckland Zoological Park* et a isolé 17 *Campylobacter*. Le protocole bactériologique consistait à prélever 5g de fèces et à ensemencer une gélose sélective en moins de 2h. Les géloses étaient alors incubées à 42°C en microaérophilie pendant 48h. Les colonies étaient identifiées sur la base de leur morphologie macroscopique et microscopique et de tests oxidase et hippurate. Les identifications étaient confirmées par MALDI-TOF. La prévalence globale était de 8,9 % (17/202). Elle était de 52,9 % pour les oiseaux, 29,4 % pour les mammifères non primates et de 17,6 % pour les PNH. Aucun *Campylobacter* n'a été isolé chez les reptiles, amphibiens et insectes. *C. jejuni*, *C. upsaliensis*, *C. coli*, *C. lari* représentaient respectivement 52,9 %, 35,3 %, 5,9 % et 5,9 % des *Campylobacter* identifiés. L'auteur a émis l'hypothèse que *C. lari*, qui a été isolé chez un manchot pygmée (*Eudyptula minor*), pouvait provenir de la nourriture ou d'une contamination par un laridé sauvage. *C. upsaliensis* était la seule espèce isolée chez les félinés sauvages, comme ce qui est décrit chez le chat domestique (*Felis catus*). *C. jejuni* a été isolé chez des wallabies de Bennett (*Macropus rufogriseus*) non malades, ce qui indiquerait que ces animaux peuvent héberger la bactérie sans signes cliniques.

De Witte *et al.* (2018) ont étudié le portage de *Campylobacter* et *Helicobacter* chez des animaux terrestres et marins de six zoos belges. Pour l'isolement des *Campylobacter* et *Helicobacter*, ils ont utilisé une technique par filtration avec un filtre de 0,45µm en acétate de cellulose. Ils ont utilisé

une gélose sélective (Tryptone Soy Agar supplémenté avec 5 % de sang de mouton et 20µg/mL d'amphotéricine B et des facteurs de croissance Vitox). Les filtres étaient retirés après une heure en atmosphère microaéroophile à 37°C. Puis les géloses étaient incubées pendant trois jours en atmosphère microaéroophile à 37°C. En parallèle, ils ont réalisé des PCR directement à partir des fèces. La prévalence de *Campylobacter* était de 5/22 animaux marins et de 9/26 animaux terrestres.

Gilbert *et al.* (2014) ont étudié le portage de *Campylobacter*, *Arcobacter* et *Helicobacter* chez 417 reptiles sains, malades ou morts dont 170 animaux de zoos et 102 animaux d'une clinique vétérinaire spécialisée dans les reptiles. Les échantillons étaient dilués dans du tampon phosphate salin PBS puis ensemencés selon cinq méthodes : une gélose au sang, trois géloses sélectives (CCDA, Preston, Skirrow) et une technique de filtration à 0,6µm sur gélose au sang. Toutes les géloses étaient incubées en atmosphère microaéroophile enrichie en H₂ (83,3 % N₂, 7,1 % CO₂, 3,6 % H₂, et 6 % O₂) à 37°C. Elles étaient lues à 24h, 48h et après une semaine. Les souches étaient identifiées par PCR. *Campylobacter*, *Arcobacter* ou *Helicobacter* a été détecté chez 69,3 % (289/417) des reptiles avec la méthode PCR et chez 22,1 % (92/417) des reptiles avec la méthode par culture. *Campylobacter* était la bactérie la plus fréquemment identifiée avec une prévalence de 44,8 % (187/417) par PCR ou 14,4 % (60/417) par culture.

3. Cas cliniques de campylobactériose en parcs zoologiques

Deux cas cliniques ont été recensés dans la littérature. Le *Auckland Zoo* a décrit un seul cas clinique de campylobactériose chez un Takahé (*Porphyrio hochstetteri*) entre 1991 et 2010 (Forsyth *et al.*, 2012). Une souche de *Campylobacter* a été isolée chez une tortue léopard (*Stygmochelys pardalis*) au Parc Zoologique et Botanique de Mulhouse (Benejat *et al.*, 2014). L'analyse de la souche a révélé qu'il pourrait s'agir d'une nouvelle espèce de *Campylobacter*.

4. Précautions pour le transfert de PNH au regard de *Campylobacter* en parc zoologique

Un protocole de biosécurité de niveau 2 doit être appliqué pour les animaux infectés par *Campylobacter*. Les recommandations de la Fédération Européenne des Associations pour la Science des Animaux de Laboratoire (FELASA) sur *Campylobacter* sont de traiter en présence de signes cliniques uniquement et d'évaluer les risques pour le personnel (Balansard *et al.*, 2019).

En pratique, la surveillance est fondée sur deux éléments. Les animaux diarrhéiques peuvent être testés en coproculture pour les bactéries entéropathogènes classiques dont *Campylobacter*. D'autre part, ces mêmes tests peuvent être effectués lors d'un transfert d'un animal entre deux parcs. La législation sur le transfert de primates est régie par la directive européenne 92/65/CEE du 13 juillet

1992, dite « BALAI », et par sa transposition en droit français par le biais de l'arrêté du 9 mars 2012. Les exigences de quarantaine font appel aux recommandations du Code Sanitaire pour les animaux terrestres de l'Office International des Epizooties (OIE). Les tests requis pour tous les primates provenant d'un établissement non agréé sont les suivants : deux à trois tests de diagnostic de la tuberculose ; deux tests de diagnostic d'ectoparasites et endoparasites ; et trois tests quotidiens consécutifs puis un autre espacé de deux à quatre semaines pour la recherche d'entérobactéries pathogènes tels que *Salmonella*, *Shigella*, *Yersinia* et *Campylobacter*.

B. Importance de *Campylobacter spp.* dans la faune sauvage

1. Chez les primates

La campylobactériose est une maladie importante chez les PNH (Simmons et Gibson, 2012 ; Miller et Fowler, 2014). Les prévalences de *Campylobacter* dans ce taxon sont moyennes à fortes : 15 % (12/82) au ZSL WZ (Taema *et al.*, 2008), chez 16 PNH au Belfast Zoo (Stirling *et al.*, 2008), chez 13/15 PNH au Phoenix Zoological Gardens (Misawa *et al.*, 2000). D'autre part, il a été montré que des souches humaines de *C. jejuni* peuvent infecter des PNH (Fitzgeorge *et al.*, 1981 ; Flores *et al.*, 1991 ; Russell *et al.*, 1993 ; Jones *et al.*, 2006). Les signes cliniques sont similaires à ceux rencontrés chez l'Homme. Une étude comparant le génome de certains *Campylobacter* a identifié un clade regroupant les *C. jejuni* de PNH, d'Hommes et d'animaux de production (Weis *et al.*, 2016).

Les espèces principalement identifiées chez les PNH sont *C. jejuni* et *C. coli* (Simmons et Gibson, 2012 ; Leclerc *et al.*, 2016). D'autres espèces sont moins fréquemment rencontrées telles que *C. fetus*, *C. lariidis*, *C. sputorum* et *C. hyointestinalis* (Simmons et Gibson, 2012). Les PNH pourraient être le réservoir de *C. hyointestinalis* (Misawa *et al.*, 2000). Selon Sowerby (2015), les grandes espèces de PNH seraient un réservoir pour *C. hyointestinalis* et les petites espèces de PNH pour *C. jejuni*.

Le rôle de *Campylobacter* chez les PNH n'a pas encore été totalement élucidé car il a été isolé chez des PNH sains et chez des PNH diarrhéiques (Kalashnikova *et al.*, 2002 ; Simmons et Gibson, 2012). Cependant, il semblerait que la prévalence soit plus importante chez les individus malades (Leclerc *et al.*, 2016) et que la maladie entraîne les mêmes lésions histologiques que chez l'Homme (Simmons et Gibson, 2012).

La transmission se fait par voie oro-fécale, et il est peu probable qu'elle se fasse par des vecteurs mécaniques (Simmons et Gibson, 2012 ; Clayton *et al.*, 2019).

a. Chez les grands singes (*Hominidae*)

Les prévalences d'infection par *Campylobacter* chez les grands singes semblent variables et dépendantes de la population étudiée. Misawa *et al.* (2000) ont décrit le portage de *C. hyointestinalis* par des grands singes en captivité (chimpanzés *Pan troglodytes*, gorilles des plaines *Gorilla gorilla* et orang-outan de Bornéo *Pongo pygmaeus*), ainsi que le portage de *C. jejuni* par des chimpanzés. De Witte *et al.* (2018) ont identifié un *C. coli* dans les fèces d'un groupe de chimpanzés. Leclerc *et al.* (2016) ont décrit un portage important de *Campylobacter* chez les gorilles (43 %) associés dans 83 % des cas à des signes cliniques. Ils n'ont pas montré de portage par les chimpanzés ou les orang-outan. L'étude de Stirling *et al.* (2008) n'a pas mis en évidence le portage de *Campylobacter* par les grands singes (9 chimpanzés et 9 gorilles). Deux études ont décrit des prévalences de 19 % (12/62 individus) par méthode de culture et de 85% (22/26 individus) par méthode PCR, dans plusieurs populations de gorilles des montagnes libres mais habitués à l'homme, au Rwanda et en Ouganda (Nizeyi *et al.*, 2001 ; Whittier *et al.*, 2010).

Les espèces de *Campylobacter* fréquemment isolées chez les grands singes sont principalement *C. jejuni* et *C. coli*. Cependant, il semblerait qu'il existe des espèces spécifiques des grands singes. Whittier *et al.* (2010) ont émis l'hypothèse qu'une espèce spécifique des gorilles et proche de *C. upsaliensis* faisait partie de la flore intestinale normale des gorilles. Kaur *et al.* (2011) ont également décrit *C. troglodytis*, une espèce de *Campylobacter* spécifique des chimpanzés et proche de *C. upsaliensis*.

b. Chez les singes de l'Ancien Monde (*Catarrhini*)

L'infection par *C. coli* et *C. hyointestinalis* a été mise en évidence chez les macaques du Japon (*Macaca fuscata*) par Misawa *et al.* (2000). L'étude de Stirling *et al.* (2008) n'a pas permis de mettre en évidence le portage de *Campylobacter* par des singes de l'Ancien Monde captifs (10 colobes guéréza *Colobus guereza*, 9 langurs de François *Trachypitecus francoisi*, 9 langurs de Java *T. auratus*, 10 semnopithèques blanchâtres *T. vetulus* et 9 macaques à queue de lion *Macaca silenus*). Leclerc *et al.* (2016) ont également décrit une prévalence faible chez les singes de l'Ancien Monde (10 %).

Campylobacter est une bactérie connue dans les élevages de PNH pour la recherche biomédicale. Une étude a prouvé l'existence d'un portage allant de 15 à 67 % chez des macaques fascicularis élevés en semi-liberté (Koga *et al.*, 2015), de 5 à 46 % chez des macaques rhésus (*Macaca mulatta*) (Andrade *et al.*, 2007).

C. coli est la bactérie la plus fréquemment rencontrée chez les PNH de laboratoire (Russell *et al.*, 1988 ; Koga *et al.*, 2015), mais on rencontre aussi *C. jejuni*, *C. hyointestinalis* et *C. fetus* (Russell *et al.*, 1992).

Andrade *et al.* (2007) ont trouvé une prévalence de 10,06 % pour *C. coli* et de 6,53 % pour *C. jejuni* chez 1959 macaques rhésus du *Fiocruz Primate Center* à Rio de Janeiro.

c. Chez les singes du Nouveau Monde (*Haplorrhini*)

Patricia Mendoza *et al.* (2012) ont recherché chez 437 singes du Nouveau Monde appartenant à 18 espèces et issus du trafic la présence d'entéropathogènes bactériens et parasitaires, ainsi que des agents pathogènes viraux. Ils ont trouvé une prévalence de 10 % de *Campylobacter sp.* chez 249 de ces PNH. Leclerc *et al.* (2016) ont indiqué que les espèces les plus fréquemment porteuses de *Campylobacter* au ZooParc de Beauval étaient certains singes du Nouveau Monde avec une prévalence de 55 % chez les pithécidés et 30 % chez les callithricidés. L'étude de Stirling *et al.* (2008) montre aussi une prévalence élevée chez les callithricidés (25 %) : *Campylobacter* était présent chez 2/9 tamarins-lion à croupe dorée (*Leontopithecus chrysopygus*), 1/8 tamarin pinché (*Saguinus oedipus*), 3/9 tamarins empereurs (*Saguinus imperator*), 1/8 ouistiti de Geoffroy (*Callithrix geoffroyi*), 4/9 tamarins lions à tête dorée (*Leontopithecus chrysomelas*), 2/8 tamarins labiés (*Saguinus labiatus*). Aucun atélidé ou cébidé n'a été décrit comme porteur de *Campylobacter* en captivité (Misawa *et al.*, 2000 ; Stirling *et al.*, 2008 ; Leclerc *et al.*, 2016). Une étude sur la population des cébidés dans les parcs zoologiques européens a montré que 6/40 zoos isolaient classiquement des *Campylobacter* chez leurs capucins (Souvignet *et al.*, 2019). Deux hypothèses peuvent donc expliquer la différence de prévalence entre les grands et les petits singes du Nouveau Monde. Premièrement, les callithricidés et pithécidés, espèces plus petites que les cébidés et atélidés, sont souvent hébergés en plus grand groupe et dans des enclos plus petits dans les parcs zoologiques. La densité animale semble être un facteur de risque important d'infection par *Campylobacter* (Morton *et al.*, 1983 ; Johnson *et al.*, 2001 ; Carbonero *et al.*, 2014). Il pourrait aussi y avoir une barrière d'espèce entre les callithricidés et les grands singes du Nouveau Monde (atélidés et cébidés), ce qui expliquerait la faible prévalence de *Campylobacter* chez ces derniers.

Un modèle expérimental utilisant un douroucouli (*Aotus nancymae*), a montré que l'infection par *C. jejuni* était reproductible et que la colonisation bactérienne et les taux d'infection étaient similaires à ceux décrits chez l'Homme (Jones *et al.*, 2006).

Les tamarins pinchés semblent être particulièrement à risque d'infection par des *Campylobacter*. Cinq cas de campylobactériose ont été identifiés par l'AZA Cotton-top Tamarin Species Survival Plan (SSP) (Leong *et al.*, 2004). Une étude prospective a montré une prévalence de 94,1 % (32/34) de *C. coli* et de 44,1 % (15/34) de *C. jejuni* chez des tamarins pinchés hébergés en colonie (Johnson *et al.*, 2001).

d. Chez les lémuridés

Il semble que les lémuriens ne portent pas fréquemment des *Campylobacter*. Les études de Misawa *et al.* (2000) et de Stirling *et al.* (2008) n'ont pas permis de montrer le portage de *Campylobacter* par des lémuriens captifs (9 propitèques de Verreaux *Propithecus verreauxi*, 7 varis roux *Varecia rubra*, 10 makis catta *Lemur catta*, 7 lémurs à ventre roux *Eulemur rubriventer*). De Witte *et al.* (2018) ont décrit un cas de portage de *C. jejuni* par un lémurien, et Leclerc *et al.* (2016) un cas également.

Plusieurs séries d'évaluations biomédicales ont été réalisées chez des lémuriens non captifs à Madagascar, pendant lesquelles des prélèvements fécaux étaient réalisés pour tester la présence de *Campylobacter*. Toutes ont révélées une absence de *Campylobacter* chez ces lémuriens (propitèques couronnés *Propithecus coronatus* et de Verreaux, makis catta, varis roux, lémurs noirs *Eulemur macaco* et lémurs bruns à ventre roux *Eulemur fulvus rufus*) (Dutton *et al.*, 2003 ; Junge et Louis, 2005 ; Junge et Louis, 2007 ; Dutton *et al.*, 2008 ; Rasambainarivo *et al.*, 2014). Cependant, les prélèvements étaient congelés avant la mise en culture, ce qui ne permet pas la survie de *Campylobacter*. Villers *et al.* (2008) ont isolé *C. jejuni*, *C. coli* et *C. sp.* chez 16 % (8/50) des makis catta de parcs zoologiques en captivité contre 0 % (0/98) en liberté. Cependant, alors que les échantillons étaient acheminés en une journée pour les premiers, ils l'étaient en trois semaines pour les seconds, ce qui a pu influencer les résultats.

2. Chez les mammifères marins

a. Chez les pinnipèdes

Les pinnipèdes sont des animaux connus comme étant fréquemment porteurs de *Campylobacter*. Ils peuvent être porteurs de *C. jejuni* et de *C. insulaenigrae* (Stoddard *et al.*, 2005). La première description de *C. insulaenigrae* (espèce proche de *C. lari*) a été réalisée à partir de souches isolées chez trois phoques communs (*Phoca vitulina*) et un marsouin commun (*Phocoena phocoena*) en Ecosse (Foster *et al.*, 2004). D'autres études ont mis en évidence cette bactérie chez 71 éléphants de mer du Nord en Californie (Stoddard *et al.*, 2007), chez des 3 otaries de Kerguelen (*Arctocephalus gazella*) (García-Peña *et al.*, 2010), chez des lions de mer de Steller (*Eumetopias jubatus*) en Alaska (Carrasco *et al.*, 2011). Baily *et al.* (2015) n'ont pas réussi à mettre en évidence cette bactérie chez des phoques gris en Ecosse. La bactérie a été aussi détectée en captivité chez 1/11 phocidés et 5/6 lions de mer (De Witte *et al.*, 2018). Deux autres nouvelles espèces ont été décrites chez les pinnipèdes : *Campylobacter pinnipediorum* sp. nov. isolé à partir d'abcès (Gilbert *et al.*, 2017a) et *Campylobacter blaseri* sp. nov. isolé à partir de fèces (Gilbert *et al.*, 2018). Enfin, une nouvelle espèce a été découverte chez des éléphants de mer captifs (Goldman *et al.*, 2009).

Les prévalences de portage de *Campylobacter sp.* varient entre 13,3 % (22/165) chez des jeunes éléphants de mer du Nord et n'ayant jamais pénétré dans l'eau et 48,5 % (94/194) chez des éléphants de mer du Nord échoués en Californie (Stoddard *et al.*, 2005). Une autre étude a montré une prévalence d'environ 50 % (24/50, 46/90) de *C. jejuni* chez des jeunes phoques gris en Ecosse (Baily *et al.*, 2015). García-Peña *et al.* (2010) ont également isolé des *Campylobacter* chez 14 % (6/41) des otaries de Kerguelen, mais aucun chez neuf phoques de Weddell (*Leptonychotes weddelli*), et Carrasco *et al.* (2011) chez 7,8 % (36/460) lions de mer de Steller. Greig *et al.* (2014) décrivent des prévalences similaires, entre 6,6 % et 10,6 % chez des phoques communs en Californie (dont une majorité de jeunes).

b. Chez les cétacés

Une étude (Jaing *et al.*, 2015) a décrit la présence de l'ADN de *Campylobacter lari* chez 2/8 grands dauphins (*Tursiops truncatus*) sauvages au niveau de l'évent, du contenu gastrique et des fèces. Des études sur des cétacés sauvages et captifs (Goldman *et al.*, 2009 ; Goldman *et al.*, 2011) ont montré la présence d'une nouvelle espèce de *Campylobacter* proche de *C. insulenigrae* dans la plaque dentaire de 6/10 grands dauphins captifs. *C. insulenigrae* a été isolé chez un marsouin commun (Foster *et al.*, 2004).

c. Chez les siréniens

Campylobacter n'a jamais été isolé chez un sirénien. Nielsen *et al.* (2013) n'ont pas détecté la présence de la bactérie par une méthode de culture, dans le contenu intestinal de 36 dugongs (*Dugong dugon*) autopsiés.

3. Chez les autres mammifères

a. Chez les carnivores

Une étude portant sur les agents pathogènes bactériens en Californie (Oates *et al.*, 2012) a montré des prévalences de portage de *Campylobacter* de 11,1 % (2/18) pour les canidés sauvages (coyotes *Canis latrans* et renards gris *Urocyon cinereargenteus*), 15,8 % (2/12) pour les félidés sauvages (pumas *Puma concolor* et lynx roux *Lynx rufus*) et de 16,7 % (16/101) pour les loutres de mer.

Une étude sur la flore bactérienne du guépard (*Acinonyx jubatus*) (Howard *et al.*, 1993) a montré un cas de portage de *Campylobacter* chez 73 individus captifs. *C. upsaliensis* a été isolé chez un guépard et chez un serval (*Leptailurus serval*) du Auckland Zoo (Sowerby, 2015).

C. lari a été isolé chez deux loups à crinière (*Chrysocyon brachyurus*) en parc zoologique, et *C. jejuni* chez trois pandas roux (Stirling *et al.*, 2008).

C. upsaliensis a été isolé chez deux suricates (*Suricata suricatta*) du Auckland Zoo (Sowerby, 2015). *C. jejuni* a été isolé chez une mangouste de Java (*Herpestes javanicus*) en parc zoologique (Adesiyun *et al.*, 1998) et *Campylobacter sp.* chez une mangouste de Java libre (Rhynd *et al.*, 2014).

Rainwater *et al.* (2017) ont trouvé 6 % (trouvé 5/79) de ratons laveurs (*Procyon lotor*) positifs pour *Campylobacter* à Central Park, New York. Lee *et al.* (2011) ont estimé des prévalences similaires sur 1,3 % (6/459) ratons laveurs et 7,2 % (11/153) civettes palmistes à masque (*Paguma larvata*). Ces espèces pourraient jouer un rôle de réservoir de *Campylobacter spp.*

Deux épisodes de colite ulcéraire à *Campylobacter* ont été décrits dans deux fermes à visons d'Amérique (*Neovison vison*) (Hunter *et al.*, 1986). *C. jejuni* a été isolé chez 12 visons de la première ferme et un *Campylobacter* thermotolérant différent de *C. jejuni* ou *C. coli* chez huit visons de la deuxième ferme. L'infection était reproductible par inoculation.

b. Chez les ruminants

Peu de cas de campylobactériose ont été décrits chez les ruminants sauvages. Carbonero *et al.* (2014) ont mis en évidence une prévalence faible de portage de *Campylobacter* chez les ruminants sauvages d'Espagne 2,8 % (5/179) chez le cerf élaphe (*Cervus elaphus*), 7,7 % (1/13) chez le mouflon (*Ovis aries*) et 0/45 chez le daim (*Dama dama*). Pagano *et al.* (1985) n'ont pas isolé l'agent pathogène chez 60 cerfs élaphe, 13 chevreuils (*Capreolus capreolus*) et 7 chamois (*Rupicapra rupicapra*).

c. Chez les périssodactyles

C. coli a été isolé chez un tapir malais (*Tapirus indicus*) en parc zoologique (Stirling *et al.*, 2008). *Campylobacter* a été isolé dans les fèces d'un tapir malais en parc zoologique présentant des signes d'entérite bactérienne et infectée par *Salmonella enterica* (Wolf *et al.*, 2011). Des entérites à *C. coli* ont été décrites chez des rhinocéros élevés à la main (Miller et Fowler, 2014).

d. Chez les suidés

Peu d'études ont analysé la prévalence de *Campylobacter spp.* chez les suidés sauvages (Melletti et Meijaard, 2017). Des études ont montré des prévalences de portage de *Campylobacter* extrêmement variables par les sangliers (*Sus scrofa*) en Europe : 0 % (0/153) en Suisse (Wacheck *et al.*, 2009), 2,1 % (3/127) en Allemagne (Atanassova *et al.*, 2008), 12 % (7/31) en Suède (Wahlström *et al.*, 2003) 24 % (10/41), 38,9 % (49/126), 66 % (188/287) en Espagne (Díaz-Sánchez *et al.*, 2013 ; Navarro-Gonzalez *et al.*, 2013 ; Carbonero *et al.*, 2014). *C. coli* est la bactérie la plus souvent isolée chez les porcs domestiques (*Sus scrofa domesticus*) (Horrocks *et al.*, 2009), et le porc est considéré comme le

second réservoir de la campylobactériose humaine après les volailles (Frasao *et al.*, 2017). Dans les études citées précédemment, *C. coli* et *C. jejuni* étaient isolés chez les sangliers sauvages avec une prévalence faible. Des *Campylobacter* étaient parfois détectés sans identification de l'espèce (Wahlström *et al.*, 2003 ; Atanassova *et al.*, 2008 ; Díaz-Sánchez *et al.*, 2013 ; Navarro-Gonzalez *et al.*, 2013). Carbonero *et al.* (2014) ont isolé une majorité de *C. laniana*. Les auteurs suggèrent donc que les suidés, sauvages ou domestiques, peuvent jouer le rôle de réservoir de *C. laniana*.

e. Chez les camélidés

C. coli a été isolé chez un dromadaire (*Camelus dromedarius*) en parc zoologique (De Witte *et al.*, 2018). *C. jejuni* a été isolé chez un lama (*Lama glama*) en parc zoologique (Misawa *et al.*, 2000).

f. Chez les ursidés

C. jejuni a été isolé chez un ours à lunettes (*Tremarctos ornatus*) en parc zoologique (De Witte *et al.*, 2018). *C. jejuni* a également été isolé chez un ours baribal (*Ursus americanus*) sauvage (Pacha *et al.*, 1987) et chez un panda géant (*Ailuropoda melanoleuca*) (Miller et Fowler, 2014).

g. Chez les marsupiaux

Oates *et al.* (2012) n'ont pas isolé de *Campylobacter* chez 70 opossums sauvages (*Didelphis virginiana*). *C. jejuni* a été isolé chez un kangourou roux en parc zoologique (Stirling *et al.*, 2008). *C. helveticus* représenterait 12,5 % du microbiote intestinal des wallabies de l'île d'Eugène (*Macropus eugenii*) d'après Chhour *et al.* (2008).

h. Chez les chiroptères

Seules quelques études ont été réalisées sur le portage de *Campylobacter* chez les chiroptères et étaient négatives jusqu'à récemment. Adesiyun *et al.* (2009) n'ont pas isolé de *Campylobacter* chez 377 chauves-souris appartenant à au moins 12 espèces différentes et ayant des comportements alimentaires très différents (frugivore, hématophage, nectarivore, insectivore, piscivore et omnivore). Leur protocole bactériologique n'était pas différent de celui recommandé par la littérature (incubation à 42°C en atmosphère enrichi à 8-10 % CO₂ pendant 48h).

Deux études ont montré la présence de l'agent pathogène chez des chiroptères, dont une seule au cours de laquelle la bactérie a été isolée. La première étude (Hatta *et al.*, 2016) portait sur 88 roussettes frugivores, dont 67 roussettes de Geoffroy (*Rousettus amplexicaudatus*) aux Philippines. Les auteurs ont trouvé que le genre *Campylobacter* était le second genre du microbiote de ces chiroptères (24,2 %), dont une majorité de *C. coli* (19,3 %). *C. jejuni* a été isolé chez 5/67 individus par

méthode PCR. La seconde étude portait sur 631 chiroptères insectivores sauvages aux Pays-Bas (Hazeleger *et al.*, 2018). Ils ont utilisé une méthode de culture avec une étape de pré-enrichissement, ce qui permettait un isolement à partir d'un faible nombre de bactéries, soit 10 à 100 CFU/mL. Ils ont ainsi trouvé une prévalence de 3 % (17/361), chez différentes espèces (6/14), vivant dans des écosystèmes différents. Ainsi, les auteurs pensent que les chiroptères peuvent être porteur et transmettre *Campylobacter*, comme les rongeurs et les oiseaux.

i. Chez les rongeurs

Les rongeurs peuvent être des réservoirs et des vecteurs de *Campylobacter* (Cabrita *et al.*, 1992 ; Meerburg et Kijlstra, 2007). En effet, les prévalences de portage de *Campylobacter* sont importantes autour des zones habitées par l'homme : 18 % (16/91) en France (Seguin *et al.*, 1986), 57,4 % au Portugal (Cabrita *et al.*, 1992), 86,7 % aux Etats-Unis (Genigeorgis, 1987). D'autre part, Pacha *et al.* (1987) ont montré que l'inoculation d'une souche humaine de *C. jejuni* chez des campagnols de Richardson (*Microtus richardsoni*), naturellement non porteurs, provoquait l'infection de la bactérie pendant plusieurs semaines. Meerburg *et al.* (2006) ont isolé des *Campylobacter* chez les souris communes (*Mus musculus*) et rats bruns (*Rattus norvegicus*) dans les fermes, mais ils n'en ont isolé aucun chez 10 espèces de rongeurs dans les pâtures et dans les « zones naturelles » autour des fermes. En effet, les rongeurs ne semblent pas être porteurs de la bactérie en milieu sauvage, en particulier en milieu forestier (Meerburg et Kijlstra, 2007), ou avec des prévalences faibles : 3,4 % (7/204) à Trinité et Tobago (Nkogwe *et al.*, 2011), 6 % (4/64) en Suède (Löhmus et Albihn, 2013), moins de 1 % chez les rongeurs des Montagnes Rocheuses (Pacha *et al.*, 1987).

Il existe plusieurs modèles murins d'entéropathie à *C. jejuni* décrits (Blaser *et al.*, 1983 ; Stanfield *et al.*, 1987 ; Baqar *et al.*, 1996 ; Giallourou *et al.*, 2018).

Campylobacter sp. a été isolé à partir de contenu d'intestin grêle et de gros intestin de deux écureuils roux (*Sciurus vulgaris*) malades et co-infectés par un adénovirus (SqAdV-1) (Martínez-Jiménez *et al.*, 2011).

j. Chez les proboscidiés

C. jejuni a été isolé chez un éléphant (*Laxodonta africana*) en parc zoologique (De Witte *et al.*, 2018). *C. hyointestinalis* a été isolé chez un éléphant en parc zoologique (Misawa *et al.*, 2000).

k. Chez les procavidiés

C. jejuni a été isolé chez un daman du Cap (*Procavia capensis*) en parc zoologique (Misawa *et al.*, 2000).

4. Chez les oiseaux

Selon Waldenström *et al.* (2002), *Campylobacter* pourrait être une bactérie commensale de l'intestin des oiseaux pour plusieurs raisons. La température corporelle des oiseaux est la température de croissance optimale de *Campylobacter* thermotolérants. De nombreuses études ont décrit des prévalences autour de 10 à 20 % chez les oiseaux (Ito *et al.*, 1988 ; French *et al.*, 2009 ; Pao *et al.*, 2014 ; Hald *et al.*, 2015 ; Antilles *et al.*, 2015 ; Abdollahpour *et al.*, 2015 ; Moré *et al.*, 2017 ; Kwon *et al.*, 2017 ; Wei *et al.*, 2019). Selon les auteurs, il pourrait donc exister une longue histoire coévolutive entre les oiseaux et la bactérie. L'étude de Grange *et al.* (2016) conforte également cette hypothèse, car ils ont montré une forte relation commensale entre un oiseau hôte, le Takahé (*Porphyrio hochstetteri*), et une bactérie, *Campylobacter sp. nova 1*. D'un autre côté, les auteurs ont mis en garde sur le fait que les oiseaux sauvages soient considérés comme le réservoir de *Campylobacter*. En effet, les oiseaux pourraient acquérir des *Campylobacter* à partir de l'Homme, de ses déchets ou de ses fèces.

a. Chez les charadriiformes

Les laridés seraient plus souvent porteurs de *Campylobacter* à cause de leur comportement alimentaire (Tel *et al.*, 2013). En effet, ils se nourrissent dans les décharges à ciel ouvert, ce qui serait un facteur de risque (Tel *et al.*, 2013). Keller *et al.* (2011) ont montré que la prévalence de *Campylobacter* chez des oiseaux de la côte Atlantique des Etats-Unis était plus élevée chez les laridés (25 %, 5/21). Une étude de Quessy et Messier (1992) a montré que *Campylobacter* était la bactérie la plus prévalente chez 264 goëlands à bec cerclé (*Larus delawarensis*). *Campylobacter* a été isolé chez 15 % des goëlands, contre 8,7 % pour *Salmonella*. Migura-Garcia *et al.* (2017) ont isolé 19 *Campylobacter* chez 17 goëlands leucophées (*Larus michahellis*) cliniquement sains. Par ailleurs, 11 *C. jejuni* et six *C. lari* ont été isolés de trois sites de nidification différents. Ils ont également montré que les laridés pouvaient jouer un rôle de vecteur de *Campylobacter* multirésistants.

Les charadriidés sont des oiseaux qui se nourrissent principalement d'invertébrés et vivent sur le littoral. Ce comportement pourrait être un comportement à risque d'infection selon Waldenström *et al.* (2002), qui ont décrit une prévalence de 76,8 % chez ces oiseaux. Une étude sur 2 164 oiseaux sauvages en Corée du Sud (Kwon *et al.*, 2017) a montré que les charadriidés représentaient la famille avec la plus forte prévalence de *Campylobacter* (30,0 %, 9/30).

b. Chez les passériformes

Waldenström *et al.* (2002) ont montré que la prévalence de portage de *Campylobacter* chez les passereaux varie fortement d'une famille à l'autre. Par exemple, ils ont décrit une prévalence de 40,0 % chez les sturnidés, et de 37,9 % chez les turdidés (seul le genre *Turdus* était porteur de

Campylobacter), contre 0 % chez les muscipaninés. La prévalence de *Campylobacter*, notamment *C. jejuni* chez les passereaux vivant au contact de l'Homme semble être élevée, comme chez les corvidés ou les étourneaux sansonnets (*Sturnus vulgaris*). En effet, Waldenström *et al.* (2002) ont trouvé une prévalence de 4/4 chez des choucas des tours (*Corvus monedula*), Weis *et al.* (2016) une prévalence de 66,9 % chez 85/127 corneilles d'Amérique (*Corvus brachyrhynchos*) et Konicek *et al.* (2016) une prévalence de 40,4 % chez les corvidés. D'autre part, Keller *et al.* (2011) ont décrit une prévalence de *Campylobacter* chez les corvidés de la côte Atlantique des Etats-Unis de 23 % (12/47), supérieure aux prévalences chez d'autres ordres (ansériformes, accipitriformes, pélicaniformes). Une prévalence de portage de *Campylobacter* de 37,5 % a été décrite chez 359/957 étourneaux sansonnets au Royaume-Uni, dont 293 *C. jejuni* (Colles *et al.*, 2008 ; Colles *et al.*, 2009). Des prévalences situées entre 95,5 % et 100 % a été décrite chez des étourneaux en Suisse en 1995 et 1996 (Odermatt *et al.*, 1998). Enfin, Pao *et al.* (2014) ont montré une prévalence de 13,2 % (23/174) chez des étourneaux sansonnets.

c. Chez les pélicaniformes

L'étude de Tel *et al.* (2013) a décrit une prévalence de 29,2 % (24/82) chez des ibis chauves (*Geronticus eremita*) hébergés dans des installations dédiées à la réintroduction de ces oiseaux en Turquie. Les auteurs ont isolé 18 *C. jejuni*, 4 *C. coli* et 2 *Campylobacter* non identifiés. Les auteurs suggèrent que l'alimentation de ces oiseaux, se nourrissant de viande crue, d'œufs cuits, peut être la source de contamination.

Une étude a décrit une prévalence de 58,3 % chez 60 pélicans (*Pelecanus sp.*) au Chili (Fernández et Pérez-Pérez, 2016). Au total, 35 *Campylobacter* ont été isolés dont 21 *C. jejuni* et 14 *C. coli*.

Les hérons cendrés (*Ardea cinerea*) ne semblent pas porteurs de *Campylobacter*. Seul un héron cendré était positif pour *Campylobacter* sur 92 individus testés dans l'étude de Glünder (1989). Aucun héron cendré n'était positif (0/23) dans l'étude de Du *et al.* (2019). D'autres espèces d'*Ardeidae* ont été décrit comme porteur de *Campylobacter*, tels que les aigrettes garzettes (*Egretta garzetta*) (4/5), les grandes aigrettes (*Egretta alba*) (4/16) et les hérons striés (*Butorides striatus*) (1/4), d'après Kwon *et al.* (2017).

d. Chez les colombiformes

Des prévalences de portage élevées de *C. jejuni* ont été décrites en Espagne chez des pigeons (*Columba livia*) féroces : 69,1 % (65/94) selon Vázquez *et al.* (2010), 26,2 % (26/105) selon (Casanovas *et al.*, 1995). Une étude de Caballero *et al.* (2015) a montré la présence de *C. jejuni* dans 16/22 colonies de pigeons féroces au Pérou. La prévalence de *C. coli* est très faible voire nulle chez les pigeons (Vázquez

et al., 2010). Konicek et al. (2016) ont décrit une prévalence de 8,0 % chez les colombiformes, contre 26,4 % chez les passériformes et 18,1 % chez les ansériformes.

e. Chez les ansériformes

Des prévalences de portage de *Campylobacter* ont été décrites chez les anatidés, autour de 20 %, mais variant de 0 à 40 % (Luechtefeld et al., 1980 ; Russell et al., 1988 ; Fallacara et al., 2004 ; Abulreesh et al., 2006 ; Antilles et al., 2015 ; Krawiec et al., 2017 ; Vogt et al., 2019). Une étude menée en Corée du Sud sur 1 642 anatidés a décrit une prévalence de 15,3 % (Kwon et al., 2017). Deux études (Colles et al., 2008 ; Colles et al., 2009) ont montré une prévalence élevée de *C. jejuni* (50 %, 166/331) chez des oies cendrées (*Anser anser*). Une étude de Antilles et al. (2015) a mis en évidence une prévalence de *Campylobacter* chez les anatidés de 12,6 % (40/318). Aucun des oiseaux n'était porteur de *Salmonella*. *C. coli* était l'espèce majoritairement isolée (37/40). Les auteurs ont donc conclu que les anatidés pouvaient agir comme des réservoirs de *C. coli* et pouvaient disséminer la bactérie dans l'environnement (eaux, pâtures).

f. Chez les accipitriformes, falconiformes et strigiformes

Les prévalences de *Campylobacter* sont plutôt faibles chez les oiseaux de proie et notamment chez les accipitriformes : 1 % (1/97) chez des vautours fauves (*Gyps fulvus*) en Espagne (Marin et al., 2014) ; 6 % (3/55) chez des vautours urubus à tête rouge (*Cathartes aura*) (Sulzner et al., 2014) ; 3 % (1/32) chez des éperviers d'Europe (*Accipiter nisus*) (Waldenström et al., 2002) ; 11 % (3/28 nids) chez des aigles de Bonelli (*Aquila fasciata*) (Martín-Maldonado et al., 2019). En Espagne, Jurado-Tarifa et al. (2016) ont décrit des prévalences de 8,3 % (1/12) chez des vautours fauves, 6,7 % (1/15) chez des aigles bottés (*Hieraetus pennatus*), 6,7 % (2/30) chez des buses variables (*Buteo buteo*) et 0 % chez les autres espèces d'accipitriformes. Dans un centre de réhabilitation en Espagne, Molina-Lopez et al. (2011) ont décrit des prévalences de 11,1 % (1/9) chez des vautours fauves, 13,5 % (5/37) chez des buses variables et 0 % chez les autres espèces d'accipitriformes.

Des prévalences similaires ont été décrites chez les falconiformes : 9 % (6/69) chez des faucons pèlerins (*Falco peregrinus*) (Palmgren et al., 2004), 0/3 faucons crécerelles (*Falco tinnunculus*) (Krawiec et al., 2017), 0 % chez 25 faucons crécerellettes (*Falco naumanni*) et chez 79 faucons crécerelles (Molina-Lopez et al., 2011 ; Jurado-Tarifa et al., 2016).

Une prévalence de 19 % (10/52) a été décrite chez des strigiformes en Suède (Waldenström et al., 2002). Krawiec et al. (2017) ont décrit *Campylobacter* chez 2/5 chouettes hulottes (*Strix aluco*) sauvages, et Jurado-Tarifa et al. (2016) une prévalence de 5,4 % (4/74) chez des hiboux grands-ducs (*Bubo bubo*), 3,0 % (1/33) chez une chouette chevêche d'Athéna (*Athene noctua*) et de 0 % chez les autres espèces de strigiformes européens. Molina-Lopez et al. (2011) ont décrit des prévalences de

6,7 % (1/15) chez des chouettes effraies (*Tyto alba*), de 1/8 chouettes hulottes et de 0 % chez les autres espèces de strigiformes.

g. Chez les galliformes

C. jejuni a été isolé chez un faisan argenté (*Lophura nycthemera*) (Du *et al.*, 2019). Des études ont décrit des prévalences élevées de *Campylobacter* chez les faisans de Colchide (*Phasianus colchicus*) élevés pour la chasse : 43,3 % (Dipineto *et al.*, 2008) et 70,2 % (Nebola *et al.*, 2018).

h. Chez les phœnicoptéridiformes

Une étude a montré que *Campylobacter* et *Helicobacter* étaient les deux principaux genres parmi les protéobactéries du microbiote intestinal de 753 flamants roses (*Phoenicopterus roseus*) venant de colonies méditerranéennes (Gillingham *et al.*, 2019). Antilles *et al.* (2012) ont prélevé 327 poussins flamants roses sur trois colonies en Espagne et ont décrit une prévalence de 14 à 15 % selon les sites. Tous les *Campylobacter* isolés étaient des *C. coli*. *C. jejuni* a été isolé chez un flamant rose captif par Sowerby (2015) et chez un flamant du Chili (*Phoenicopterus chilensis*) captif par Taema *et al.* (2000).

i. Chez les psittaciformes

Une étude a décrit les prévalences de portage de *Campylobacter* chez des psittacidés (Tresierra-Ayala et Bendayan, 1998) : 7,0 % (10/142) chez des psittacidés sauvages, 8,0 % chez des psittacidés domestiques et 8,3 % chez des psittacidés du zoo de Santiago du Chili. Dans cette étude, les genres *Ara*, *Brotogeris*, *Pionites* étaient porteurs de *Campylobacter*.

j. Chez les struthioniformes

Des cas d'entérites et d'hépatites à *Campylobacter coli* ont été décrits chez des poussins d'autruches (*Struthio camelus*) âgés de deux à huit semaines, dans six fermes australiennes (Stephens *et al.*, 1998 ; Miller et Fowler, 2014). *C. coli* a également été isolé chez une autruche en parc zoologique (Misawa *et al.*, 2000).

Il a également été montré que les autruches cliniquement saines peuvent être porteuses de *Campylobacter* : 40 % (60/150) autruches étaient porteuses de *Campylobacter*, dont 48 *C. jejuni* et 12 *C. coli* en Italie (Cuomo *et al.*, 2007). 10,0 % (19/191) des carcasses d'autruches étaient contaminées par *Campylobacter* à l'abattoir aux Etats-Unis (Ley *et al.*, 2001).

k. Chez les sphénisciformes

C. jejuni a été isolé chez un sphéniscidé en parc zoologique (Stirling *et al.*, 2008).

Campylobacter a été décrit chez des sphénisciformes sauvages en Antarctique (García-Peña *et al.*, 2017) : *C. lari* a été isolé chez 21 manchots (7 *Pygoscelis papua*, 11 *P. adeliae* et 3 *P. antarctica*), et *C. volucris* chez deux manchots papous. *C. coli* a été décrit chez un manchot de Magellan au Chili (Levican *et al.*, 2019).

I. Chez les gruiformes

Hoar *et al.* (2007) ont décrit une prévalence de 26 % (5/19) chez des grues blanches (*Grus americana*) et 0% chez les grues du Canada (*Grus canadensis*) au parc zoologique de Calgary. Ils ont isolé un *C. jejuni*, un *C. upsaliensis* et trois *Campylobacter* non identifiés. Ces derniers ont été identifiés par la suite comme une nouvelle espèce de *Campylobacter* spécifique des grues blanches, *Campylobacter canadensis* (Inglis *et al.*, 2007).

Campylobacter a été détecté chez 48 % (31/64) des grues du Canada sauvages aux Etats-Unis pendant la migration (Lu *et al.*, 2013), chez 81 % de ces grues selon une autre étude (Pacha *et al.*, 1988). *C. jejuni* était l'espèce majoritairement isolée dans les deux études.

5. Chez les reptiles

La première étude à avoir étudié la prévalence des Epsilonprotéobactéries chez les reptiles est récente (Gilbert *et al.*, 2014). Les auteurs se sont intéressés pour la première fois à la prévalence, à la diversité et à l'association d'hôtes chez les reptiles. Ils ont ainsi réalisé 444 écouvillons cloacaux chez 417 reptiles. Les échantillons ont été analysés par PCR et des cultures sur géloses sélectives ont également été réalisés. Ainsi, les auteurs ont détecté par PCR *Campylobacter*, *Arcobacter* ou *Helicobacter* chez 69,3 % (289/417) des reptiles, dont 82,5 % (127/154) des chéloniens, 63,8 % (104/163) des lacertiliens et 58,0 % (58/100) des serpents. Plus précisément, *Campylobacter* a été détecté chez 48,8 % (187/417) des reptiles. Par la méthode de culture, ils ont isolé 432 *Campylobacter* chez 22,1 % (92/417) des individus, dont *C. iguanorium* (Gilbert *et al.*, 2015). Les deux espèces les plus fréquentes étaient *A. butzleri* (20,2 %) et *A. crayerophilus* (10,9 %). Ces auteurs ont également montré que les *Campylobacter* des reptiles et des animaux endothermes (oiseaux et mammifères) étaient différents, ce qui est cohérent avec leur température de croissance optimale : 20 à 37°C pour *C. iguanorium* et *C. fetus subsp. testudinum*, contre 42°C pour *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari*. Ils ont aussi montré que les *Campylobacter* des reptiles n'avaient pas d'association d'hôte stricte. La plupart des bactéries affichaient en effet un large spectre d'hôtes, notamment celles du genre *Campylobacter* et *Arcobacter*. Par ailleurs, tous les serpents infectés par *C. fetus subsp. testudinum* étaient malades ou morts, avec des lésions sévères du colon ou de la cavité cœlomique, alors que la majorité des lézards et tortues porteurs de cette bactérie était sains. La forte prévalence estimée chez les chéloniens pourrait s'expliquer par leur comportement de coprophagie.

Les reptiles sont des hôtes de nombreux *Campylobacter* et *Arcobacter* (Gilbert *et al.*, 2019). D'autre part, ces bactéries auraient un spectre d'hôtes large. Par exemple, *Arcobacter* est une bactérie ayant un fort taux de survie en dehors de l'hôte et tend à avoir une association d'hôte faible, contrairement à *Helicobacter* qui est adapté à une niche écologique spécifique.

a. Chez les chéloniens

Harvey et Greenwood (1985) ont décrit le premier isolement de *C. fetus* chez une tortue boîte (*Terrapene bauri*) en Californie. Le cas a été découvert à la suite d'une infection de trois membres de la famille détenant la tortue et ayant des signes cliniques sévères (fièvre, crampes abdominales, diarrhée sanglante, vomissements). Un second cas de campylobactériose humaine causée par un *Campylobacter* proche de *C. fetus* a été décrit (Tu *et al.*, 2004). Un cas de campylobactériose a été décrit chez une tortue léopard (*Stigmochelys pardalis*) malade au Parc Zoologique et Botanique de Mulhouse (Benejat *et al.*, 2014). Cette tortue a présenté une anorexie soudaine et une apathie. Les

signes cliniques se sont résolus avec un traitement à base d'enrofloxacin et de laxatif. La bactérie isolée dans ce cas était un *Campylobacter* proche de *C. fetus*.

Dickinson *et al.* (2001) ont décrit la présence de *Campylobacter* dans le cloaque de 1/5 tortue du désert de Mojave (*Gopherus agassizii*) et 9/201 tortues du désert de Sonoran (*Gopherus morafkai*). Les auteurs d'une autre étude s'intéressant aux tortues comme potentiel réservoir de la campylobactériose Marin *et al.* (2013) n'ont pas réussi à isoler de *Campylobacter* chez 83 cistudes (*Emys orbicularis*) et 117 tortues de Floride (*Trachemys scripta elegans*). Une seconde étude a permis l'isolement de *C. jejuni* à partir d'un écouvillon dans la cavité buccale d'une tortue (Heynol *et al.*, 2015).

b. Chez les lacertiliens

Whiley *et al.* (2017) ont trouvé une prévalence similaire à Gilbert *et al.* (2014), avec une détection de *Campylobacter* chez 33 % (17/51) de lézards (*Lacertilia spp.*) dont 14/46 lézards sauvages en Australie centrale. *Campylobacter* a aussi été isolé chez 2/11 iguanes verts (*Iguana iguana*) par Salb *et al.* (2007).

C. *Arcobacter* et *Helicobacter* dans la faune sauvage

Arcobacter est un genre appartenant à la famille des *Campylobacteraceae* et est aérotolérant (Vandamme *et al.*, 2008). Ce sont des bactéries émergentes, bien étudiées depuis seulement une vingtaine d'années (Ramees *et al.*, 2017). Ces bactéries sont des pathogènes entériques, comme les *Campylobacter*. *Arcobacter butzleri* et *Arcobacter cryaerophilus* ont été isolés chez quelques espèces de PNH (Collado et Figueras, 2011). *A. butzleri* a été isolé dans les fèces d'individus sains, dont un gibbon moloch (*Hylobates moloch*) au Belfast Zoo (Stirling *et al.*, 2008), sept macaques à queue de cochon (*Macaca nemestrina*) (Russell *et al.*, 1992) et dans les fèces d'individus diarrhéiques, dont 14 PNH (macaques rhésus, fascicularis, à queue de cochon, à face rouge *Macaca arctoides*) du Yerkes Primate Research Center (Kiehlbauch *et al.*, 1991 ; Anderson *et al.*, 1993) et une femelle macaque rhésus de 20 ans (Higgins *et al.*, 1999). Les lésions histologiques rencontrées chez les PNH étaient similaires à une infection par *C. jejuni*, à savoir une colite chronique modérée à sévère (Anderson *et al.*, 1993). L'affection touche les PNH âgés de plus de six mois (Simmons et Gibson, 2012).

A. cryaerophilus a été isolé dans des urines de gorilles contenant du sang au Pittsburgh Zoological Park (Wesley et Schroeder-Tucker, 2011).

Arcobacter se rencontre aussi chez d'autres taxons. Wesley et Schroeder-Tucker (2011) ont décrit des cas présumés d'arcobactériose chez les animaux sauvages. *A. butzleri* a ainsi été isolé dans les urines d'un rhinocéros noir (*Diceros bicornis*) sain et d'un rhinocéros blanc (*Ceratotherium simum*) présentant des signes de coliques, dans les urines d'une gazelle de Thomson (*Eudorcas thomson*) hématurique et *A. cryaerophilus* chez un avorton d'alpaga (*Vicugna pacos*). *A. cryaerophilus* a été isolée chez des truites arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*) et l'infection était répétable à partir des souches isolées (Yildiz et Aydin, 2006). Une étude a montré la présence d'*Arcobacter* chez 19 % (18/95) tourterelles turques (*Streptopelia decaocto*) sauvages en Italie (Francesco *et al.*, 2014) et une autre chez 6/10 rats laveurs d'un laboratoire dans l'Iowa (Hamir *et al.*, 2004).

De nombreuses espèces d'*Arcobacter* ont été découvertes chez les reptiles par Gilbert *et al.* (2014).

Helicobacter est un genre faisant partie de la classe des Epsilonproteobactéries, comme les *Campylobacter* (Vandamme *et al.*, 1991 ; Garrity *et al.*, 2015 ; On *et al.*, 2015). Certains taxons sont connus pour être porteurs de *Helicobacter*. Les carnivores sauvages sont porteurs de plusieurs espèces de *Helicobacter* dont *H. pylori*, *H. felis*, *H. heilmanni*, *H. acinonyx* (Eaton *et al.*, 1993 ; Jakob *et al.*, 1997). Ce dernier est proche de *H. pylori* et c'est pourquoi il est supposé dérivé d'un *H. pylori* qui aurait traversé la barrière d'espèce Homme-chat en s'adaptant au système immunitaire félin, il y a 50 000 à 400 000 ans (Junginger *et al.*, 2015). *H. acinonyx* se rencontre chez le guépard, le lion et le tigre en

captivité uniquement (Junginger *et al.*, 2015). Une cause majeure de décès chez les guépards notamment est la gastrite chronique, présente chez 70 % des guépards morts dans les zoo nord-américains (Terio *et al.*, 2005). De la même façon, *H. mustelae* est présent chez une majorité des furets captifs (Fox et Marini, 2001), et *H. enhydrae* a été découvert chez les loutres de mer (Shen *et al.*, 2016).

Une étude de Schrenzel *et al.* (2010) a montré la présence de l'ADN de *Helicobacter* dans les fèces de 220/358 animaux et 41/45 groupes appartenant à 79/154 espèces. Selon les auteurs, presque chaque espèce de PNH, de carnivores et de reptiles a été colonisée au moins une fois par *Helicobacter*. Les auteurs ont notamment décrit la présence de la bactérie chez les cébidés, les cercopithécidés, les hominidés, les hylobatidés, les lémuridés, les loridés, les pithécidés ainsi que chez les canidés, les eupleridés, les félidés, les herpestidés, les hyénidés, les mustélidés, les otaridés, les procyonidés, les ursidés et les viverridés. *H. saguini* a été décrit chez des tamarins pinchés ayant une colite ulcéreuse (Shen *et al.*, 2016).

Les rongeurs peuvent aussi être porteurs d'*Helicobacter* (Won *et al.*, 2002).

Les cétacés ont récemment été décrits comme porteurs de *Helicobacter cetorum* en captivité et en milieu naturel (Goldman *et al.*, 2009 ; Goldman *et al.*, 2011 ; Davison *et al.*, 2014 ; De Witte *et al.*, 2018).

Les oiseaux sont aussi porteurs de *Helicobacter pullorum*, *Helicobacter pametensis*, *Helicobacter canadensis*, *Helicobacter anseris* et *Helicobacter brantae* (García-Amado *et al.*, 2013).

Enfin, il a récemment été démontré que les reptiles pouvaient être porteurs de *Helicobacter* (Gilbert *et al.*, 2014). La bactérie s'est adaptée à la niche écologique constituée par l'intestin des reptiles avant de se diversifier (Gilbert *et al.*, 2017).

**Deuxième partie :
Étude expérimentale
de *Campylobacter*
chez les animaux
du Parc Zoologique de Paris**

I. Contexte et objectifs

Les bactéries du genre *Campylobacter* sont connues depuis un siècle comme agent pathogène chez l'animal (Smith et Taylor, 1919). Elles ont été reconnues comme agent pathogène chez l'Homme il y a seulement 50 ans (Skirrow, 1977), et l'épidémiologie de ces bactéries, notamment des *Campylobacter* dits émergents, reste encore incertaine en raison de leur caractère sporadique et de leur difficulté à être isolées en culture (Lastovica, 2006 ; Man, 2011). Seules quelques études se sont intéressées aux *Campylobacter* chez les animaux de parcs zoologiques (Luechtefeld *et al.*, 1981 ; Adesiyun *et al.*, 1998 ; Misawa *et al.*, 2000 ; Stirling *et al.*, 2008 ; Gilbert *et al.*, 2014 ; Sowerby, 2015 ; De Witte *et al.*, 2018). D'autre part, bien qu'un nombre important d'études ont montré l'implication des oiseaux dans la campylobactériose humaine, peu de choses sont actuellement connues au sujet de la campylobactériose des animaux sauvages (De Witte *et al.*, 2018), en particulier chez les primates non humains (PNH) (Clayton *et al.*, 2019). Pourtant, *Campylobacter spp.* peut être porté de façon asymptomatique par les PNH ou être responsable de gastro-entérite, et son implication dans les diarrhées au sein de ce groupe taxonomique reste à déterminer (Clayton *et al.*, 2019).

Entre 2014 et 2016, de nombreuses diarrhées ont été décrites chez les PNH du Parc Zoologique de Paris (PZP), notamment chez les babouins de Guinée (*Papio papio*) et chez les callithricidés. Une mortalité a parfois été associée à ces diarrhées. Deux cas ont notamment été confirmés par l'histologie (un grand hapalémur et un saki à face blanche). Un examen microbiologique classique des selles des primates malades a été réalisé par le laboratoire de biologie vétérinaire VEBIO (Arcueil). Cet examen comprenait une coproculture pour les bactéries aérobies telles que *E. coli* et pour *Salmonella*, *Shigella*, *Yersinia* et *Campylobacter*, ainsi qu'un examen microscopique direct pour recherche de parasites. Ces tests n'ont pas permis de mettre en évidence un agent pathogène responsable de ces diarrhées. Afin d'investiguer plus profondément l'hypothèse infectieuse des diarrhées, des selles ont aussi été testées par PCR au laboratoire VEBIO pour *Campylobacter spp.* Ces tests ont permis de mettre en évidence la présence de l'agent pathogène chez des PNH et chez d'autres espèces du PZP (annexe 3). D'autres coprocultures spécifiques pour *Campylobacter* ont été réalisées par le Laboratoire National de Contrôle des Reproducteurs (Maisons-Alfort) et n'ont pas permis d'isoler de bactérie.

Nous avons donc initié une étude avec le Dr Alexis Lécu et le service vétérinaire du PZP afin de décrire l'épidémiologie de la campylobactériose. Les objectifs de l'étude étaient d'isoler et d'identifier les *Campylobacter* des animaux du PZP. Nous souhaitons également savoir si des *Campylobacter* atypiques pouvaient circuler chez certains animaux du PZP (notamment chez les reptiles) qui sont porteurs de *Campylobacter* spécifiques (Gilbert *et al.*, 2019).

II. Matériels et méthodes

A. Lieu de l'étude : Le Parc Zoologique de Paris

Le Parc Zoologique de Paris est un parc zoologique de 14,5 hectares, appartenant au Muséum national d'Histoire naturelle (MNHN) (Laidebeure et Lécu, 2014). Inauguré le 2 juin 1934, il a connu de profondes transformations entre sa fermeture au public en 2008 et sa réouverture en avril 2014. Auparavant, la collection animale était principalement composée de mammifères (gros herbivores) et d'oiseaux regroupés selon un ordre taxonomique. Le nouveau PZP a évolué vers des espèces plus petites telle que les primates, et vers des enclos mixtes, regroupés par biozones. Ces cinq biozones correspondent à des zones géographiques et écologiques : Patagonie, Europe, Afrique, Amazonie-Guyane et Madagascar. La plupart des PNH sont hébergés dans la Serre Tropicale et dans les enclos extérieurs, qui regroupent les zones Amazonie-Guyane et Madagascar. Seuls les babouins sont présentés dans le Grand Rocher, en zone Europe. Les oiseaux sont présents dans toutes les zones du PZP. Les reptiles sont présentés dans le vivarium en zone Europe et dans la Serre Tropicale. Un plan du PZP est joint en annexe 4.

B. Prélèvements

1. Échantillonnage des animaux

La population étudiée correspondait à l'ensemble des animaux captifs du Parc Zoologique de Paris, ainsi que la faune sauvage libre résidant sur le parc. Un inventaire détaillé de la collection animale datant du 15 décembre 2017 est joint en annexe 5.

Pour des raisons de temps et de moyens techniques et financiers, nous avons souhaité que le nombre total de prélèvements soit équivalent à environ 160. Quatre différents groupes d'espèces ont été considérés en fonction des résultats obtenus aux tests PCR déjà effectués sur les mêmes espèces (par le laboratoire Vebio entre 2014 et 2016), ainsi qu'en fonction du niveau de portage de *Campylobacter sp.* décrit dans la littérature pour ces espèces :

- Le groupe A correspondait aux PNH, ainsi qu'aux espèces ayant été diagnostiquées positives pour *Campylobacter sp.* par un test PCR sur selles. Il s'agissait essentiellement de PNH. Nous souhaitions obtenir des données de prévalence chez ces espèces. Tous les individus du groupe A ont donc été prélevés dans la mesure du possible. Par exemple, il n'était pas possible de prélever chaque individu du groupe de 67 babouins. Nous avons toutefois limité à 10 le nombre de prélèvement par espèce appartenant à ce groupe.

- Le groupe B correspondait aux espèces dont la suspicion de portage de *Campylobacter sp.* était importante d'après la littérature. Les espèces de ce groupe étaient décrites comme fréquemment porteuses de *Campylobacter*, mais aucun test PCR n'avait été réalisé chez les animaux de ces espèces au PZP. Il s'agissait principalement de certaines espèces d'oiseaux, mais aussi de mammifères non primates. Pour les espèces du groupe B, cinq individus par groupe taxonomique ont été prélevés. Ce nombre de prélèvements par groupe taxonomique a été déterminé par défaut, en raison du nombre total de prélèvements limité à environ 160.
- Le groupe C correspondait aux espèces dont la littérature recense un portage possible de *Campylobacter* atypiques. Il s'agissait des reptiles, chez lesquels nous souhaitions confirmer les résultats obtenus par Gilbert *et al* (2014). De même, ce nombre de prélèvements par groupe taxonomique a été déterminé par défaut, en raison du nombre total de prélèvements limité à environ 160 : ainsi, trois individus de chaque espèce étaient prélevés.
- Le groupe D correspondait à la faune sauvage libre : il s'agissait des rats dont la présence est importante au sein du PZP en raison de la proximité avec la ville de Paris, des laridés présents sur la plage de Patagonie et des passereaux sauvages. Les six prélèvements ont été réalisés dans quatre lieux intéressants d'un point de vue épidémiologique (loge des babouins, loge des PNH de la Serre, plage de Patagonie, entrée de la volière européenne).

2. Identification des prélèvements

L'identification des individus était faite par lecture du transpondeur chez les animaux anesthésiés. Pour les mammifères et les reptiles, l'identification individuelle des animaux se faisait de manière visuelle, avec l'aide des soigneurs. Certains animaux étaient séparés pendant la nuit afin de connaître l'individu avec exactitude chez les animaux ayant une fréquence de défécation faible. Pour les oiseaux, l'identification se faisait au niveau de l'espèce, car la plupart des espèces n'étaient prélevée qu'une seule fois.

3. Méthode de récolte des prélèvements

Entre décembre 2017 et février 2018, environ quatre prélèvements étaient effectués par demi-journée (entre 8 et 10 heures et entre 13 et 15 heures environ). Quand cela était possible, les prélèvements étaient des fèces récupérées sur le sol après observation d'une émission spontanée par un individu. Les fèces étaient alors immédiatement récupérées après identification visuelle de l'animal, par le préleveur et/ou par le soigneur si le préleveur ne connaissait pas les animaux. Les fèces étaient récoltées dans des pots de coproculture stériles pour les mammifères, remplis au maximum pour éviter

la présence de dioxygène, et avec des écouvillons stériles avec milieu de transport gélosé pour les oiseaux. Chez certaines espèces ayant un faible nombre d'émissions de selles (carnivores par exemple), les fèces étaient récoltées le matin. Des écouvillons rectaux ont été réalisés chez des animaux anesthésiés et chez les reptiles (facilement manipulables et dont la fréquence de défécation est très faible).

4. Transport au laboratoire

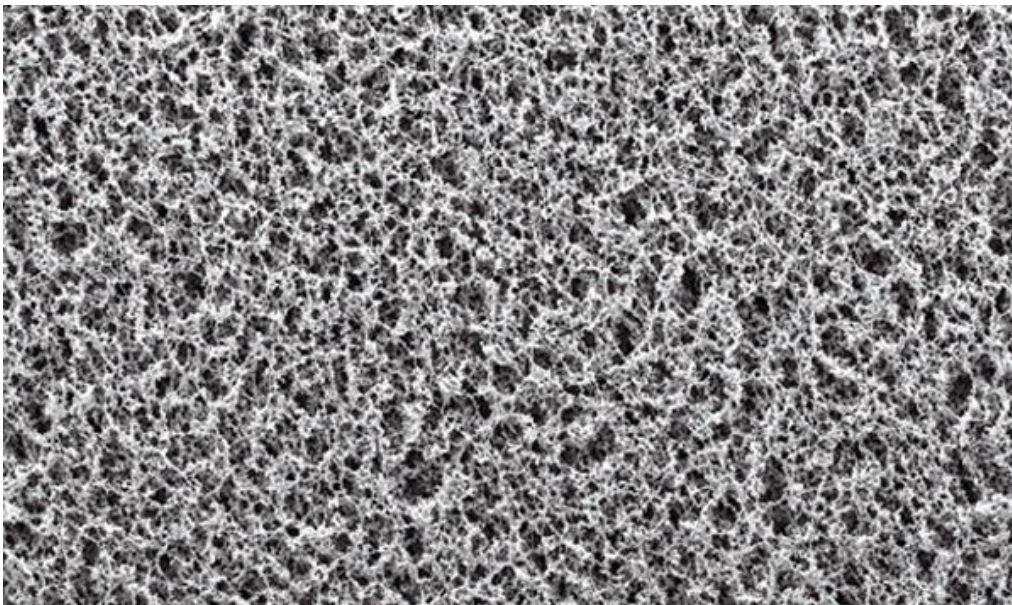
Les échantillons étaient stockés au froid positif (+ 4°C), puis transportés et traités au laboratoire de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses) d'Alfort au maximum dans les trois heures suivant la récolte.

C. Isolement

1. Matériel

Le matériel nécessaire à l'isolement des *Campylobacter* dans cette étude est détaillé en annexe 6. Le filtre utilisé était un filtre MF-Millipore, composé d'esters de cellulose, hydrophile, dont les pores faisaient 0,65 µm de diamètre (figure 13).

Figure 13: Structure microscopique de la membrane de filtration (www.merckmillipore.com)



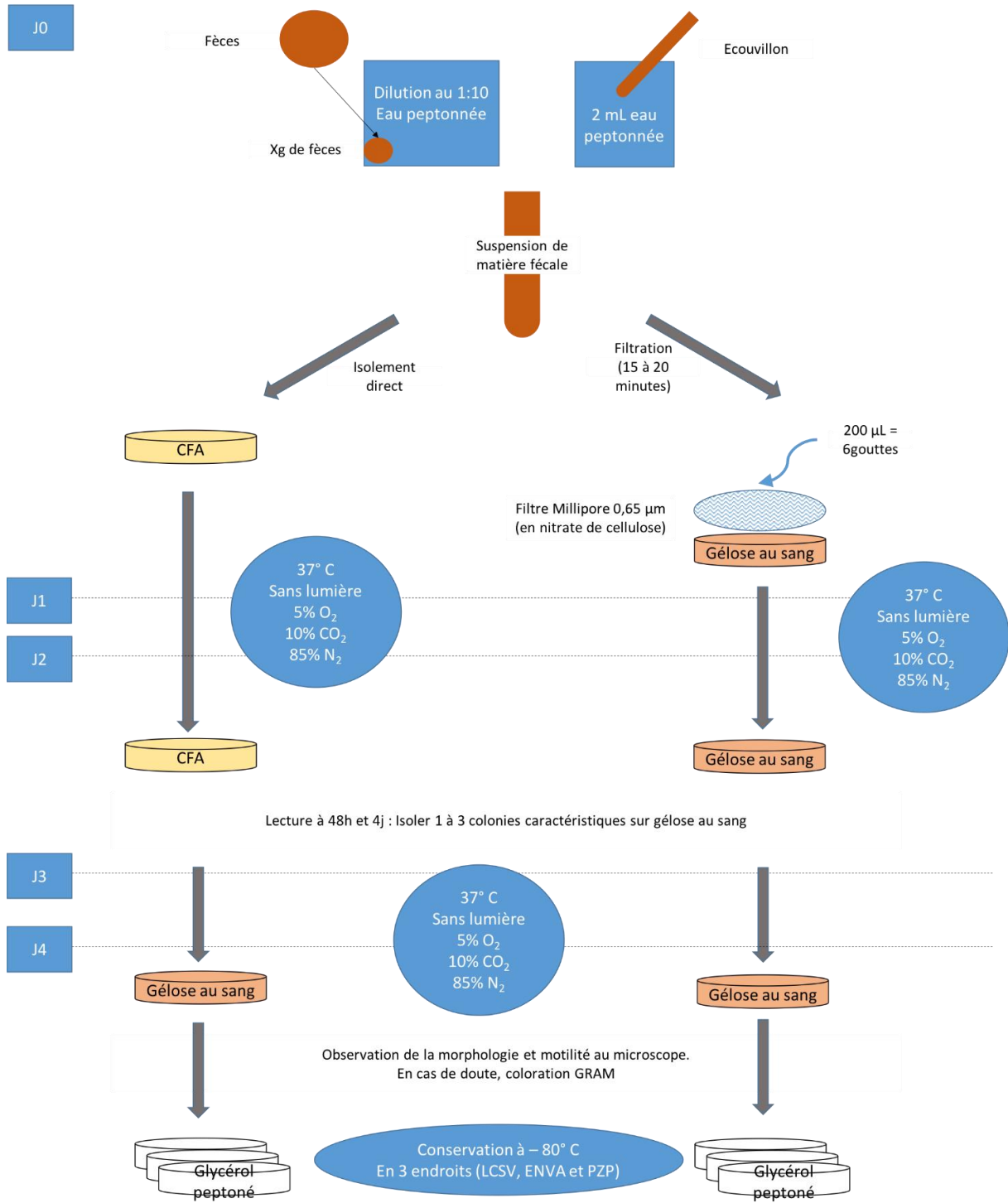
2. Protocole bactériologique

Le protocole bactériologique devait être adapté à la détection de *Campylobacter* classiquement retrouvés, mais aussi aux *Campylobacter* émergents ou atypiques que les animaux sauvages peuvent porter (Lastovica, 2006). Nous avons donc utilisé deux méthodes.

La première méthode est inspirée de la méthode classique (Garenaux *et al.*, 2005 ; Lehours, 2005) et elle est utilisée par la majorité des laboratoires de biologie médicale et vétérinaire. Elle consiste en l'utilisation d'une gélose sélective contenant un mélange d'antibiotiques et d'antifongiques de type Karmali, Skirrow ou Butzler, incubée à 41 – 42°C pendant 36 - 48h (Corry *et al.*, 1995). La deuxième méthode est inspirée du Protocole Cape Town (Le Roux et Lastovica, 1998 ; Lastovica et le Roux, 2000), qui nécessite l'utilisation d'un filtre dont les pores permettent le passage des *Campylobacter*, sur une gélose non sélective. Elle permet d'isoler des *Campylobacter* autres que *C. jejuni* ou *C. coli* (Lehours, 2005). Ces *Campylobacter* atypiques nous intéressaient également dans cette étude. Le filtre a permis dans plusieurs études d'isoler des *Campylobacter* d'espèces sauvages (Misawa *et al.*, 2000 ; De Witte *et al.*, 2018), et dans certains cas d'augmenter la sensibilité de la culture (Mégraud, 1987).

Le protocole est détaillé sur la figure 14. La première étape était la dilution au dixième des fèces ou la dilution de l'écouvillon, afin d'obtenir une suspension de matières fécales. À partir de cette suspension étaient réalisées les deux méthodes. La deuxième étape était l'ensemencement. Elle consistait en l'étalement de la suspension sur la gélose sélective d'un côté, et le dépôt d'environ 200 µL sur le filtre (pore de 0,65 µm) préalablement déposé sur une gélose au sang (figure 15). Le filtre était retiré au bout de 15 à 20 min. La troisième étape était la mise en incubation. Les géloses étaient enfermées dans des jarres de microaérobiose avec des générateurs d'atmosphère microaéroophile, c'est-à-dire une atmosphère à 5 % O₂, 10 % CO₂ et 85 % N₂. L'incubation se réalisait à 37°C, en l'absence de lumière.

Figure 14 : Protocole bactériologique utilisé pour la recherche de *Campylobacter* chez les animaux du PZP



Légende

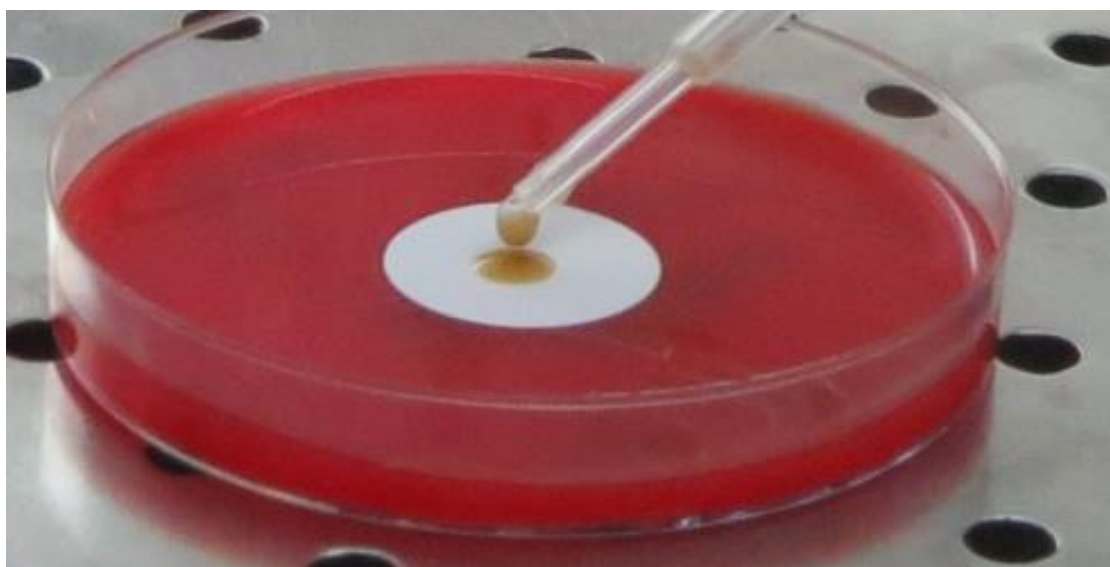
CFA : CampyFood Agar

EnvA : Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort

LCSV : Laboratoire Central des Services Vétérinaires

PZP : Parc Zoologique de Paris

Figure 15 : Dépôt d'une suspension de matières fécales sur un filtre préalablement déposé sur une gélose au sang (photographie personnelle)



3. Lecture des géloses et congélation des souches isolées

Deux lectures ont été réalisées, à 48h et à 96h. Les colonies typiques de *Campylobacter* étaient isolées sur une gélose COS (Columbia + 5 % de sang de mouton) pendant 48h en atmosphère microaérophile et à 37°C. La morphologie et la motilité microscopiques étaient alors observées. Une coloration de Gram a pu être réalisée en cas de doute sur l'identification. Toutes les souches ayant une morphologie ou une motilité caractéristique de *Campylobacter*, c'est-à-dire de petits bacilles fins, Gram négatif, de forme incurvée, spiralée ou hélicoïdale, et ayant une motilité « en tire-bouchon » en microscopie optique, ont été congelées.

D. Identification

L'identification a été réalisée en décembre 2018, en raison de l'installation en novembre 2018, d'un spectromètre de masse (MALDI-TOF) sur le site de l'EnvA. Cette méthode est une méthode d'identification basée sur le protéome (Bessède *et al.*, 2011), contrairement aux méthodes classiques fondées sur le phénotype (galerie biochimique type API CAMPY) ou sur le génome (ARN16S). Cette méthode a plusieurs avantages. Elle est rapide car elle permet d'identifier jusqu'à 96 souches en 1h. Elle est sensible et spécifique. Une des principales limites est que les nouveaux micro-organismes qui ne sont pas encore recensés dans la base de données peuvent ne pas être identifiés (Singhal *et al.*, 2015). Les résultats sont indiqués selon différents scores (annexe 9) : un score supérieur à 2,0 indique une identification certaine de l'espèce, tandis qu'un score compris entre 1,7 et 2,0 indique une identification certaine du genre. Un score inférieur à 1,7 n'est pas suffisant pour une identification.

III. Résultats

A. Prélèvements réalisés

154 prélèvements ont été réalisés, dont :

- 76 animaux du groupe A
- 49 animaux du groupe B
- 23 animaux du groupe C
- 6 animaux du groupe D

14 prélèvements non prévus ont été réalisés dont :

- 6 d'autres espèces (girafe, koudou, cistude, pintade vulturine, chien des buissons)
- 8 prélèvements effectués en pools ou en doublons

B. Isolement

94 souches dont la morphologie ou motilité était caractéristique ou douteuse pour *Campylobacter* ont été isolées sur 168 prélèvements analysés.

Nous avons réalisé des témoins afin de vérifier la microaérophilie (atmosphère enrichie en CO₂). Pour cela, nous avons réalisé deux galeries d'identification API-CAMPY, la première avec un témoin *C. jejuni*, et la seconde avec une souche isolée chez un *Lemur catta* de notre étude. Les résultats de ces témoins étaient satisfaisants, c'est-à-dire qu'il fournissait une identification de *C. jejuni*.

C. Prévalences de *Campylobacteraceae* chez les animaux du PZP

Sur les 94 souches isolées précédemment, dont la morphologie ou motilité était caractéristique ou douteuse pour *Campylobacter*, 35 souches ont été identifiées au niveau de l'espèce par le MALDI-TOF et 10 souches supplémentaires ont été identifiées au niveau du genre par le MALDI-TOF (tableau 1). La prévalence globale de *Campylobacteraceae*, famille réunissant les genres *Campylobacter* et *Arcobacter* était ainsi de 27 %, soit 45 individus positifs sur 168 individus prélevés.

Le taxon ayant la plus forte prévalence de *Campylobacteraceae* était les PNH avec une prévalence de 41 % (28 individus positifs sur 68 individus prélevés). La prévalence de *Campylobacteraceae* chez les oiseaux était moyenne avec une prévalence de 18 % (7/38). Les dix autres *Campylobacteraceae* ont été isolés chez trois mammifères (un capybara, une otarie à crinière, un tapir), deux reptiles (un iguane vert, un boa constrictor) et cinq animaux sauvages non captifs (trois rats et deux laridés).

Tableau 1 : Résultats de l'identification des *Campylobacter* chez les animaux du PZP

Groupe	Animaux du PZP				Prélèvements			Isolements		Identification		
	Espèce (nom vernaculaire)	Espèce (nom latin)	Taxon	Individus	Prévus	Animaux prélevés	Pools prélevés	Certains	Douteux	de l'espèce	du genre	Prévalence
A (Primates, espèces PCR positives)	Babouin de Guinée	<i>Papio papio</i>	Cercopithécidé	67	10	10		3	3	4	1	5/10
	Ouistiti de Geoffroy	<i>Callithrix geoffroyi</i>	Callithricidé	6	6	5	1	1	3	4		4/6
	Tamarin lion à tête dorée	<i>Leontopithecus chrysomelas</i>	Callithricidé	1	1	0						/
	Tamarin bicolore	<i>Saguinus bicolor</i>	Callithricidé	1	1	1						0/1
	Tamarin à mains rouges	<i>Saguinus midas</i>	Callithricidé	5	5	5		5		5		1/5
	Capucin brun	<i>Sapajus apella</i>	Cébidé	2	2	2						0/2
	Douroucouli	<i>Aotus lemurinus</i>	Aotidé	1	1	1				1		1/1
	Singe laineux commun	<i>Lagothrix lagotricha</i>	Atélidé	3	3	3	1		2			0/4
	Titi roux	<i>Callicebus cupreus</i>	Pithécidé	2	2	1		1				0/1
	Saki barbu	<i>Chiropotes sagulatus</i>	Pithécidé	1	1	1	1		1			0/2
	Saki à face blanche	<i>Pithecia pithecia</i>	Pithécidé	2	2	2		1	1	2		2/2
	Maki catta	<i>Lemur catta</i>	Lémuridé	8	8	5		2	1	2		2/5
	Lémur couronné	<i>Eulemur coronatus</i>	Lémuridé	4	4	4		3	1	2		2/4
	Lémur mongoz	<i>Eulemur mongoz</i>	Lémuridé	2	2	2		2		2		2/2
	Lémur à ventre roux	<i>Eulemur rubriventer</i>	Lémuridé	4	4	4		1	4			0/4
	Hapalémur gris	<i>Hapalemur occidentalis</i>	Lémuridé	5	5	5	1		2			0/6
	Grand Hapalémur	<i>Prolemur simus</i>	Lémuridé	5	5	5	1	3	2	5		5/6
	Propithèque couronné	<i>Propithecus coronatus</i>	Lémuridé	2	2	2						0/2
	Vari roux	<i>Varecia rubra</i>	Lémuridé	2	2	2						0/2
	Vari noir et blanc	<i>Varecia variegata</i>	Lémuridé	3	3	3						0/3
	Loutre d'Europe	<i>Lutra lutra</i>	Carnivore	2	2	2		2				0/2
	Addax	<i>Addax nasomaculatus</i>	Artiodactyle	9	3	3						0/3
	Pudu du Sud	<i>Puda puda</i>	Artiodactyle	2	2	2		1	1			0/2
Rhinocéros blanc	<i>Ceratotherium simum</i>	Périsodactyle	2	2	2			1			0/2	
Capybara	<i>Hydrochoerus hydrochaeris</i>	Rongeur	3	3	3		2		1		1/3	
Sarcelle de hottentot	<i>Spatula hottentota</i>	Ansériforme	2	2	1						0/1	

Groupe	Animaux du PZP				Prélèvements			Isolements		Identification		
	Espèce (vernaculaire)	Espèce (nom latin)	Taxon	Individus	Prévus	Animaux prélevés	Pools prélevés	Certains	Douteux	de l'espèce	du genre	Prévalence
B (Oiseaux, espèces suspectes de portage asymptomatique)	Fossa	<i>Cryptoprocta ferox</i>	Carnivore	1	1	1			1			0/1
	Otarie à crinière	<i>Otaria byronia</i>	Carnivore	4	4	4		2		1		2/4
	Pécaru du Chaco	<i>Catagonus wagneri</i>	Artiodactyle	2	2	2			2			0/2
	Tapir terrestre	<i>Tapirus terrestris</i>	Périsodactyle	2	2	2		1	1		1	1/2
	Zèbre de Grévy	<i>Equus grevyi</i>	Périsodactyle	3	3	3	1		1			1/4
	Kamichi à collier	<i>Chauna torquata</i>	Ansériforme	1	1	1		1				0/1
	Ouette de Magellan	<i>Chloephaga picta</i>	Ansériforme	2	1	1						0/1
	Sarcelle de Bernier	<i>Anas bernieri</i>	Ansériforme	2	1	1						0/1
	Canard à bec jaune	<i>Anas undulata</i>	Ansériforme	5	1	1		1				0/1
	Dendrocygne fauve	<i>Dendrocygna bicolor</i>	Ansériforme	6	1	1			1	1		1/1
	Echasse blanche	<i>Himantopus himantopus</i>	Charadriiforme	18	1	1			1			0/1
	Avocette élégante	<i>Recurvirostra avosetta</i>	Charadriiforme	3	1	1		1		1		1/1
	Chevalier gambette	<i>Tringa totanus</i>	Charadriiforme	2	1	1		1				0/1
	Vanneau à éperon	<i>Vanellus spinosus</i>	Charadriiforme	1	1	1						0/1
	Vanneau armé	<i>Anitibyx armatus</i>	Charadriiforme	1	1	1						0/1
	Ibis rouge	<i>Eudocimus ruber</i>	Threskiornithid	35	1	1		1		1		1/1
	Ibis chauve	<i>Geronticus eremita</i>	Threskiornithid	12	1	1						0/1
	Spatule blanche	<i>Platalea alba</i>	Threskiornithid	?	1	1	1	1		1		1/2
	Spatule rose	<i>Platalea ajaja</i>	Threskiornithid	16	1	1						0/1
	Ibis falcinelle	<i>Plegadis falcinellus</i>	Threskiornithid	7	1	1		1			1	1/1
	Flamant rose	<i>Phoenicopterus roseus</i>	Phoenicopterid	50	5	5		3	1		2	2/5
	Manchot de Humboldt	<i>Spheniscus humboldti</i>	Sphénisciforme	20	5	5			1			0/5
	Pénélope siffleuse	<i>Pipile pipile</i>	Galliforme	5	3	1						0/1
Hocco de Daubenton	<i>Crax daubentoni</i>	Galliforme	3	2	2						0/2	
Héron garde-bœufs	<i>Bubulcus ibis</i>	Ciconiiforme	30	1	1						0/1	
Aigrette garzette	<i>Egretta garzetta</i>	Ciconiiforme	5	1	1		1				0/1	

Groupe	Animaux du PZP				Prélèvements			Isolements		Identification		
	Espèce (vernaculaire)	Espèce (nom latin)	Taxon	Individus	Prévus	Animaux prélevés	Pools prélevés	Certains	Douteux	de l'espèce	du genre	Prévalence
B (suite)	Calao trompette	<i>Bycanistes bucinator</i>	Bucérotiforme	2	2	2						0/2
	Calao terrestre	<i>Bucorvus leadbeateri</i>	Bucérotiforme	1	1	1						0/1
	Toucan toco	<i>Ramphastos toco</i>	Piciforme	2	2	0						/
	Ara hyacinthe	<i>Anodorhynchus hyacinthinus</i>	Psittaciforme	4	4	0						/
	Vautour fauve	<i>Gyps fulvus</i>	Accipitriforme	10	5	4						0/4
C (Reptiles)	Tortue rayonnée	<i>Astrochelys radiata</i>	Chélonien	8	3	3	1		1			0/4
	Tortue d'Hermann	<i>Testudo hermanni</i>	Chélonien	10	3	3		2	1			0/3
	Amphibiens anoures	<i>Anura spp.</i>	Anoures	~ 400	3	3			1			0/3
	Caïman nain	<i>Paleosuchus palpebrosus</i>	Crocodylien	3	3	3		2	1			0/3
	Iguane vert	<i>Iguana iguana</i>	Saurien	3	3	3		1			1	1/3
	Boa constrictor	<i>Boa constrictor</i>	Serpent	4	3	3		1	2		1	1/3
	Boa arboricole de Madagascar	<i>Sanzinia madagascariensis</i>	Serpent	21	3	2						0/2
	Roussette paillée	<i>Eidolon helvum</i>	Chiroptère	39	3	3		3				0/3
D (sources supectées)	Rat brun	<i>Rattus norvegicus</i>	Rongeur	/	3	3		3		1	2	3/3
	Passereau	<i>Passeriforme</i>	Passeriforme	/	1	1		1				0/1
	Goëland argenté	<i>Larus argentatus</i>	Charadriiforme	/	2	2		2		1	1	2/2
Non prévus	Girafe	<i>Giraffa camelopardalis</i>	Giraffidé	/	0	1						0/1
	Grand koudou	<i>Tragelaphus strepsiceros</i>	Bovidé	/	0	1						0/1
	Cistude d'Europe	<i>Emys orbicularis</i>	Tortue	/	0	2						0/2
	Pintade vulturine	<i>Acryllium vulturinum</i>	Galliforme	/	0	1			1			0/1
	Chien des buissons	<i>Speothos venaticus</i>	Carnivore	/	0	1						0/1
Total					171	160	8	56	38	35	10	21%

D. Prévalences de *Campylobacteraceae* chez les PNH

La prévalence de *Campylobacteraceae* chez les PNH du PZP était de 41 % (28/68). Les familles de PNH avec la plus forte prévalence étaient les callitricidés (82 %), les cercopithécidés (50 %). Chez les familles avec un faible effectif, les pithécidés (2/4) et un aotidé (1/1) présentaient des prévalences élevées ; alors qu'aucun *Campylobacter* n'a été isolé chez les cébidés (0/2) et atélidés (0/3). Les résultats sont indiqués dans le tableau 2.

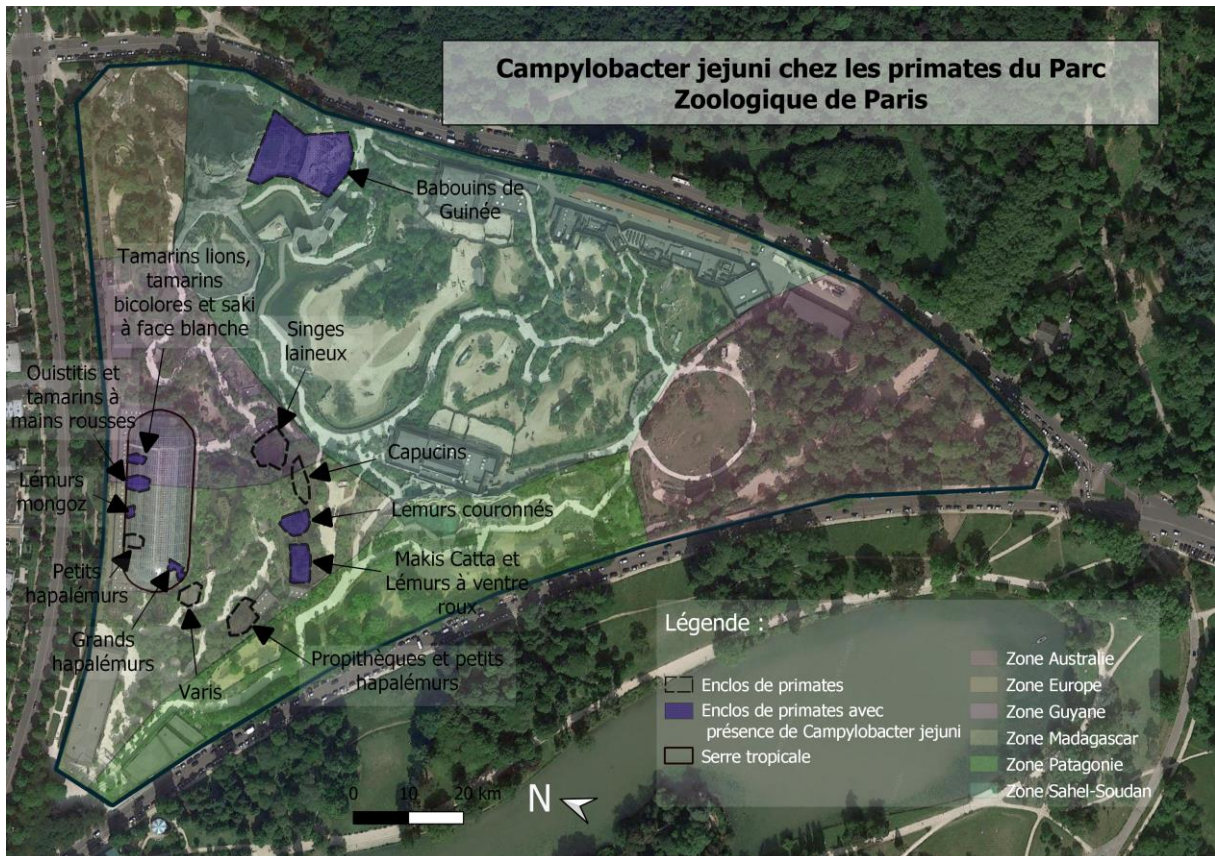
Tableau 2 : Prévalences de *Campylobacteraceae* chez les familles de PNH du PZP

Taxon	Nombre d'individus prélevés	Nombre d'individus positifs	Prévalence	Espèces identifiées
Aotidés	1	1	1 / 1	<i>Arcobacter sp.</i>
Callitricidés	11	9	82 %	<i>C. jejuni</i>
Cercopithécidés	10	5	50 %	<i>C. jejuni</i> <i>A. butzleri</i> <i>Arcobacter sp.</i>
Pithecidés	4	2	2 / 4	<i>C. jejuni</i>
Lémuridés	32	11	34 %	<i>C. jejuni</i> <i>C. upsaliensis</i>
Atelidés	3	0	0 / 3	/
Cébidés	2	0	0 / 2	/

E. Répartition spatiale de *C. jejuni* chez les PNH

C. jejuni a été identifié dans toutes les zones du PZP hébergeant des PNH (figure 16). *C. jejuni* a été isolé en majorité dans des enclos hébergeant des PNH (Grand Rocher et Serre Tropicale). Seulement trois *C. jejuni* n'ont pas été isolé dans ces lieux, mais chez trois oiseaux de la Grande Volière.

Figure 16 : Répartition spatiale de *C. jejuni* chez les PNH du PZP



F. Espèces de *Campylobacteraceae* identifiées

Campylobacter jejuni a été l'espèce majoritairement identifiée, avec 26 souches identifiées. *C. jejuni* a été identifié chez 22 PNH, chez un rat de la loge des babouins, un ibis rouge, un capybara, une avocette élégante, une échasse blanche et un dendrocygne fauve.

C. jejuni a été l'espèce majoritairement isolé chez les PNH ; en effet 21 des 28 *Campylobacter* isolés chez les PNH étaient des *C. jejuni*. La prévalence de *C. jejuni* chez les PNH était donc de 31 % (21/68). Concernant les sept autres *Campylobacteraceae* isolés chez des PNH, *C. upsaliensis* a été identifié chez deux grands hapalémurs, *Arcobacter butzleri* chez deux babouins de Guinée et *Arcobacter sp.* chez deux babouins et un douroucouli.

Campylobacter sp. a été identifié chez trois rats, dont notamment *C. jejuni* dans des fèces de rats dans la loge intérieure des babouins. *C. jejuni* a été identifié chez un ibis rouge et un capybara de la Serre Tropicale, et *Campylobacter sp.* chez une spatule rose (*C. jejuni* avec une faible certitude). *Campylobacter sp.* a été isolé chez quatre oiseaux de la Grande Volière (*C. jejuni* chez une avocette, une échasse blanche, une dendrocygne fauve et *Campylobacter sp.* chez un ibis falcinelle) (tableau 1).

Un seul cas de co-infection à *C. coli* et *C. upsaliensis* a été mis en évidence chez une spatule blanche. *C. upsaliensis* a été isolé chez deux hapalémurs gris. *C. lari* a été isolé chez un laridé sauvage. *Campylobacter sp.* a été isolé chez un boa (*C. fetus* avec une faible certitude).

Arcobacter a été isolé chez quatre babouins dont deux *A. butzleri*. *Arcobacter* a aussi été isolé chez un douroucouli, un tapir et un iguane.

IV. Discussion

A. Épidémiologie de *Campylobacter* chez les PNH du PZP

La prévalence globale de *Campylobacter* chez les PNH du PZP était de 41 %. Cette prévalence est cohérente avec les prévalences de portage de *Campylobacter* par les PNH décrites par d'autres auteurs : 15 % au ZSL WZ (Taema *et al.*, 2008), 17,6 % au *Auckland Zoo* (Sowerby, 2015), 24 % au zoo de Beauval (Leclerc *et al.*, 2016), 87 % au *Phoenix Zoological Gardens* (Misawa *et al.*, 2000), 81,8 % au *Belfast Zoological Gardens* (Stirling *et al.*, 2008).

Comme nous l'avions supposé avant l'étude, les callithricidés et les cercopithécidés (babouins de Guinée) sont les espèces chez qui l'on trouve la plus forte prévalence de *Campylobacteraceae*. Ceci peut indiquer une corrélation entre les signes cliniques (diarrhée) avec le taux d'infection d'un groupe de PNH. Les lémuriens, les cébidés et les pithécidés avaient une prévalence plus faible, ce qui est en accord avec les résultats trouvés par Leclerc *et al.* (2016).

Une majorité de *Campylobacter* isolé chez les PNH du PZP est de l'espèce *C. jejuni*. Certains auteurs supposent qu'à cause de la proximité phylogénétique avec l'Homme, les PNH peuvent être infectés par des souches humaines de *C. jejuni*. Nous avons d'ailleurs identifié des animaux potentiellement vecteurs de *C. jejuni* car porteurs asymptomatiques, tels que les oiseaux de la Serre Tropicale qui se déplacent librement autour des enclos des PNH. Les rats peuvent aussi être des vecteurs de transmission dans cette zone très urbanisée. En effet, il a été montré que les animaux sont plus porteurs de *C. jejuni* s'ils sont proches d'activités humaines type décharges (Tel *et al.*, 2013).

Chez les groupes de PNH avec les taux d'infection les plus élevés, plusieurs facteurs de risque identifiés dans la littérature étaient présents : la promiscuité, la densité animale élevée, la température et l'hygrométrie élevée dans la Serre Tropicale.

B. *Campylobacter* chez les oiseaux du PZP

Les oiseaux du PZP étaient porteurs de *C. jejuni*, *C. coli*, *C. upsaliensis* et *C. lari*. Les oiseaux porteurs de ces *Campylobacter* étaient tous des oiseaux au comportement limicole. Dans la Volière comme dans la Serre Tropicale, *Campylobacter* peut se transmettre via l'eau environnementale. Cependant, la bactérie peut aussi se transmettre à d'autres animaux par ce biais, comme les PNH. Un génotypage sera nécessaire pour évaluer le potentiel des souches isolées chez ces oiseaux à infecter les PNH.

C. *Campylobacter* non classiques chez les animaux du PZP

1. *Campylobacter upsaliensis* chez des grands hapalémurs

Nous avons identifié deux *C. upsaliensis* dans le groupe de grands hapalémurs. Deux individus sur cinq prélevés étaient positifs pour *C. upsaliensis* et les trois autres étaient positifs pour *C. jejuni*. Il s'agit de la première description de campylobactériose à *C. upsaliensis* chez des lémuriens (Clayton *et al.*, 2019).

2. *Arcobacter butzleri* chez des babouins de Guinée

Nous avons identifié quatre *A. butzleri* chez les babouins de Guinée (*Papio papio*) sur 10 individus prélevés. L'arcobactériose à *A. butzleri* chez des PNH est une maladie connue mais peu souvent recensée (Kiehlbauch *et al.*, 1991 ; Anderson *et al.*, 1993 ; Higgins *et al.*, 1999). Higgins *et al.* (1999) ont identifié cette bactérie chez une femelle macque rhésus, en diarrhée chronique depuis 10 mois non répondante aux antibiotiques. Nos résultats indiquent que *A. butzleri* pourrait être un agent pathogène fréquemment impliqué dans des enzooties de diarrhées chroniques chez des PNH.

3. *Arcobacter* chez un tapir terrestre

Les périssodactyles tels que les tapirs sont connus pour être porteurs de *C. coli* (Stirling *et al.*, 2008 ; Wolf *et al.*, 2011 ; Miller et Fowler, 2014). Nous avons isolé *Arcobacter* chez un tapir. Il pourrait s'agir de la première isolation d'*Arcobacter* chez un tapir.

4. *C. upsaliensis* chez une otarie à crinière

Nous avons isolé *C. upsaliensis* chez une otarie à crinière. *Campylobacter* est une bactérie décrite de nombreuses fois chez les pinnipèdes. *C. insulaenigrae*, l'espèce la plus prévalente chez les pinnipèdes, est proche des *Campylobacter* thermotolérants mais éloigné de *C. upsaliensis* (González *et al.*, 2011). Un *Campylobacter* proche mais distinct de *C. upsaliensis* a été décrite une fois dans la littérature (Stoddard *et al.*, 2007).

5. *C. fetus* et *Arcobacter* chez deux reptiles

Nous avons obtenu deux souches chez des reptiles. La première est une souche d'*Arcobacter* chez un iguane vert. Les iguanes sont connus pour être porteur d'un *Campylobacter* spécifique des lézards, *C. iguanorium* (Gilbert *et al.*, 2014 ; Gilbert *et al.*, 2015). Seuls 3,7 % des lézards étaient positifs pour *Arcobacter* dans l'étude de Gilbert *et al.* (2014). Un *C. fetus* présomptif a été isolé chez un boa constrictor. Dans l'étude de Gilbert *et al.* (2014), *C. fetus testudinum* est la sous-espèce la plus souvent

isolée chez les reptiles. Le *C. fetus* isolé chez ce boa pourrait donc être un *C. fetus testudinum*, mais cela n'a pas pu être confirmé par nos analyses.

D. Limites

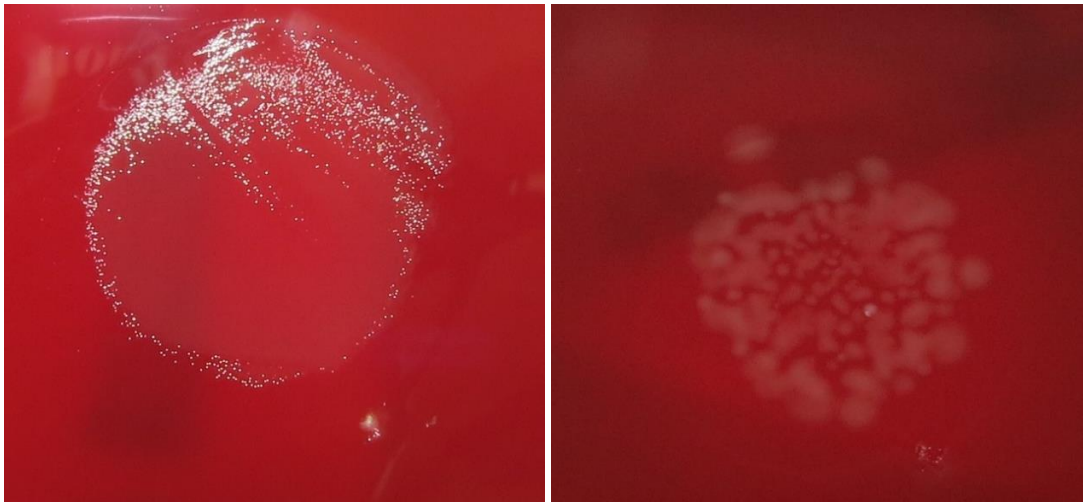
1. Prélèvements

Les prélèvements étaient parfois difficiles à réaliser, dans le temps imparti, et de façon individuelle. En effet, les observations devaient être réalisées dans un temps limité à deux heures par demi-journée, en comptant le déplacement au sein du parc, l'isolement ou le suivi au sein d'un groupe des animaux que l'on souhaitait prélever et le transport au laboratoire. Ainsi, il n'était pas possible d'obtenir plus de quatre prélèvements par période de deux heures de façon certaine. Il n'était d'autre part pas possible d'avoir des fèces fraîches, chez les carnivores par exemple, ou en quantité suffisante, comme chez les oiseaux. Enfin, il était difficile d'ensemencer les géloses de façon répétable à partir d'une suspension de matières fécales, car les différentes espèces prélevées dans cette étude avaient des fèces très différents en termes de forme, humidité, quantité, teneur en fibre, etc.

2. Culture

La culture de *Campylobacter* non classiques s'est avérée difficile. En effet, certains *Campylobacter* avaient des morphologies macroscopiques et microscopiques très différentes (figure 17). Les laboratoires du site de l'EnvA était expert dans le domaine des *Campylobacter* classiques. D'autre part, nous n'avons pas pu utiliser d'atmosphère enrichie en H₂, ce qui aurait été très intéressant pour l'isolement des *Campylobacter* non thermotolérants (Vandamme *et al.*, 2015). Un autre paramètre était la température d'incubation fixée à 37°C pour une plus grande sensibilité. Cette température n'est peut-être pas la plus adaptée pour isoler des *Campylobacter* de reptiles (Gilbert *et al.*, 2014).

Figure 17 : Diversité macroscopique des *Campylobacter* (photographie personnelle)



3. MALDI-TOF

Concernant le MALDI-TOF, il a été extrêmement contraignant de devoir différer l'identification des souches, car il a fallu les remettre en culture pour l'analyse. D'autre part, bien qu'il s'agisse d'un outil de diagnostic extrêmement puissant, il est moins performant quand les souches ne sont pas préalablement identifiées dans la base de données, notamment dans le cadre de recherches.

Nous avons eu de nombreuses identifications par le MALDI-TOF dont le score était insuffisant pour confirmer le genre ou l'espèce, mais dont la liste de 10 souches les plus probables étaient des *Campylobacter*.

E. Applications en parc zoologique

1. Amélioration des techniques de détection

Lors de diagnostic pour les diarrhées chez les animaux de parcs zoologiques, il faudrait demander au laboratoire d'utiliser une technique de filtration en parallèle de la technique de gélose sélective. En effet, ceci augmente la sensibilité de la culture pour les *Campylobacter* non classiques (*C. jejuni* ou *C. coli*) qui sont fréquents dans la faune sauvage, captive ou libre. Pour augmenter davantage la sensibilité de la culture à des *Campylobacter* non classiques, il faudrait aussi incuber les géloses en atmosphère microaérophile enrichi en H₂, car elle requiert ce gaz pour croître de façon optimale. Enfin, la température de 37°C est moins sélective que la température de 41 ou 42°C et donc plus adaptée à l'isolement de *Campylobacter* non classiques sans détériorer la sensibilité de la culture pour les *Campylobacter* thermotolérants.

Lors d'épizooties de diarrhées dans un groupe d'animaux de parcs zoologiques, sans isolement de bactéries entéropathogènes, en particulier chez les PNH, la première étape est d'envoyer les selles pour réalisation d'analyses PCR *Campylobacter sp.* car ce test est le plus sensible. Si le résultat est positif, la présence de l'agent pathogène est confirmée et *Campylobacter* est probablement à l'origine des diarrhées. Il est alors intéressant de demander une culture spécifique pour *Campylobacter* avec les conditions décrites ci-avant pour la géotyper et connaître l'antibiogramme de la souche. L'antibiotique de choix est usuellement un macrolide comme l'érythromycine.

2. Surveillance et prévention

Des cultures bactériologiques et des coproscopies sont usuellement effectuées lors d'introduction d'un animal dans un nouveau groupe, ou en sortie de quarantaine dans les parcs zoologiques européens et notamment chez les PNH (Souvignet *et al.*, 2019). *Campylobacter* fait partie des agents pathogènes recherchés, ce qui assure le suivi sanitaire du parc zoologique. La directive européenne 92/65/CEE, « directive BALAI », et l'arrêté du 9 mars 2012 indiquent les exigences en matière de transfert de primates et font appel aux recommandations de l'Office International des Epizooties (OIE) en ce qui concerne les tests de recherche d'entérobactéries (*Yersinia*, *Salmonella*, *Shigella* et *Campylobacter*).

Afin d'éviter les campylobactérioses chez les PNH, il serait recommandé d'empêcher les PNH d'avoir accès à des fientes d'oiseaux, notamment des oiseaux au comportement aquatique. Une densité animale faible est préférable pour empêcher les contacts oro-fécaux entre individus.

3. Gestion du risque zoonotique

Campylobacter est une bactérie zoonotique, notamment *C. jejuni* et *C. coli*. Le portage de ces bactéries par des PNH ou par des oiseaux représente donc un risque zoonotique important. Un soigneur a été infecté par *Campylobacter* au *Auckland Zoo* en 2009, probablement suite à une exposition sur le lieu de travail (Forsyth *et al.*, 2010). Ce risque semble néanmoins faible si les procédures sont respectées (Forsyth *et al.*, 2010).

4. *Campylobacter* et Marmoset Wasting Disease

Deux cas de dépérissement chronique des callithricidés (*Marmoset Wasting Disease*) ont été décrits chez des tamarins pinchés, chez lesquels *C. jejuni* a été isolé de biopsie de colon, caecum et iléon inflammés, mais pas en coproculture (Johnson *et al.*, 2001). Les agents pathogènes digestifs tels que *Campylobacter* pourraient être des cofacteurs de la maladie.

Conclusion

Le principal objectif de cette thèse était de mieux comprendre l'épidémiologie de *Campylobacter* chez les animaux de parcs zoologiques en prenant pour exemple la collection du PZP. Nous avons montré l'intérêt d'utiliser, en complément d'une méthode d'isolement classique sur gélose sélective aux antibiotiques, une méthode par filtration sélective sur la morphologie et la motilité de ces bactéries. Nous avons aussi utilisé une température d'incubation plus basse afin d'isoler des *Campylobacter* non thermotolérants. Enfin, nous avons choisi de traiter les échantillons au laboratoire le plus rapidement possible afin d'éviter les formes viables non cultivables de *Campylobacter*.

Grâce à ces techniques adaptées, nous avons pu isoler 45 *Campylobacter* dont 26 *C. jejuni* parmi 168 prélèvements. Nous avons montré chez les primates une prévalence élevée de campylobactériose de 41 %, soit 28 individus positifs sur 68 PNH. Les diarrhées observées chez les PNH pourraient ainsi être expliquées par une infection par des *Campylobacter*. Cela suggère que les PNH sont sensibles à la campylobactériose, comme cela est décrit dans la littérature. Nos résultats confirment également une réceptivité particulière de certains taxons, comme les callithricidés, les pithécidés et les cercopithécidés, par rapport aux cébidés, atélidés et lémuriniens.

Nous avons montré la présence de *C. jejuni* chez les PNH et chez les oiseaux de la Serre Tropicale d'une part, et chez les babouins et les rats du Grand Rocher d'autre part. Il faudrait donc s'interroger sur une transmission entre ces animaux par contamination fécale (possible avec un génotypage). En effet, deux hypothèses sont alors possibles : soit les PNH se contaminent à partir des fèces de rats ou d'oiseaux, soit les animaux du PZP ont une source de contamination commune.

Par ailleurs, nous avons décrit pour la première fois *A. butzleri* dans un groupe de babouins de Guinée et *C. upsaliensis* dans un groupe de grands hapalémurs. Nous avons confirmé la présence de *Campylobacter* spécifique d'espèces chez une otarie, chez un iguane et chez un boa constrictor.

Nos résultats confirment donc l'importance de *Campylobacter* en parcs zoologiques, et soulignent la nécessité d'adapter les techniques de microbiologie vétérinaire pour le diagnostic de *Campylobacter* en médecine vétérinaire. D'autres études de ce type semblent requises dans d'autres parcs zoologiques afin d'affiner l'estimation de la fréquence de ces infestations.

Cette étude sur le portage de *Campylobacter* par la faune sauvage et principalement par les primates non humains au Parc Zoologique de Paris a permis de mettre en évidence l'importance de cette bactérie chez les primates. Un génotypage MLST (Multi Locus Sequencing Typing) des souches isolées doit être réalisées au CNRCH afin de mieux comprendre l'épidémiologie de cette bactérie au PZP ; et de déterminer les relations entre les différents *Campylobacter* obtenus au PZP.

Le génotypage permettra également de comprendre leur potentiel zoonotique. En effet, la comparaison de ces souches de *Campylobacter* isolées chez les animaux du PZP aux souches isolées chez l'Homme permettra de s'interroger sur la source de ces bactéries d'une part, et sur la possibilité de transmission à l'Homme d'autre part. L'analyse des facteurs de virulence permettra également d'évaluer son pouvoir zoonotique.

Dans un dernier temps, il sera nécessaire de réaliser des antibiogrammes. En effet, la connaissance des antibiorésistances de ces souches permettra d'adapter le traitement chez les animaux du PZP. Le profil d'antibiorésistances permettra également de connaître la virulence de ces souches pour l'Homme.

Afin de comprendre plus en profondeur l'épidémiologie de la bactérie chez les animaux de parcs zoologiques, nous avons commencé une nouvelle étude sur les *Campylobacter* au Parc Zoologique et Botanique de Mulhouse (PZBM) avec le vétérinaire du parc zoologique, Benoit Quintard, et le médecin biologiste, Alain Gravet, du Groupe Hospitalier de la Région de Mulhouse et Sud Alsace. La collection du PZBM comporte de nombreux PNH et oiseaux, et elle est comparable à celle du PZP.

Liste des références bibliographiques

- ABDOLLAHPOUR N., ZENDEHBAD B., ALIPOUR A., KHAYATZADEH J. (2015) Wild-bird feces as a source of *Campylobacter jejuni* infection in children's playgrounds in Iran. *Food Control* 50, 378-381
- ABULREESH H.H., PAGET T.A., GOULDER R. (2006) Campylobacter in Waterfowl and Aquatic Environments: Incidence and Methods of Detection. *Environmental Science & Technology* 40(23), 7122-7131
- ACKE E. (2018) Campylobacteriosis in dogs and cats: a review. *N Z Vet J* 66(5), 221-228
- ADESIYUN A.A., CAESAR K., INDER L. (1998) Prevalence of Salmonella and Campylobacter species in animals at Emperor Valley Zoo, Trinidad. *J. Zoo Wildl. Med.* 29(2), 237-239
- ADESIYUN A.A., STEWART-JOHNSON A., THOMPSON N.N. (2009) Isolation of enteric pathogens from bats in Trinidad. *J. Wildl. Dis.* 45(4), 952-961
- ALLOS B.M., LASTOVICA A.J. (2008) Clinical Significance of *Campylobacter* and Related Species Other Than *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*. In *Campylobacter, Third Edition*. American Society of Microbiology, pp 123-149
- ANDERSON K.F., KIEHLBAUCH J.A., ANDERSON D.C., MCCLURE H.M., WACHSMUTH I.K. (1993) *Arcobacter* (*Campylobacter*) butzleri-associated diarrheal illness in a nonhuman primate population. *Infect. Immun.* 61(5), 2220-2223
- ANDERSON N.W., BUCHAN B.W., LEDEBOER N.A. (2014) Comparison of the BD MAX Enteric Bacterial Panel to Routine Culture Methods for Detection of *Campylobacter*, Enterohemorrhagic *Escherichia coli* (O157), *Salmonella*, and *Shigella* Isolates in Preserved Stool Specimens. *Journal of Clinical Microbiology* 52(4), 1222-1224
- ANDRADE M.C.R., GABEIRA S.C. de O., ABREU-LOPES D., et al. (2007) Circulation of *Campylobacter* spp. in rhesus monkeys (*Macaca mulatta*) held in captivity: a longitudinal study. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 102(1), 53-57
- ANSES (2016) Campylobactériose. [<https://www.anses.fr/fr/content/campylobactériose-0>]
- ANTILLES N., GARCÍA-BOCANEGRA I., CERDÀ-CUÉLLAR M. (2012) Campylobacter and Salmonella prevalence in young greater flamingos (*Phoenicopterus ruber roseus*) in Spain. In *Convergence in Wildlife Health. In Joint 61st WDA/10th Biennial EWDA Conference*, Lyon
- ANTILLES N., SANGLAS A., CERDÀ-CUÉLLAR M. (2015) Free-living Waterfowl as a Source of Zoonotic Bacteria in a Dense Wild Bird Population Area in Northeastern Spain. *Transboundary and Emerging Diseases* 62(5), 516-521
- ATANASSOVA V., APELT J., REICH F., KLEIN G. (2008) Microbiological quality of freshly shot game in Germany. *Meat Science* 78(4), 414-419
- BAILY J.L., MÉRIC G., BAYLISS S., et al. (2015) Evidence of land-sea transfer of the zoonotic pathogen *Campylobacter* to a wildlife marine sentinel species. *Molecular Ecology* 24(1), 208-221
- BALANSARD I., CLEVERLEY L., CUTLER K.L., et al. (2019) Revised recommendations for health monitoring of non-human primate colonies (2018): FELASA Working Group Report. *Lab Anim* 53(5), 429-446
- BAQAR S., BOURGEOIS A.L., APPLEBEE L.A., et al. (1996) Murine intranasal challenge model for the study of *Campylobacter* pathogenesis and immunity. *Infection and Immunity* 64(12), 4933-4939
- BENEJAT L., GRAVET A., SIFRÉ E., et al. (2014) Characterization of a *Campylobacter* fetus-like strain isolated from the faeces of a sick leopard tortoise (*Stigmochelys pardalis*) using matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight as an alternative to bacterial 16S rDNA phylogeny. *Letters in Applied Microbiology* 58(4), 338-343
- BESSÈDE E., SOLECKI O., SIFRÉ E., LABADI L., MÉGRAUD F. (2011) Identification of *Campylobacter* species and related organisms by matrix assisted laser desorption ionization–time of flight (MALDI-TOF) mass spectrometry. *Clinical Microbiology and Infection* 17(11), 1735-1739

- BLASER M.J. (1980) Survival of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni* in Biological Milieus. *J. Clin. Microbiol.* 11, 5
- BLASER M.J., DUNCAN D.J., WARREN G.H., WANG W.-L.L. (1983) Experimental *Campylobacter jejuni* Infection of Adult Mice. *Infection and Immunity* 39(2), 908-916
- BLASER M.J., SMITH P.F., WANG W.L., HOFF J.C. (1986) Inactivation of *Campylobacter jejuni* by chlorine and monochloramine. *Appl Environ Microbiol* 51(2), 307-311
- BLASER M.J., ENGBERG J. (2008) Clinical Aspects of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* Infections. In *Campylobacter, Third Edition*. American Society of Microbiology, pp 99-121
- BOLTON D.J. (2015) *Campylobacter* virulence and survival factors. *Food Microbiol.* 48, 99-108
- BRONOWSKI C., JAMES C.E., WINSTANLEY C. (2014) Role of environmental survival in transmission of *Campylobacter jejuni*. *FEMS Microbiology Letters* 356(1), 8-19
- BUTLER A.J., THOMAS M.K., PINTAR K.D.M. (2015) Expert Elicitation as a Means to Attribute 28 Enteric Pathogens to Foodborne, Waterborne, Animal Contact, and Person-to-Person Transmission Routes in Canada. *Foodborne Pathogens and Disease* 12(4), 335-344
- BUTZLER J.P., DEKEYSER P., DETRAIN M., DEHAEN F. (1973) Related vibrio in stools. *The Journal of Pediatrics* 82(3), 493-495
- BUTZLER J.-P. (2004) *Campylobacter*, from obscurity to celebrity. *Clinical Microbiology and Infection* 10(10), 868-876
- CABALLERO M., RIVERA I., JARA L.M., ULLOA-STANOJLOVIC F.M., SHIVA C. (2015) Isolation and molecular identification of potentially pathogenic *Escherichia coli* and *Campylobacter jejuni* in feral pigeons from an urban area in the city of Lima, Peru. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo* 57(5), 393-396
- CABRITA J., RODRIGUES J., BRAGANÇA F., et al. (1992) Prevalence, biotypes, plasmid profile and antimicrobial resistance of *Campylobacter* isolated from wild and domestic animals from Northeast Portugal. *Journal of Applied Bacteriology* 73(4), 279-285
- CARBONERO A., PANIAGUA J., TORRALBO A., et al. (2014) *Campylobacter* infection in wild artiodactyl species from southern Spain: Occurrence, risk factors and antimicrobial susceptibility. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases* 37(2), 115-121
- CARRASCO S.E., BUREK K.A., BECKMEN K.B., et al. (2011) Aerobic oral and rectal bacteria of free-ranging Steller sea lion pups and juveniles (*Eumetopias jubatus*) in Alaska. *J. Wildl. Dis.* 47(4), 807-820
- CASANOVAS L., SIMÓN M. de, FERRER M.D., ARQUÉS J., MONZÓN G. (1995) Intestinal carriage of campylobacters, salmonellas, yersinias and listerias in pigeons in the city of Barcelona. *Journal of Applied Bacteriology* 78(1), 11-13
- CDC (2017) *Campylobacter* (Campylobacteriosis). [<https://www.cdc.gov/campylobacter/index.html>]
- CERDÀ-CUÉLLAR M., MORÉ E., AYATS T., et al. (2018) Do humans spread zoonotic enteric bacteria in Antarctica? *Science of The Total Environment* 654
- CHHOUR K.-L., HINDS L.A., DEANE E.M., JACQUES N.A. (2008) The microbiome of the cloacal openings of the urogenital and anal tracts of the tammar wallaby, *Macropus eugenii*. *Microbiology*, 154(5), 1535-1543
- CLAYTON J.B., DANZEISEN J.L., JOHNSON T.J., et al. (2019) Characterization of *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter upsaliensis*, and a novel *Campylobacter* sp. in a captive non-human primate zoological collection. *J. Med. Primatol.* 48(2), 114-122
- COLLADO L., FIGUERAS M.J. (2011) Taxonomy, Epidemiology, and Clinical Relevance of the Genus *Arcobacter*. *Clin Microbiol Rev* 24(1), 174-192
- COLLES F.M., DINGLE K.E., CODY A.J., MAIDEN M.C.J. (2008) Comparison of *Campylobacter* Populations in Wild Geese with Those in Starlings and Free-Range Poultry on the Same Farm. *Applied and Environmental Microbiology* 74(11), 3583-3590
- COLLES F.M., MCCARTHY N.D., HOWE J.C., et al. (2009) Dynamics of *Campylobacter* colonization of a natural host, *Sturnus vulgaris* (European Starling). *Environ Microbiol* 11(1), 258-267

- CORRY J.E.L., POST D.E., COLIN P., LAISNEY M.J. (1995) Culture media for the isolation of campylobacters. *International Journal of Food Microbiology, Reviews from the Sixth International Symposium of the Working Party for Culture Media, Part II* 26(1), 43-76
- CUOMO A., DIPINETO L., SANTANIELLO A., *et al.* (2007) Detection of thermotolerant *Campylobacter* in ostriches (*Struthio camelus*) in Italy. *Vet. J.* 174(2), 439-441
- DASTI J.I., TAREEN A.M., LUGERT R., ZAUTNER A.E., GROSS U. (2010) *Campylobacter jejuni*: A brief overview on pathogenicity-associated factors and disease-mediating mechanisms. *International Journal of Medical Microbiology* 300(4), 205-211
- DAVISON N.J., BARNETT J.E.F., KOYLASS M., *et al.* (2014) *Helicobacter cetorum* infection in striped dolphin (*Stenella coeruleoalba*), atlantic white-sided dolphin (*Lagenorhynchus acutus*), and short-beaked common dolphin (*Delphinus delphus*) from the southwest coast of england. *Journal of Wildlife Diseases* 50(3), 431-437
- DE WITTE C., LEMMENS C., FLAHOU B., *et al.* (2018) Presence of *Helicobacter* and *Campylobacter* species in faecal samples from zoo mammals. *Veterinary Microbiology* 219, 49-52
- DEKEYSER P., GOSSUIN-DETRAIN M., BUTZLER J.P., STERNON J. (1972) Acute Enteritis Due to Related Vibrio: First Positive Stool Cultures. *Journal of Infectious Diseases* 125(4), 390-392
- DÍAZ-SÁNCHEZ S., SÁNCHEZ S., HERRERA-LEÓN S., *et al.* (2013) Prevalence of Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, *Salmonella* spp. and *Campylobacter* spp. in large game animals intended for consumption: Relationship with management practices and livestock influence. *Veterinary Microbiology* 163(3), 274-281
- DICKINSON V.M., DUCK T., SCHWALBE C.R., JARCHOW J.L., TRUEBLOOD M.H. (2001) Nasal and cloacal bacteria in free-ranging desert tortoises from the western united states. *Journal of Wildlife Diseases* 37(2), 252-257
- DIPINETO L., GARGIULO A., BOSSA L.M.D.L., *et al.* (2008) Prevalence of thermotolerant *Campylobacter* in pheasants (*Phasianus colchicus*). *Avian Pathology* 37(5), 507-508
- DOYLE L.P. (1944) A vibrio associated with swine dysentery. *Am. J. Vet. Res* 5(3)
- DU J., LUO J., HUANG J., *et al.* (2019) Emergence of Genetic Diversity and Multi-Drug Resistant *Campylobacter jejuni* From Wild Birds in Beijing, China. *Front Microbiol* 10: 2433.
- DUTTON C.J., JUNGE R.E., LOUIS E.E. (2003) Biomedical evaluation of free-ranging ring-tailed lemurs (*Lemur catta*) in tsimanampetsotsa strict nature reserve, Madagascar. *J. Zoo. Wildl. Med.* 34(1), 16-24
- DUTTON C.J., JUNGE R.E., LOUIS E.E. (2008) Biomedical Evaluation of Free-Ranging Red Ruffed Lemurs (*Varecia rubra*) Within the Masoala National Park, Madagascar. *J. Zoo. Wildl. Med.* 39(1), 76-85
- EATON K.A., DEWHIRST F.E., RADIN M.J., *et al.* (1993) *Helicobacter acinonyx* sp. nov., Isolated from Cheetahs with Gastritis. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 43(1), 99-106
- EFSA, ECDPC (2015) The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2013: EU summary report on zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks 2013. *EFSA Journal* 13(1), 3991
- ELVERS K., PARK S. (2002) Elvers, K. T. & Park, S. F. Quorum sensing in *Campylobacter jejuni*: detection of a luxS encoded signalling molecule. *Microbiology* 148, 1475-1481.
- ESCHERICH T. (1886) Beitrage zur Kenntniss der Darmbakterien. III. Ueber das Vorkommen von Vibrionen im Darmcanal und den Stuhlgangen der Sauglinge. *On the existence of vibrios in the intestines and feces of babies.* *Münchener Med Wochenschrift* 33, 815-817
- FALLACARA D.M., MONAHAN C.M., MORISHITA T.Y., BREMER C.A., WACK R.F. (2004) Survey of Parasites and Bacterial Pathogens from Free-Living Waterfowl in Zoological Settings. *Avian Diseases* 48(4), 759-767
- FERNÁNDEZ H., PÉREZ-PÉREZ G. (2016) *Campylobacter*: resistencia a fluoroquinolonas en países latinoamericanos. *Archivos de medicina veterinaria* 48(3), 255-259
- FITZGEORGE R.B., BASKERVILLE A., LANDER K.P. (1981) Experimental infection of Rhesus monkeys with a human strain of *Campylobacter jejuni*. *J Hyg (Lond)* 86(3), 343-351

- FITZGERALD C., WHICHARD J., NACHAMKIN I. (2008) Diagnosis and Antimicrobial Susceptibility of *Campylobacter* Species†. *Campylobacter, Third Edition*, 227-243
- FLORES B., FENNEL C., KULLER L., *et al.* (1991) Experimental infection of pig-tailed macaques (*Macaca nemestrina*) with *Campylobacter cinaedi* and *Campylobacter fennelliae*. *Infection and immunity* 58, 3947-53
- FORSYTH M.B., MORRIS A.J., SINCLAIR D.A., PRITCHARD C.P. (2012) Investigation of zoonotic infections among Auckland Zoo staff: 1991-2010. *Zoonoses Public Health* 59(8), 561-567
- FOSTER G., HOLMES B., STEIGERWALT A.G., *et al.* (2004) *Campylobacter insulaenigrae* sp. nov., isolated from marine mammals. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 54(6), 2369-2373
- FOX J.G., MARINI R.P. (2001) *Helicobacter mustelae* infection in ferrets: Pathogenesis, epizootiology, diagnosis, and treatment. *Seminars in Avian and Exotic Pet Medicine* 10(1), 36-44
- FRANCESCO A., DELOGU M., GIACOMETTI F., *et al.* (2014) First detection of *Arcobacter* sp. in Eurasian collared doves (*Streptopelia decaocto*). *Veterinaria italiana* 50, 313-5
- FRANÇOIS R., YORI P.P., ROUHANI S., *et al.* (2018) The other *Campylobacter*s: Not innocent bystanders in endemic diarrhea and dysentery in children in low-income settings. *PLoS Negl Trop Dis* 12(2) :e0006200.
- FRASAO B. da S., MARIN V.A., CONTE-JUNIOR C.A. (2017) Molecular Detection, Typing, and Quantification of *Campylobacter* spp. in Foods of Animal Origin. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 16(4), 721-734
- FRENCH N.P., MIDWINTER A., HOLLAND B., *et al.* (2009) Molecular Epidemiology of *Campylobacter jejuni* Isolates from Wild-Bird Fecal Material in Children's Playgrounds. *Applied and Environmental Microbiology* 75(3), 779-783
- FRIEDMAN C.R., HOEKSTRA R.M., SAMUEL M., *et al.* (2004) Risk Factors for Sporadic *Campylobacter* Infection in the United States: A Case-Control Study in FoodNet Sites. *Clin Infect Dis* 38(Supplement_3), S285-S296
- GARCÍA-AMADO M.A., SANZ V., MARTINEZ L.M., *et al.* (2013) Low Occurrence of *Helicobacter* DNA in Tropical Wild Birds, Venezuela. *Journal of Wildlife Diseases* 49(4), 991-995
- GARCÍA-PEÑA F.J., PÉREZ-BOTO D., JIMÉNEZ C., *et al.* (2010) Isolation and Characterization of *Campylobacter* spp. from Antarctic Fur Seals (*Arctocephalus gazella*) at Deception Island, Antarctica. *Appl Environ Microbiol* 76(17), 6013-6016
- GARCÍA-PEÑA F.J., LLORENTE M.T., SERRANO T., *et al.* (2017) Isolation of *Campylobacter* spp. from Three Species of Antarctic Penguins in Different Geographic Locations. *EcoHealth* 14(1), 78-87
- GARENAUX A., RITZ-BRICAUD M., FEDERIGHI M. (2005) *Campylobacter* et sécurité des aliments : analyse, évaluation et gestion du danger. *Bul. de l'Ac. Vét. de France* n°1, 377
- GARÉNAUX A., JUGIAU F., RAMA F., *et al.* (2008) Survival of *Campylobacter jejuni* strains from different origins under oxidative stress conditions: effect of temperature. *Curr. Microbiol.* 56(4), 293-297
- GARRITY G.M., BELL J.A., LILBURN T. (2015) *Helicobacteraceae* fam. nov. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. Chichester, UK, John Wiley & Sons, Ltd, pp 1-1
- GENIGEORGIS C. (1987) Kasrazadeh, M. and C. Genigeorgis. 1987. Origin and prevalence of *Campylobacter jejuni* in ducks and duck meat at the farm and processing plant level. *Journal of food protection* 50, 321-326
- GIALLOUROU N., MEDLOCK G.L., BOLICK D.T., *et al.* (2018) A novel mouse model of *Campylobacter jejuni* enteropathy and diarrhea. *PLOS Pathogens* 14(3), e1007083
- GILBERT M.J., KIK M., TIMMERMAN A.J., *et al.* (2014) Occurrence, Diversity, and Host Association of Intestinal *Campylobacter*, *Arcobacter*, and *Helicobacter* in Reptiles. *PLoS ONE* 9(7), e101599
- GILBERT M.J., KIK M., MILLER W.G., DUJIM B., WAGENAAR J.A. (2015) *Campylobacter iguaniorum* sp. nov., isolated from reptiles. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 65(Pt 3), 975-982
- GILBERT M.J., MILLER W.G., LEGER J.S., *et al.* (2017a) *Campylobacter pinnipediorum* sp. nov., isolated from pinnipeds, comprising *Campylobacter pinnipediorum* subsp. *pinnipediorum* subsp. nov.

- and *Campylobacter pinnipediorum* subsp. *caledonicus* subsp. nov. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 67(6), 1961-1968
- GILBERT M.J., DUIM B., TIMMERMAN A.J., ZOMER A.L., WAGENAAR J.A. (2017b) Whole genome-based phylogeny of reptile-associated *Helicobacter* indicates independent niche adaptation followed by diversification in a poikilothermic host. *Sci Rep* 7(1), 1-8
- GILBERT M.J., ZOMER A.L., TIMMERMAN A.J., *et al.* (2018) *Campylobacter blaseri* sp. nov., isolated from common seals (*Phoca vitulina*). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 68(5), 1787-1794
- GILBERT M.J., DUIM B., ZOMER A.L., WAGENAAR J.A. (2019) Living in Cold Blood: *Arcobacter*, *Campylobacter*, and *Helicobacter* in Reptiles. *Front Microbiol* 10
- GILLINGHAM M.A.F., BÉCHET A., CÉZILLY F., *et al.* (2019) Offspring Microbiomes Differ Across Breeding Sites in a Panmictic Species. *Front. Microbiol.* 10:1086.
- GILTNER C.L., SAEKI S., BOBENCHIK A.M., HUMPHRIES R.M. (2013) Rapid Detection of *Campylobacter* Antigen by Enzyme Immunoassay Leads to Increased Positivity Rates. *Journal of Clinical Microbiology* 51(2), 618-620
- GLÜNDER G. (1989) Vorkommen von *Escherichia coli*, *Aeromonas hydrophila*, *Plesiomonas shigelloides* und *Clostridium perfringens* in der Darmflora von Graureihern (*Ardea cinerea*). *Journal of Veterinary Medicine, Series B* 36(1-10), 217-225
- GOLDMAN C.G., MATTEO M.J., LOUREIRO J.D., *et al.* (2009) Detection of *Helicobacter* and *Campylobacter* spp. from the aquatic environment of marine mammals. *Veterinary Microbiology* 133(3), 287-291
- GOLDMAN C.G., MATTEO M.J., LOUREIRO J.D., *et al.* (2011) Novel gastric helicobacters and oral campylobacters are present in captive and wild cetaceans. *Veterinary Microbiology* 152(1), 138-145
- GONZÁLEZ M., PAZ VILLANUEVA M., DEBRUYNE L., VANDAMME P., FERNÁNDEZ H. (2011) *Campylobacter Insulaenigrae*: First Isolation Report from South American sea lion (*Otaria Flavescens*) (Shaw, 1800). *Braz J Microbiol* 42(1), 261-265
- GRANGE Z.L., GARTRELL B.D., BIGGS P.J., *et al.* (2015) Using a common commensal bacterium in endangered Takahe as a model to explore pathogen dynamics in isolated wildlife populations. *Conservation Biology* 29(5), 1327-1336
- GRANGE Z.L., GARTRELL B.D., BIGGS P.J., *et al.* (2016) Microbial Genomics of a Host-Associated Commensal Bacterium in Fragmented Populations of Endangered Takahe. *Microb. Ecol.* 71(4), 1020-1029
- GREIG D.J., GULLAND F.M.D., SMITH W.A., *et al.* (2014) Surveillance for zoonotic and selected pathogens in harbor seals *Phoca vitulina* from central California. *Diseases of Aquatic Organisms* 111(2), 93-106
- HALD B., SKOV M.N., NIELSEN E.M., *et al.* (2015) *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* in wild birds on Danish livestock farms. *Acta Veterinaria Scandinavica* 58(1)
- HAMIR A.N., FRANKLIN S., WESLEY I.V., SONN R.J. (2004) *Campylobacter jejuni* and *Arcobacter* species associated with intussusception in a raccoon (*Procyon lotor*). *Veterinary Record* 155(11), 338-340
- HARVEY S., GREENWOOD J.R. (1985) Isolation of *Campylobacter fetus* from a pet turtle. *J. Clin. Microbiol.* 21(2), 260-261
- HATTA Y., OMATSU T., TSUCHIYAKA S., *et al.* (2016) Detection of *Campylobacter jejuni* in rectal swab samples from *Rousettus amplexicaudatus* in the Philippines. *J. Vet. Med. Sci.* 78(8), 1347-1350
- HAZELEGER W.C., JACOBS-REITSMA W.F., LINA P.H.C., *et al.* (2018) Wild, insectivorous bats might be carriers of *Campylobacter* spp. *PLoS One* 13(1):e0190647
- HEYNOL V., HECKERS K., BEHNCKE H., HEUSINGER A., MARSCHANG R. (2015) Detection of Bacteria in Oral Swabs from Healthy Common Musk Turtles (*Sternotherus odoratus*) and West African Mud Turtles (*Pelusios castaneus*). *Journal of Herpetological Medicine and Surgery* 25, 33-39
- HIGGINS R., MESSIER S., DAIGNAULT D., LORANGE M. (1999) *Arcobacter butzleri* isolated from a diarrhoeic non-human primate. *Lab. Anim.* 33(1), 87-90

- HOAR B.M., WHITESIDE D.P., WARD L., DOUGLAS INGLIS G., MORCK D.W. (2007) Evaluation of the enteric microflora of captive whooping cranes (*Grus americana*) and sandhill cranes (*Grus canadensis*). *Zoo Biology* 26(2), 141-153
- HORROCKS S.M., ANDERSON R.C., NISBET D.J., RICKE S.C. (2009) Incidence and ecology of *Campylobacter jejuni* and *coli* in animals. *Anaerobe* 15(1-2), 18-25
- HOWARD J., MUNSON L., MCALOOSE D., *et al.* (1993) Comparative evaluation of seminal, vaginal, and rectal bacterial flora in the cheetah and domestic cat. *Zoo Biology* 12(1), 81-96
- HUNTER D.B., PRESCOTT J.F., HOOVER D.M., HLYWKA G., KERR J.A. (1986) *Campylobacter colitis* in ranch mink in Ontario. *Canadian Journal of Veterinary Research* 50(1), 47
- HUYSMANS M.B., TURNIDGE J.D., WILLIAMS J.H. (1995) Evaluation of API Campy in comparison with conventional methods for identification of thermophilic campylobacters. *J Clin Microbiol* 33(12), 3345-3346
- INGLIS G.D., HOAR B.M., WHITESIDE D.P., MORCK D.W. (2007) *Campylobacter canadensis* sp. nov., from captive whooping cranes in Canada. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 57(11), 2636-2644
- ITO K., KUBOKURA Y., KANEKO K., TOTAKE Y., OGAWA M. (1988) Occurrence of *Campylobacter jejuni* in free-living wild birds from Japan. *J. Wildl. Dis.* 24(3), 467-470
- JAING C., THISSEN J., GARDNER S., *et al.* (2015) Pathogen surveillance in wild bottlenose dolphins *Tursiops truncatus*. *Dis. Aquat. Org.* 116(2), 83-91
- JAKOB W., STOLTE M., VALENTIN A., SCHRÖDER H.-D. (1997) Demonstration of *Helicobacter pylori*-like organisms in the gastric mucosa of captive exotic carnivores. *Journal of Comparative Pathology* 116(1), 21-33
- JOHANSSON H., ELLSTRÖM P., ARTURSSON K., *et al.* (2018) Characterization of *Campylobacter* spp. isolated from wild birds in the Antarctic and Sub-Antarctic. *PLoS ONE* 13(11), e0206502
- JOHNSON L.D., AUSMAN L.M., ROLLAND R.M., CHALIFOUX L.V., RUSSELL R.G. (2001) *Campylobacter*-induced Enteritis and Diarrhea in Captive Cotton-top Tamarins (*Saguinus oedipus*) During the First Year of Life. *Comparative Medicine* 51(3), 5
- JONES F.S. (1931) VIBRIOS (VIBRIO JEJUNI, N.SP.) Associated with intestinal disorders of cows and calves. *Journal of Experimental Medicine* 53(6), 853-863
- JONES F.R., BAQAR S., GOZALO A., *et al.* (2006) New World Monkey *Aotus nancymae* as a Model for *Campylobacter jejuni* Infection and Immunity. *Infection and Immunity* 74(1), 790-793
- JUNGE R.E., LOUIS E.E. (2005) Biomedical evaluation of two sympatric lemur species (*Propithecus verreauxi deckeni* and *Eulemur fulvus rufus*) in tsiombokibo classified forest, Madagascar. *J. Zoo Wildl. Med.* 36(4), 581-589
- JUNGE R.E., LOUIS E.E. (2007) Biomedical evaluation of black lemurs (*Eulemur macaco macaco*) in lokobe reserve, Madagascar. *J. Zoo Wildl. Med.* 38(1), 67-76
- JUNGINGER J., HANSMANN F., HERDER V., *et al.* (2015) Pathology in Captive Wild Felids at German Zoological Gardens. *PLOS ONE* 10(6), e0130573
- JURADO-TARIFA E., TORRALBO A., C. Borge, *et al.* (2016) Genetic diversity and antimicrobial resistance of *Campylobacter* and *Salmonella* strains isolated from decoys and raptors. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases* 48, 14-21
- KAAKOUSH N.O., CASTAÑO-RODRÍGUEZ N., MITCHELL H.M., MAN S.M. (2015) Global Epidemiology of *Campylobacter* Infection. *Clinical Microbiology Reviews* 28(3), 687-720
- KALASHNIKOVA V.A., DZHIKIDZE E.K., STASILEVICH Z.K., CHIKOBAVA M.G. (2002) Detection of *Campylobacter jejuni* in healthy monkeys and monkeys with enteric infections by PCR. *Bull. Exp. Biol. Med.* 134(3), 299-300
- KARAMA M., CENCI-GOGA B.T., PROSPERI A., *et al.* (2019) Prevalence and risk factors associated with *Campylobacter* spp. occurrence in healthy dogs visiting four rural community veterinary clinics in South Africa. *Onderstepoort J Vet Res* 86(1)
- KAUR T., SINGH J., HUFFMAN M.A., *et al.* (2011) *Campylobacter troglodytis* sp. nov., Isolated from Feces of Human-Habituated Wild Chimpanzees (*Pan troglodytes schweinfurthii*) in Tanzania. *Appl Environ Microbiol* 77(7), 2366-2373

- KELLER J.I., SHRIVER W.G., WALDENSTRÖM J., GRIEKSPoor P., OLSEN B. (2011) Prevalence of *Campylobacter* in wild birds of the mid-Atlantic region, USA. *J. Wildl. Dis.* 47(3), 750-754
- KIEHLBAUCH J.A., BRENNER D.J., NICHOLSON M.A., *et al.* (1991) *Campylobacter butzleri* sp. nov. isolated from humans and animals with diarrheal illness. *J. Clin. Microbiol.* 29(2), 376-385
- KIM J., OH E., BANTING G.S., *et al.* (2016) An Improved Culture Method for Selective Isolation of *Campylobacter jejuni* from Wastewater. *Frontiers in Microbiology* 7:1345
- KING E.O. (1957) Human Infections with *Vibrio Fetus* and a Closely Related *Vibrio*. *The Journal of Infectious Diseases* 101(2), 119-128
- KIRK M.D., PIRES S.M., BLACK R.E., *et al.* (2015) World Health Organization Estimates of the Global and Regional Disease Burden of 22 Foodborne Bacterial, Protozoal, and Viral Diseases, 2010: A Data Synthesis. *PLOS Medicine* 12(12), e1001921
- KIST M. (1986) [Who discovered *Campylobacter jejuni/coli*? A review of hitherto disregarded literature]. *Zentralbl Bakteriologie Mikrobiologie Hygiene A* 261(2), 177-186
- KOGA T., AOKI W., MIZUNO T., *et al.* (2015) Antimicrobial resistance in *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* in cynomolgus monkeys (*Macaca fascicularis*) and eradication regimens. *J Microbiol Immunol Infect* 50(1), 75-82
- KONICEK C., VODRÁŽKA P., BARTÁK P., *et al.* (2016) Detection of zoonotic pathogens in wild birds in the cross-border region Austria – Czech republic. *Journal of Wildlife Diseases* 52(4), 850
- KRAWIEC M., WOŹNIAK-BIEL A., BEDNARSKI M., WIELICZKO A. (2017) Antimicrobial Susceptibility and Genotypic Characteristic of *Campylobacter* spp. Isolates from Free-Living Birds in Poland. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 17(11), 755-763
- KWON Y.-K., OH J.-Y., JEONG O.-M., *et al.* (2017) Prevalence of *Campylobacter* species in wild birds of South Korea. *Avian Pathol.* 46(5), 474-480
- LAIDEBEURE S., LÉCU A. (2014) Évolution du concept du Parc Zoologique de Paris de 1934 à 2014. *Bul. de l'Ac. Vét. de France* n°4, 349
- ŁANIEWSKI P., KUCZKOWSKI M., CHRZĄSTEK K., *et al.* (2014) Evaluation of the immunogenicity of *Campylobacter jejuni* CjaA protein delivered by *Salmonella enterica* sv. *Typhimurium* strain with regulated delayed attenuation in chickens. *World J Microbiol Biotechnol* 30(1), 281-292
- LASTOVICA A.J. (2006) Emerging *Campylobacter* spp.: The tip of the iceberg. *Clinical Microbiology Newsletter* 28(7), 49-56
- LASTOVICA A.J., LE ROUX E. (2000) Efficient isolation of campylobacteria from stools. *J. Clin. Microbiol.* 38(7), 2798-2799
- LE ROUX E., LASTOVICA A.J. (1998) The Cape Town protocol: how to isolate the most campylobacters for your dollar, pound, Franc, yen, etc. *In: Lastovica A J, Newell D, Lastovica E E, editors. Proceedings of the 9th International Workshop on Campylobacter, Helicobacter and related organisms.* 31-33
- LECLERC A., GRAILLOT O., GODDARD N., *et al.* (2016) *Campylobacter* in zoo primates: Retrospective study over 17 years of bacteriology in Beauval zoo. *In Proceedings of Yaboumba World X : 19-21 May 2016.* Paris
- LEE K., IWATA T., NAKADAI A., *et al.* (2011) Prevalence of *Salmonella*, *Yersinia* and *Campylobacter* spp. in Feral Raccoons (*Procyon lotor*) and Masked Palm Civets (*Paguma larvata*) in Japan. *Zoonoses and Public Health* 58(6), 424-431
- LEHOURS P. (2005) Les *Campylobacter* : diagnostic biologique et surveillance de la résistance aux antibiotiques en France. *Bul. de l'Ac. Vét. de France* n°1, 363
- LEONG K.M., TERRELL S.P., SAVAGE A. (2004) Causes of mortality in captive cotton-top tamarins (*Saguinus oedipus*). *Zoo Biology* 23(2), 127-137
- LEVICAN A., FLORES O., SANCHEZ S., *et al.* (2019) Faecal shedding of campylobacteria among domestic and wild animals from an urban coastal area. *Austral journal of veterinary sciences* 51(2), 83-90
- LEY E.C., MORISHITA T.Y., BRISKER T., HARR B.S. (2001) Prevalence of *Salmonella*, *Campylobacter*, and *Escherichia coli* on ostrich carcasses and the susceptibility of ostrich-origin *E. coli* isolates to various antibiotics. *Avian Dis.* 45(3), 696-700

- LINDMARK H., BOQVIST S., LJUNGSTROM M., *et al.* (2009) Risk Factors for Campylobacteriosis: an Epidemiological Surveillance Study of Patients and Retail Poultry. *Journal of Clinical Microbiology* 47(8), 2616-2619
- LÖHMUS M., ALBIHN A. (2013) Gastrointestinal Pathogens in Rodents Overwintering in Human Facilities around Uppsala, Sweden. *Journal of Wildlife Diseases* 49(3), 747-749
- LPSN (2019) List of prokaryotic names with standing nomenclature. [<http://www.bacterio.net/campylobacter.html>]
- LU J., RYU H., VOGEL J., SANTO DOMINGO J., ASHBOLT N.J. (2013) Molecular Detection of *Campylobacter* spp. and Fecal Indicator Bacteria during the Northern Migration of Sandhill Cranes (*Grus canadensis*) at the Central Platte River. *Appl. Environ. Microbiol.* 79(12), 3762-3769
- LUECHTEFELD N.A., BLASER M.J., RELLER L.B., WANG W.L. (1980) Isolation of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni* from migratory waterfowl. *J. Clin. Microbiol.* 12(3), 406-408
- LUECHTEFELD N.W., CAMBRE R.C., WANG W.L. (1981) Isolation of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni* from zoo animals. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 179(11), 1119-1122
- MACDONALD E., WHITE R., MEXIA R., *et al.* (2015) Risk Factors for Sporadic Domestically Acquired *Campylobacter* Infections in Norway 2010–2011: A National Prospective Case-Control Study. *PLOS ONE* 10(10), e0139636
- MAN S.M. (2011) The clinical importance of emerging *Campylobacter* species. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology* 8, 669-685
- MARIN C., INGRESA-CAPACCIONI S., GONZÁLEZ-BODI S., MARCO-JIMÉNEZ F., VEGA S. (2013) Free-Living Turtles Are a Reservoir for *Salmonella* but Not for *Campylobacter*. *PLoS One* 8(8)
- MARIN C., PALOMEQUE M.-D., MARCO-JIMÉNEZ F., VEGA S. (2014) Wild Griffon Vultures (*Gyps fulvus*) as a Source of *Salmonella* and *Campylobacter* in Eastern Spain. *PLoS One* 9(4)
- MARTÍNEZ-JIMÉNEZ D., GRAHAM D., COUPER D., *et al.* (2011) Epizootiology and pathologic findings associated with a newly described adenovirus in the red squirrel, *sciurus vulgaris*. *Journal of Wildlife Diseases* 47(2), 442-454
- MARTÍN-MALDONADO B., MONTORO-DASI L., PÉREZ-GRACIA M.T., *et al.* (2019) Wild Bonelli's eagles (*Aquila fasciata*) as carrier of antimicrobial resistant *Salmonella* and *Campylobacter* in Eastern Spain. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases* 67, 101372
- MCKAY D., FLETCHER J., COOPER P., THOMSON-CARTER F.M. (2001) Comparison of Two Methods for Serotyping *Campylobacter* spp. *J Clin Microbiol* 39(5), 1917-1921
- MEERBURG B.G., JACOBS-REITSMA W.F., WAGENAAR J.A., KIJLSTRA A. (2006) Presence of *Salmonella* and *Campylobacter* spp. in Wild Small Mammals on Organic Farms. *Applied and Environmental Microbiology* 72(1), 960-962
- MEERBURG B.G., KIJLSTRA A. (2007) Role of rodents in transmission of *Salmonella* and *Campylobacter*. *J. Sci. Food Agric.* 87(15), 2774-2781
- MÉGRAUD F. (1987) Isolation of *Campylobacter* spp. from pigeon feces by a combined enrichment-filtration technique. *Appl Environ Microbiol* 53(6), 1394-1395
- MELLETTI M., MEIJAARD E. (2017) Ecology, Conservation and Management of Wild Pigs and Peccaries. Cambridge University Press
- MIGURA-GARCIA L., RAMOS R., CERDÀ-CUÉLLAR M. (2017) Antimicrobial Resistance of *Salmonella* Serovars and *Campylobacter* spp. Isolated from an Opportunistic Gull Species, Yellow-legged Gull (*Larus michahellis*). *J. Wildl. Dis.* 53(1), 148-152
- MILLER R.E., FOWLER M.E. (2014) Fowler's Zoo and Wild Animal Medicine, Volume 8 - E-Book
- MISAWA N., SHINOHARA S., SATOH H., *et al.* (2000) Isolation of *Campylobacter* species from zoo animals and polymerase chain reaction-based random amplified polymorphism DNA analysis. *Vet. Microbiol.* 71(1-2), 59-68
- MØLBAK K., HAVELAAR A. (2008) Burden of Illness of Campylobacteriosis and Sequelae. In *Campylobacter, Third Edition*. American Society of Microbiology, pp 151-162
- MOLINA-LOPEZ R.A., VALVERDU N., MARTIN M., *et al.* (2011) Wild raptors as carriers of antimicrobial-resistant *Salmonella* and *Campylobacter* strains. *Veterinary Record* 168(21), 565-565

- MORÉ E., AYATS T., RYAN P.G., *et al.* (2017) Seabirds (Laridae) as a source of *Campylobacter* spp., *Salmonella* spp. and antimicrobial resistance in South Africa. *Environmental Microbiology* 19(10), 4164-4176
- MORTON W.R., BRONSDON M., MICKELSEN G., *et al.* (1983) Identification of *Campylobacter jejuni* in *Macaca fascicularis* imported from Indonesia. *Lab. Anim. Sci.* 33(2), 187-188
- MUGHINI-GRAS L., PENNY C., RAGIMBEAU C., *et al.* (2016) Quantifying potential sources of surface water contamination with *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*. *Water Research* 101, 36-45
- MURPHY C., CARROLL C., JORDAN K.N. (2006) Environmental survival mechanisms of the foodborne pathogen *Campylobacter jejuni*. *Journal of Applied Microbiology* 100(4), 623-632
- NAVARRO-GONZALEZ N., CASAS-DÍAZ E., PORRERO C.M., *et al.* (2013) Food-borne zoonotic pathogens and antimicrobial resistance of indicator bacteria in urban wild boars in Barcelona, Spain. *Veterinary Microbiology* 167(3), 686-689
- NCBI (2019) Taxonomy of *Campylobacter*. [<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=194>]
- NEBOLA M., BOŘILOVÁ G., STEINHAUSEROVÁ I. (2018) Prevalence of *Campylobacter* subtypes in pheasants (*Phasianus colchicus* spp. *torquatus*) in the Czech Republic. *Veterinarni Medicina* 52(No. 11), 496-501
- NIELSEN K.A., OWEN H.C., MILLS P.C., FLINT M., GIBSON J.S. (2013) Bacteria isolated from dugongs (*Dugong dugon*) sub-mitted for postmortem examination in queensland, Australia, 2000–2011. *J Zoo Wildl Med*, 44(1), 35-41
- NIZEYI J.B., INNOCENT R.B., ERUME J., *et al.* (2001) Campylobacteriosis, salmonellosis, and shigellosis in free-ranging human-habituated mountain gorillas of Uganda. *J. Wildl. Dis.* 37(2), 239-244
- NKOGWE C., RALETOBANA J., STEWART-JOHNSON A., SUEPAUL S., ADESIYUN A. (2011) Frequency of Detection of *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., and *Campylobacter* spp. in the Faeces of Wild Rats (*Rattus* spp.) in Trinidad and Tobago. *Veterinary Medicine International* 2011, 1-7
- OATES S.C., MILLER M.A., BYRNE B.A., *et al.* (2012) Epidemiology and potential land-sea transfer of enteric bacteria from terrestrial to marine species in the monterey bay region of california. *Journal of Wildlife Diseases* 48(3), 654-668
- ODERMATT P., GAUTSCH S., RECHSTEINER D., *et al.* (1998) Swarms of starlings in Basel: a natural phenomenon, a nuisance or a health risk ? *Gesundheitswesen* 60(12), 749-754
- OLSON C.K., ETHELBERG S., VAN PELT W., TAUXE R.V. (2008) Epidemiology of *Campylobacter jejuni* Infections in Industrialized Nations. In *Campylobacter, Third Edition*. American Society of Microbiology, pp 163-189
- OMS (2018) *Campylobacter*. In OMS. [<https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/campylobacter>]
- ON S.L.W., HOLMES B., SACKIN M.J. (1996) A probability matrix for the identification of campylobacters, helicobacters and allied taxa. *Journal of Applied Bacteriology* 81(4), 425-432
- ON S.L.W., LEE A., O'ROURKE J.L., *et al.* (2015) *Helicobacter*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. Chichester, UK, John Wiley & Sons, Ltd, pp 1-1
- PACHA R.E., CLARK G.W., WILLIAMS E.A., *et al.* (1987) Small Rodents and Other Mammals Associated with Mountain Meadows as Reservoirs of *Giardia* spp. and *Campylobacter* spp. *Appl. Environ. Microbiol.* 53, 6
- PACHA R.E., CLARK G.W., WILLIAMS E.A., CARTER A.M. (1988) Migratory birds of central Washington as reservoirs of *Campylobacter jejuni*. *Can. J. Microbiol.* 34(1), 80-82
- PAGANO A., NARDI G., BONACCORSO C., *et al.* (1985) Faecal bacteria of wild ruminants and the alpine marmot. *Vet Res Commun* 9(1), 227-232
- PALMGREN H., BROMAN T., WALDENSTRÖM J., *et al.* (2004) *Salmonella* Amager, *Campylobacter jejuni*, and Urease-positive Thermophilic *Campylobacter* Found in Free-flying Peregrine Falcons (*Falco peregrinus*) in Sweden. *Journal of Wildlife Diseases* 40(3), 583-587

- PAO S., HAGENS B.E., KIM C., *et al.* (2014) Prevalence and molecular analyses of *Campylobacter jejuni* and *Salmonella* spp. in co-grazing small ruminants and wild-living birds. *Livestock Science* 160, 163-171
- PATRICIA MENDOZA A., ROSEMBAUM M.H., GHERSI B., CAVERO NANCY (2012) Health risks associated with the trade of pet monkeys in Peru. *In Convergence in Wildlife Health. In Joint 61st WDA/10th Biennial EWDA CONFERENCE*, Lyon, pp 18
- PINTAR K.D.M., CHRISTIDIS T., THOMAS M.K., *et al.* (2015) A Systematic Review and Meta-Analysis of the *Campylobacter* spp. Prevalence and Concentration in Household Pets and Petting Zoo Animals for Use in Exposure Assessments. *PLOS ONE* 10(12), e0144976
- PITKÄNEN T. (2013) Review of *Campylobacter* spp. in drinking and environmental waters. *Journal of Microbiological Methods* 95(1), 39-47
- PLATTS-MILLS J.A., KOSEK M. (2014) Update on the burden of *Campylobacter* in developing countries: *Current Opinion in Infectious Diseases* 27(5), 444-450
- QUESSY S., MESSIER S. (1992) Prevalence of *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. and *Listeria* spp. in ring-billed gulls (*Larus delawarensis*). *J. Wildl. Dis.* 28(4), 526-531
- RAINWATER K.L., MARCHESE K., SLAVINSKI S., *et al.* (2017) Health survey of free-ranging raccoons (*Procyon lotor*) in central park, new york, new york, usa: implications for human and domestic animal health. *Journal of Wildlife Diseases* 53(2), 272-284
- RAMEES T.P., DHAMA K., KARTHIK K., *et al.* (2017) *Arcobacter* : an emerging food-borne zoonotic pathogen, its public health concerns and advances in diagnosis and control – a comprehensive review. *Veterinary Quarterly* 37(1), 136-161
- RAMOS R., CERDÀ-CUÉLLAR M., RAMÍREZ F., JOVER L., RUIZ X. (2010) Influence of Refuse Sites on the Prevalence of *Campylobacter* spp. and *Salmonella* Serovars in Seagulls. *Appl Environ Microbiol* 76(9), 3052-3056
- RASAMBAINARIVO F.T., JUNGE R.E., LEWIS R.J. (2014) Biomedical evaluation of verreaux's sifaka (*Propithecus verreauxi*) from kirindy mitea national park in Madagascar. *J. Zoo Wildl. Med.* 45(2), 247-255
- RHYND K.J.R., LEIGHTON P.A., ELCOCK D.A., *et al.* (2014) Prevalence of *Salmonella* spp. and thermophilic *Campylobacter* spp. in the small Asian mongoose (*Herpestes javanicus*) in Barbados, West Indies. *J. Zoo Wildl. Med.* 45(4), 911-914
- RUSSELL R.G., KRUGNER L., TSAI C.C., EKSTROM R. (1988) Prevalence of *Campylobacter* in infant, juvenile and adult laboratory primates. *Lab. Anim. Sci.* 38(6), 711-714
- RUSSELL R.G., KIEHLBAUCH J.A., GEBHART C.J., DETOLLA L.J. (1992) Uncommon *Campylobacter* species in infant *Macaca nemestrina* monkeys housed in a nursery. *J. Clin. Microbiol.* 30(11), 3024-3027
- RUSSELL R.G., O'DONNOGHUE M., BLAKE D.C., ZULTY J., DETOLLA L.J. (1993) Early Colonic Damage and Invasion of *Campylobacter jejuni* in Experimentally Challenged Infant *Macaca mulatta*. *J Infect Dis* 168(1), 210-215
- SALB A., MITCHELL M.A., RIGGS S., DIAZ-FIGUEROA O., ROY A. (2007) Characterization of Intestinal Microflora of Captive Green Iguanas, *Iguana iguana*. *Journal of Herpetological Medicine and Surgery* 17(1), 12-15
- SCARCELLI E., PIATTI R.M., HARAKAVA R., *et al.* (2005) Molecular subtyping of *Campylobacter jejuni* subsp. *jejuni* strains isolated from different animal species in the state of São Paulo, Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology* 36(4), 378-382
- SCHRENZEL M.D., WITTE C.L., BAHL J., *et al.* (2010) Genetic Characterization and Epidemiology of *Helicobacters* in Non-domestic Animals. *Helicobacter* 15(2), 126-142
- SEBALD M., VERON M. (1963) [BASE DNA CONTENT AND CLASSIFICATION OF VIBRIOS]. *Ann Inst Pasteur (Paris)* 105, 897-910
- SEGUIN B., BOUCAUD-MAÎTRE Y., QUENIN P., LORGUE G. (1986) Bilan épidémiologique d'un échantillon de 91 rats (*Rattus norvegicus*) capturés dans les égouts de Lyon. *Zentralblatt für Bakteriologie, Mikrobiologie und Hygiene. Series A: Medical Microbiology, Infectious Diseases, Virology, Parasitology* 261(4), 539-546

- SHEN Z., BATAK F., MANNION A., *et al.* (2016) Novel urease-negative *Helicobacter* sp. « *H. enhydrae* sp. nov. » isolated from inflamed gastric tissue of southern sea otters. *Diseases of Aquatic Organisms* 123
- SHEN Z., MANNION A., WHARY M.T., *et al.* (2016) *Helicobacter saguini*, a Novel *Helicobacter* Isolated from Cotton-Top Tamarins with Ulcerative Colitis, Has Proinflammatory Properties and Induces Typhlocolitis and Dysplasia in Gnotobiotic IL-10^{-/-} Mice. *Infection and Immunity* 84(8), 2307-2316
- SIMMONS J., GIBSON S. (2012) Chapter 2 - Bacterial and Mycotic Diseases of Nonhuman Primates. In *Nonhuman Primates in Biomedical Research (Second Edition)*. Boston, Academic Press, pp 105-172
- SINGH A., NISAA K., BHATTACHARYYA S., MALLICK A.I. (2019) Immunogenicity and protective efficacy of mucosal delivery of recombinant hcp of *Campylobacter jejuni* Type VI secretion system (T6SS) in chickens. *Molecular Immunology* 111, 182-197
- SINGHAL N., KUMAR M., KANAUIA P.K., VIRDI J.S. (2015) MALDI-TOF mass spectrometry: an emerging technology for microbial identification and diagnosis. *Front Microbiol* 6:791
- SKIRROW M.B. (1977) *Campylobacter* enteritis: a « new » disease. *BMJ* 2(6078), 9-11
- SKIRROW M.B. (2006) John McFadyean and the Centenary of the First Isolation of *Campylobacter* Species. *Clinical Infectious Diseases* 43(9), 1213-1217
- SMITH S., MEADE J., GIBBONS J., *et al.* (2016) The impact of environmental conditions on *Campylobacter jejuni* survival in broiler faeces and litter. *Infect Ecol Epidemiol* 6
- SMITH T., TAYLOR M.S. (1919) Some morphological and biological characters of the Spirilla (*Vibrio fetus*, n. Sp.) associated with disease of the fetal membranes in cattle. *J. Exp. Med.* 30(4), 299-311
- SOUVIGNET T., GIORGIADIS M., DROUET B., QUINTARD B. (2019) EAZA Best Practice Guidelines for capuchin monkeys - First Edition - Veterinary Part. EAZA [https://www.eaza.net/assets/Uploads/CCC/BPG-2019/20190828-Best-Practice-Guideline-Capuchins2.pdf?fbclid=IwAR3NmjlAE6XSJqVAHSmP0hDeLcFknQb3OZFg7j75CkpnL4lcojM9ahTOBD8]
- SOWERBY N. (2015) Identification and genotyping of *Campylobacter* spp. strains isolated from a captive wildlife population in New Zealand. Thesis. Auckland University of Technology
- STANFIELD J.T., MCCARDELL B.A., MADDEN J.M. (1987) *Campylobacter* diarrhea in an adult mouse model. *Microb Pathog* 3(3), 155-165
- STEPHENS C.P., ON S.L., GIBSON J.A. (1998) An outbreak of infectious hepatitis in commercially reared ostriches associated with *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni*. *Vet. Microbiol.* 61(3), 183-190
- STIRLING J., GRIFFITH M., BLAIR I., *et al.* (2008) Prevalence of Gastrointestinal Bacterial Pathogens in a Population of Zoo Animals. *Zoonoses and Public Health* 55(3), 166-172
- STODDARD R.A., GULLAND F.M.D., ATWILL E.R., *et al.* (2005) *Salmonella* and *Campylobacter* spp. in Northern Elephant Seals, California. *Emerg Infect Dis* 11(12), 1967-1969
- STODDARD R.A., MILLER W.G., FOLEY J.E., *et al.* (2007) *Campylobacter insulaenigrae* Isolates from Northern Elephant Seals (*Mirounga angustirostris*) in California. *Appl Environ Microbiol* 73(6), 1729-1735
- STODDARD R.A., ATWILL E.R., GULLAND F.M.D., *et al.* (2008) Risk Factors for Infection with Pathogenic and Antimicrobial-Resistant Fecal Bacteria in Northern Elephant Seals in California. *Public Health Rep* 123(3), 360-370
- SULZNER K., KELLY T., SMITH W., JOHNSON C.K. (2014) Enteric pathogens and antimicrobial resistance in turkey vultures (*Cathartes aura*) feeding at the wildlife–livestock interface. *J. Zoo Wildl. Med.* 45(4), 931-934
- TAEMA M.M., BULL J.C., MACGREGOR S.K., *et al.* (2008) Retrospective Study of *Campylobacter* Infection in a Zoological Collection. *Applied and Environmental Microbiology* 74(5), 1332-1338

- TEGNER C., SUNIL-CHANDRA N.P., WIJESOORIYA W.R.P.L.I., *et al.* (2019) Detection, Identification, and Antimicrobial Susceptibility of *Campylobacter* spp. and *Salmonella* spp. from Free-Ranging Nonhuman Primates in Sri Lanka. *J. Wildl. Dis.* 55(4) : 879-884
- TEL O.Y., BOZKAYA F., KESKIN O. (2013) *Salmonella*, *Campylobacter*, and *Chlamydochloa* in bald ibis (*Geronticus eremita*) feces in Turkey. *J. Zoo Wildl. Med.* 44(1), 21-26
- TERIO K.A., MUNSON L., MARKER L., ALDRIDGE B.M., SOLNICK J.V. (2005) Comparison of *Helicobacter* spp. in Cheetahs (*Acinonyx jubatus*) with and without Gastritis. *Journal of Clinical Microbiology* 43(1), 229-234
- TRESIERRA-AYALA A., BENDAYAN M.E. (1998) Thermotolerant *Campylobacter* species isolated from psittaciformes in the peruvian amazon region. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo* 40(4), 263-264
- TRESIERRA-AYALA A., FERNANDEZ H. (1997) Occurrence of Thermotolerant *Campylobacter* Species in Domestic and Wild Monkeys from Peru. *Journal of Veterinary Medicine, Series B* 44(1-10), 61-64
- TU Z.-C., ZEITLIN G., GAGNER J.-P., *et al.* (2004) *Campylobacter fetus* of Reptile Origin as a Human Pathogen. *Journal of Clinical Microbiology* 42(9), 4405-4407
- UNICOMB L. ?E., O'REILLY L. ?C., KIRK M. ?D., *et al.* (2008) Risk factors for infection with *Campylobacter jejuni* flaA genotypes. *Epidemiology and Infection* 136(11), 1480
- VANDAMME P., FALSEN E., ROSSAU R., *et al.* (1991) Revision of *Campylobacter*, *Helicobacter*, and *Wolinella* Taxonomy: Emendation of Generic Descriptions and Proposal of *Arcobacter* gen. nov. *International Journal of Systematic Bacteriology* 41(1), 88-103
- VANDAMME P., GEVERS D., DEBRUYNE L. (2008) Taxonomy of the Family Campylobacteraceae. In *Campylobacter, Third Edition*. American Society of Microbiology, pp 3-25
- VANDAMME P., DEWHIRST F.E., PASTER B.J., ON S.L.W. (2015) *Campylobacter*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. Chichester, UK, John Wiley & Sons, Ltd, pp 1-27
- VÁZQUEZ B., ESPERÓN F., NEVES E., *et al.* (2010) Screening for several potential pathogens in feral pigeons (*Columba livia*) in Madrid. *Acta Vet. Scand.* 52, 45
- VERON M., CHATELAIN R. (1973) Taxonomic Study of the Genus *Campylobacter* Sebald and Veron and Designation of the Neotype Strain for the Type Species, *Campylobacter fetus* (Smith and Taylor) Sebald and Veron. *International Journal of Systematic Bacteriology* 23(2), 122-134
- VILLERS L.M., JANG S.S., LENT C.L., LEWIN-KOH S.-C., NOROSOARINAIVO J.A. (2008) Survey and comparison of major intestinal flora in captive and wild ring-tailed lemur (*Lemur catta*) populations. *American Journal of Primatology* 70(2), 175-184
- VINZENT, R., DUMAS J., PICARD N. (1947) Septicémie grave au cours de la grossesse due à un Vibrien. Avortement consécutif. *Bull Acad Med* 131, 90-92
- VOGT N.A., PEARL D.L., TABOADA E.N., *et al.* (2019) Carriage of *Campylobacter*, *Salmonella*, and Antimicrobial-Resistant, Nonspecific *Escherichia coli* by Waterfowl Species Collected from Three Sources in Southern Ontario, Canada. *Journal of Wildlife Diseases* 55(4), 917
- WACHECK S., FREDRIKSSON-AHOMAA M., KÖNIG M., STOLLE A., STEPHAN R. (2009) Wild Boars as an Important Reservoir for Foodborne Pathogens. *Foodborne Pathogens and Disease* 7(3), 307-312
- WAHLSTRÖM H., TYSÉN E., OLSSON ENGVALL E., *et al.* (2003) Survey of *Campylobacter* species, VTEC O157 and *Salmonella* species in Swedish wildlife. *Vet. Rec.* 153(3), 74-80
- WAITE D.W., VANWONTERGHEM I., RINKE C., *et al.* (2017) Comparative Genomic Analysis of the Class Epsilonproteobacteria and Proposed Reclassification to Epsilonbacteraeota (phyl. nov.). *Frontiers in Microbiology* 8:682
- WALDENSTRÖM J., BROMAN T., CARLSSON I., *et al.* (2002) Prevalence of *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, and *Campylobacter coli* in different ecological guilds and taxa of migrating birds. *Appl. Environ. Microbiol.* 68(12), 5911-5917
- WALDENSTRÖM J., AXELSSON-OLSSON D., OLSEN B., *et al.* (2010) *Campylobacter jejuni* Colonization in Wild Birds: Results from an Infection Experiment. *PLOS ONE* 5(2), e9082

- WANG W.L., POWERS B.W., LEUCHTEFELD N.W., BLASER M.J. (1983) Effects of disinfectants on *Campylobacter jejuni*. *Appl Environ Microbiol* 45(4), 1202-1205
- WEI B., KANG M., JANG H.-K. (2019) Genetic characterization and epidemiological implications of *Campylobacter* isolates from wild birds in South Korea. *Transboundary and Emerging Diseases* 66(1), 56-65
- WEIS A.M., STOREY D.B., TAFF C.C., *et al.* (2016) Genomic Comparison of *Campylobacter* spp. and Their Potential for Zoonotic Transmission between Birds, Primates, and Livestock. *Appl. Environ. Microbiol.* 82(24), 7165-7175
- WESLEY I.V., SCHROEDER-TUCKER L. (2011) Recovery of *Arcobacter* ssp. from Nonlivestock Species. *J. Zoo Wildl. Med.* 42(3), 508-512
- WHILEY H., MCLEAN R., ROSS K. (2017) Detection of *Campylobacter jejuni* in Lizard Faeces from Central Australia Using Quantitative PCR. *Pathogens* 6(1), 1
- WHITTIER C.A., CRANFIELD M.R., STOSKOPF M.K. (2010) Real-time PCR detection of *Campylobacter* spp. In free-ranging mountain gorillas (*Gorilla beringei beringei*). *J. Wildl. Dis.* 46(3), 791-802
- WOLF T.M., WÜNSCHMANN A., MORNINGSTAR-SHAW B., *et al.* (2011) An Outbreak of *Salmonella* enterica Serotype Choleraesuis in Goitered Gazelle (*Gazella subgutrosa subgutrosa*) and a Malayan Tapir (*Tapirus indicus*). *J. Zoo Wildl. Med.* 42(4), 694-699
- WON Y.S., YOON J.H., LEE C.H., *et al.* (2002) *Helicobacter muricola* sp. nov., a novel *Helicobacter* species isolated from the ceca and feces of Korean wild mouse (*Mus musculus molossinus*). *FEMS Microbiology Letters* 209(1), 43-49
- WORLD HEALTH ORGANIZATION (2013) The global view of campylobacteriosis: report of an expert consultation, Utrecht, Netherlands, 9-11 July 2012. Geneva, Switzerland, WHO Document Production Services
- YILDIZ H., AYDIN S. (2006) Pathological effects of *Arcobacter cryaerophilus* infection in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss Walbaum*). *Acta Vet. Hung.* 54(2), 191-199

Annexes

Annexe 1 : Prévalences de *Campylobacter* en fonction des taxons au ZSL WZ (Taema *et al.*, 2008)

Classe	Ordre	Pourcentage de prévalence	Nombre positifs / Nombre testés
Mammifères	Marsupiaux	22	4/18
	Primates	15	12/82
	Artiodactyles	15	43/284
	Rongeurs	8	11/136
	Carnivores	5	4/78
	Périssodactyles	2	1/62
	Pinnipèdes	0	0/9
	Proboscidés	0	0/14
Oiseaux	Gruiformes	44	52/119
	Ciconiiformes	34	16/47
	Anseriformes	30	31/104
	Charadriiformes	27	4/15
	Galliformes	15	4/27
	Passériformes	14	5/37
	Sphenisciformes	11	4/37
	Casuariiformes	10	1/10
	Falconiformes	0	0/48
	Strigiformes	0	0/23
	Psittaciformes	0	0/23
	Piciformes	0	0/6
	Coraciiformes	0	0/19
	Pelecaniformes	0	0/3

Annexe 2 : Prévalences de *Campylobacter* en fonction des taxons chez les PNH au zoo de Beauval (Leclerc *et al.*, 2016)

	Famille	Prévalence (%)	Nombre positifs / nombre testés
Primate de l'Ancien Monde	Hominidés	21	6/28
	Cercopithécidés	10	10/97
Primates du Nouveau Monde	Pithécidés	55	23/42
	Callithricidés	30	19/63
	Atélidés	0	0/11
Prosimiens	Lémuriens	33	1/3

Annexe 3 : Résultats aux tests PCR *Campylobacter sp.* sur les fèces des animaux du PZP entre 2014 et 2016.


Espèce	Date	Individu	Résultat de la PCR sur selles
Babouin	27/12/2016	ZB3216	+
Babouin	08/11/2016	ZB3204	+
Babouin	08/10/2016	ZB3204	+
Babouin	21/10/2014	Groupe	+
Babouin	17/10/2014	Groupe 5	+
Babouin	24/07/2015	4531	+
Babouin	28/02/2015	4533	+
Capybara	20/03/2015	?	+
Capucin	03/01/2015	?	+
Capucin	07/03/2014	?	+
Grand Hapalemur	03/08/2016	?	+
Grand Hapalemur	19/08/2016	?	+
Grand Hapalemur	17/04/2014	?	+
Lemur ventre roux	06/03/2015	?	+
Lemur mongoz	22/05/2015	ZB5142	+
Lemur mongoz	28/02/2015	ZB5045	+
Ouistiti goeldi	05/09/2014	ZB4540	+
Ouistiti goefroy	19/08/2016	?	+
Propithèque	04/06/2013	EFATRA	+
Propithèque	27/08/2016	DOUANY	+
Saki barbu	19/08/2016	CHIROPOTES	+
Saki barbu	31/12/2014	?	+
Saki barbu	19/08/2016	?	+
Saki barbu	22/12/2014	?	+
Prolemur simus	03/08/2016	?	+
Pudu	04/06/2013	?	+
Saki blanc	23/06/2015	?	+
Saki blanc	23/06/2015	Paulo Kirsten	+
Saki blanc	07/02/2014	Paulo	+
Saki blanc	11/12/2014	Jose	+
Saki blanc	07/02/2014	Jose	+
Saki blanc	19/08/2016	?	+
Saki noir	28/06/2016	Nelson	+
Saki barbu	22/12/2014	?	+
Saki barbu	31/12/2014		+
Titi cupreus	19/12/2014	?	+
Titi cupreus	24/01/2014	?	+
Tamarin lion	27/01/2015	?	+
Tamarin lion	25/01/2014	?	+
Tamarin mains rousses	19/08/2016	?	+
Tamarin mains rousses	23/07/2016	?	+
Tamarin mains rousses	03/06/2015	?	+
Tamarin mains rousses	21/11/2014	?	+
Tamarin mains rousses	31/03/2014	Groupe Tamarin roux	+
Capybara	11/04/2015	?	Faibl. +
Capybara	11/04/2015	?	Faibl. +
Hapalémur gris	24/01/2014	?	Faibl. +
Rhinocéros	24/12/2014	Wami	Faibl. +
Saki blanc	23/06/2015	Jose Bex	Faibl. +
Singe laineux	24/01/2014	?	Faibl. +

Espèce	Date	Individu	Résultat de la PCR sur selles
Capybara	21/09/2015	Groupe	0
Capybara	11/04/2015	?	0
Capybara	21/09/2015	Femelle	0
Capybara	12/04/2015	?	0
Grand Hapalemur	11/08/2015	?	0
Grand Hapalemur	24/02/2014	?	0
Lemur ventre roux	14/02/2014	?	0
Lemur ventre roux	25/01/2014	?	0
Lemur coronatus	25/08/2015	?	0
Vari roux	15/07/2016	ZB6202	0
Vari roux	15/07/2016	ZB6203	0
Vari roux	15/07/2016	Goupe	0
Ouistiti goefroy	14/04/2014	?	0
Propithèque	20/01/2016	EFATRA	0
Propithèque	14/03/2015	?	0
Propithèque	02/02/2015	?	0
Propithèque	15/01/2015	?	0
Propithèque	31/12/2014	?	0
Propithèque	18/09/2013	?	0
Propithèque	15/01/2015	?	0
Propithèque	21/10/2015	DOUANY	0
Propithèque	17/11/2014	DOUANY	0
Saki barbu	15/09/2015	?	0
Fossa	24/03/2016	Anosibe	0
Grand Kudu	03/08/2015	Kingali	0
Lemur catta	26/11/2016	?	0
Loutre	24/02/2014	?	0
Mara	13/06/2016	20725	0
Propithèque	24/06/2013	?	0
Propithèque	02/12/2011	?	0
Propithèque	15/05/2012	DOUANY	0
Pudu	01/04/2015	MA7018	0
Propithèque	09/01/2012	DOUANY	0
Puma	22/04/2015	?	0
Puma	13/04/2015	?	0
Saki blanc	15/05/2015	Couple	0
Saki blanc	17/12/2014	Paulo	0
Saki barbu	15/09/2015	?	0
Singe laineux	08/12/2014	?	0
Singe laineux	17/06/2015	Groupe	0
Tamarin bicolore	23/03/2014	Groupe	0
Tamarin lion	17/12/2014	?	0
Tamarin mains rousses	29/01/2015	?	0
Tamarin mains rousses	17/12/2014	?	0
Tamarin mains rousses	16/09/2014	?	0
Tamarin mains rousses	09/09/2014	?	0
Tamarin mains rousses	31/03/2014	Groupe isolé	0

Annexe 4 : Plan du Parc zoologique de Paris



Annexe 5 : Inventaire de la collection animale du Parc zoologique de Paris au 15 décembre 2017

Report Start Date Dec 15, 2017	Summary Inventory Report For Animalia / Animals Report Type: Physical	Report End Date Dec 15, 2017	
Copyright, Species360, 2017. All rights reserved.			

Taxonomic	Common Name	Beginning
<i>Sepia officinalis</i>	Common cuttlefish	0.0.1
<i>Avicularia avicularia</i>	Pink-toed tarantula	0.2.0
<i>Avicularia metallica</i>	White-toed tarantula	0.1.0
<i>Nephila inaurata</i> *	Golden silk spider	0.5.100
<i>Astacus astacus</i> *	Noble crayfish	10.6.0
<i>Coenobita</i>	Land hermit crab	0.0.9
<i>Pseudoprosopia latirostris</i> *	Horsehead grasshopper	25.29.25
<i>Oreophoetes peruana</i> *	Peruvian fire w alkingstick	8.8.19
<i>Dynastes hercules</i> *	Western hercules beetle	3.4.0
<i>Protaetia aeruginosa</i> *	Tin foil beetle	10.16.30
<i>Atta cephalotes</i> *	Leafcutter ant	0.100.0
<i>Asterias vulgaris</i> *	Northern sea star	0.0.2
<i>Potamotrygon motoro</i>	Orangespot freshw ater stingray	1.2.5
<i>Arapaima gigas</i>	Arapaima	0.0.5
<i>Rutilus rutilus</i> *	Roach	0.0.27
<i>Leporinus fasciatus</i> *	Striped leporinus	0.0.32
<i>Paracheirodon innesi</i> *	Neon tetra	0.0.950
<i>Colossoma macropomum</i>	Tambaqui	0.0.1
<i>Melnynis maculatus</i> *	Redbelled silver dollar	6.6.35
<i>Paracetrus brachypomus</i>	Firapatinga	0.0.4
<i>Pygocentrus nattereri</i> *	Red piranha	0.0.17
<i>Oxydoras niger</i>	Rpsaw catfish	0.0.3
<i>Hypostomus plecostomus</i>	Plecostomus	0.0.4
<i>Pterygoplichthys gibbiceps</i>	Spotted sailfin	0.0.2
	suckermouth catfish	
<i>Poecilia reticulata</i> *	Guppy	0.0.200
<i>Dicentrarchus labrax</i> *	European seabass	0.0.5
<i>Astronotus ocellatus</i>	Tiger oscar	0.0.3
<i>Cichlasoma nigrofasciatum</i> *	OBSOLETE: Use Amatitlania nigrofasciata / Convict cichlid	0.0.4
<i>Cichlasoma octofasciatum</i> *	Jack Dempsey	2.3.1
<i>Pterophyllum scalare</i> *	Freshw ater angelfish	0.0.121
<i>Cryptopheros cutteri</i> *	Cichlid	0.1.234
<i>Mesotriton alpestris</i> *	Alpine new t	5.9.40
<i>Pleurodeles w altii</i>	Iberian ribbed new t	4.4.5
<i>Triturus cristatus</i>	Northern crested new t	4.5.0
<i>Dendrobates tinctorius</i>	Dyeing poison frog	0.3.20
<i>Oophaga sylvatica</i>	Diablo	1.0.0
<i>Alytes muletensis</i> *	Mallorcan midw ife toad	20.20.50
<i>Alytes obstetricans</i> *	Olive midw ife toad	0.0.24
<i>Bombina variegata</i> *	European yellow -bellied toad	3.5.28
<i>Hyla arborea</i> *	European tree frog	0.0.19
<i>Trachycephalus resinifictrix</i> *	Mision golden-eyed tree frog	7.5.128
<i>Ceratophrys cornuta</i>	Horned frog	5.0.0
<i>Mantella aurantiaca</i> *	Golden mantella	9.14.42
<i>Mantella baroni</i> *	Painted mantella	0.0.33
<i>Mantidactylus betsileanus</i> *	Frog	4.7.14
<i>Dyscophus guineti</i> *	Sambava tomato frog	5.1.25
<i>Rana catesbeiana</i>	American bullfrog	2.2.0
<i>Rana ridibunda</i> *	OBSOLETE: Use <i>Pelophylax ridibundus</i> /	0.0.14
<i>Emys orbicularis</i>	European pond turtle	3.3.4
<i>Astrochelys radiata</i>	Radiated tortoise	7.3.1
<i>Testudo hermanni</i>	Hermann's tortoise	5.4.1
<i>Chelus fimbriatus</i>	Matamata turtle	1.0.4
<i>Calumma parsonii</i>	Parson's chameleon	1.0.0
<i>Chamaeleo chamaeleon</i>	Common chameleon	1.1.0
<i>Furcifer pardalis</i>	panther chameleon	15.7.2

Taxonomic	Common Name	Beginning
<i>Iguana iguana</i>	Green iguana	1.2.0
<i>Phelsuma madagascariensis</i>	Madagascar giant day gecko	1.2.6
<i>Uroplatus fimbriatus</i>	Malagasy leaf-tailed gecko	1.1.0
<i>Lacerta viridis</i>	Emerald lacerta	1.1.0
<i>Timon lepidus</i>	Ocellated lizard	4.4.2
<i>Dracaena guianensis</i>	Caiman lizard	2.2.0
<i>Boa constrictor</i>	Boa constrictor	1.3.0
<i>Eunectes murinus</i>	Green anaconda	2.1.0
<i>Sanzinia madagascariensis</i>	Madagascar tree boa	11.10.0
<i>Oxybelis fulgidus</i>	Green vine snake	2.1.0
<i>Rhinechis scalaris</i>	Ladder snake	3.5.0
<i>Natrix natrix</i>	Grass snake	0.0.5
<i>Vipera aspis</i>	Asp viper	4.0.0
<i>Vipera berus</i>	Common adder	3.3.5
<i>Paleosuchus palpebrosus</i>	Dwarf caiman	1.1.9
<i>Struthio camelus</i>	Common ostrich	3.4.0
<i>Rhea americana</i>	Greater rhea	2.2.0
<i>Rhea pennata</i>	Lesser rhea	2.5.0
<i>Aburria pipile</i>	OBSOLETE: Use Pipile pipile / Trinidad piping-bird	2.3.0
<i>Crax daubentoni</i>	Yellow-knobbed curassow	2.1.0
<i>Acryllium vulturinum</i>	Vulturine guineafowl	0.4.0
<i>Chauna torquata</i>	Southern screamer	1.0.0
<i>Dendrocygna bicolor</i>	Fulvous whistling duck	2.2.2
<i>Anas bernieri</i>	Madagascar teal	2.0.0
<i>Anas undulata</i>	Yellow-billed duck	4.1.0
<i>Chloephaga picta</i>	Magellanic goose	1.1.0
<i>Spatula hottentota</i>	Hottentot teal	1.1.0
<i>Phoenicopterus</i>	Flamingo	1.1.0
<i>Phoenicopterus roseus</i>	Greater flamingo	21.32.0
<i>Phoenicopterus ruber</i>	American flamingo	1.1.0
<i>Columba guinea</i>	Speckled pigeon	1.0.0
<i>Nesoenas picturatus</i>	Madagascar turtle-dove	2.3.0
<i>Musophaga violacea</i>	Violet turaco	0.1.0
<i>Eurypyga helias</i>	Sunbittern	1.1.0
<i>Balearica pavonina</i>	Black crow ned-crane	1.0.0
<i>Balearica regulorum</i>	Grey crow ned-crane	0.1.0
<i>Anthropoides virgo</i>	Demoiselle crane	1.1.0
<i>Spheniscus humboldti</i>	Humboldt penguin	12.8.0
<i>Ciconia abdimii</i>	Abdimis stork	2.1.0
<i>Leptoptilos crumenifer</i>	Marabou stork	1.0.0
<i>Eudocimus ruber</i>	Scarlet ibis	18.9.8
<i>Plegadis falcinellus</i>	Glossy ibis	4.3.0
<i>Geronticus eremita</i>	Walkfrapp ibis	7.2.3
<i>Platalea alba</i>	African spoonbill	6.7.3
<i>Platalea ajaja</i>	Roseate spoonbill	6.5.0
<i>Egretta garzetta</i>	Little egret	2.3.0
<i>Bubulcus ibis</i>	Western cattle egret	11.12.7
<i>Butorides striata</i>	Striated heron	5.7.2
<i>Scopus umbretta</i>	Hamerkop	2.2.0
<i>Himantopus himantopus</i>	Black-winged stilt	3.7.8
<i>Recurvirostra avocetta</i>	Pied avocet	2.0.1
<i>Vanellus spinosus</i>	Spur-winged lapwing	0.1.0
<i>Anitbyx armatus</i>	Blacksmith plover	0.1.0
<i>Tringa totanus</i>	Redshank	2.0.0

Taxonomic	Common Name	Beginning
Gyps fulvus	Griffon vulture	6.4.0
Milvus milvus	Red kite	1.1.0
Neophron percnopterus	Egyptian vulture	2.0.0
Bycanistes bucinator	Trumpeter hornbill	0.2.0
Bucorvus leadbeateri	Southern ground hornbill	1.0.0
Coracias cyanogaster	Blue-bellied roller	1.1.0
Ramphastos toco	Toco toucan	1.1.0
Coracopsis vasa	Vasa parrot	0.1.0
Anodorhynchus hyacinthinus	Hyacinth macaw	3.1.0
Ara militaris	Military macaw	1.1.0
Aratinga solstitialis	Sun conure	2.2.0
Bombycilla cedrorum	Cedar waxwing	0.0.5
Foudia madagascariensis *	Red fody	0.0.100
Sporophila torqueola	White-collared seedeater	0.0.1
Zonotrichia leucophrys	White-crowned sparrow	2.0.0
Passerina amoena	Lazuli bunting	2.0.0
Passerina caerulea	Blue grosbeak	0.2.0
Passerina ciris	Painted bunting	0.0.4
Indigo bunting	Indigo bunting	1.0.0
Pheucticus ludovicianus	Rose-breasted grosbeak	3.1.0
Pheucticus melanocephalus	Black-headed grosbeak	1.1.0
Ramphocelus bresilius	Brazilian tanager	1.0.0
Cyanocompsa parellina	Blue bunting	2.2.0
Trichechus manatus	West Indian manatee	3.0.0
Choloepus didactylus	Linne's two-toed sloth	2.2.0
Myrmecophaga tridactyla	Giant anteater	1.1.0
Eulemur coronatus	Crowned lemur	2.2.0
Eulemur mongoz	Mongoose lemur	2.0.0
Eulemur rubriventer	Red-bellied lemur	2.2.0
Haplemur occidentalis	Western grey bamboo lemur	3.2.0
Lemur catta	Ring-tailed lemur	3.5.0
Prolemur simus	Greater bamboo lemur	0.5.0
Varecia rubra	Red ruffed lemur	1.1.0
Varecia variegata	Black-and-white ruffed lemur	2.1.0
Propithecus coronatus	Crowned sifaka	1.1.0
Callithrix geoffroyi	White-fronted marmoset	4.2.0
Leontopithecus chrysomelas	Golden-headed lion tamarin	1.0.0
Saguinus bicolor	Pied tamarin	1.1.0
Saguinus midas	Red-handed tamarin	2.3.0
Sapajus apella	Tufted capuchin	0.2.0
Aotus lemurinus	Grey-bellied douroucouli	0.1.0
Callicebus cupreus	Coppery titi	1.1.0
Chiropotes sagulatus	Guianan bearded saki	1.0.0
Pithecia pithecia	White-faced saki	1.1.0
Lagothrix lagotricha	Brown woolly monkey	3.0.0

Taxonomic	Common Name	Beginning
Papio papio	Guinea baboon	32.33.2
Dolichotis patagonum	Patagonian mara	16.22.5
Hydrochoerus hydrochaeris	Capybara	2.1.0
Eidolon helvum	African straw-coloured fruit bat	21.18.0
Pteropus rodricensis	Rodrigues flying fox	0.14.0
Lynx lynx	Northern lynx	3.2.0
Puma concolor	Cougar	2.1.0
Panthera leo	Lion	2.3.0
Panthera onca	Jaguar	1.1.0
Cryptoprocta ferox	Fossa	0.1.0
Canis lupus	Gray wolf	3.0.0
Speothos venaticus	Bush dog	1.0.0
Otaria byronia	South American sea lion	2.2.0
Lutra lutra	European otter	1.1.0
Gulo gulo	Wolverine	1.1.0
Equus grevyi	Grevy's zebra	1.3.0
Tapirus terrestris	South American tapir	1.1.0
Ceratotherium simum	White rhinoceros	2.0.0
Catagonus wagneri	Chacoan peccary	2.0.0
Lama guanicoe	Guanaco	0.7.0
Vicugna vicugna	Vicugna	0.3.0
Pudu pudu	Southern pudu	1.1.0
Giraffa camelopardalis	Giraffe	2.13.0
Tragelaphus strepsiceros	Greater kudu	2.7.0
Addax nasomaculatus	Addax	1.8.0
Oryx dammah	Scimitar-horned oryx	2.3.0
Kobus leche	Southern lechwe	3.3.0

TOTAL	508.647.2471
--------------	---------------------

Annexe 6 : Matériel nécessaire à l'isolement des *Campylobacter* en utilisant deux méthodes : méthode par ensemencement sur gélose sélective et méthode par filtration sur gélose au sang

Matériel consommable (à multiplier par le nombre de prélèvement) :

- 1 spatule avec cuillère
- 1 tube de 9mL ou 1 sachet de 225 mL d'eau peptonnée tamponnée

- 1 inoculateur ou öse bouclée de 10µL
- 1 gélose « CFA » (bioMérieux, Marcy-l'Etoile, France) : gélose Campyfood Agar chromogénique

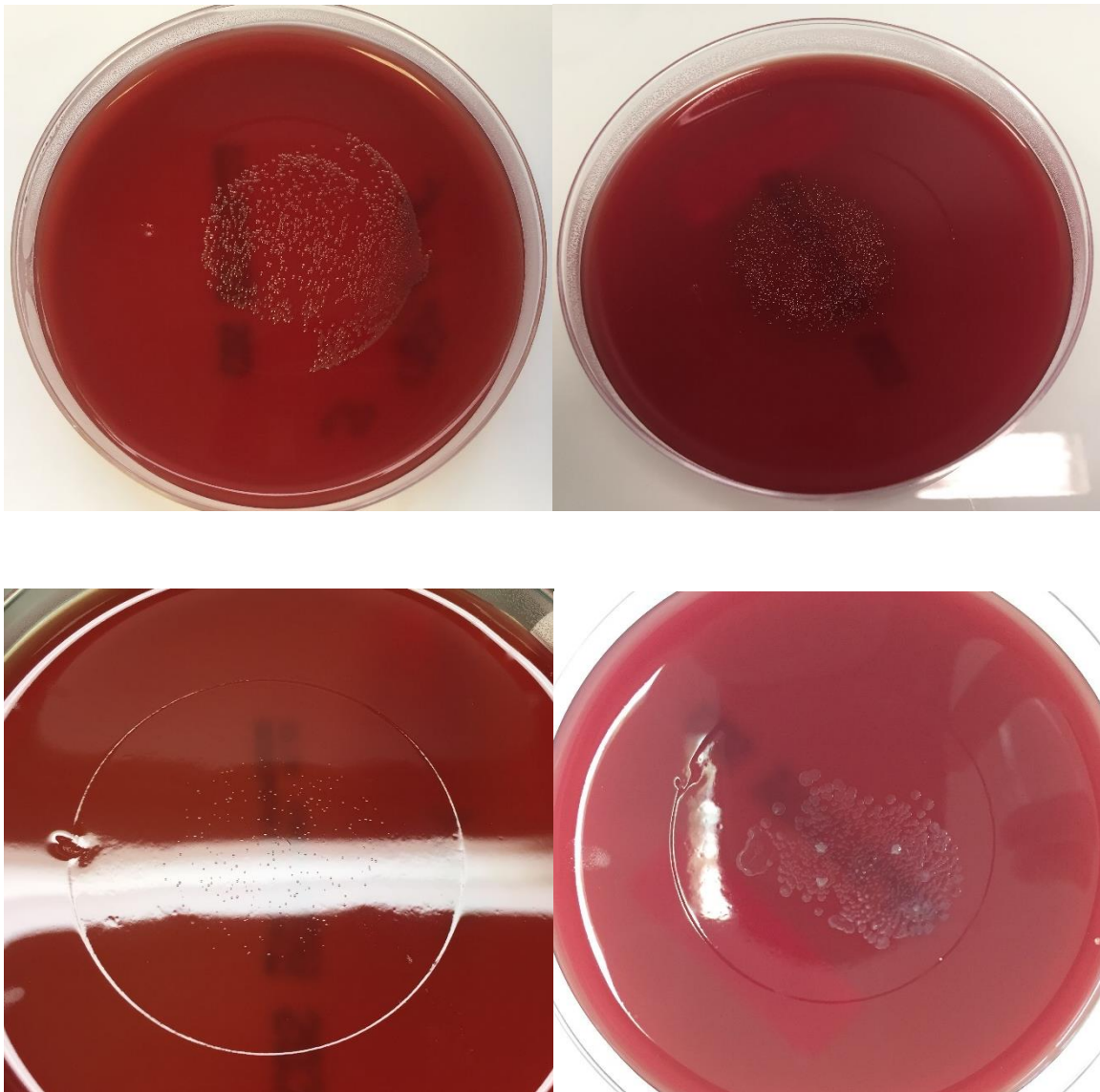
- 1 gélose « COS » (bioMérieux, Marcy-l'Etoile, France) : gélose Columbia + 5 % de sang de mouton (Référence : 43041).
- 1 filtre : Millipore, esters de cellulose, hydrophile, pores de 0,65 µm, 47 mm de diamètre, blanche, surface unie (Référence : DAWP04700). Mélange d'acétate de cellulose et de nitrate de cellulose. 100 disques.
- 1 pipette stérile de 1 mL

Matériel non consommable :

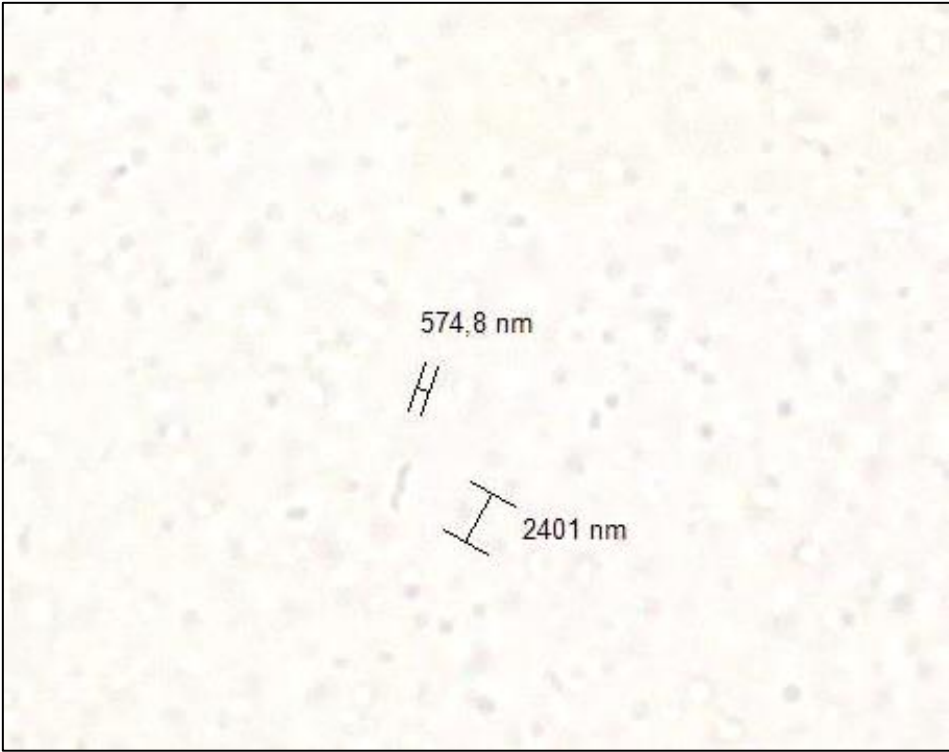
- 1 pince Debakey sans griffe, métallique
- 1 hotte de bactériologie à flux laminaire ou PSM (poste de sécurité microbiologique)
- 1 balance de laboratoire
- 1 agitateur-homogénéisateur de type vortex
- 1 poubelle de laboratoire
- 1 portoir
- 1 pipeteur de 200µL

- 1 jarre d'anaérobiose ou microaérobiose (type GENbox Jar 2,5L de bioMérieux)
- Générateurs d'atmosphère microaérophile (type GENbox microaer de bioMérieux)

Annexe 7 : Aspects des *Campylobacter* sur gélose au sang par la technique de filtration après 48h
(photographies personnelles)



Annexe 8 : Aspect et taille de *Campylobacter jejuni* en microscopie optique (grossissement 400)



Annexe 9 : Score d'identification du MALDI-TOF

Lorsqu'une souche est analysée par le MALDI-TOF, celui-ci donne comme résultat une liste de 10 souches les plus proches de celle analysée :

- Un score inférieur à 1,7 ne permet pas une identification (couleur rouge)
- Un score compris entre 1,7 et 2,0 permet une identification du genre (couleur jaune).
Exemple : *Campylobacter sp.*
- Un score supérieur à 2,0 permet une identification au niveau de l'espèce (couleur verte).
Exemple : *Campylobacter jejuni*

Classement (Qualité)	Profil de référence	Score Valeur	Identifiant NCBI
1 (+++)	<i>Campylobacter jejuni</i> ATCC 29428 THL	2.11	197
2 (+)	<i>Campylobacter jejuni</i> MB_7240_05 THL	1.95	197
3 (+)	<i>Campylobacter jejuni</i> MB_4738_05 THL	1.95	197
4 (+)	<i>Campylobacter jejuni</i> ssp <i>jejuni</i> DSM 4688T DSM	1.93	32022
5 (+)	<i>Campylobacter jejuni</i> MB_6111_05 THL	1.84	197
6 (-)	<i>Campylobacter jejuni</i> Bkt 4391_08 NVU	1.53	197
7 (-)	<i>Arcobacter cryaerophilus</i> QBR_3911 QBC	1.43	28198
8 (-)	<i>Campylobacter jejuni</i> ssp <i>doylei</i> BRUG 374 CPB	1.42	32021
9 (-)	<i>Campylobacter jejuni</i> ssp <i>doylei</i> C410 CPB	1.41	32021
10 (-)	<i>Staphylococcus aureus</i> ssp <i>aureus</i> DSM 4910 DSM	1.38	46170

ÉTUDE DE CAMPYLOBACTER SPP. CHEZ LES ANIMAUX DU PARC ZOOLOGIQUE DE PARIS

AUTEUR : Benjamin DROUET

RÉSUMÉ :

De nombreux cas de diarrhées, associés à une mortalité, ont été décrits chez des primates du Parc Zoologique de Paris entre 2014 et 2016. Les cultures bactériologiques et les coproscopies n'avaient pas mis en évidence d'agent pathogène. Néanmoins, les analyses par PCR ont révélé la présence de *Campylobacter sp.* La campylobactériose, maladie provoquée par des bactéries du genre *Campylobacter*, est considérée comme la cause la plus fréquente de gastroentérite bactérienne chez l'Homme.

Les objectifs de l'étude étaient d'isoler, d'identifier et d'étudier l'épidémiologie des *Campylobacter* des animaux du PZP. Les taxons d'intérêt étaient les primates, pour leur sensibilité à l'infection par *Campylobacter*, les oiseaux, considérés comme réservoir de la bactérie, et les mammifères non primates et les reptiles, chez qui on suspecte une forte prévalence de *Campylobacter*.

Cette étude a permis de montrer le portage de *Campylobacter* par de nombreux animaux du PZP. Les primates étaient infectés avec une forte prévalence (41 %); les oiseaux avaient une prévalence moyenne (18 %). Cette étude a également permis de mettre en évidence de nouvelles associations de *Campylobacter* avec un hôte telles que *C. upsaliensis* chez des grands hapalémurs, *Arcobacter butzleri* chez des babouins de Guinée, *C. upsaliensis* chez une otarie à crinière et *C. fetus* chez un boa constrictor. Nous avons aussi montré le portage de *C. jejuni* par la faune sauvage non captive (rats) qui pourrait agir comme vecteur de la bactérie.

MOTS CLÉS : CAMPYLOBACTER / BACTÉRIOLOGIE / ZONOSE / DIARRHÉE / ENTÉRITE / ÉPIDÉMIOLOGIE / VECTEUR / PORTAGE / ANIMAUX EN CAPTIVITÉ / PRIMATE / OISEAU / MAMMIFÈRE / REPTILE / FAUNE SAUVAGE / PARC ZOOLOGIQUE / PARIS

JURY :

Président : Pr Hélène ROUARD

1^{er} Assesseur : Pr Henri-Jean BOULOUIS

2nd Assesseur : Dr Julie RIVIERE

STUDY OF *CAMPYLOBACTER SPP.* IN ANIMALS OF ZOOLOGICAL PARK OF PARIS

AUTHOR: Benjamin DROUET

SUMMARY:

Numerous cases of diarrhoea have been reported in non-human primates of Zoological Park of Paris, over the period 2014-2016. Bacterial cultures and faecal flotation have not allowed the identification of a pathogen. However, PCR tests have revealed the presence of *Campylobacter sp.* in the faeces of the animals of Zoological Park of Paris. Campylobacteriosis is a disease caused by the bacteria *Campylobacter* and is considered as the most frequent enteric bacterial pathogen in Human.

The aims of the study were to isolate, to identify and to understand the epidemiology of *Campylobacter* in animals of Zoological Park of Paris. The main studied taxa were the non-human primates, for their sensibility to infection by *Campylobacter*, the birds, considered as the reservoir hosts of the bacteria, and the mammals and the reptiles, in whom a high prevalence of *Campylobacter* is suspected.

This study showed the carriage of *Campylobacter* by many animals of the Zoological Park of Paris. The highest prevalence was in non-human primates with 41% of prevalence. The birds exhibited a prevalence of 18%.

This study also highlighted new host associations of *Campylobacter*, as *C. upsaliensis* in greater bamboo lemurs (*Prolemur simus*), *Arcobacter butzerli* in Guinea baboons (*Papio papio*), *C. upsaliensis* in a South American sea lion (*Otaria byronia*) and *C. fetus* in a boa constrictor (*Boa constrictor*).

The carriage by free-living wildlife (including rats) was demonstrated. It could act as a vector for the bacteria.

KEYWORDS: CAMPYLOBACTER / BACTERIOLOGY / ZONOSIS / DIARRHOEA / ENTERITIS / EPIDEMIOLOGY / VECTOR / CARRIAGE / CAPTIVE ANIMALS / PRIMATE / BIRD / MAMMAL / REPTILE / WILDLIFE / ZOOLOGICAL PARK / PARIS

JURY:

Chairperson: Pr H el ene ROUARD

1st Assessor: Pr Henri-Jean BOULOUIS

2nd Assessor: Dr Julie RIVIERE