

Application de la Recherche pour la Maîtrise des Dangers dans les Aliments : UMT Armada

CONTEXTE ET OBJECTIFS

Les travaux de l'UMT Armada agréée par la DGER pour une durée de 5 ans se sont clôturés fin 2016.

L'UMT fédérait 3 équipes du laboratoire de sécurité des aliments de l'Anses Maisons-Alfort ainsi que 2 instituts techniques ACTIA (IFIP et ACTALIA). Elle a permis de mettre en commun les expertises et les compétences techniques des partenaires dans un objectif de préservation d'un haut niveau de qualité sanitaire de nos productions nationales, au service de l'ensemble des acteurs publics et privés de la sécurité sanitaire.

3 actions ont été menées dans le cadre de cette UMT : (1) le développement et le transfert de **méthodes d'évaluation de la pathogénicité de souches de STEC**, (2) le développement et le transfert de connaissances sur le danger lié aux **toxines de Bacillus cereus** et (3) **l'épidémiosurveillance de Salmonella et Listeria monocytogenes**.

Les résultats visés pour ce projet autour des 3 actions associées, sont :

- **Une expertise** (information, sensibilisation, contacts, méthodologie d'observation, alerte) transférable auprès des centres techniques partenaires et de l'Anses.
- **Des méthodes et des outils de diagnostic** pour les agents d'intérêt sanitaire, directement transférables au bénéfice de l'ensemble des industriels et des réseaux de laboratoires de contrôles officiels.
- Une capacité d'expertise renforcée et de haut niveau au plan national en matière **d'évaluation des risques et de surveillance des dispositifs de production**.

L'Ifip et l'unité SEL (*Salmonella*, *E. coli*, *Listeria*) de l'Anses étaient impliqués dans l'action 3 qui visait à **optimiser la surveillance nationale de Salmonella et de Listeria monocytogenes** par la mise en commun des données de typage caractérisant les souches isolées de la chaîne alimentaire et collectées aujourd'hui parallèlement par l'Anses (bases nationales multi-filières) et les instituts techniques via les professionnels (bases spécifiques de filière).

Le premier axe de travail consistait à mettre en place **une base de données nationale pour la caractérisation moléculaire** de *Listeria monocytogenes* et *Salmonella enterica*, ouverte aux instituts techniques et laboratoires Anses.

L'architecture de ces bases de données a été calquée sur celle établie par l'Anses pour la base de données européenne de typage de *Listeria* qu'ils pilotent.

Le deuxième axe de travail consistait à évaluer et **transférer aux instituts techniques les méthodes moléculaires de caractérisation alternatives (MLVA)** à la technique d'électrophorèse en champs pulsés (PFGE), technique de référence au niveau international en épidémiologie pour *Salmonella* et *Listeria monocytogenes*.

RÉSULTATS

Les bases de données partagées de l'UMT Armada pour *Listeria* et *Salmonella* sont gérées sous le logiciel BioNumerics (version 7.5) via un serveur web (BioNumerics (BN) Server Web Edition, version 6.0, Applied Maths, Belgique) qui permet l'échange des données entre les différents utilisateurs.

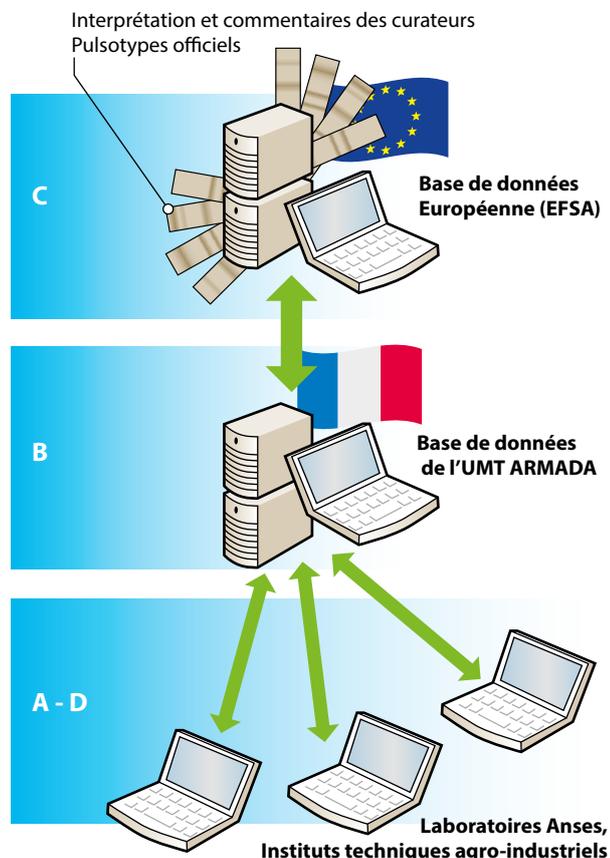
L'Anses est administrateur de ces bases et est chargé à long terme de la conservation des données soumises.

Les bases sont fonctionnelles et permettent le partage de profils moléculaires de souches de *Listeria* et *Salmonella* associées à leurs données épidémiologiques. Les descriptions épidémiologiques sont faites dans un langage standard de partage propre à la base.

Ce langage est par la suite transcrit de façon automatique dans le langage standard Foodex 2 utilisé par l'EFSA.

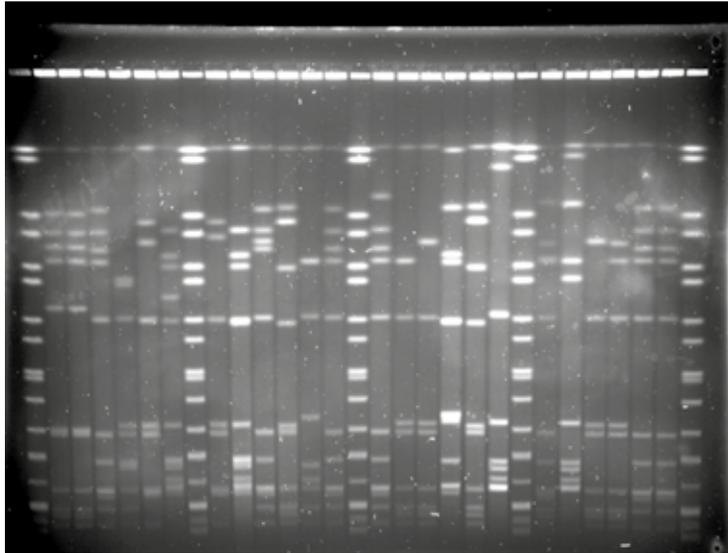
Les données proviennent des soumissions faites par les utilisateurs et l'appartenance des souches et leur origine géographique d'isolement sont gardées anonymes.

La curation est réalisée au niveau européen puis retransmise au niveau national via un système de synchronisation en cascade avec les bases de l'UMT ARMADA et la base de données de ses utilisateurs.



Flux des informations assurant (A) la soumission des profils moléculaires, (B) le partage des données entre les utilisateurs de la base de données de l'UMT ARMADA et la curation des données au niveau de l'Anses et (C) le retour des informations de curation aux utilisateurs.

Pulsotypes de souches de *L. monocytogenes* obtenus avec l'enzyme *Ascl*



Actuellement la base de données *Listeria* rassemble plus de 1 600 profils moléculaires (PFGE) combinés générés avec les enzymes de restriction *Ascl* et *Apal*.

La base *Salmonella* rassemble quant à elle environ 250 profils PFGE générés avec l'enzyme *XbaI*.

Deux chartes d'utilisation distinctes ont été mises en place pour les bases de données *Listeria* et *Salmonella*.

Ces chartes décrivent les conditions d'alimentation de la base de données par l'utilisateur et les conditions de mise à disposition des données de la base par l'Anses.

La propriété et la confidentialité des données y sont également précisées.

Seuls les laboratoires qualifiés lors de leur participation aux essais inter laboratoires d'aptitude PFGE organisés par l'IFIP peuvent utiliser ces bases.

Par ailleurs, l'Anses et l'Ifip ont travaillé à la mise au point d'une technique de typage alternative à la PFGE, la méthode MLVA (multi loci VNTR analysis), qui permet d'obtenir une meilleure discrimination que la PFGE pour certains sérotypes de *Salmonella*.

En particulier, une méthode MLVA pour le sous typage à l'intérieur du sérotype Derby, très prévalent en filière porcine a été mise au point.

PERSPECTIVES

Les travaux menés tout au long de ces 5 dernières années ont permis des avancées que l'on peut qualifier de majeures dans la structuration de la surveillance des dangers alimentaires *Salmonella enterica* et *Listeria monocytogenes*, entre autorité de surveillance alimentaire (Anses) et les ITAI.

Ils ont ainsi permis :

- 1/ de fortement améliorer les performances de typage PFGE des laboratoires partenaires et participant,
- 2/ l'obtention de deux bases de données partagées fonctionnelles, connectées aux bases EFSA pour une surveillance de *Listeria* et *Salmonella* intégrée.
- 3/ le développement d'outils de typage MLVA plus discriminant pour les sérotypes d'intérêt de *Salmonella* dans les filières lait et porc.



Financeurs :

DGER, CASDAR, Inaporc

Contact :

carole.feurer@ifip.asso.fr

Valorisation

- Formation des responsables qualité des entreprises d'abattage/découpe. Rennes, 2 octobre 2014

Publications

- Félix B. *et al.*, 2016c. Une base de données de typage partagée pour la surveillance de *Listeria monocytogenes*. Les Cahiers de l'Ifip, 2(1), 1-6.
- Benjamin Felix *et al.* Les bases de données moléculaires partagées pour améliorer la surveillance de *Listeria monocytogenes*. BE Anses 30/12/2016. <http://bulletinepidemiologique.mag.anses.fr>
- Sabrina Cadel Six *et al.* Development of a MLVA protocol (Multiple Loci VNTR Analysis) for the molecular characterization of *Salmonella* Derby, serovar involved in food borne outbreaks (FBO). Poster. I3S 2016: International Symposium Salmonella and Salmonellosis, 6-8 June 2016, Saint Malo, France
- Emeline Cherchame *et al.* A molecular *Salmonella enterica* subsp. *enterica* database to centralize and share typing data from strains isolated in France. Poster. I3S 2016: International Symposium Salmonella and Salmonellosis, 6-8 June 2016, Saint Malo, France

Autre transfert

- Gestion des bases de données professionnelles pour *Listeria* et *Salmonella*