

# Diversité génétique des souches de *Listeria* isolées dans la filière porcine en France

## Contexte et objectifs

*Listeria monocytogenes* (*Lm*) est une bactérie responsable d'une zoonose rare mais grave appelée listériose qui cause 300 à 400 infections par an en France et s'avère mortelle dans 20 à 30% des cas. Elle touche principalement les personnes immunitairement affaiblies. La gravité de l'infection dépend de la dose et de la virulence du groupe génétique de la souche ingérée. La contamination des aliments peut survenir à partir de matières premières animales ou végétales mais plus particulièrement à partir de l'environnement des sites de production dans lequel les souches de *Lm* sont capables de survivre, de persister et de s'implanter. La technique MLST (Multi Locus Sequence Typing) est devenue la méthode standardisée au niveau international pour analyser la structure génétique des populations de *Lm*. Fondée sur le polymorphisme de séquence de 7 gènes de ménage, cette méthode permet l'attribution d'un « complexe clonal » (CC) à une souche. En France, les CC1, CC2, CC4, CC6 sont décrits comme hyper virulents et fréquemment isolés de cas cliniques. Les CC9 et CC121 sont quant à eux isolés plus fréquemment d'aliments que de cas cliniques. Les CC9 et CC121 sont prévalents dans tous les compartiments de production alimentaire.

Entre 2015 et 2017, l'Ifip en partenariat avec l'Anses de Maisons-Alfort ont mené une étude qui visait à **obtenir une meilleure connaissance de la diversité des souches de *Listeria monocytogenes* (*Lm*) afin de mieux caractériser la manière dont elle circule dans la filière porcine.**

## Résultats

Un panel de 687 souches isolées du secteur élevage (\*85), produits finis (\*518) et environnement de production (\*84) a été caractérisé par sérotypage et pulso-typage (PFGE). Le complexe clonal (CC) de chaque souche (type génétique) a été déduit à partir des données de pulso-typage en utilisant un dictionnaire de correspondance défini dans une étude antérieure par l'Anses.

Les souches de séro-groupe IIa étaient majoritaires dans les 3 secteurs investigués.

Les souches de séro-groupe IIc étaient faiblement identifiées dans le secteur élevage mais prédominantes dans les secteurs environnement de production et produits finis.

26 CCs majeurs ont été identifiés dans la filière porcine. Les CC1, CC5, CC6, CC8, CC4-CC217 et CC7 étaient retrouvés dans les mêmes proportions quel que soit le secteur investigué ( $p > 0.038$ ), ils pouvaient être décrits comme ubiquitaires. Les CC37, CC77 et CC59 étaient associés au secteur élevage mais pas aux secteurs environnement de production ni produits finis ( $p < 0.004$ ). Le CC37 semblait mieux adapté au maillon élevage qu'au maillon transformation de la viande de porc, ce que confirme la littérature.

Les CC121 et CC9 étaient fortement associés au maillon transformation. Le CC121 n'a pas été retrouvé parmi les souches isolées du maillon élevage alors qu'il faisait partie des CCs prédominants isolés des secteurs environnement de production et produits finis. Sa distribution dans ces 2 secteurs était comparable ( $p > 0.27$ ).

**Le CC9 était associé aux produits finis mais ni à l'élevage, ni à l'environnement de production** ( $p < 0.001$ ).

Aucun des CCs identifiés dans de ce projet n'était spécifique de la filière porcine et ils étaient également identifiés dans les autres filières de production alimentaire. L'association des CC9 et CC121 au maillon transformation est probablement liée à une adaptation de ces souches aux processus d'abattage et de nettoyage désinfection, favorisant leur colonisation dans l'environnement de production et la re-contamination des produits.

**L'identification des complexes clonaux hypervirulents CC1, CC2, CC4, CC6 en entreprise doit entraîner des**

**Partenariat :**  
Anses unité SEL – Maisons-Alfort

**Financeur :**  
FranceAgrimer

**Contact :**  
carole.feurer@ifip.asso.fr

## Valorisation

### Formations et interventions

- Congrès IAFP XVIII, 25-27 avril 2018 – Stockholm, Suède
- Congrès Food Micro, 3-6 septembre 2018 – Berlin, Allemagne

### Publications

- Rapport d'étude, Juin 2018
- Félix et al., 2018. *Frontiers in Microbiology* 9 : 684.
- Les Cahiers de l'Ifip, Vol 6-N°1-2019

**mesures de nettoyage/désinfection renforcées.**

## Perspectives

Il serait nécessaire de comprendre l'origine des contaminations par CC9 au niveau des abattoirs, dont une étape précise semble être à l'origine de la sélection et de la colonisation ultérieure des souches de ce complexe clonal. Il est possible que le CC9 rencontre un succès écologique **chez l'animal vivant lors de l'acheminement vers le site d'abattage ou lors de la préparation de la carcasse.** Une étude *in situ* au niveau des abattoirs est envisagée.



Prélèvement de surface dans un abattoir de porcs