

BASE DE DONNÉES PROFESSIONNELLE DE TYPAGE DES SALMONELLES DANS LA FILIÈRE PORCINE

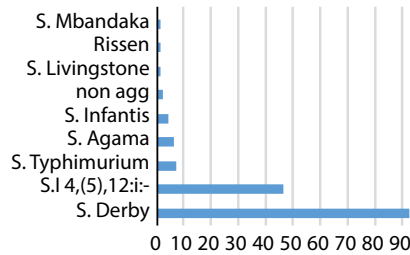
Fiche 15

Contexte et objectifs

En 2018 en Europe, Salmonella est la deuxième cause de maladie d'origine alimentaire chez l'homme avec 91,857 cas confirmés (Efsa, 2019). Le nombre de cas de salmonelloses s'est stabilisé ces cinq dernières années après une longue période de décroissance. *S. Enteritidis* reste le type le plus répandu (47,4% des cas dans l'UE) mais est principalement associé à la consommation d'œufs, d'ovoproduits et de viande de volaille. Les sérotypes les plus isolés des cas humains sont ensuite *S. Typhimurium*, le variant monophasique de *S. Typhimurium*, *S. infantis* et *S. Newport*. *S. Typhimurium* et *S. Derby* sont principalement associés aux porcs, bovins et viandes qui en sont issues et dans une moindre mesure à la volaille. Le variant monophasique de *S. Typhimurium* (4,[5], 12 : i :-) est quant à lui principalement associé au porc et à la consommation de viande de porc. Sa progression dans le top 10 des isollements de salmonelles en France est constante depuis 2008, principalement dû à la dissémination internationale du clone multi-résistant aux antibiotiques, 4,5,12 : i :- « ASSuTe ». En 2019, le réseau Salmonella de l'Anses rapportait que 6% des 14025 souches de salmonelles d'origine non humaine reçues au laboratoire en 2017 étaient de sérotype 4,[5], 12 : i :-, contre 4% en 2015. L'Ifip possède une base de données de souches de salmonelles finement caractérisées au niveau de leur sérotype et de leur pulsotype (profil génétique). Cette base, qui date de 2007 est alimentée régulièrement soit de façon volontaire, soit par des souches collectées au travers d'études interprofessionnelles. Elle permet (i) d'obtenir une image de la diversité qualitative et quantitative des souches circulantes dans la filière porcine (2) de connaître l'incidence du variant monophasique *S. Typhimurium* SI 4,[5], 12 : i :- dans la filière et (3) de constituer un soucier représentatif des souches circulant dans la filière, qui pourra être utilisé dans le cadre d'autres projets.

Résultats

Environ 1400 souches ont été analysées depuis l'initiation de la base de données en 2007. Elles sont issues principalement des maillons abattage/découpe et transformation. Une plus faible proportion de souches provient du maillon élevage et quelques souches seulement du maillon alimentation



Diversité des sérotypes et fréquence d'identification tous maillons confondus en 2018-2019

animale. Trois techniques de caractérisation ont été utilisées dont deux routinières, le sérotypage et le pulsotypage et une novatrice, le séquençage du génome entier (WGS). Quarante sérotypes sont actuellement représentés dans la base de données, incluant les sérotypes classiquement identifiés en filière porcine.

Les résultats obtenus pour 2018-2019 montrent une forte prévalence de deux sérotypes *S. Derby* et *S. 4,[5],12:i:-* avec 57,5% et 29% des souches isolées respectivement. *S. Typhimurium* arrive en troisième position avec 4,3% des souches isolées. Contrairement à la période 2011-2015, nous constatons une diminution dans l'isolement de *S. 4,[5],12:i:-* au profit des souches de sérotype *Derby* et une nouvelle baisse d'isolement des *S. Typhimurium*. A eux trois, ces sérotypes totalisent entre 65 et 95% des isollements de souches depuis 2009. Au total, depuis la création de la base de données, 253 pulsotypes différents de Salmonella ont pu être identifiés. Au sein du sérotype *Derby*, comme les années précédentes, on note une prédominance importante du pulsotype *Derby-03* qui représente dans cette étude 37% des pulsotypes identifiés. Concernant le sérotype *Typhimurium* ou son variant monophasique, on peut noter l'absence de prédominance nette d'un type PFGE pour

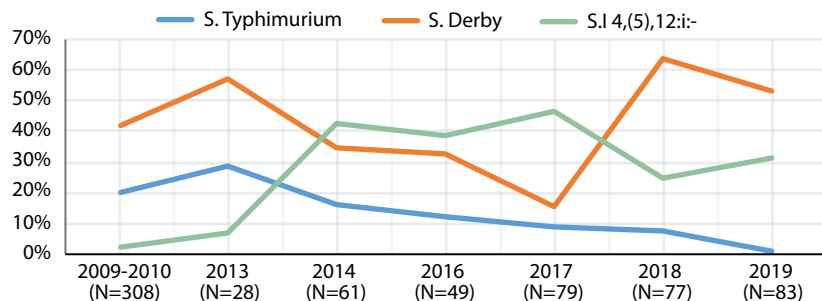
ce sérotype. Les pulsotypes *Typhim-71* et *Typhim-74* ont été les plus identifiés. Ces pulsotypes ont exclusivement été identifiés pour les souches de sérotype *S. 4,[5],12:i:-*. La prévalence du type *Typhim-01*, associé aux souches de sérotype *Typhimurium*, habituellement haute, est extrêmement faible sur ces deux dernières années.

Durant la campagne 2018-2019, une partie des souches de *S. Typhimurium* et son variant monophasique a été caractérisée par séquençage de leur génome entier (WGS). L'analyse des données nous a permis, entre autres, de déterminer le sérotype de ces souches à partir de leur séquence génomique en s'appuyant sur les outils développés par l'Anses dans le cadre de l'UMT Asiics. Ces outils d'analyse de séquences ont vocation à être transférés à l'Ifip.

Perspectives

L'intérêt d'établir une base de données Salmonella pour la filière est multiple. Une fois implémenté, cet outil permet de mieux appréhender la diversité et la circulation des salmonelles tout au long de la filière et d'identifier l'émergence de certains sérotypes ou pulsotypes. Cette base constitue un soucier représentatif des souches circulantes dans la filière qui peuvent être utilisées dans le cadre de projets de recherche. A l'échelle d'une entreprise, cette base peut être utilisée à titre de surveillance ou de résolution de problèmes ponctuels de contamination.

L'implémentation pérenne de la base de données permet d'obtenir une vision précise de la prévalence des souches de Salmonella dans la filière à un temps donné, tout en permettant un meilleur suivi dans le temps de leur évolution, donc un suivi de l'efficacité des mesures visant à améliorer la situation sanitaire dans la filière.



Evolution des trois sérotypes majeurs dans la filière porcine entre 2009 et 2019 (données Ifip)

- **Partenariat :**
Entreprise de la filière porcine
- **Financier :**
INAPORC
- **Contact :**
carole.feurer@ifip.asso.fr

Valorisation

- Intervention lors du comité R&D Inaporc du 17 février 2021
- Rapport d'étude Inaporc

Autres transferts

- Enrichissement de la base de données de typage de Salmonella de l'IFIP et du soucier.