Base de données des sérotypes de *Salmonella* dans la filière porcine

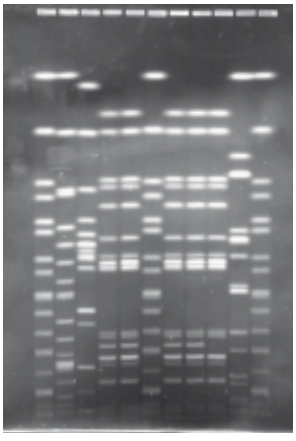
Partenariats
Entreprises de de la filière porcine
Financeur
Inaporc
Contact
carole.feurer@ifip.asso.fr

VALORISATION

Formations et interventions

- *Formation des responsables qualité des entreprises d'abattage/découpe. Rennes, 2-3 octobre 2014*
- *Formation des responsables qualité des entreprises de salaisons. Maisons-Alfort, 9-10 octobre 2014*
- *Rapport d'étude Inaporc*

Profils génétiques de souches de Salmonella



CONTEXTE ET OBJECTIFS

En 2014 en Europe, *Salmonella* est la deuxième cause de maladie d'origine alimentaire chez l'homme avec 88,715 cas confirmés (Efsa, 2015). Il existe plus de 2600 sérotypes de *Salmonella*. Cependant, les fréquences d'isolement des sérotypes sont très variables. En moyenne, les 20 sérotypes les plus fréquemment identifiés représentent 80% des souches isolées chaque année en France. Parmi ces 20 sérotypes se trouvent les 6 sérotypes réglementés S. Enteritidis, S. Typhimurium, S. Infantis, S. Hadar, S. Virchow et S. Kentucky mais également S. 4,[5], 12 : i :- dont la progression est constante ces dernières années. Ainsi, il est important de surveiller spécifiquement l'incidence des variants monophasiques et immobiles du sérotype Typhimurium dans la filière porcine. En effet, ceux-ci sont en constante progression depuis 2007 et étaient responsables de 3 épidémies liées à la consommation de saucisson sec et de produits de charcuterie durant le 4ème trimestre 2011. L'Ifip gère une base de données de plus de 1000 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, ceci afin de mieux connaître le danger *Salmonella* tout au long de la chaîne et mieux répondre aux interrogations des professionnels concernant la gestion de ce risque.

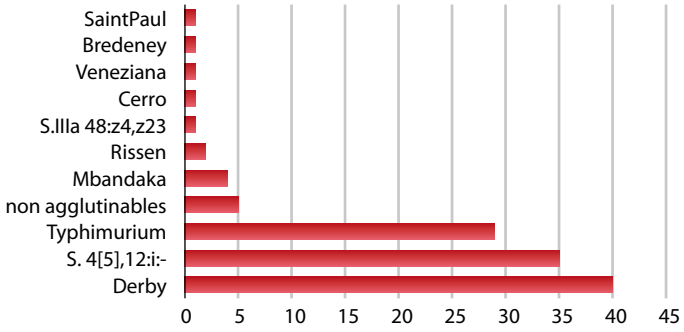
L'implémentation pérenne de cette base de données permet (1) d'obtenir une image de la diversité qualitative et quantitative des souches circulantes dans la filière porcine (2) de connaitre l'incidence du variant monophasique S. Typhimurium SI 4,[5], 12 : i : - dans la filière et (3) de constituer un souchier représentatif des souches circulant dans la filière, qui pourra être utilisé dans le cadre d'autres projets.

RÉSULTATS

37 sérotypes sont actuellement représentés dans la base de données incluant les sérotypes généralement identifiés en filière porcine. Les résultats obtenus cette année montrent une forte prévalence de 3 sérotypes Derby, S. 4[5],12:i:- et Typhimurium avec un isolement plus important des souches de sérotype Derby comme en 2009 et une forte progression dans l'isolement de souches de sérotype S. 4[5],12:i:-. Les sérotypes majoritairement identifiés et leurs prévalences sont en accord avec les données issues du réseau *Salmonella* de l'Anses. Trois sérotypes ont été nouvellement identifiés cette année. Pour la plupart, ces sérotypes étaient habituellement retrouvés en filière porcine.

Au total, depuis la création de la base de données, 198 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 77,5% des pulsotypes identifiés. Concernant le sérotype Typhimurium, on note une prévalence de deux pulsotypes Typhim-61 et Typhim-65 jamais identifiés jusqu'à présent dans notre base de données et qui sont majoritairement associés aux souches de sérotype S. 4[5],12:i:-. La prévalence du type Typhim-01 continue de diminuer même s'il reste parmi les 3 pulsotypes majoritaires identifiés dans cette étude. L'évolution de l'incidence de ces 3 pulsotypes reste à surveiller.

Répartition des sérotypes des souches reçues entre 2012 et 2015.



PERSPECTIVES

L'implémentation pérenne de la base de données permettra 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 dans la filière.

Enfin, la mutualisation des données issues de la filière porcine avec celles des autres filières via la base de données Salmnet, développée avec l'Ifip dans le cadre de l'UMT Armada constituera un atout pour la surveillance transversale au niveau national. Cette base est administrée par l'Anses mais peut être utilisée par l'Ifip par 2 moyens :

- en soumettant les profils génétiques à comparer,
- en consultant uniquement les données sans soumission obligatoire.

La soumission des profils génétiques dans cette base partagée et accessible à l'Ifip (et autres centres techniques) reste soumise à acceptation préalable des professionnels qui ont fourni les souches.

La consultation de cette base permet d'obtenir plus d'informations quant à la fréquence d'isolement d'une souche dans la filière porcine et dans d'autres filières.

La soumission des profils permet de renforcer la représentativité de la base nationale et d'améliorer la surveillance des souches circulantes.