



RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE

*Liberté
Égalité
Fraternité*



anses

Bulletin épidémiologique

Santé animale - alimentation

Décembre 2022/ numéro 95

Le *Bulletin épidémiologique* est une publication conjointe de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail et de la direction générale de l'Alimentation du ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté alimentaire.



SOMMAIRE

ARTICLE 1

Bilan de la surveillance de la maladie virale hémorragique du lapin dans les élevages cynicoles en France depuis la création d'un réseau de surveillance en 2018

ARTICLE 2

Évaluation du réseau d'épidémiologie de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales (Résapath) par la méthode OASIS

ARTICLE 3

Une approche mutualisée des outils de la surveillance des salmonelles à l'abattoir

ARTICLE 4

Évaluation des risques chimiques liés à l'alimentation tout au long de la vie

ARTICLE 5

Le réseau SAGIR, la surveillance au carrefour des enjeux

BREVE 1

Qualiplan, dispositif d'évaluation et d'amélioration de la qualité des données des plans de surveillance et de contrôle des contaminants de la chaîne alimentaire pilotés par la Direction générale de l'alimentation (DGAL)

ARTICLE 6

Un clone hybride d'*Escherichia coli* shigatoxinogène et entérotoxinogène responsable de la maladie de l'œdème chez le sanglier sauvage (*Sus scrofa*)

BRÈVE 2

Élaboration d'un guide pratique pour des données de qualité

Bilan de la surveillance de la maladie virale hémorragique du lapin dans les élevages cynicoles en France depuis la création d'un réseau de surveillance en 2018

Adeline Huneau-Salaün¹, Amélie Bailliard², Emilie Gillet³, Yann Nédélec², Sophie Le Bouquin¹

Auteur correspondant : adeline.huneau@anses.fr

¹Anses, laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Epidémiologie, Santé et Bien-Etre, Ploufragan, France

²FENALAP, Fédération Nationale des groupements de producteurs de Lapins, Paris, France

³CLIPP – Interprofession du Lapin, Paris, France

Résumé

La maladie hémorragique virale du lapin (dite VHD pour « Viral Hemorrhagic Disease ») est une hépatite virale hautement contagieuse affectant les lapins domestiques et sauvages (*Oryctolagus cuniculus*). Classée en danger sanitaire de deuxième catégorie, elle entraîne une mortalité élevée en élevage et des pertes économiques importantes. La filière cynicole s'est dotée en 2018 d'un plan de lutte collective contre la VHD pour faire face à une recrudescence de la maladie en élevage, liée à l'émergence d'un nouveau génotype viral. Dans ce cadre, un système de recensement des foyers de VHD dans les élevages cynicoles a été mis en place en juin 2018, basé sur les déclarations volontaires des groupements de production de lapins, vétérinaires et éleveurs indépendants. Entre le 01/07/2018 et le 31/12/2019, 265 foyers de VHD ont été déclarés en France ; l'incidence annuelle en 2019 s'élève à 21,7 cas pour 100 élevages (Intervalle de Confiance à 95% [18,3-25,1]). La surveillance a permis de mettre en évidence des épisodes récurrents de VHD dans certains élevages, montrant la nécessité de compléter le plan de lutte par une gestion renforcée des récidives.

Mots-clés

Surveillance, lapin, maladie hémorragique virale, élevage

Abstract

Title: Assessment of the surveillance of rabbit haemorrhagic viral disease in rabbit farms in France since the creation of a surveillance network in 2018

Rabbit haemorrhagic disease (RHD) is a highly contagious viral hepatitis that affects domestic and wild European rabbits (*Oryctolagus cuniculus*). This generally fatal disease is a notifiable disease to OIE. Since 2010, a new viral genotype has appeared, named RHDV2, first in France and rapidly in the rest of Europe. This emergence has forced an adaptation of the RHD control strategy, with the development of new vaccines. Despite the availability of vaccines, RHD remains a serious problem on commercial farms in France. Faced with this major health challenge, the French rabbit sector set up a national voluntary plan to contain RHD in 2018. Following the plan, a surveillance system has been set up in order to count the number of RHD outbreaks in commercial rabbit farms in France since July 2018. The surveillance system is based on VHD notifications from rabbit production companies, veterinarians and independent farmers. From 01/07/2018 to 31/12/2019, 265 outbreaks were reported to the surveillance system; the annual incidence of VHD was 21.7 outbreaks per 100 farms (Confident Interval 95% [18.3-25.1]). Reoccurrences of VHD outbreaks on certain farms highlighted the need for improving outbreak management procedures.

Keywords

Surveillance, rabbit, viral hemorrhagic disease, breeding

La maladie hémorragique virale du lapin (RHD pour "Rabbit Hemorrhagic Disease", communément appelée VHD pour « Viral Hemorrhagic Disease ») est une hépatite contagieuse aiguë touchant les lapins d'élevage, de compagnie et les lapins sauvages (lapins de garenne), de l'espèce *Oryctolagus cuniculus*. Causée par un virus de la famille des *Caliciviridae*, genre *Lagovirus*, la VHD se caractérise par une contagiosité élevée et une mortalité importante dans les populations naïves d'infection, pouvant causer la mort de 60 à 100% des lapins atteints en 72 heures. De ce fait, la VHD est classée dans la liste des maladies à notifier à l'OIE et dans la liste des dangers sanitaires de deuxième catégorie en France (encadré 1). Apparue en Chine en 1984, la VHD s'est répandue rapidement dans le monde, nécessitant le recours à la vaccination des cheptels reproducteurs en Europe. Néanmoins, la VHD demeure un problème prégnant dans les élevages cynicoles français depuis l'émergence d'un nouveau génotype viral RHDV GI.2 en 2010 (Le Gall-Reculé et al., 2011, Boucher et al., 2011), échappant partiellement à la vaccination et pouvant affecter les lapereaux avant sevrage et les léporidés, contrairement au génotype précédent. Le développement de nouveaux vaccins protégeant contre le variant GI.2 a permis une maîtrise relative de la maladie dans la filière cynicole française. Cependant, l'impossibilité économique de vacciner la totalité des animaux (femelles et lapereaux) d'un élevage limite les possibilités de circonscrire la diffusion de la maladie. Face à cet enjeu sanitaire, la filière cynicole française s'est dotée en 2018 d'un plan volontaire de lutte contre la VHD, incluant la mise en œuvre d'un système de surveillance pour recenser les foyers en élevage et renforcer les mesures de biosécurité dans les exploitations à proximité d'un cas (CLIPP, 2018). Cet article présente une synthèse descriptive des foyers de VHD signalés au système de surveillance depuis sa mise en place au 1^{er} juillet 2018, avec un focus particulier sur 2019, première année complète de fonctionnement du système.

Organisation de la surveillance

Le réseau volontaire de surveillance de la VHD est coordonné par le CLIPP, interprofession du lapin de chair en France. Les participants sont la FENALAP (Fédération nationale des groupements de producteurs de lapins), la SNGTV (Société nationale des groupements techniques vétérinaires), les fabricants d'aliments et les abattoirs. La surveillance couvre tous les adhérents à la FENALAP ainsi que les principaux élevages en production indépendante, soit plus de 90% de la production

commerciale française de lapins de chair (encadré 2).

La surveillance repose sur une surveillance événementielle des foyers de VHD confirmés par analyse de laboratoire (RT-PCR sur échantillons de foie), survenant dans des élevages de lapin de chair professionnels et amateurs. La déclaration du foyer au coordinateur du réseau est assurée par les vétérinaires praticiens, l'encadrement technique de l'élevage ou l'éleveur lui-même. Les producteurs ont signé un consentement préalable au signalement d'un cas au réseau. Le CLIPP signale alors à l'ensemble du réseau le nom de la commune comptabilisant l'élevage atteint ; il s'agit de la seule information divulguée à l'ensemble des participants. La date de déclaration du foyer est généralement la date de confirmation virologique de l'infection transmise au moment de l'alerte. Cependant, un signalement de VHD peut être déclaré dès la suspicion d'infection mais le foyer ne sera comptabilisé qu'après confirmation par analyse de laboratoire. Dans ce cas, la date de déclaration est la date du signalement de la suspicion. Le CLIPP signale alors à l'ensemble du réseau le nom de la commune comptabilisant l'élevage atteint par la VHD par courrier électronique.

Un foyer est considéré comme éteint lorsque l'élevage atteint a produit une bande non vaccinée et sans signes cliniques de VHD, après deux bandes vaccinées. Le vétérinaire ou l'organisme déclarant signale alors la fin du foyer au coordinateur. En l'absence de déclaration spontanée de fin de foyer, le coordinateur contacte le déclarant régulièrement afin de connaître l'évolution de la situation sanitaire de l'élevage jusqu'à extinction de la maladie. Si des signes cliniques de VHD se manifestent dès la première bande d'engraissement non vaccinée suivant la fin du foyer, un nouvel épisode de VHD est déclaré au système de surveillance. Ce nouveau foyer sera considéré comme une « récurrence » de la maladie dans l'élevage. Au-delà (plusieurs bandes sans signes cliniques après l'arrêt de la vaccination), on parle de nouveau foyer si la maladie réapparaît dans l'élevage ; l'élevage sera alors considéré comme étant à antécédent de VHD.

Le coordinateur restitue régulièrement, *a minima* toutes les 3 semaines, l'évolution du nombre de foyers de VHD aux participants de la cellule d'information, organe chargé du suivi du plan de lutte collective. Les données anonymisées sont transmises tous les six mois par le coordinateur à l'Anses pour réaliser l'analyse descriptive de la situation de la VHD en France. L'incidence mensuelle de la VHD est calculée en

rapportant le nombre de foyers incidents à la population d'élevages indemnes sous surveillance. La population sous surveillance est estimée à partir du recensement 2018 des élevages cynicoles mené par la FENALAP. La population indemne est l'ensemble des élevages sans foyer déclaré au début du mois étudié. Les foyers actifs en début de période sont donc soustraits de la population indemne. Les foyers déclarés terminés au cours du mois sont réintégrés à la population indemne du mois suivant.

Bilan depuis la mise en place du système de surveillance

Entre le 01/07/2018 et le 31/12/2019, 265 foyers de VHD ont été déclarés au système de surveillance (Figure 1). Pour le premier semestre de surveillance

de juillet à décembre 2018, le nombre de cas actifs de VHD est peut-être sous-estimé compte-tenu de la mise en place progressive du système et du fait que des foyers de VHD étaient déjà en cours au début de la surveillance. Une enquête rétrospective auprès des organismes de production participant à la surveillance a ainsi établi qu'au moins 72 foyers de VHD étaient actifs au 1^{er} juillet 2018. En tenant compte de ces cas, le nombre hebdomadaire de foyers actifs entre le 1^{er} juillet et le 31 décembre 2018 varierait de 70 à 90, contre moins de 70 si on ne comptabilise que les cas déclarés après le 1^{er} juillet 2018. A partir de janvier 2019, quasiment tous les foyers actifs avant la surveillance étaient éteints; de ce fait, l'estimation du nombre de foyers actifs reflète mieux la situation épidémiologique à partir de 2019.

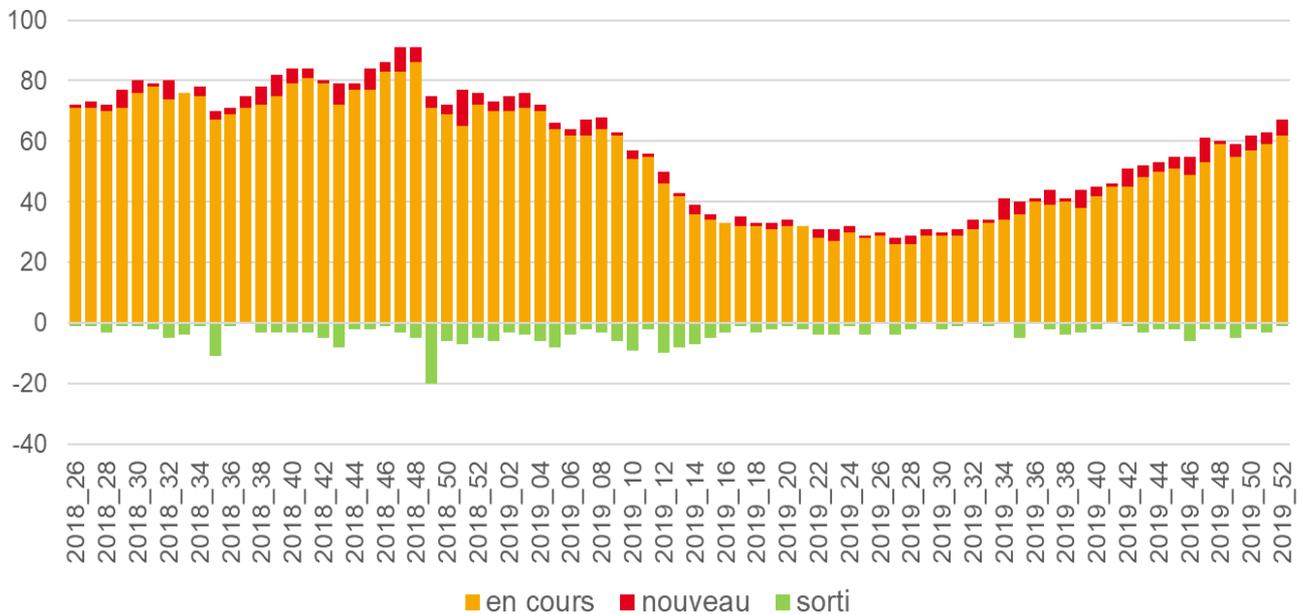


Figure 1 Evolution hebdomadaire du nombre de foyers de VHD en France entre le 1^{er} juillet 2018 et le 31 décembre 2019 (N= 265 foyers déclarés au système de surveillance)

Situation épidémiologique en 2019

Entre le 1^{er} janvier et le 31 décembre 2019, 154 foyers de VHD ont été signalés dans 138 élevages. La durée moyenne d'activité d'un foyer est de 109 jours (41 à 350 jours). La figure 2 présente l'incidence mensuelle de la maladie. Cette incidence est minimale au printemps (moins de 1,5 cas pour 100 élevages entre mars et juillet 2019) puis augmente jusqu'à 2,8 cas pour 100 élevages en novembre 2019. L'incidence annuelle en 2019 s'élève à 21,7 cas pour 100 élevages (Intervalle de Confiance à 95% [18,3-25,1]). La saisonnalité de la

maladie a déjà été observée lors d'une étude rétrospective portant sur une centaine de cas survenus entre 2013 et 2017 en France : le nombre de foyers était plus élevé à l'automne et en hiver qu'au printemps et en été, bien que la différence n'ait pas été statistiquement significative (Huneau-Salaün et al, 2020). La saisonnalité de la maladie pourrait être en partie liée aux conditions climatiques plus froides et humides favorisant le maintien du virus dans l'environnement et à la dynamique de circulation de la maladie dans les populations de lapins sauvages (Rouco et al., 2017, Camacho et al., 2019).

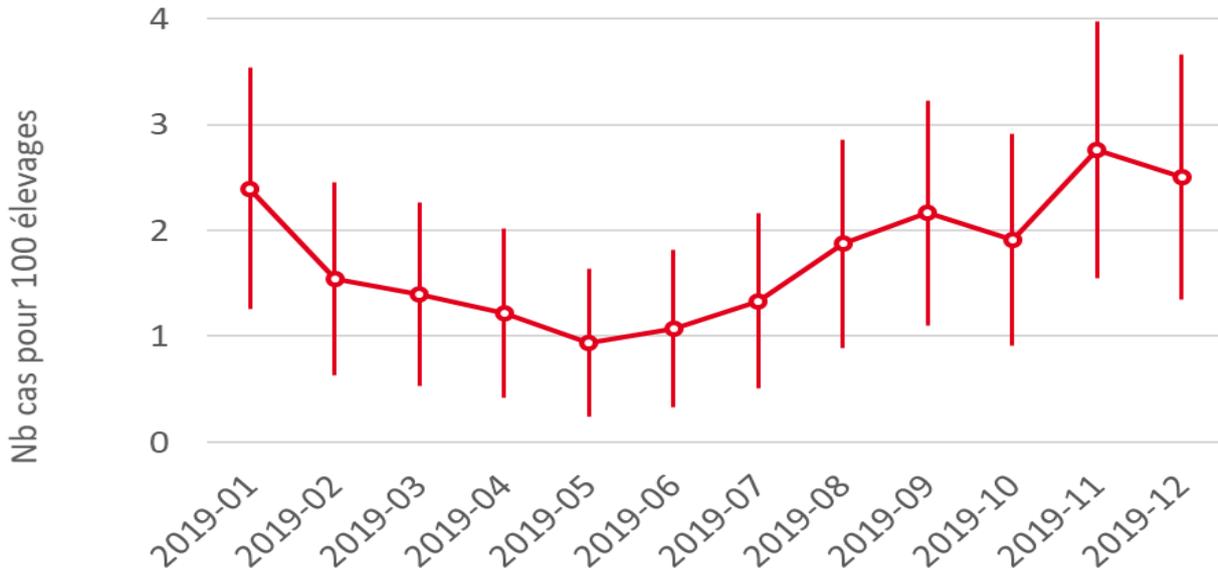


Figure 2 : Incidence mensuelle (et intervalle de confiance à 95%) de la VHD en France en 2019

Quinze élevages ont connu deux épisodes de VHD en 2019 et un élevage trois, soit environ 1,1 foyer par élevage atteint. Pour dix de ces élevages, la maladie est réapparue moins d'un mois après la fin de l'épisode précédent, ce qui est qualifié de récurrence (manifestation clinique de VHD sur la première bande d'engraissement non vaccinée). Sur les 138 élevages impactés en 2019, 48 ont déjà été infectés par la VHD en 2018 (35 %). Le foyer de 2019 est survenu de deux à dix-huit mois après la fin de l'épisode précédent (moyenne sept mois).

La VHD est présente dans toutes les régions productrices de lapins en France (Figure 3). La région des Hauts-de-France présente une situation épidémiologique particulière, avec 27 foyers de VHD signalés en 2019 sur 21 exploitations atteintes (1,3 foyers par exploitation). Quatre élevages ont été infectés deux fois et un trois fois dans l'année. De plus, huit des élevages contaminés en 2019 avaient déjà été foyers en 2018. Dans cette région, la part d'élevages ayant connu plusieurs foyers entre le 01/07/2018 et le 31/12/2019 est de 42% (11/26) contre 22% (42/192) sur le reste du territoire français (P=0,02).

L'existence d'élevages atteints successivement par plusieurs foyers de VHD a déjà été rapportée dans l'étude rétrospective sur les cas français entre 2013 et 2017. Une situation similaire est également soulignée en Espagne, ces élevages représentant une part importante des cas recensés (Rossel *et al.*, 2019). Une étude récente sur la décontamination des foyers de VHD a montré que le génome viral pouvait être encore détecté plusieurs mois après décontamination sur des surfaces en contact avec les animaux (Huneau-Salaün *et al.*, 2020). Bien qu'il

ne soit pas établi que le virus ait été présent sous forme infectieuse, ces observations posent la question de la persistance possible du virus dans l'environnement des élevages après décontamination.

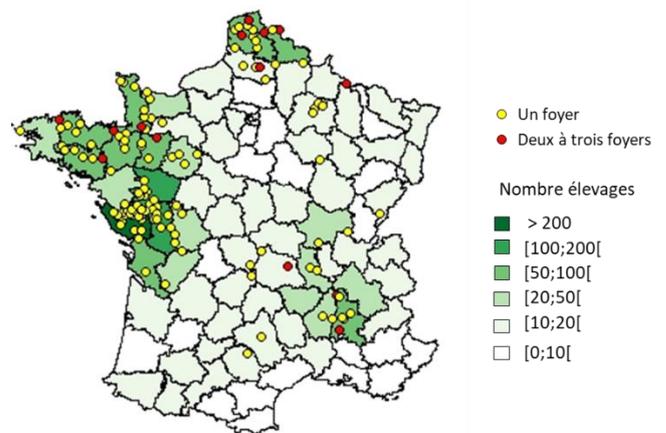


Figure 3 : Localisation des foyers de VHD et nombre d'occurrences annuelles de la maladie dans les élevages atteints en 2019 en fonction du nombre d'élevages cynicoles par département (N=138 élevages atteints)

Apport de la surveillance dans la lutte collective

L'objectif du plan de lutte collective mis en place en 2018 était de diminuer de moitié l'incidence de la VHD en un an. Le dispositif de surveillance et d'alerte a été déployé courant 2018, avec une montée en puissance progressive, pour notamment mesurer l'impact du plan de lutte. L'absence de données complètes pour l'année 2018 ne permet

pas de vérifier l'atteinte de cet objectif de réduction de l'incidence mais on constate que le nombre de foyers au second semestre 2019 a globalement diminué par rapport à la même période en 2018. Le dispositif de surveillance a permis de mieux quantifier l'existence de récurrences d'infection peu après la fin du foyer dans certains élevages ou d'une nouvelle contamination dans les mois suivant le premier cas. Ces récurrences constituent un élément majeur de l'épidémiologie de la VHD en France puisqu'un tiers des élevages touchés en 2019 avait déjà été atteint par la maladie en 2018. Une gestion spécifique des foyers de récurrence semble donc à intégrer à la démarche de lutte mais les connaissances manquent encore sur les points à risque à maîtriser dans ce contexte. Cette problématique fait l'objet d'un projet d'étude épidémiologique spécifique pour lequel le CLIPP est en recherche de financement.

La VHD continue d'impacter fortement la filière cynicole française. Une enquête réalisée auprès des groupements de production adhérents à la FENALAP a montré que le nombre d'élevages avait diminué d'environ 11 % entre 2018 et 2019. En 2018, 10 % de ces arrêts de production étaient directement imputables à la VHD et ce pourcentage montait à 35 % en 2019, bien que la disparition des élevages eût ralenti cette année-là. Cette situation justifie de maintenir la surveillance pour participer à la gestion collective de la maladie. Outre la comptabilisation des foyers et la diffusion des alertes présentées dans cet article, le système de surveillance comprend un module de collecte d'informations épidémiologiques sur les cas déclarés. Les déclarants sont invités à compléter un questionnaire épidémiologique via internet pour chaque foyer. Le questionnaire comprend un descriptif de l'élevage et de son cheptel, des pratiques de vaccinations contre la VHD avant l'apparition de la maladie et des mesures de gestion mises en place dans le foyer. Les informations recueillies n'ont pas encore fait l'objet d'une analyse, le nombre de réponses collectées étant encore faible fin 2019. Une exploitation de ces questionnaires est prévue en 2022 dans le but de mieux connaître les situations épidémiologiques associées à l'émergence de foyers. Elle permettra également de vérifier l'application des mesures de gestion des foyers prévues dans le plan de lutte collective.

La mise en place d'un système de surveillance de la VHD et d'alerte en France a constitué une étape importante de la lutte collective contre la maladie à partir de 2018. La surveillance permet de mieux estimer l'impact de la maladie mais aide également à comprendre les caractéristiques de sa diffusion. L'importance des cas de récurrences en élevage démontre le besoin d'une gestion particulière des foyers survenant à répétition dans certains ateliers. Un protocole de gestion spécifique de ces cas devra donc être développé sur la base de connaissances de terrain appuyées par des études épidémiologiques adaptées.

Encadré 1

Au moment de la mise en place de la surveillance en 2018, la Maladie Hémorragique Virale du Lapin (VHD), causée par le virus RHDV2, était classée danger sanitaire de deuxième catégorie pour les lapins et autres espèces réceptives par l'arrêté du 30 mai 2018¹ modifiant l'arrêté du 29 juillet 2013² sur la définition des dangers sanitaires pour les espèces animales. Depuis l'application du Règlement UE 216/429 en 2021, la VHD ne fait l'objet d'aucune obligation réglementaire de surveillance et de contrôle en France et dans l'Union Européenne.

La lutte collective contre la VHD est organisée dans le cadre d'un plan de lutte volontaire mis en place par la filière cynicole pour la période 2018-2021. Ce plan de lutte est organisé autour de 3 axes stratégiques. Il comprend un axe de prévention par le renforcement de la biosécurité et de la vaccination du cheptel reproducteur, un axe de surveillance de la maladie par un réseau de déclaration volontaire et un axe sur le renforcement des mesures de gestion des foyers par la vaccination d'urgence et la décontamination. Un programme d'indemnisation des élevages impactés par la maladie est agréé dans le cadre du Fonds national agricole de mutualisation du risque sanitaire et environnemental (FMSE).

Bibliographie

Boucher S., Le Gall-Reculé G., Plassiart G., Sraka B., 2011. Description clinique, nécropsique et histologique de cas de Maladie Hémorragique Virale (VHD) à virus variant, survenus dans 60 élevages de lapins de chairs (*Oryctolagus cuniculus*) vaccinés ou non vaccinés en France en 2010-2011.

¹ Arrêté du 30 mai 2018 modifiant l'arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales <https://www.legifrance.gouv.fr/affichTexte.do?cidTexte=LEGITEXT000037028362&dateTexte=20180608>

² Arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales, JORF n°0187 du 13 août 2013 page 13832

14èmes Journées de la Recherche Cunicole. pp 143-146. ITAVI, Le Mans (France).

Camacho L., Caballero-Gomez J., Gomez-Guillamon F., Martinez-Padilla A., Aguro M., San Miguel E., Zorilla I., Rayas E., Talavera V., Garcia-Bocanegra I., 2019. Monitoring of the novel rabbit haemorrhagic disease virus type 2 (GI.2) epidemic in European wild rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) in southern Spain, 2013-2017. *Veterinary Microbiology*, 237: 108361.

CLIPP, 2018.

https://www.itavi.asso.fr/sites/default/files/pdf/ebook_session_lapin_2018_version_29_nov2018.pdf

Le Gall-Reculé G., Boucher S., Le Normand B., Plassiart G., Portejoie Y., Decors A., Bertagnoli S., Guerin J-L., Marchandeu S., 2011. Detection of a new variant of rabbit haemorrhagic disease virus in France. *Vet. Rec.* 168 : 137-138

Huneau-Salaün, A. Boucher, J. Fontaine, B. Le Normand, S. Lopez, T. Maurice, L. Nouvel, A. Bruchec, J. Coton, G. Martin, G. Le Gall-Reculé, S. Le Bouquin, 2020. Retrospective studies on Rabbit haemorrhagic disease outbreaks caused by RHDV GI.2 virus on farms in France from 2013 to 2018, *World Rabbit Science*, *In press*.

OIE, 2018. Maladie hémorragique du lapin. https://www.oie.int/fileadmin/Home/fr/Health_standards/tahm/3.06.02_RHD.pdf

Rossel JM., De le Fuente LF., Parra F., Dalton K.P, Ignacio Badiola Saiz G., Perez de Rosa A., Badiola Diez J., Fernandez de Luco D., Casal J., Casas J.,

Garriga R., Fernandez Magarinos X. M., 2019. Myxomatosis and rabbit hemorrhagic disease : a 30-year study of the occurrence on commercial farms in Spain. *Animals*, 9, 780.

Rouco C., Abrantes J., Serronha A., Lopes A. M., Maio E., Magalhaes MJ., Blanco E., Barcena J., Esteves PJ., Santos N., Alves PC., Monterroso P., 2017. Epidemiology of RHDV2 (*Lagovirus europaeus*/GI.2) in free-living wild European rabbits in Portugal. *Transboundary and Emerging Diseases*, 65 : e373-e383.

Encadré 2

La filière cunicole française compte environ 1200 élevages professionnels, majoritairement situés dans le Grand Ouest et qui produisent 40 millions de lapins de chair par an. La taille moyenne des élevages est de plus de 200 mères. Les ateliers sont généralement menés en bande unique ou bandes multiples, les lapines étant inséminées artificiellement tous les 42 ou 49 jours. Les lapereaux sont abattus vers 73 jours à un poids moyen de 2,5 kg. Le plan de filière 2018-2022 prévoit d'atteindre 25% de viande de lapin française issue d'élevages alternatifs à la cage standard, d'élevages Label Rouge ou d'élevages biologiques.

<https://www.lapin.fr/elevage-et-culture>

<https://www.itavi.asso.fr/filieres-lapins>

Pour citer cet article :

Huneau-Salaün A., Bailliard A., Gillet E., Nédélec Y., Le Bouquin S. 2022. « Bilan de la surveillance de la maladie virale hémorragique du lapin dans les élevages cunicoles en France depuis la création d'un réseau de surveillance en 2018 » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 95 (01) : 1-6.

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Roger Genet

Directeur associé : Bruno Ferreira

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,

Céline Richomme, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljär

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166

Évaluation du réseau d'épidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales (Résapath) par la méthode OASIS

Rodolphe Mader¹, Nathalie Jarrige², Marisa Haenni¹, Clémence Bourély², Jean-Yves Madec¹, Jean-Philippe Amat²

Auteur correspondant : jean-philippe.amat@anses.fr

¹ Université de Lyon, Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), Laboratoire de Lyon, Unité Antibiorésistance et Virulence Bactériennes, Lyon, France

² Université de Lyon, Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), Laboratoire de Lyon, Unité Épidémiologie et Appui à la Surveillance, Lyon, France

Cet article est basé sur le rapport d'évaluation du Résapath (Mader *et al.*, 2019) ainsi que la publication *OASIS evaluation of the French surveillance network for antimicrobial resistance in diseased animals (RESAPATH) : success factors underpinning a well-performing voluntary system* (Mader *et al.*, 2021)

Résumé

Une évaluation du réseau d'épidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales (Résapath) a été effectuée par la méthode OASIS. Au cours de cette évaluation, des entretiens semi-directifs ont été réalisés avec toutes les catégories d'acteurs, de collaborateurs et de bénéficiaires de la surveillance effectuée par le Résapath. D'une part, l'évaluation a permis de mettre en évidence de nombreux points forts garants d'un dispositif de surveillance performant. Les principales forces du Résapath consistent en : (i) une organisation institutionnelle centrale efficace, permettant la définition d'un champ, d'objectifs et de procédures de surveillance clairs et bien acceptés, (ii) des compétences fortes en épidémiologie et en microbiologie et (iii) une approche « gagnant-gagnant », à l'origine de la participation volontaire de 71 laboratoires de diagnostic vétérinaire et où l'organisation d'un essai inter-laboratoires d'aptitude annuel gratuit joue un rôle clé. D'autre part, l'évaluation du Résapath a permis l'identification de certaines faiblesses, notamment en matière de gestion des données, et la formulation de recommandations d'amélioration.

Mots-clés

Surveillance, Evaluation, Antibiorésistance, Antibiotique, Vétérinaire.

Abstract

Evaluation of the French surveillance network for antimicrobial resistance in bacteria from diseased animals (RESAPATH) with the OASIS method

An evaluation of the French surveillance network for antimicrobial resistance in bacteria from diseased animals (RESAPATH) was performed with the OASIS method. During this evaluation, semi-structured interviews were conducted with all categories of actors, collaborators and beneficiaries of the surveillance performed by RESAPATH. On the one hand, the evaluation made it possible to identify numerous success factors, leading to a well-performing surveillance system. The main strengths of RESAPATH consisted of (i) a strong central institutional organization defining clear and well-accepted surveillance scope, objectives and procedures, (ii) strong skills in epidemiology and microbiology and (iii) a "win-win" approach leading to the voluntary participation of 71 veterinary diagnostic laboratories and where free annual proficiency testing plays a pivotal role. On the other hand, the evaluation of RESAPATH made it possible to identify some weaknesses, namely in terms of data management, and the development of a series of recommendations for improvement.

Keywords

Surveillance, Evaluation, Assessment, Antimicrobial resistance, Antibiotic, Veterinary.

Introduction

La lutte contre l'antibiorésistance est un enjeu majeur de santé publique et une priorité des ministères en charge de la Santé et de l'Agriculture. Elle nécessite une approche *One Health*, car les bactéries résistantes ainsi que les gènes de résistance peuvent diffuser entre les trois secteurs que sont l'Homme, les animaux et l'environnement (McEwen and Collignon, 2018). En France, dans le cadre de la feuille de route interministérielle adoptée fin 2016 (Comité interministériel pour la santé, 2016), la lutte contre l'antibiorésistance est coordonnée entre les différents secteurs, et deux plans successifs ont été mis en place en santé animale spécifiquement : EcoAntibio (2012-2016) et EcoAntibio2 (2017-2021) (Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt, 2017). Ces plans soulignent l'importance de disposer de systèmes efficaces de surveillance de l'antibiorésistance et il est donc important d'évaluer régulièrement leurs performances. Le Réseau d'épidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales (Résapath) n'ayant pas été évalué depuis 2010, son comité de pilotage a validé la réalisation d'une évaluation interne-externe en juin 2018.

Cette évaluation s'inscrivait parfaitement dans le cadre de l'action conjointe EU-JAMRAI (*European Union – Joint Action on Antimicrobial Resistance and Healthcare Associated Infections*). L'un des objectifs de cette action a consisté à évaluer les systèmes de surveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales en Europe, afin d'étudier la faisabilité de leur coordination au sein d'un réseau européen appelé EARS-Vet (*European Antimicrobial Resistance Surveillance network in Veterinary medicine*) (Mader et al., 2021a).

Matériels et méthodes

Le réseau Résapath

Le Résapath a un comité de pilotage composé de représentants de laboratoires de diagnostic vétérinaire publics et privés, du ministère en charge de l'Agriculture, d'organisations professionnelles vétérinaires, ainsi que de microbiologistes et d'épidémiologistes de l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses). Il est animé par deux laboratoires de l'Anses, situés à Ploufragan (22) et à Lyon (69).

Le Résapath met en œuvre une surveillance événementielle de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales : les laboratoires adhérents transmettent volontairement à l'Anses les résultats d'antibiogrammes demandés en routine par les vétérinaires praticiens pour toutes espèces

animales. En 2017, il réunissait 71 laboratoires adhérents et collectait des données de résistance pour 56 286 isolats. De 2008 à 2017, il a connu un fort développement, avec une augmentation de 39 % du nombre de laboratoires adhérents et de 211 % du nombre de données collectées (Anses, 2018 ; Anses, 2021).

Ses objectifs de surveillance, tels que formalisés dans la charte du Résapath, sont de : (i) suivre la résistance aux antibiotiques des bactéries pathogènes animales, (ii) collecter et conserver un panel de souches pouvant être nécessaires à la conduite d'études approfondies sur les mécanismes d'antibiorésistance des bactéries, (iii) apporter un appui scientifique et technique renforcé sur la méthodologie de l'antibiogramme aux laboratoires adhérents ; favoriser une interprétation pertinente des résultats obtenus par les laboratoires, et (iv) permettre une confrontation des données d'antibiorésistance animal / homme par le biais de l'Observatoire national de l'épidémiologie de la résistance bactérienne aux antibiotiques (ONERBA) auquel le Résapath est fédéré.

La charte du Résapath définit également les rôles et devoirs de l'équipe d'animation et des laboratoires adhérents. L'ensemble des laboratoires adhérents doivent réaliser les antibiogrammes par diffusion en gélose selon la norme NF U47-107 (Association Française de Normalisation, 2012) et interpréter les résultats selon les recommandations vétérinaires du Comité de l'antibiogramme de la Société française de microbiologie (CA-SFM) (Comité de l'Antibiogramme de la Société Française de Microbiologie, 2019). Pour les bactéries et/ou les molécules absentes de ces recommandations, les laboratoires doivent se référer aux seuils critiques dédiés à la médecine humaine présentés dans les « Recommandations 2013 » du CA-SFM (Comité de l'Antibiogramme de la Société Française de Microbiologie, 2013). Toutes leurs données d'antibiogrammes (antibiotiques testés et diamètres d'inhibition) ainsi que certaines données commémoratives anonymisées (origine géographique, espèce animale, catégorie d'âge, type d'échantillon, pathologie et espèce bactérienne) doivent être adressées à l'Anses tous les trois mois en utilisant un fichier Excel® dédié. Sur demande, les laboratoires doivent aussi faire parvenir à l'Anses des souches présentant des profils de résistance particuliers (*Staphylococcus aureus* et *Staphylococcus pseudintermedius* résistants à la méticilline, Enterobacterales productrices de bêta-lactamases à spectre étendu ou résistantes à la colistine, etc.) pour la réalisation d'analyses moléculaires complémentaires (frais d'envoi pris en charge par l'Anses).

L'Anses doit organiser annuellement un essai inter-laboratoires d'aptitude (EILA) et fournir un support technique et scientifique aux laboratoires adhérents sur la méthode de l'antibiogramme et l'interprétation des résultats. L'Anses est aussi responsable de l'analyse des données de surveillance et de la mise en œuvre d'activités de communication, comme (i) la publication d'un rapport de surveillance annuel, (ii) la gestion du site internet du Résapath (<https://resapath.anses.fr/>), (iii) l'édition d'une newsletter à destination du réseau et (iv) l'organisation d'une journée annuelle du Résapath où tous les laboratoires et autres parties prenantes sont invités.

Méthode d'évaluation

L'évaluation a été conduite à l'aide de la méthode OASIS (Hendriks *et al.*, 2011), méthode de référence pour l'évaluation des dispositifs de surveillance dans le cadre de la Plateforme d'épidémiosurveillance en santé animale (Plateforme ESA). Elle est basée sur une grille d'évaluation de 78 critères notés de 0 à 3 (selon un guide de notation) et accompagnés de commentaires permettant de justifier les scores attribués et de proposer des recommandations d'amélioration. Les sorties graphiques d'une évaluation OASIS permettent de visualiser les scores obtenus selon dix sections fonctionnelles (se référant à la structure et aux activités du dispositif de surveillance), sept points critiques (où des actions peuvent être appliquées) et dix attributs de surveillance (caractéristiques qui permettent de décrire la qualité du dispositif, telles que la représentativité), calculés automatiquement à partir des notes attribuées aux 78 critères. La méthode OASIS permet ainsi de réaliser une analyse approfondie du fonctionnement et de la qualité d'un dispositif de surveillance de manière semi-quantitative : les scores attribués aux critères et les sorties graphiques sont donc à considérer de manière indicative et non comme des estimations quantitatives des compartiments évalués (Hendriks *et al.*, 2017). Dans les sorties graphiques, les scores sont indiqués sous forme d'une proportion du score maximal possible.

L'évaluation OASIS du Résapath a été réalisée par une équipe de quatre personnes de l'Anses : deux personnes externes au dispositif, garantes de l'indépendance de l'évaluation, et deux personnes internes, chargées d'apporter leur connaissance fine du fonctionnement du dispositif. L'équipe a mené des entretiens semi-directifs en mai et juin 2018 avec des directeurs et techniciens de six laboratoires d'analyses du réseau choisis pour représenter la diversité des laboratoires adhérents (publics et privés, de différentes régions, couvrant

diverses espèces animales et fournissant au réseau des volumes de données différents), des membres de la cellule d'animation du réseau (le directeur scientifique de l'axe transversal « antibiorésistance » de l'Anses, deux microbiologistes, un technicien de laboratoire, une épidémiologiste, une biostatisticienne, le gestionnaire des données et la secrétaire du réseau), l'animateur du Conseil scientifique de l'ONERBA, une représentante de la Direction générale de l'alimentation (DGAL), le délégué ministériel à l'antibiorésistance, trois vétérinaires référents en antibiothérapie dans le cadre d'un projet pilote du plan EcoAntibio2 et un vétérinaire de la Société nationale des groupements techniques vétérinaires (SNGTV). Chaque entretien a duré entre une heure et une heure trente.

Une fois les entretiens réalisés, l'équipe a renseigné le questionnaire d'évaluation et effectué une première notation de la grille d'évaluation. Cette grille a ensuite été révisée et finalisée au cours d'une journée de notation réunissant les quatre membres de l'équipe d'évaluation ainsi que trois personnes de la cellule d'animation (le directeur scientifique de l'axe transversal « antibiorésistance » de l'Anses, un microbiologiste et une épidémiologiste), une autre microbiologiste de l'Anses, une représentante de la DGAL, un directeur de laboratoire adhérent et une inspectrice de santé publique vétérinaire en cours de thèse universitaire à l'Anses dont les travaux portaient sur la surveillance de l'antibiorésistance en France. Le rapport final a été rédigé par l'équipe d'évaluation et validé par les autres participants de la journée de notation.

Résultats

Analyse par section fonctionnelle du Résapath

La représentation par graphiques en secteurs (**Figure 1**) permet une visualisation synthétique des dix sections du dispositif et met en évidence les principaux points forts et points à améliorer de la surveillance. Sept sections sur dix ont obtenu un score supérieur à 75 % et aucune section n'a obtenu de score inférieur à 50 %. Ces bons résultats témoignent de l'existence de nombreux atouts à tous les échelons de fonctionnement du dispositif. Les scores obtenus les plus faibles concernent l'organisation institutionnelle de terrain, les modalités de surveillance et la communication.

Section fonctionnelle	Sortie graphique	Score
1. Objectifs et champ de la surveillance		83%
2. Organisation institutionnelle centrale		93%
3. Organisation institutionnelle de terrain		67%
4. Laboratoire		78%
5. Outils de surveillance		67%
6. Modalités de surveillance		89%
7. Gestion des données		81%
8. Formation		89%
9. Communication		67%
10. Evaluation		92%

Figure 1. Résultats de l'évaluation OASIS du Résapath en 2018 par section fonctionnelle (le niveau de satisfaction de chaque section est représenté par la partie sombre des diagrammes en secteur et exprimé en pourcentage)

Analyse par point critique du Résapath

L'analyse par points critiques (Figure 2) apporte un éclairage complémentaire et met en évidence les principaux axes d'amélioration possibles. Si les scores obtenus sont globalement satisfaisants, quelques points faibles sont identifiés au niveau de l'échantillonnage et de la diffusion de l'information.

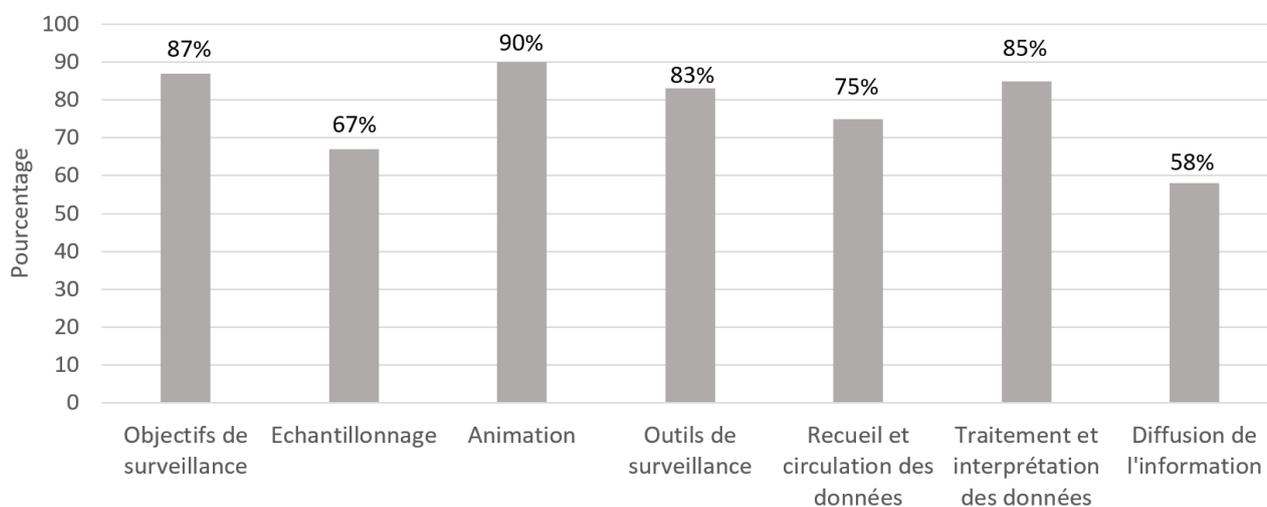


Figure 2. Résultats de l'évaluation OASIS du Résapath en 2018 par point critique (le niveau de satisfaction de chaque point critique est représenté par la hauteur des barres et exprimé en pourcentage)

Analyse par attribut du Résapath

L'analyse selon les attributs (Figure 3) montre que le Résapath est performant, et ce de manière plutôt homogène entre les différents attributs évalués. Les scores les plus faibles concernent la représentativité et la rapidité.

Discussion

Les sorties graphiques de l'évaluation OASIS du Résapath, ainsi que les nombreux commentaires collectés au cours des entretiens et de la journée de notation, ont permis de mettre en évidence de nombreux points forts. Les principaux sont les suivants :

- Les objectifs de surveillance sont pertinents et de nombreuses espèces animales sont surveillées (animaux de production et de compagnie).
- Le réseau dispose de compétences fortes en bactériologie et en épidémiologie au sein de l'équipe d'animation de l'Anses et des laboratoires adhérents.
- L'organisation institutionnelle est stable et fonctionnelle avec des laboratoires membres depuis plus de 30 ans pour les plus anciens.
- Il existe un fort esprit de collaboration entre les laboratoires adhérents et la cellule d'animation, qui repose sur un système « gagnant-gagnant » : les laboratoires fournissent des données à l'Anses, qui organise en échange un EILA et assure un support technique tout au long de l'année. Ce fonctionnement instaure une dynamique très positive qui permet au réseau de s'améliorer, de s'adapter, de développer un sentiment d'appartenance et de répondre à ses objectifs en couvrant une problématique complexe de manière efficace, et ce malgré des ressources limitées.

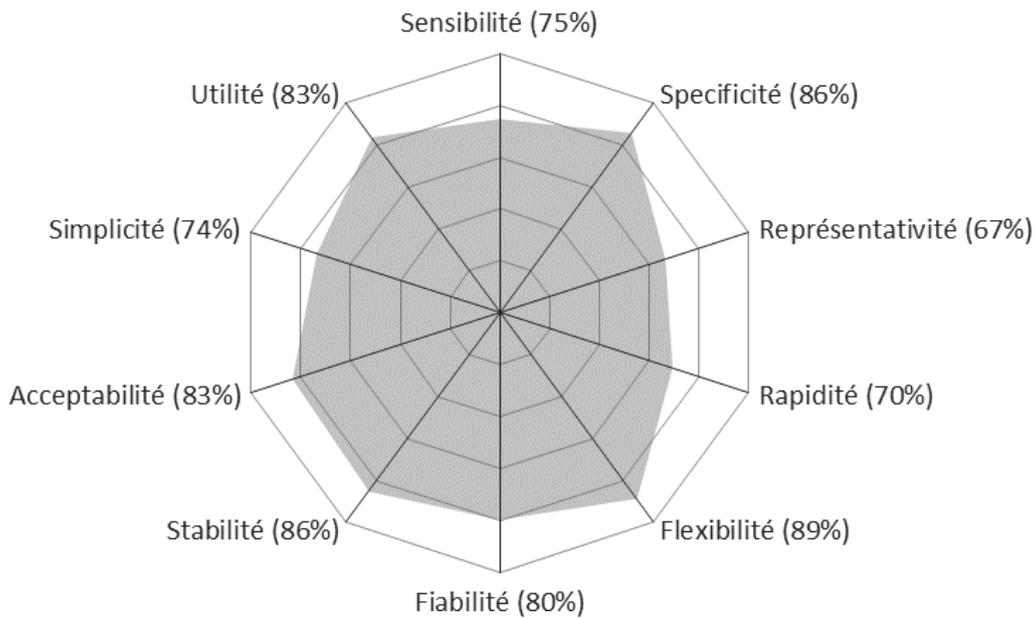


Figure 3. Résultats de l'évaluation OASIS du Résapath en 2018 par attribut (le niveau de satisfaction des attributs est représenté par la partie grisée et exprimé en pourcentage)

- La qualité des analyses est vérifiée par l'organisation de l'EILA annuel auquel tous les laboratoires adhérents participent et qui permet d'apprécier leur capacité à détecter correctement les phénotypes de résistance (96-99 % de taux de réussite de 2017 à 2020). Cette qualité d'analyse est également renforcée par les formations personnalisées que tout laboratoire peut demander et recevoir gratuitement de l'Anses sur la technique de l'antibiogramme et son interprétation. L'équipe d'animation répond également à toute question des laboratoires en cours d'année via une boîte mail dédiée et des échanges téléphoniques.
- La couverture géographique des laboratoires adhérents au réseau de surveillance est jugée satisfaisante. Ils sont présents dans toutes les régions administratives de France continentale et dans la majorité des départements (Boireau et al., 2018).
- Le réseau a la capacité de compléter certaines données de surveillance phénotypique par des analyses moléculaires. Ce niveau de caractérisation moléculaire est une forte valeur ajoutée pour améliorer l'interprétation des données phénotypiques collectées par les laboratoires adhérents et comparer les clones bactériens et mécanismes génétiques circulant chez les animaux à ceux identifiés chez l'Homme, notamment par les Centres Nationaux de Référence.
- Les activités de communication du Résapath sont développées, en interne (entre Anses et laboratoires) comme en externe. Le Résapath publie un rapport annuel en français et en anglais et organise une journée du Résapath une fois par an pour échanger sur les résultats de surveillance, la vie du réseau et les avancées scientifiques. La présence du Résapath au sein de l'ONERBA a permis de développer depuis de nombreuses années la communication entre les acteurs de la surveillance de l'antibiorésistance chez l'Homme et chez les animaux, ce qui est fondamental dans l'approche One Health.
- Le Résapath est dans une démarche d'amélioration continue. Des indicateurs de performance sont calculés et analysés chaque année par les animateurs du réseau, comme la proportion de laboratoires ayant obtenu une note supérieure ou égale à 31/36 à l'EILA (qui doit être supérieure à 95 %) ou la proportion de souches demandées par l'Anses qui sont effectivement reçues (qui doit être supérieure à 50 %) (Anses, 2018). De plus, le dispositif a déjà été évalué par la méthode OASIS en 2010. Plusieurs recommandations émises lors de cette précédente évaluation ont été appliquées, comme l'intégration de nouveaux laboratoires pour améliorer la représentativité géographique et par filière, ainsi que l'amélioration de la standardisation des données (semi-automatisation au niveau de l'Anses). D'autres recommandations de 2010 n'avaient toutefois pas encore été mises en œuvre au moment de cette seconde évaluation, comme la fusion des deux bases de données du Résapath.
- L'utilité et la fiabilité du réseau lui ont permis d'acquérir une forte crédibilité auprès des acteurs

de la lutte contre l'antibiorésistance en France, et notamment des ministères en charge de l'Agriculture et de la Santé. Son positionnement au cœur du plan EcoAntibio2 en est la démonstration.

Cette évaluation a aussi permis de mettre en évidence des points faibles, dont les principaux sont les suivants :

- Les objectifs, bien que pertinents, gagneraient à être précisés et reformulés en mettant en exergue l'objectif principal de suivi de la résistance.
- Le comité de pilotage n'inclut pas de vétérinaires praticiens représentant les filières équine et animaux de compagnie, ni de vétérinaires référents en antibiothérapie, ni d'expert de la surveillance de l'antibiorésistance chez l'Homme, ce qui serait souhaitable dans le cadre de l'approche One Health.
- L'échantillonnage actuel présente un risque de biais dans l'estimation des proportions de résistance dans certaines filières animales. Caractériser ce potentiel biais pourrait permettre d'améliorer l'interprétation des données.
- La complétude des données commémoratives est améliorable et non évaluée par un indicateur de performance.
- Le traitement des données transmises par les laboratoires adhérents vers la cellule d'animation reste chronophage malgré d'importants efforts d'automatisation réalisés par l'Anses. Certains laboratoires n'utilisent pas le format de fichier demandé, changent de format au cours du temps ou ne respectent pas les délais de transmission attendus. Il n'y a pas de contrôle sur un éventuel nettoyage des fichiers réalisé par les laboratoires avant transmission à l'Anses.
- La base de données du Résapath est scindée en deux bases distinctes selon les espèces animales, l'une gérée sur le site de Lyon et l'autre sur le site de Ploufragan de l'Anses. Ces deux bases utilisent la même codification des données, mais les modalités pratiques d'intégration des données diffèrent, avec une automatisation plus développée et un niveau de sécurisation plus fort à Lyon.
- La relation de partenariat entre le Résapath et les vétérinaires praticiens pourrait être améliorée. Les vétérinaires sont notamment en attente d'informations que l'Anses n'est pas toujours en capacité de fournir (niveaux d'antibiorésistance à une échelle locale, transcription du suivi de la résistance en recommandations de traitement, etc.).
- La diffusion d'une newsletter n'est pas réalisée, bien que prévue dans la charte du Résapath. C'est

son absence qui a conduit aux faibles scores obtenus pour la section fonctionnelle de communication et le point critique de diffusion de l'information.

- Les ressources humaines et financières limitées de la cellule d'animation lui permettent d'assurer ses missions essentielles mais l'empêchent de développer certaines activités attendues par les laboratoires (par exemple, la mise en ligne d'un tutoriel sur la technique de l'antibiogramme) ou par les partenaires en santé humaine et au ministère en charge de l'Agriculture (analyses conjointes des données d'antibiorésistance et d'utilisation des antibiotiques chez l'Homme et les animaux, intégration de laboratoires supplémentaires (action 14 du plan EcoAntibio2), etc.).

A la suite de cette analyse, une série de recommandations classées par section fonctionnelle ont été émises (**Tableau 1**). Au moment de la parution du présent article en 2022, certaines ont déjà été prises en compte : (i) l'inclusion de vétérinaires praticiens (représentant les filières équine et animaux de compagnie, ainsi qu'un référent en antibiothérapie vétérinaire) dans le comité de pilotage a été actée début 2021, (ii) la fusion des deux bases de données a été effectuée, (iii) la nouvelle base de données inclut désormais les éléments nécessaires au calcul de l'indicateur de performance sur la transmission trimestrielle des données des laboratoires à l'Anses, (iv) le développement d'un système d'échanges de données informatisées (incluant des contrôles renforcés et automatisés de la qualité des données) est en cours, et (v) des sessions de formation à dates fixes ont été mises en place.

Conclusion

Le Résapath a obtenu des scores élevés lors de son évaluation par la méthode OASIS, démontrant qu'il est possible de mettre en œuvre une surveillance participative efficace de l'antibiorésistance chez les animaux malades. Les principales forces du Résapath sont (i) une organisation institutionnelle centrale efficace permettant la définition d'un champ, d'objectifs et de procédures de surveillance clairs et bien acceptés, (ii) des compétences fortes en épidémiologie et en microbiologie et (iii) une approche « gagnant-gagnant » à l'origine de la participation volontaire de 71 laboratoires de diagnostic vétérinaire et où l'organisation par l'Anses d'un EILA annuel joue un rôle clé. L'évaluation a aussi permis l'identification de certaines faiblesses, notamment en matière de gestion des données, et l'élaboration d'un ensemble de recommandations d'amélioration.

Plusieurs ont déjà été prises en compte, illustrant l'utilité d'évaluer les systèmes de surveillance.

Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier Pascal Hendriks pour ses conseils sur l'utilisation de la méthode OASIS, ainsi que l'ensemble des acteurs ayant contribué à cette évaluation, en particulier les personnes ayant accepté de participer aux entretiens et à la journée de notation.

Le projet EU-JAMRAI a reçu un financement du Programme de Santé de l'Union Européenne (2014-2020) sous l'accord de subvention n° 761296.

Références bibliographiques

- Anses (2018). Résapath - Réseau d'épidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales, bilan 2017. Lyon et Ploufragan-Plouzané, France.
- Anses (2021). Résapath - Réseau d'épidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales, bilan 2020. Lyon et Ploufragan-Plouzané, France.
- Association Française de Normalisation (2012). Méthodes d'analyse en santé animale: Guide de réalisation des antibiogrammes par la méthode de diffusion en milieu gélosé. NF U 47-107.
- Boireau, C., Jarrige, N., Cazeau, G., Jouy, E., Haenni, M., Christelle, P., et al. (2018). Représentativité et couverture du Résapath, le réseau d'épidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales. *Bulletin épidémiologique santé animale et alimentation* 80, 10–14.
- Comité de l'Antibiogramme de la Société Française de Microbiologie (2019). Recommandations vétérinaires 2019. https://www.sfm-microbiologie.org/wp-content/uploads/2019/07/CASFM_VET2019.pdf.
- Comité de l'Antibiogramme de la Société Française de Microbiologie (2013). Recommandations 2013. https://resapath.anses.fr/resapath_uploadfiles/files/Documents/2013_CASFM.pdf.
- Comité Interministériel pour la santé (2016). Feuille de route interministérielle de maîtrise de l'antibiorésistance. https://solidarites-sante.gouv.fr/IMG/pdf/feuille_de_route_antibioresistance_nov_2016.pdf.
- Hendriks, P., Chauzat, M.-P., Sourdeau, C., and Bronner, A. (2017). Évaluation du dispositif de surveillance des mortalités massives aiguës des abeilles en France métropolitaine par la méthode Oasis. *Bulletin épidémiologique santé animale et alimentation*. https://www.platforme-es.fr/sites/default/files/Rapport%20Oasis%20MMA_A_vf.pdf.
- Hendriks, P., Gay, E., Chazel, M., Moutou, F., Danan, C., Richomme, C., et al. (2011). OASIS: an assessment tool of epidemiological surveillance systems in animal health and food safety. *Epidemiology and Infection* 139, 1486–1496. doi:10.1017/S0950268811000161.
- Mader, R., Amat, J.-P., Haenni, M., and Jarrige, N. (2019). Evaluation du réseau d'épidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales en France (Résapath). https://www.platforme-es.fr/sites/default/files/Rapport%20Oasis%20R%203%A9sapath_Avril%202019.pdf
- Mader, R., Damborg, P., Amat, J.-P., Bengtsson, B., Bourély, C., Broens, E. M., et al. (2021a). Building the European Antimicrobial Resistance Surveillance network in veterinary medicine (EARS-Vet). *Eurosurveillance* 26, 2001359. doi:10.2807/1560-7917.ES.2021.26.4.2001359.
- Mader, R., Jarrige, N., Haenni, M., Bourély, C., Madec, J.-Y., and Amat, J.-P. (2021b). OASIS evaluation of the French surveillance network for antimicrobial resistance in diseased animals (RESAPATH): success factors underpinning a well-performing voluntary system. *Epidemiology & Infection* 149. doi:10.1017/S0950268821000856.
- McEwen, S. A., and Collignon, P. J. (2018). Antimicrobial Resistance: a One Health Perspective. *Microbiology Spectrum* 6. doi:10.1128/microbiolspec.ARBA-0009-2017.
- Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt (2017). ECOANTIBIO² - Plan National de Réduction des Risques d'Antibiorésistance en Médecine Vétérinaire 2017-2021. <https://agriculture.gouv.fr/le-plan-ecoantibio-2-2017-2021>
- Plateforme ESA L'outil d'évaluation OASIS. <https://www.platforme-es.fr/article/l-outil-d-evaluation-oasis>.

Tableau 1. Principales recommandations d'amélioration du Résapath par section fonctionnelle

Sections fonctionnelles	Recommandations
Objectifs et champ de la surveillance	Donner plus de détails dans la formulation des objectifs de surveillance et mettre en exergue l'objectif principal de suivre la résistance (description de la situation actuelle et suivi des tendances).
Organisation institutionnelle centrale	<p>Intégrer dans le comité de pilotage des vétérinaires praticiens représentant les filières équine et animaux de compagnie, un médecin expert sur l'antibiorésistance (par exemple un responsable de réseau de surveillance) et un référent en antibiothérapie vétérinaire.</p> <p>Engager une réflexion au sujet d'une meilleure intégration des vétérinaires et d'une plus grande prise en compte de leurs attentes.</p> <p>Envisager un renforcement des ressources humaines dans l'équipe d'animation pour développer les activités de communication, de formation et d'analyse des données.</p>
Organisation institutionnelle de terrain	Suivre de près les problématiques liées aux acteurs de terrain pouvant conduire à une diminution sensible du nombre d'antibiogrammes réalisés et communiqués au réseau (utilisation de kits rapides à la place d'analyses en laboratoire, collecte des prélèvements moins fréquente par les laboratoires, etc.).
Laboratoires	<p>Encourager les laboratoires adhérents à transmettre leurs données à la cellule d'animation de manière trimestrielle, comme le prévoit la charte.</p> <p>Rappeler aux laboratoires d'analyses les règles de nettoyage des données pour qu'ils n'excluent pas, dans les fichiers qu'ils transmettent, des données légèrement incomplètes mais pouvant tout de même être analysées et valorisées.</p>
Outils de surveillance	<p>Améliorer la standardisation des fiches de commémoratifs et encourager les laboratoires à diffuser ces documents et à sensibiliser les vétérinaires sur l'intérêt de la transmission de ces données pour une meilleure compréhension et valorisation des résultats.</p> <p>Enclencher une réflexion sur la diffusion de procédures de prélèvements aux vétérinaires via les laboratoires.</p>
Modalités de surveillance	<p>Quantifier le biais d'échantillonnage lié au fait que les vétérinaires soient susceptibles de prélever des animaux dans des contextes particuliers (par exemple après un échec thérapeutique).</p> <p>Identifier et tester des solutions qui pourraient permettre de limiter le biais d'échantillonnage (s'il existe), par exemple en demandant aux vétérinaires de renseigner dans la feuille de commémoratifs si l'antibiogramme est demandé suite à un échec de thérapie antimicrobienne, et ensuite en analysant uniquement les données provenant d'animaux pour lesquels la réponse est « Non ».</p>

Sections fonctionnelles	Recommandations
Gestion des données	<p>Mettre en place un système d'échanges de données informatisées entre les laboratoires d'analyses et l'Anses pour réduire le temps de traitement des données, renforcer les contrôles automatisés de qualité des données et réagir rapidement en cas de problème sur la collecte des données. Cette mise en place devra toutefois se faire en veillant à ce que cela n'empêche pas certains laboratoires de soumettre leurs données et donc de continuer à participer au réseau.</p> <p>Fusionner les deux bases de données pour (i) améliorer la sécurité des données, (ii) simplifier les requêtes et les analyses et (iii) améliorer les possibilités d'évolution du système.</p>
Formation	<p>Proposer aux laboratoires adhérents une ou deux sessions de formation annuelles fixes (en complément des formations uniquement « à la demande »).</p> <p>Mettre en ligne sur le site internet du Résapath quelques tutoriels sur la technique de l'antibiogramme et des informations sur l'antibiorésistance d'un point de vue bactériologique.</p>
Communication	<p>Mettre en place une newsletter trimestrielle avec comme contenu : des résumés d'articles publiés par l'Anses sur les données du Résapath, des résumés de l'actualité scientifique sur l'antibiorésistance, voire des informations d'ordre réglementaire sur l'antibiorésistance.</p>
Evaluation	<p>Définir et suivre un indicateur de performance sur la transmission trimestrielle des données des laboratoires à l'Anses.</p> <p>Définir et suivre un indicateur de performance sur la proportion de souches pour lesquelles certaines données (jugées prioritaires pour l'interprétation) parmi l'ensemble des commémoratifs attendus sont effectivement collectées et transmises à la cellule d'animation. Cet indicateur permettrait d'évaluer la complétude des données collectées par les vétérinaires et transmises par les laboratoires.</p>

Pour citer cet article :

Mader R., Jarrige N., Haenni M., Bourély C., Madec J-Y., Amat J-P. 2022 « Évaluation du réseau d'épidémiologie de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales (Résapath) par la méthode OASIS » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 95 (2) : 1-9

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Roger Genet
Directeur associé : Bruno Ferreira
Directrice de rédaction : Emilie Gay
Rédacteur en chef : Julien Cauchard
Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard
Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljar

Responsable d'édition : Fabrice Coutureau Vicaire
Anses - www.anses.fr
 14 rue Pierre et Marie Curie
 94701 Maisons-Alfort Cedex
Courriel : bulletin.epidemi@anses.fr
Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166

Une approche mutualisée des outils de la surveillance des salmonelles à l'abattoir

Hélène Amar¹, Clémence Bièche-Terrier², Julie Bret-Mayot³, Gilles Nassy⁴

Auteur correspondant : helene.amar@agriculture.gouv.fr

¹ Direction générale de l'Alimentation, Bureau de la gestion intégrée du risque, Paris, France

² Institut de l'Élevage, Service Qualité des Carcasses et des Viandes, Villers-Bocage, France

³ DONAVOL, Paris, France

⁴ IFIP, Institut du Porc, Le Rheu, France

Résumé

La mutualisation et la valorisation des résultats d'autocontrôles des contaminations par *Salmonella* à l'abattoir en filières de production d'animaux de boucherie et de volailles font l'objet d'un groupe de travail multi-partenarial de la Plateforme de surveillance de la chaîne alimentaire (<https://www.plateforme-sca.fr>).

Mots-clés

Salmonella, abattoir, Plateforme SCA

Abstract

Mutualized approach of tools for surveillance of *Salmonella* at the slaughterhouse

A multi-partner working group of the National Platform of surveillance of the food chain (<https://www.plateforme-sca.fr>) focuses on mutualisation and valorisation of own check results of contaminations by *Salmonella* at the slaughterhouse.

Keywords

Salmonella, slaughterhouse, food chain surveillance Platform

Un contexte réglementaire

L'objectif général de ce groupe de travail de la Plateforme SCA (Amar, 2019) co-piloté par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) et l'Institut du Porc (IFIP) est la mutualisation des résultats d'autocontrôles à l'abattoir concernant la recherche de *Salmonella* sur les carcasses d'animaux de boucherie (porcs, ruminants et équidés), de poulets de chair et de dindes. Le règlement (UE) n°2017/625¹ abrogeant et remplaçant le règlement (CE) n°854/2004, précise les modalités de contrôle, par les services officiels, de l'application des critères d'hygiène des procédés concernant respectivement *Salmonella* sur les carcasses d'ovins, caprins, équins, bovins, porcins, dindes et poulets de chair, et *Campylobacter* pour les poulets de chair (critères 2.1.3, 2.1.4, 2.1.5 et 2.1.9 du chapitre 2 de l'annexe I du règlement (CE) n°2073/2005).

Ces résultats sont transmis annuellement par chaque état membre à l'Autorité européenne de sécurité des aliments (Efsa), en application de la directive 2003/99/CE sur la surveillance des zoonoses et des agents zoonotiques², selon un format standardisé (nombre total d'échantillons, nombre de prélèvements positifs pour *Salmonella* ou présentant des contaminations supérieures au seuil de 1 000 ufc/g pour *Campylobacter*). Différentes modalités de contrôle sont permises par le règlement (UE) n°2017/625 : prélèvements officiels dans chaque abattoir ou remontée des autocontrôles des professionnels. Les autorités françaises ont choisi de vérifier l'application de ces critères microbiologiques réglementaires, par la collecte, pour tous les abattoirs et établissements d'abattage, des informations portant sur le nombre total d'échantillons testés chaque année dans le cadre des autocontrôles, et le nombre d'échantillons positifs pour *Salmonella* ou présentant des contaminations supérieures au seuil de 1 000 ufc/g pour *Campylobacter*. Elles ont également choisi de confier aux instituts techniques de chaque filière et aux fédérations professionnelles la remontée des résultats de ces auto-contrôles réglementés vers l'autorité compétente. Un conventionnement annuel est en place entre la DGAL et respectivement l'IFIP (Institut du porc) pour le porc depuis 2015, la FIA (Fédération des Industries avicoles) pour la filière

volailles et Idele (Institut de l'élevage) pour les herbivores depuis 2020.

La remontée des résultats via les différentes bases de données décrites ci-après ne dispense pas les abatteurs de leur obligation d'informer le service vétérinaire d'inspection et/ou la DDecPP lorsque des résultats défavorables d'autocontrôles sont observés dans leurs abattoirs³.

Des outils adaptés aux besoins des acteurs professionnels et institutionnels

L'existence d'une réglementation constitue un levier pour organiser la remontée des autocontrôles à l'autorité compétente ; cela n'a cependant pas été le seul levier pour la mise en place d'outils adaptés ; ce sont aussi pour les abatteurs des opportunités de développement de nouveaux outils de pilotage de la qualité sanitaire des viandes produites.

Un premier développement de PDC (Plan de contrôle) en filière porc dès 2014

A partir de janvier 2015, les abatteurs ont renseigné leurs données d'autocontrôles réglementés de *Salmonella* dans une base de données gérée par la DGAL (Itié-Hafez, 2019). Une base de données nommée Plan de Contrôle (PDC), financée par Inaporc et développée par l'IFIP a été progressivement utilisée par un certain nombre d'abatteurs de porcs pour renseigner leurs résultats d'autocontrôles, réglementés ou non.

La base PDC de l'IFIP est venue progressivement se substituer à la base de données DGAL en apportant des fonctionnalités élargies : après avoir signé une convention avec INAPORC et l'IFIP, le professionnel reçoit un code d'accès sécurisé à PDC. Une fois connecté, il renseigne ses résultats d'autocontrôles *Salmonella* sur carcasses mais il peut également renseigner ses autocontrôles volontaires sur ses pièces de découpe, et/ou renseigner d'autres contaminations microbiologiques (coliformes totaux par exemple) et/ou chimiques (dioxines, métaux lourds, pesticides) et/ou physiques (Corps étrangers). L'abatteur n'a accès qu'à ses propres données et à la moyenne nationale pour chaque critère. Il peut donc à la fois suivre l'évolution de ses critères microbiologiques et/ou chimiques sur

¹ Règlement (UE) 2017/625 du parlement européen et du conseil du 15 mars 2017 concernant les contrôles officiels

² <https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/6406>

³ Instruction DGAL/SDSSA/2020-60

l'année, et aussi comparer ses résultats à une moyenne nationale.

De son côté l'autorité compétente reçoit une extraction des résultats d'auto-contrôles réglementés comportant le numéro d'agrément de l'abattoir, le nombre de prélèvements effectués sur l'année et le nombre d'échantillons positifs pour *Salmonella*.

Puis son élargissement à la filière ruminants et équidés ; PDC Animaux de Boucherie

Le périmètre s'est élargi aux autres filières d'animaux de boucherie (ruminants et équidés) avec la modification du règlement (UE) n°2017/625. Avec un financement d'Interbev, Idele a développé avec l'appui de l'IFIP une base de données spécifique aux ruminants et équidés, nommée PDC Herbivores. Les deux bases PDC pour les porcs et les herbivores, hébergées ensemble à l'adresse <https://pdc.ifip.asso.fr>, forment donc le PDC Animaux de Boucherie (Figure 1).

L'expérience acquise en filière porc sur l'outil et la collaboration entre Idele et l'IFIP ont permis un déploiement plus rapide de la base de données PDC Animaux de Boucherie pour les espèces herbivores. Son appropriation par les professionnels a été obtenue grâce à un accompagnement technique des utilisateurs par l'IFIP pour le porc. Pour les ruminants l'appropriation a été facilitée pour certains abattoirs multi-espèces qui avaient déjà une expérience de la base PDC Porcs. Des formations *via* webinaires ont été mises en place pour former les abatteurs à l'utilisation de l'outil et l'Institut de l'élevage consacre plusieurs jours par an à l'accompagnement des professionnels. Les abattoirs multi-espèces sollicitent notamment l'Institut technique sur les espèces dites minoritaires par rapport à leur volume d'abattage ; cas des abattoirs de gros bovins qui abattent occasionnellement des chevaux ou cas des abattoirs ovins qui gèrent ponctuellement des caprins ; pour ces cas de figure, les abattoirs multi-filières ne transmettent des résultats en petits ruminants et/ou chevaux que s'ils en abattent un nombre suffisant pour faire des prélèvements. Ils ont aussi la possibilité de renseigner des autocontrôles sur des séries d'échantillons composés de plusieurs espèces, mais en indiquant l'espèce majoritaire.



Figure 1. La base PDC animaux de boucherie

Et DONAVOL en filière poulets de chair et dindes

La Fédération des Industries Avicoles (FIA) et le CNADEV (Comité National des Abattoirs et Ateliers de Découpe de Volailles, Lapins, Chevreux) ont initié en 2019 le développement d'une base de données nommée DONAVOL permettant également la remontée des données des autocontrôles réglementaires des abattoirs vers l'autorité compétente. A compter du 1^{er} janvier 2020, et également après avoir signé une convention avec la FIA (<https://www.fia.fr/donavol/>) et le CNADEV (<http://www.cnadev.com/fr/donavol>), les abatteurs agréés de poulets de chair et/ou dindes ont été invités à transmettre leurs résultats d'autocontrôles selon un format standardisé. Contrairement à PDC, les abatteurs ne renseignent pas directement la base de données mais transmettent leurs résultats *via* un questionnaire en ligne établi par la FIA, ou *via* un fichier de données. Les autocontrôles réglementés sur carcasses de poulets de chair (peau de cou) concernent *Salmonella* et *Campylobacter*. Les dindes ne sont concernées que par *Salmonella*. Certains abattoirs de volailles abattent des chevreux ; dans ce cas, les données de contaminations des carcasses par *Salmonella* sont également remontées *via* DONAVOL mais sont agrégées avec les données « caprin » collectées par PDC herbivores.

Les abatteurs bénéficient également de cartes de contrôle sur leurs propres résultats, et d'une comparaison de leurs résultats d'autocontrôles réglementaires ou non, avec les moyennes nationales.

Pour les établissements d'abattage de volailles non agréés (EANA), les résultats d'autocontrôles sont transmis chaque année par l'exploitant *via* un formulaire établi par la DGAL.

Encadré 1. La sécurisation et la protection des données de surveillance

Les données individuelles brutes ou traitées sont la propriété exclusive de l'établissement qui les a fournies.

Les données collectives présentées dans la synthèse annuelle sont la propriété des fédérations professionnelles. Les instituts techniques bénéficient d'un droit d'usage de ces données collectives pour des finalités de recherche et de développement.

Les gestionnaires des bases de données (fédérations et/ou instituts techniques) sont garants de la confidentialité des données et prennent toutes les mesures nécessaires pour préserver le caractère confidentiel des informations. Un accord de confidentialité est signé avec chaque établissement d'abattage.

Les établissements n'ont accès qu'à leurs propres données ainsi qu'aux moyennes nationales. Ils donnent leur consentement pour l'envoi respectivement par l'IFIP, Idele et la FIA à la DGAL d'un tableau de synthèse annuel reprenant les résultats individuels par abattoir de porcs, de ruminants et équidés, de poulets de chair et de dindes.

Seules les données règlementaires sont identifiées par le numéro d'agrément des établissements et sont transmises à la DGAL, tous les autres enregistrements sont anonymisés.

Une progression en format plateforme

Ces travaux auraient pu être conduits indépendamment les uns des autres, et le contexte réglementaire imposait à l'abatteur de transmettre ses résultats d'autocontrôles à l'autorité compétente ; le choix collectif a été de mener ces travaux au travers d'un groupe de suivi de la Plateforme SCA dans un format collaboratif permettant les échanges entre toutes les parties prenantes, la mutualisation des savoir-faire et le partage d'expérience.

En filière porcs, le travail mené depuis 2015 permet d'atteindre aujourd'hui une couverture supérieure à 98 % du tonnage produit (**Tableau 1**). Ce dispositif de surveillance de *Salmonella* à l'abattoir de porcs a été évalué à l'aide de la méthode Oasis⁴ des plateformes SCA et ESA. Au-delà de l'identification des points forts (objectifs, représentativité, application informatique dédiée) et des principaux axes d'amélioration (accès partagé aux indicateurs, identification et rôle des laboratoires impliqués) du dispositif, cette initiative fut l'occasion de rappeler la diversité des composantes à prendre en compte pour évaluer le fonctionnement d'un dispositif de surveillance.

L'année 2020 est la première année de mise en place en filière ruminants et volailles ; malgré une couverture déjà importante en termes de tonnages abattus (**Tableau 1**), l'exhaustivité n'est pas atteinte en termes de nombre d'établissements d'abattage ; ce sont essentiellement de petits établissements abattant de faibles volumes qui font l'objet de relances par l'autorité compétente. Les points réguliers entre les différents acteurs institutionnels et professionnels permettent de faire progresser le nombre d'établissements inscrits d'une part, et la saisie des résultats d'autre part. L'évolution des bases de données, au départ pour les autocontrôles réglementés puis progressivement développées pour les autres autocontrôles non réglementés (microbiologiques et chimiques) pour les carcasses et pour les pièces de découpe (PDC animaux de boucherie) laisse entrevoir le potentiel en termes de mutualisation de données et d'outils de pilotage pour l'établissement d'abattage. Aujourd'hui construit sur la base d'une exigence réglementaire, ce travail en format Plateforme a permis un partage d'expérience entre filières et le développement d'outils mutualisés pour la surveillance de *Salmonella* au maillon abattoir. La surveillance de *Salmonella* bénéficie de ces outils dans le cadre d'un groupe de travail de la Plateforme SCA aujourd'hui élargi à l'ensemble de la chaîne alimentaire (Salmo'surv, lancement en Octobre 2021) et qui ambitionne la mise au point d'indicateurs sanitaires et de fonctionnement par maillon et par filière pour une surveillance plus intégrée de ce danger biologique majeur.

⁴ https://www.plateforme-sca.fr/sites/default/files/2021-01/GTOndes_Rapport_vf18dec2020_LGT.pdf

Tableau 1. Résultats agrégés des autocontrôles réglementaires *Salmonella* sur carcasses en 2020

	Nombre d'établissements inscrits dans PDC et/ou Donavol en 2020	En % du volume total abattu en France ⁵	Total analyses	Nombre d'échantillons positifs <i>Salmonella</i>	% d'échantillons positifs <i>Salmonella</i>
BOVINS	127	88	17 913	46	0,26
OVINS	84	77	6 392	65	1,02
PORCS	116	98	14 347	687	4,80
POULETS DE CHAIR	134	96	12 520	422	3,37
DINDES	19	99	2 352	111	4,71
CAPRINS*	7	69	315	25	7,90
EQUIDES*	4	43	75	0	0

*données peu représentatives pour les espèces caprines et équinées du fait du faible nombre d'autocontrôles réglementaires réalisés sur ces espèces et de l'absence d'abattoirs spécialisés (beaucoup d'abattoirs multi-espèces herbivores abattent ponctuellement des équidés ou des caprins, mais en nombre trop faible pour les inclure dans les contrôles réglementaires)

Remerciements

Les auteurs remercient l'ensemble des acteurs professionnels et institutionnels qui contribuent à ce travail.

Références bibliographiques

Amar H., De Couesbouc S., Dervilly G., Lailler R., La plateforme SCA : un outil au service de la surveillance de la chaîne alimentaire. Bull.Epid., n°88, Novembre 2019

Itié-Hafez, S., Le Roux, A., Fort, D., Danan, C. Surveillance de la contamination des carcasses de porcs par *Salmonella* via la collecte des résultats des autocontrôles réglementaires réalisés par les opérateurs à l'abattoir en 2016. Bull. Epid. Santé Anim. Alim., n°89, décembre 2019

Pour citer cet article :

Amar A., Bièche-Terrier C., Bret-Mayot J., Nassy G. 2021. « Une approche mutualisée des outils de la surveillance des salmonelles à l'abattoir » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 95 (3) : 1-5

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Roger Genet

Directeur associé : Bruno Ferreira

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,

Céline Richomme, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljär

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166

⁵ Sources pour le calcul : données Diffaga (animaux de boucherie) ou Diffabatvol (volailles)

Évaluation des risques chimiques liés à l'alimentation tout au long de la vie

Manon Pruvost-Couvreur^{1,2}, Bruno Le Bizec¹, Gilles Rivière²

Auteur correspondant : gilles.riviere@anses.fr

¹ Laboratoire d'Etude des Résidus et Contaminants dans les Aliments (Liberca), INRAE, Oniris, Nantes, France

² Anses, Direction de l'Évaluation des Risques, Maisons-Alfort, France

Résumé

Apportées par des activités anthropiques ou naturellement présentes dans l'environnement, de nombreuses substances chimiques contaminent nos aliments. Afin d'évaluer le risque chronique associé à l'ingestion de ces substances, nous proposons une approche innovante permettant d'estimer des trajectoires d'exposition vie-entière à un contaminant chimique à l'échelle individuelle. Cette méthode permet de considérer l'évolution des comportements de consommation au cours de la vie, les variations des contaminations alimentaires au cours des décennies, mais aussi la potentielle accumulation vie-entière des substances dans l'organisme.

Trois exemples contrastés de dangers chimiques ont été retenus : le cadmium, les polychlorobiphényles et le bisphénol A. Nous présentons ici quelques résultats d'évaluation des risques sanitaires pour ces trois substances retrouvées dans de nombreux aliments mais présentant des propriétés physico-chimiques différentes.

La méthodologie développée dans ces travaux permettra de prédire les risques sanitaires associés à la présence de substances chimiques dans les aliments, en fonction du profil sociodémographique vie-entière des individus.

Mots-clés

Sécurité des aliments, modélisation, évaluation des risques sanitaires, contaminants chimiques, cadmium, polychlorobiphényles, bisphénol A

Abstract

Lifetime risk assessment associated with dietary chemical contaminants

Many chemical substances are present in food as the result of human activities or naturally occurring in the environment. To assess the health risk associated with the ingestion of these substances, we are developing an innovative approach for estimating lifetime exposure trajectories to a chemical contaminant at the individual level. This method makes it possible to consider the evolution of consumption behaviours over the entire life, the variations in food contamination over the decades, but also the potential lifetime accumulation of substances in the body.

We have selected three contrasting examples of chemical hazards: cadmium, polychlorinated biphenyls and bisphenol A. We present here some results of health risk assessment for these three substances, which are found in many foods but have different physicochemical properties.

The methodology developed in this work will make it possible to predict the health risks associated with the presence of chemical substances in food, based on the sociodemographic lifetime profile of individuals.

Keywords

Food safety, modelling, health risk assessment, chemical contaminants, cadmium, polychlorinated biphenyls, bisphenol A

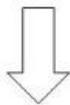
Introduction

L'identification des expositions environnementales et la compréhension de leurs effets sur la santé humaine sont, depuis de nombreuses années, des problématiques importantes de la recherche en santé publique. Aujourd'hui, le concept d'exposome est au cœur de la démarche d'évaluation des risques sanitaires (Sillé *et al.* 2020 ; Siroux *et al.* 2016). Ce concept regroupe tous les facteurs environnementaux auxquels l'Homme est exposé depuis sa conception jusqu'à sa fin de vie, allant des facteurs biologiques et chimiques jusqu'au contexte social et économique. L'étude de l'exposome a pour objectif la compréhension des facteurs de risques non-génétiques contribuant au développement de pathologies chroniques, en considérant notamment le risque induit par l'exposition simultanée à de nombreux facteurs, ainsi que l'accumulation des expositions tout au long de la vie.

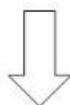
L'exposome intègre en particulier les dangers de nature chimique dont ceux issus de l'alimentation. Dans ce cadre, nos travaux s'intéressent à l'évaluation des risques sanitaires pour le consommateur, induits par la présence de contaminants chimiques dans les aliments consommés tout au long de la vie.

Classiquement, l'exposition alimentaire aux substances chimiques est estimée à partir d'enquêtes de consommation sur quelques jours et d'analyses d'aliments collectés sur plusieurs mois

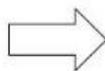
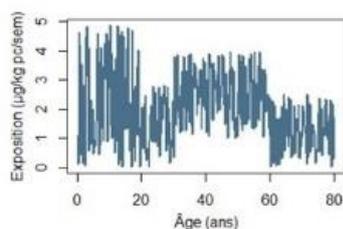
Étude de la relation entre caractéristiques individuelles et exposition alimentaire



Simulation de trajectoires de vie pour un individu



Simulation de la trajectoire d'exposition alimentaire



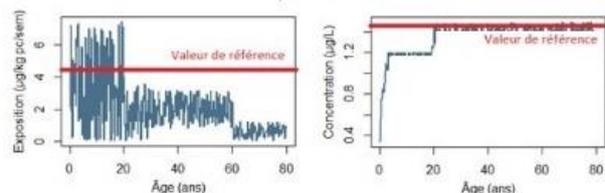
(Vin *et al.* 2014). L'exposition est alors comparée à une valeur de référence déterminée le plus souvent à partir d'études de toxicologie animales, et sous laquelle un risque pour la santé du consommateur peut être écarté. Cette approche ne permet cependant pas de tenir compte, au niveau individuel, des changements d'habitudes alimentaires au cours de la vie, des variations de contamination environnementale et de la potentielle accumulation des contaminants dans l'organisme depuis la conception. Bien que des techniques de modélisation estimant la bioaccumulation au cours du temps existent, elles ne sont aujourd'hui que peu employées dans la démarche d'évaluation des risques sanitaires.

Nous proposons ici une méthodologie applicable à de nombreuses substances chimiques, permettant de simuler au niveau individuel des trajectoires d'exposition vie-entière, considérant à la fois l'évolution des pratiques de consommation et des contaminations alimentaires, et étudiant la potentielle bioaccumulation au cours de la vie. Nous proposons également, sur la base de plusieurs exemples, une interprétation de ces trajectoires en termes d'évaluation des risques pour le consommateur.

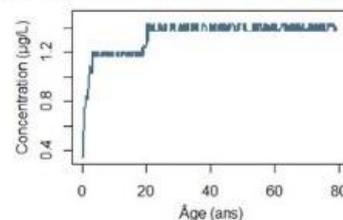
Méthodologie développée

L'approche développée est décomposée en plusieurs étapes, adaptables en fonction des propriétés physico-chimiques de la substance étudiée (Figure 1).

Comparaison des trajectoires aux valeurs de référence et évaluation des risques sanitaires



Modélisation de la trajectoire de concentration dans l'organisme par PBTK



Étude des expositions historiques et potentielle correction de la trajectoire d'exposition

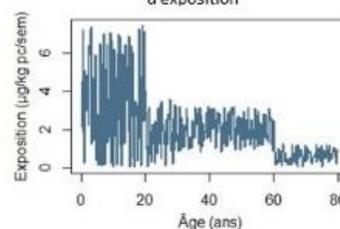


Figure 1. Schéma de la méthodologie développée pour l'évaluation des risques vie-entière liés à la présence de contaminants chimiques dans les aliments

Elle repose sur l'hypothèse selon laquelle les expositions alimentaires sont corrélées à diverses caractéristiques individuelles au niveau sociodémographique et économique. La première étape est donc d'étudier ce lien, entre expositions alimentaires à la substance étudiée et profil individuel, à partir d'études de consommation qui peuvent être relativement courtes. Dans notre étude, l'impact de l'âge, du sexe, de l'indice de masse corporelle, de la région de domiciliation, du revenu du foyer, du niveau d'étude de l'individu ou du chef de ménage, du statut matrimonial (chez les adultes) et de la fréquence des repas à la cantine (chez les enfants), a été pris en compte à l'aide de régressions multivariées. Une fois les caractéristiques individuelles significativement corrélées à l'exposition identifiées, des trajectoires vie-entière sont simulées pour ces caractéristiques, au niveau individuel, selon le profil de la population générale. À partir de ces trajectoires de vie, des trajectoires d'exposition alimentaire sont prédites, en fonction des corrélations étudiées précédemment.

La méthodologie développée intègre également une étape permettant de considérer l'évolution des contaminations alimentaires au cours du temps, à partir d'une étude de la littérature. Si les données historiques de contamination alimentaire ne sont pas disponibles, il est possible d'utiliser un modèle cinétique (reliant à chaque pas de temps l'exposition alimentaire à la concentration de contaminants dans l'organisme grâce à une constante d'élimination spécifique de la substance étudiée) pour estimer ces données de contamination historique à partir de données de biosurveillance par exemple. La connaissance de l'évolution de la contamination alimentaire permet d'appliquer un facteur correctif aux trajectoires d'exposition simulées précédemment, en fonction de l'année de naissance de l'individu étudié.

Si la substance étudiée présente des propriétés de bioaccumulation, c'est-à-dire si la concentration de contaminant dans l'organisme augmente au cours de la vie, cette accumulation est étudiée grâce à l'utilisation d'un modèle toxicocinétique basé sur la physiologie (PBTK). Ce modèle, représentant l'organisme comme un ensemble de compartiments échangeant les uns avec les autres au cours du temps, est paramétré en fonction du mode d'action de la substance étudiée, de sa propension à être distribuée entre les différents compartiments et à s'y accumuler. Un tel modèle permet donc, à partir d'une trajectoire d'exposition alimentaire à un contaminant chimique (exposition externe), de prédire la concentration de ce contaminant dans différents organes et tissus d'intérêt au cours de la vie (exposition interne). De

nombreux modèles PBTK ont aujourd'hui été développés pour les substances les plus étudiées. Par ailleurs, l'étude de modèles génériques est en cours (Tebby *et al.* 2020).

Les trajectoires d'exposition alimentaire et de concentrations dans les tissus sont alors comparées à différentes valeurs de référence issues de la littérature, afin d'évaluer le risque potentiel des expositions étudiées pour la santé. La sélection d'une valeur de référence plutôt qu'une autre dépendra, notamment, du mécanisme d'action toxicologique de la molécule étudiée. Pour les substances persistantes (ex : PCB), une valeur d'imprégnation (sang, tissu adipeux) donne, même considérée seule, une bonne indication de l'exposition passée d'un individu, ceci sur une période proportionnelle au temps de vie biologique de la molécule, en partie lié à sa lipophilicité. Pour les substances non persistantes (ex : bisphénols), une valeur d'imprégnation (urine, sang) considérée seule ne reflète que l'exposition des dernières heures étant donné le temps de vie biologique court de ces molécules. Il est nécessaire de disposer de plusieurs mesures d'imprégnation pour un même individu pour être en mesure de caractériser une plus longue période d'exposition. Pour certaines substances de cette famille, l'exploration de certaines matrices biologiques alternatives (e.g. ongles, cheveux, poils), permet d'allonger la fenêtre d'exposition. La comparaison des trajectoires avec les valeurs de référence permet notamment d'identifier des profils d'individus plus susceptibles que d'autres d'être sujets à des effets néfastes du fait de leur exposition alimentaire, ou encore d'étudier l'exposition pendant des périodes de vulnérabilité particulières ou d'appréhender l'impact de l'effet générationnel des expositions sur le risque sanitaire.

La validité de la méthodologie développée a été éprouvée en comparant les charges corporelles simulées (concentrations plasmatiques en PCB et concentrations urinaires en cadmium et en BPA obtenues sur la base des expositions externes) à celles mesurées dans des études de biosurveillance. Les valeurs modélisées étant du même ordre de grandeur que les données présentées dans la littérature, cela a permis de valider l'approche proposée (Pruvost-Couvreur *et al.*, 2020a, 2021a, 2021b).

Applications de la méthodologie développée

La méthodologie présentée a notamment été éprouvée sur l'exemple de l'exposition alimentaire au cadmium, élément trace métallique présent dans de très nombreux aliments (Anses, 2011, 2016). Le cadmium s'accumulant dans le cortex rénal est éliminé très lentement de l'organisme et sa concentration dans les aliments a relativement peu varié au cours des dernières années. Nous avons mis en évidence que les expositions alimentaires au cadmium sont liées au sexe et à l'IMC quel que soit l'âge, et au revenu du foyer ainsi qu'au niveau d'étude chez les adultes. Après simulation de trajectoires d'exposition alimentaire vie-entière et des trajectoires correspondantes de concentration de cadmium dans les urines, nous avons conclu que même si les expositions alimentaires dépassent parfois la valeur de référence de 2,5 µg/kg pc/semaine définie par l'Anses (Anses, 2017), en particulier chez les jeunes enfants, ces expositions ne conduisent que rarement à des concentrations de cadmium dans l'organisme pouvant induire des effets néfastes au niveau des reins et des os (effets connus comme étant les plus sensibles), et de telles concentrations ne sont qu'exceptionnellement atteintes avant l'âge de 50 ans (Pruvost-Couvreur et al. 2020a).

La méthodologie développée a également été utilisée pour évaluer l'impact vie-entière de différentes recommandations de consommation du Plan National Nutrition Santé (PNNS) sur les expositions au cadmium et aux polychlorobiphényles (PCB) (Pruvost-Couvreur et al. 2020b). Les PCB, tout comme le cadmium, sont éliminés très lentement par l'organisme et peuvent induire de nombreux effets néfastes sur la santé. Nous avons ainsi montré que les recommandations concernant la consommation de poisson (c-à-d. consommer au moins deux portions de poisson chaque semaine (SpF, 2019)) augmentent significativement les expositions aux PCB par rapport aux expositions de la population générale. Cependant, en considérant les concentrations actuelles de PCB dans les aliments, consommer au moins deux portions de poisson chaque semaine n'induit pas de concentrations de PCB dans l'organisme suffisamment élevées pour engendrer des effets néfastes pour la santé des consommateurs, au vu des valeurs de référence retenues par l'Anses (Afssa, 2010) (Figure 2). Concernant le cadmium, l'étude vie-entière a permis de constater que le suivi des recommandations du PNNS ne conduit pas à une différence significative d'exposition par rapport à celle mesurée actuellement dans la population générale.

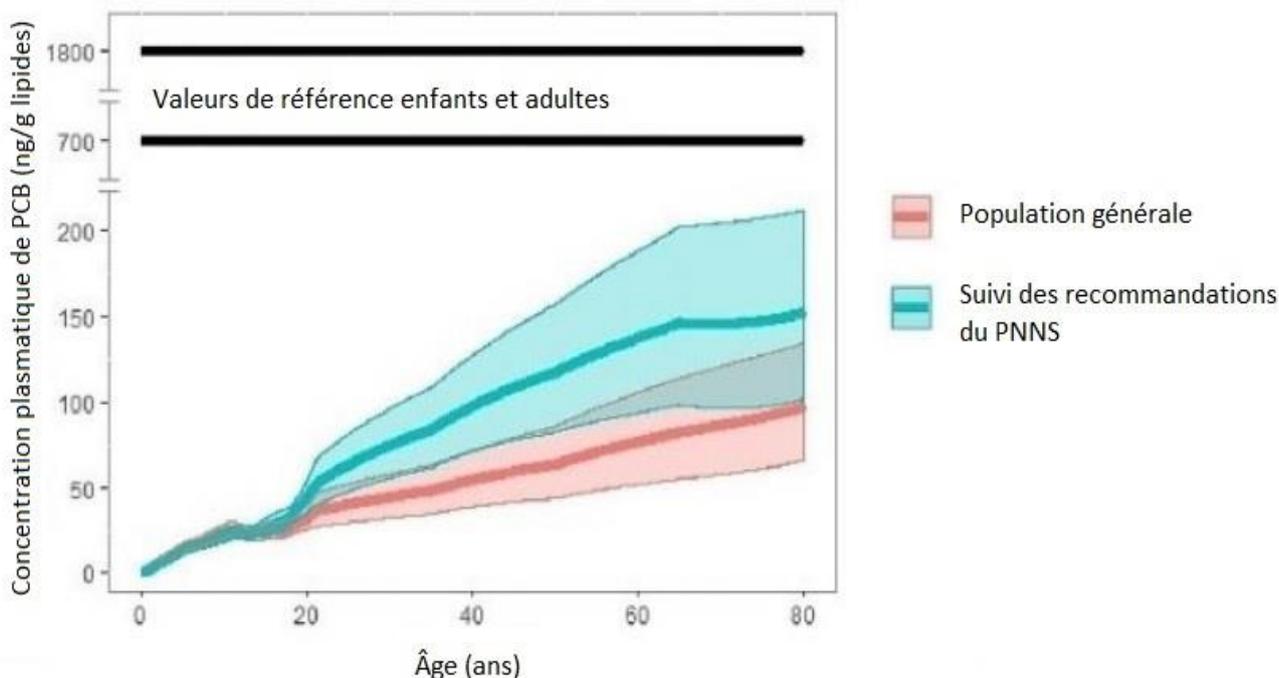


Figure 2. Trajectoires de concentrations (moyennes et intervalles de prédiction à 95 %) plasmatiques en PCB au cours de la vie en fonction du suivi des recommandations nutritionnelles du PNNS

Tableau 1. Valeurs de référence (VR) d'exposition fœtale en BPA et BPA-G et pourcentages de dépassement de ces valeurs de référence modélisées

Valeur de référence maternelle Effet concerné sur l'enfant à naître	VR fœtale pour le BPA libre (ng/L)	Pourcentage de fœtus dépassant la VR fœtale pour le BPA libre	VR fœtale pour le BPA-G (ng/L)	Pourcentage de fœtus dépassant la VR fœtale pour le BPA-G
0,33 µg/kg pc/j Appareil reproducteur femelle	0,62	2,5 % [2,1 ; 2,9]	341	0,1 % [0,01 ; 0,2]
0,29 µg/kg pc/j Métabolisme et obésité	0,54	4,3 % [3,7 ; 4,9]	303	0,3 % [0,1 ; 0,5]
0,17 µg/kg pc/j Cerveau et comportement	0,32	26,2 % [25,0 ; 27,4]	176	6,0 % [5,3 ; 6,7]
0,083 µg/kg pc/j Glande mammaire	0,16	78,6 % [77,5 ; 79,7]	86,6	54,5 % [53,1 ; 55,9]

Les valeurs entre crochets correspondent aux intervalles de prédiction à 95 %.

La méthodologie de simulation de trajectoires d'exposition alimentaire permet également d'étudier des fenêtres de susceptibilité particulières. En effet, l'étude des trajectoires d'exposition dans le cadre de l'investigation de l'exposome, doit par exemple considérer les expositions fœtales, lorsque cela est pertinent au vu des propriétés de la substance étudiée. C'est notamment le cas du bisphénol A (BPA), classé comme perturbateur endocrinien reprotoxique par l'agence européenne des substances chimiques (Echa, 2020). La simulation de trajectoires vie-entière a souligné que bien que la valeur de référence pour la population générale ne soit pas dépassée, il existe des dépassements récurrents chez les femmes en âge de procréer de la valeur de référence de 0,083 µg/kg pc/j proposée par l'Anses pour les femmes enceintes en raison des effets du BPA sur le développement de la glande mammaire de l'enfant à naître (Anses, 2013 ; Pruvost-Couvreur et al., 2021a). Un modèle cinétique a par ailleurs été utilisé afin de simuler les expositions fœtales au BPA et au BPA glucuroconjugué (BPA-G) induites par les expositions alimentaires maternelles. Comme il n'existe pas actuellement de valeur critique pour l'exposition fœtale au BPA et à ses métabolites, le modèle a également été utilisé pour définir des valeurs de référence d'exposition fœtale correspondant aux valeurs de référence pour les expositions alimentaires maternelles protégeant d'effets sur l'enfant à naître. Cette démarche de modélisation des expositions fœtales a conclu à l'existence de nombreux cas de dépassement des valeurs de référence fœtales pendant le troisième trimestre de grossesse (Tableau 1). Bien que les expositions alimentaires actuelles au BPA n'induisent pas de risque pour la population générale, une étude de la population spécifique des femmes en âge de procréer révèle un risque ne

pouvant être exclu pour l'enfant à naître. D'autres fenêtres de susceptibilité comme la petite enfance ou l'adolescence existent et pourraient mériter le développement de valeurs de référence spécifiques.

Conclusion

Nous avons proposé une méthodologie permettant de simuler des trajectoires d'exposition vie-entière et d'évaluer les risques sanitaires à partir de ces trajectoires. Cette méthodologie se veut généralisable, afin de pouvoir être appliquée dans la démarche d'évaluation des risques pour le consommateur, dès que les données concernant la substance étudiée le permettent. Une des principales limites de la méthodologie développée est que la modélisation est très dépendante des connaissances liées aux substances étudiées, et notamment, en termes de qualité des données d'expositions externes et de celles des données liées à la toxicocinétique.

L'approche vie-entière est d'un intérêt particulier pour l'étude d'expositions aux substances bioaccumulatives, mais également pour l'étude des expositions aux substances chimiques lors de fenêtres de susceptibilité spécifiques telles que la grossesse.

L'approche présentée ici s'est principalement intéressée aux expositions alimentaires. Cependant, afin de pouvoir étudier l'exposome et ses conséquences sur la santé dans leur globalité, il sera nécessaire de poursuivre ces travaux afin d'intégrer d'autres voies d'exposition (inhalation, contact cutané, etc.) mais également de prendre en compte les « effets cocktails », c'est-à-dire les effets induits par des expositions à de nombreuses substances chimiques en même temps.

Références bibliographiques

Afssa. 2010. Avis de l'Afssa relatif à l'interprétation sanitaire des niveaux d'imprégnation de la population française en PCB. Maisons-Alfort, France: Agence française de sécurité sanitaire des aliments. <https://www.anses.fr/fr/system/files/RCCP2008sa0053.pdf>.

Anses. 2011. Étude de l'alimentation totale française 2 (EAT2) - Tome 1. Maisons-Alfort, France: Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail. <https://www.anses.fr/fr/system/files/PASER2006sa0361Ra1.pdf>

Anses. 2013. Évaluation des risques du bisphénol A pour la santé humaine - Tome 1. Maisons-Alfort, France: Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail. <https://www.anses.fr/fr/system/files/CHIM2009sa0331Ra-0.pdf>

Anses. 2016. Étude de l'alimentation totale infantile : composés inorganiques. Maisons-Alfort, France: Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail. <https://www.anses.fr/fr/system/files/ERCA2010SA0317Ra-Tome2-Part2.pdf>

Anses. 2017. Exposition au cadmium - Propositions de valeurs toxicologiques de référence par ingestion, de valeurs sanitaires repères dans les milieux biologiques (sang, urine, ...). Maisons-Alfort, France: Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail. www.anses.fr/fr/system/files/VSR2015SA0140Ra-1.pdf

Echa. 2020. Liste des substances extrêmement préoccupantes candidates en vue d'une autorisation. European Chemicals Agency. <https://echa.europa.eu/fr/candidate-list-table>.

Pruvost-Couvreur Manon, Le Bizec Bruno, Béchaux Camille, Rivière Gilles. 2020a. A method to assess lifetime dietary risk: Example of cadmium exposure. *Food Chem Toxicol*, 137(111130). doi: 10.1016/j.fct.2020.111130.

Pruvost-Couvreur Manon, Le Bizec Bruno, Margaritis Irène, Volatier Jean-Luc, Béchaux Camille, Rivière Gilles. 2020b. Impact of dietary guidelines on lifetime exposure to chemical contaminants: divergent conclusions for two bioaccumulative substances. *Food Chem Toxicol* (111672). doi: 10.1016/j.fct.2020.111672.

Pruvost-Couvreur Manon, Picard-Hagen Nicole, Le Bizec Bruno, Rivière Gilles. 2021a. Lifetime dietary exposure to bisphenol A in the general population and during pregnancy: foetal exposure and health risk assessment. *Int J Hyg Environ Heal*, 234(113733). doi: 10.1016/j.ijheh.2021.113733.

Pruvost-Couvreur Manon, Béchaux Camille, Rivière Gilles, Le Bizec Bruno. 2021b. Impact of sociodemographic profile, generation and bioaccumulation on lifetime dietary and internal exposures to PCBs. *Sci Total Environ*, 800 (149511). doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.149511.

Sillé Fenna C M, Karakitsios Spyros, Kleensang Andre, Koehler Kristen, Maertens Alexandra, Miller Gary W, et al. 2020. The exposome - a new approach for risk assessment. *ALTEX* 37(1). doi: 10.14573/altex.2001051.

Siroux Véronique, Agier Lydiane, Slama Rémi. 2016. The exposome concept: a challenge and a potential driver for environmental health research. *Eur Respir J*, 25. doi: 10.1183/16000617.0034-2016.

SpF. 2019. Recommandations relatives à l'alimentation, à l'activité physique et à la sédentarité pour les adultes. Saint-Maurice, France: Santé publique France. www.santepubliquefrance.fr

Tebby Cleo, van der Voet Hilko, de Sousa Georges, Rorije Emiel, Kumar Vikas, de Boer Waldo, et al. 2020. A generic PBTK model implemented in the MCRA platform: Predictive performance and uses in risk assessment of chemicals. *Food Chem Toxicol*, 142 (111440). doi: 10.1016/j.fct.2020.111440.

Vin Karine, Papadopoulos Alexandra, Cubadda Francesco, Aureli Federica, Basegmez Hatice Imge Oktay, D'Amato Marilena, et al. 2014. TDS exposure project: relevance of the total diet study approach for different groups of substances. *Food Chem Toxicol*, 73. doi: 10.1016/j.fct.2014.07.035.

Pour citer cet article :

Pruvost-Couvreur M., Le Bizec B., Rivière G. 2022. « Évaluation des risques chimiques liés à l'alimentation » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 95 (4) : 1-6

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Roger Genet

Directeur associé : Bruno Ferreira

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-

Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux,

Renaud Lailler, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisaboïs, Benoit

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooch, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,

Céline Richomme, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljar

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166

Le réseau SAGIR, la surveillance au carrefour des enjeux

Anouk Decors¹, Stéphanie Desvaux², Ariane Payne¹, Lorette Hivert¹, Olivier Cardoso¹, Marion Brulez³, Dominique Gauthier⁴,
Eva Faure⁵

Auteur correspondant : anouk.decors@ofb.gouv.fr

¹ Office français de la biodiversité, Direction de la recherche et de l'appui scientifique, Orléans, France

² Office français de la biodiversité, Direction de la recherche et de l'appui scientifique, Birieux, France

³ Office français de la biodiversité, Direction de la police et du permis de chasser, Blois, France

⁴ Association Française des Directeurs et Cadres de Laboratoires Vétérinaires Publics d'Analyses, Laboratoire départemental vétérinaire et d'hygiène alimentaire - Hautes-Alpes, Gap, France

⁵ Fédération nationale des chasseurs, Issy-les-Moulineaux, France

Résumé

Le réseau SAGIR est le principal réseau de surveillance événementielle qui a pour objectifs depuis plus de 35 ans, de détecter précocement et surveiller les maladies de la faune sauvage sur l'ensemble du territoire français. Il repose sur la collaboration entre l'Office français de la biodiversité, les fédérations de chasseurs et les laboratoires vétérinaires départementaux. La surveillance du réseau SAGIR s'appuie sur une démarche diagnostique et repose sur la détection et la prise en charge de signaux anormaux de mortalité ou morbidité sans présumer de l'étiologie. Il est donc en capacité de détecter des maladies relevant de différents enjeux (santé publique, économique, santé des animaux sauvages). Le réseau s'inscrit donc naturellement dans les démarches One health et Ecohealth. Sur une période définie et avec un objectif de vigilance ciblant un agent pathogène particulier, connu et d'intérêt majeur, le processus d'échantillonnage du réseau SAGIR peut être harmonisé, renforcé et basé sur le risque. Le réseau SAGIR et plus généralement la surveillance événementielle est un outil utile pour détecter des maladies à expression clinique « nouvelles » pour une espèce ou un territoire. Cette modalité basale doit souvent être complétée par des modalités spécifiques (propres au réseau) et articulée avec d'autres modalités ou dispositifs de surveillance pour une plus grande efficacité/précocité de dépistage.

Mots-clés

Détection précoce, faune sauvage, maladie, surveillance événementielle

Abstract

The SAGIR network, surveillance at the crossroads of issues

Since more than 30 years, The SAGIR network, an event-based network, has been aiming at performing the early detection and surveillance of wildlife diseases in France. It relies on the collaboration between the French Agency for Biodiversity, the Hunting federations and veterinary laboratories. To achieve its objectives, the SAGIR network is based on the opportunistic detection of unusual morbidity/mortality events in wildlife and on a diagnostic process, regardless of the aetiology. Being at the crossroad of different issues such as public health, economics and wildlife health, it encompasses the One Health or Ecohealth approaches. When required, especially to monitor regulated diseases, the sampling process can be standardized, strengthened and risk-based over a defined period, to increase the detection and surveillance efficiency of a targeted pathogen. To conclude, the SAGIR network is a valuable tool to detect emerging diseases but should often be articulated with other surveillance systems to improve the detection efficiency and earliness.

Keywords

Early warning, wildlife, disease, event-based surveillance

Introduction

En 1952, Maurice Reydellet, Président de la fédération des chasseurs des Hautes-Alpes et directeur des services vétérinaires, présentait dans un rapport les intérêts patrimoniaux, économiques et sanitaires d'une surveillance des maladies du gibier en France, soulignant la nécessité de leur détection systématique. Dès 1955, un dispositif de surveillance des mortalités des oiseaux et mammifères sauvages, principalement du petit gibier, a été lancé par le Conseil supérieur de la chasse afin de contribuer à préciser les risques de toxicité de l'utilisation des pesticides à l'égard de la faune sauvage (de Lavour, 1978). En 1968¹, le ministère chargé de l'agriculture faisait reposer la surveillance des effets non intentionnels sur les oiseaux et mammifères sauvages des pesticides utilisés en agriculture principalement sur ce réseau. En 1986, l'Office national de la chasse décidait avec les fédérations départementales des chasseurs d'étendre et de consolider ce réseau en formalisant son organisation, son fonctionnement et ses objectifs. Ce dispositif unique, existant jusqu'alors a pris le nom de SAGIR, « surveiller pour agir » (Rapport d'audit scientifique du réseau SAGIR 2010).

Enjeux et objectifs du réseau

La création du réseau était à l'origine motivée par la compréhension des causes de mortalités des espèces de gibier et en particulier par la détection des effets létaux et non intentionnels des produits phytopharmaceutiques. L'objectif, principalement d'ordre cynégétique, était ensuite de dresser un panorama des maladies occasionnant des pertes au sein de la faune sauvage afin de comprendre lesquelles pouvaient avoir un impact sur les populations d'espèces gibier et donc sur la chasse. Le réseau s'est acquitté de cet objectif en mettant en place une surveillance des mortalités des espèces gibier combinée à une démarche diagnostique pour en comprendre les causes. Il enregistre en continu ces informations au niveau national depuis 1986. Depuis sa création, le réseau SAGIR a montré sa capacité à détecter des agents pathogènes d'intérêt économique comme l'agent de la tuberculose bovine chez le cerf élaphe (Hars *et al.*, 2004), le virus de la peste porcine classique chez le sanglier (Rossi *et al.*, 2005) ou le virus influenza aviaire hautement pathogène chez les

oiseaux sauvages (Hars *et al.*, 2008). En 2007, SAGIR a détecté pour la première fois en France le passage du virus de la fièvre catarrhale ovine (FCO ; sérotype 8) chez deux cerfs élaphe sauvages dans la Marne. Cette capacité de détection d'abord reconnue implicitement par le ministère chargé de l'agriculture² a fait l'objet d'une reconnaissance officielle à travers la signature d'une convention tripartite entre le ministère en charge de l'agriculture, la Fédération nationale des chasseurs et l'ONCFS en 2013, visant à surveiller certains dangers sanitaires et les effets non intentionnels des produits phytopharmaceutiques. Le réseau a progressivement élargi ses objectifs pour devenir avant tout un outil de vigilance, efficace pour détecter de « nouvelles maladies » sur un territoire ou une espèce, quelle que soit la cause incriminée (virale, bactérienne, fongique, toxique, tumorale, liée à un stress environnemental, etc.). Les finalités poursuivies par le réseau ont évolué elles aussi en parallèle, embrassant alors également les enjeux économiques, de santé publique, de santé des chasseurs, et de conservation. SAGIR est particulièrement performant pour détecter des agents pathogènes qui s'expriment cliniquement dans la faune sauvage par un fort taux de mortalité ou de morbidité. Il permet également d'acquérir des connaissances sur l'expression clinique et lésionnelle des agents pathogènes dans la faune sauvage et de détecter un éventuel changement dans l'épidémiologie ou dans leur expression clinique. Il permet enfin de suivre la diffusion spatio-temporelle de la maladie, si son expression clinique reste stable au cours du temps (Decors *et al.* 2015). Les maladies non létales mais qui s'expriment cliniquement sont également prises en charge par le réseau et peuvent servir d'indicateur de santé d'une population. Par exemple, une baisse saisonnière d'immunocompétence chez les jeunes sangliers favoriserait l'action pathogène et l'expression clinique de la gale sarcoptique, ainsi que d'autres maladies « juvéniles ». Un signal anormal de gale sévère chez le sanglier pourrait donc être un indicateur visuel de changement de l'état de santé d'une population (Fialdes *et al.* 2016).

Un des critères qui motive la prise en charge d'un événement de mortalité ou de morbidité, c'est le caractère anormal de la mortalité (ou de la morbidité) sur le terrain (laissé à l'appréciation du terrain), sans préjuger de la cause. Le diagnostic peut alors révéler des maladies à enjeu pour l'environnement et/ou la santé des animaux domestiques et/ou la santé humaine dès lors

¹ Circulaire n°68/1408 du 20 décembre 1968 relative à une enquête systématique sur les causes de la mortalité du gibier

² Par exemple, circulaire du 28 février 2007 faisant reposer la surveillance de la mortalité des oiseaux sauvages au regard du risque influenza sur le réseau SAGIR

qu'elles s'expriment cliniquement sur des espèces sauvages. Les enjeux environnementaux couverts par le réseau concernent la gestion des espèces d'intérêt cynégétique, la conservation d'espèces protégées, la surveillance de la qualité du milieu (notion d'animal sentinelle). Certains événements de mortalité n'ont pas forcément d'enjeu clair de conservation, de santé animale ou publique mais revêtent un caractère extraordinaire. Les investigations mises en œuvre sont alors plutôt motivées par une attente sociétale afin d'apporter des réponses au grand public voire de le rassurer. C'est le cas, par exemple, lors de l'observation de « pluies » d'oiseaux, dont les causes peuvent être diverses, et peuvent avoir une origine environnementale. Une mortalité anormale³ de jeunes hirondelles des fenêtres (*Delichon urbicum*) juvéniles a par exemple été prise en charge par le réseau fin septembre 2020, la cause de la mort était probablement due à une hypothermie liée au changement climatique brutal, associée à une migration tardive de jeunes de l'année.

Le réseau est donc, de fait, au carrefour des enjeux et à cet égard unique en France, avec pour mission principale de surveiller les « morts » pour protéger, préserver les « vivants ». Il constitue un maillon actif de la chaîne sanitaire en fournissant des données utiles à l'évaluation et la gestion des risques sanitaires pour la santé humaine, la santé des animaux domestiques, la santé des animaux sauvage, voire des écosystèmes : certaines mortalités peuvent traduire un déséquilibre entre le milieu et une population donnée. En détectant et documentant les maladies circulant au sein de la faune sauvage, mais aussi partagées par, l'homme et/ou les animaux domestiques, ou ayant des causes environnementales, et par la mise en œuvre d'un diagnostic mobilisant plusieurs disciplines, le réseau SAGIR s'inscrit naturellement dans une approche de santé globale, à la fois l'approche « One health » et « Ecohealth ». Ces deux concepts proches soulignent l'interdépendance des santés animale, humaine et environnementale, Ecohealth adoptant une approche plus écosystémique intégrant les interactions entre écologie et santé.

SAGIR constitue par ailleurs un maillon de la chaîne judiciaire, puisque les résultats des nécropsies pratiquées dans le cadre du réseau peuvent être utilisés comme saisine judiciaire par les inspecteurs de l'environnement. Ainsi, en cas de découverte ou de suspicion de destruction illégale de spécimens de la faune sauvage (tir et piégeage illégaux, empoisonnement), une enquête judiciaire aux fins de déterminer les circonstances des faits et d'en identifier l'auteur sera ouverte, sous l'autorité du parquet territorialement compétent. Le réseau participe dans ce cadre à la lutte contre la destruction des espèces sauvages et les atteintes à l'environnement.

Un réseau nécessaire mais pas suffisant

Le réseau SAGIR repose sur la collaboration entre l'Office français de la biodiversité (OFB)⁴, qui administre le réseau, les fédérations de chasseurs et l'Association française des directeurs et cadres de laboratoires vétérinaires publics d'analyses (ADILVA). Pour le diagnostic, il s'appuie sur un service de proximité, les laboratoires départementaux d'analyses vétérinaires, et les laboratoires de référence de l'Anses et d'autres laboratoires spécialisés (Decors et al. 2015). SAGIR est présent sur l'ensemble du territoire français, incluant les Antilles depuis 2007 et La Réunion depuis 2015 ; il est également partenaire depuis 2018 de la surveillance événementielle mise en œuvre dans la réserve naturelle nationale des Terres Australes.

En moyenne, 2 300 cadavres sont analysés chaque année. En 2020, environ 1 600 cadavres⁵ ont été pris en charge par le réseau et saisis dans la base de données, dont 21 cas audiovisuels⁶. De 2014 à 2020, près de 200 espèces différentes d'oiseaux et mammifères terrestres ont été analysés. 80% des cadavres analysés appartiennent néanmoins seulement à onze espèces (Lièvre d'Europe *Lepus europaeus*, Chevreuil européen *Capreolus capreolus*, Lapin de garenne *Oryctolagus cuniculus*, Sanglier *Sus scrofa*, Tourterelle turque *Streptopelia*

³ des centaines voire des milliers déclarées mortes ou mourantes sur une dizaine de départements en moins d'une semaine

⁴ L'Office national de la chasse et de la faune sauvage (ONCFS) et l'agence française pour la biodiversité (AFB) ont fusionné le 1^{er} janvier 2020 pour devenir l'OFB.

⁵ Cette différence s'explique probablement d'une part par une saisie incomplète dans la base de données, mais également par un effet covid (baisse de la détection et de la prise en charge)

⁶ c'est-à-dire qu'aucun cadavre n'a été collecté, mais que des photos ou des vidéos ont permis d'expertiser, des lésions ou des signes cliniques insolites ou d'intérêt pour la vigilance, et permettant d'émettre des hypothèses diagnostiques. Cela peut survenir lorsque l'animal est toujours vivant et viable (ex : gale des pattes sur un oiseau qui semble par ailleurs en bonne santé), lorsque des troubles ont été enregistrés (ex : troubles nerveux), ou lorsque des lésions ont été observées en post-mortem sur le terrain, sans collecte d'organes associée (ex : lors de l'examen de la venaison).

decaocto, Pigeon ramier *Columba palumbus*, Renard roux *Vulpes vulpes*, Canard colvert *Anas platyrhynchos*, Chamois *Rupicapra Rupicapra*, Cygne tuberculé *Cygnus olor*, Cerf élaphe *Cervus elaphus*).

L'intérêt du réseau SAGIR est sa couverture spatiale, la diversité des espèces surveillées et la bonne représentation de certaines espèces d'intérêt cynégétique, ayant toutes les qualités pour servir de sentinelles: espèces abondantes, ayant une large répartition territoriale et pour lesquelles il existe une bonne connaissance de leur biologie et de leur aire de répartition. Le réseau SAGIR est donc incontournable en matière de surveillance mais n'a pas de volonté hégémonique. Il prône la complémentarité avec les autres dispositifs de surveillance, en termes d'espèces, d'espace, d'affections détectées ou de modalités de surveillance-avec lesquels il s'interface et collabore (voir Decors et al. 2015 pour en savoir plus).

SAGIR, le « lecteur de cadavre⁷ »

La surveillance événementielle est une surveillance généraliste et continue qui repose sur la détection de signaux de mortalité/morbidité anormaux, sans présumer de l'étiologie. La production des données repose majoritairement sur la collecte et l'analyse d'animaux retrouvés morts, à l'agonie ou incapables de réintégrer le milieu naturel. Des animaux tués à la chasse pour motif sanitaire (animaux dont le comportement ou l'aspect extérieur laisse supposer qu'ils sont blessés ou malades) ou présentant des lésions suspectes à l'éviscération sont également intégrés à l'échantillon lorsqu'un diagnostic est nécessaire. Les cadavres ne sont pas recherchés de façon active, ils sont découverts de façon fortuite. L'échantillonnage - qui peut être qualifié d'échantillonnage de commodité ou de convenance - est non probabiliste puisqu'il repose sur la facilité d'obtention de l'échantillon (accessibilité des cadavres d'animaux) et sur le volontariat d'observateurs, plutôt que sur la maîtrise statistique du processus d'échantillonnage.

Deux interlocuteurs techniques départementaux (ITD), l'un au sein du service départemental de l'OFB, l'autre au sein de la Fédération départementale des chasseurs animent un réseau d'observateurs de la mortalité (chasseurs, naturalistes, agriculteurs, etc.). Les critères d'anormalité impulsent souvent la collecte et diffèrent d'une situation de mortalité à l'autre. Ils

ne peuvent être entièrement normés et sont donc en grande partie laissés à l'appréciation des ITD (avec un appui national au cas par cas), détenteurs de la connaissance de terrain. La mise en évidence d'un agent pathogène ne résulte pas d'un dépistage systématique mais d'une démarche diagnostique pour déterminer les processus ayant abouti à la mort des animaux (sauf dans les programmes Sagir renforcé – voir encadré). La démarche diagnostique a fait l'objet d'un travail d'harmonisation entre les laboratoires mais ne peut être entièrement standardisée, car elle doit garder toute la souplesse nécessaire pour s'adapter aux hypothèses diagnostiques et mettre en œuvre les examens complémentaires nécessaires au diagnostic en fonction de l'état d'intégrité et de décomposition du cadavre. La faible détectabilité des cadavres en milieu naturel associée à des états d'intégrité et de décomposition variables conduisent bien souvent le diagnosticien à conclure lors d'une mortalité de groupe, sur la base d'un petit nombre de cadavres exploitables.

Le processus d'échantillonnage et le diagnostic ne sont donc pas homogènes d'un département à l'autre. La sélection des individus analysés est soumise à une série de filtres non standardisés résumés dans la (figure 1), qui sont autant de sources de forces sélectives (et donc de biais) entrant en jeu dans la constitution de l'échantillon et qui devront être pris en compte pour l'analyse et l'interprétation des données.

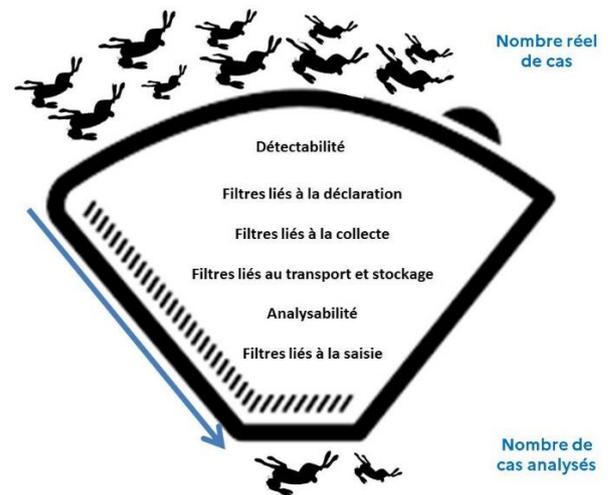


Figure 1. Filtres intervenant dans la sélection des cadavres, dans le cadre de la surveillance SAGIR généraliste

⁷ Titre d'un roman policier d'Antonio Garrido

Sagir renforcé: le réseau mobilisé pour la surveillance des maladies réglementées

Les programmes de surveillance événementielle renforcée, appelés « Sagir renforcé » sont réservés pour l'heure à des maladies qui présentent un enjeu de santé publique ou/et de santé animale (maladies réglementées dans les populations domestiques avec éventuellement plan d'urgence).

Actuellement, quatre programmes « Sagir renforcé » visant des maladies infectieuses existent et concernent l'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP), la tuberculose, les pestes porcines (PP) (classique et africaine) et la fièvre de West Nile (WN). La découverte en 2021 d'un foyer de brucellose à *Brucella melitensis* biovar 3 dans une exploitation de troupeaux de bovins en Haute Savoie, neuf ans après la découverte des cas humains et la confirmation de l'infection dans les populations des bouquetins des massifs du Bargy conduit à renforcer la surveillance événementielle de la brucellose dans les Alpes. En conséquence, un programme de surveillance renforcée pour la brucellose des ongulés de montagne est actuellement à l'étude.

Le principe de ces programmes est de renforcer la surveillance en ciblant les actions dans le temps et l'espace. Cette surveillance ciblée est nécessaire à la fois pour optimiser les chances de détection de l'agent infectieux en question, mais également pour

préserver les forces vives du réseau. Ainsi, le territoire est souvent découpé en différents niveaux de risque : « négligeable » à « élevé » pour l'IAHP, niveau 1 à 3 pour la tuberculose, niveau 1 à 4 pour les PP. Une liste de départements à risque pour WN est également établie.

Le renfort de la surveillance est généralement réalisé de façon graduelle en fonction du niveau de risque (**Figure 2**) : 1/organiser un dépistage systématique sur les espèces cibles collectées par le réseau en routine (c'est le cas depuis septembre 2018 pour le dépistage des pestes porcines sur tous les sangliers collectés par le réseau quelles que soient les lésions observées) puis 2) lever certains filtres de la collecte (par exemple avec la collecte de blaireaux bord de route dans les zones à risque de tuberculose), et enfin 3/renforcer la détection de cadavres soit en mobilisant de nouveaux observateurs soit en organisant des recherches actives de cadavres sur le terrain (cas des zones d'observation renforcée définies lors la surveillance renforcée de la PPA).

Il existe également un renforcement de la surveillance toxicologique SAGIR sur les effets non intentionnels des produits phytopharmaceutiques (ENI PPP) concernant i) les rodenticides à base de Phosphore de Zinc ; ii) les insecticides de type néonicotinoïdes utilisés, à titre dérogatoire, en enrobage de semences de betteraves sucrières.

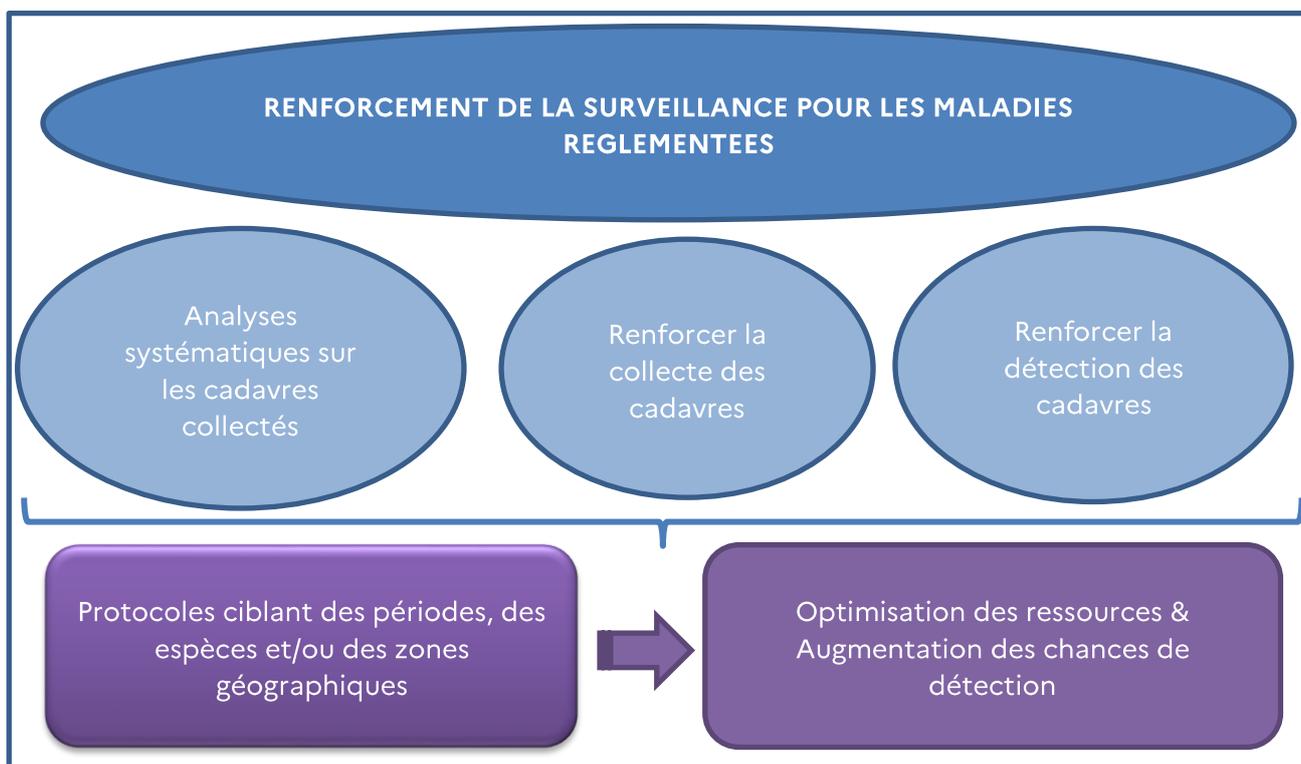


Figure 2. Principe des programmes de surveillance événementielle Sagir renforcée

Quelques résultats

La vigilance continue du réseau SAGIR permet de détecter l'apparition de maladies émergentes ou le passage à une forme visible de l'infection comme l'influenza aviaire hautement pathogène chez le fuligule milouin en 2006 dans la Dombes, un nouveau variant du virus de la maladie hémorragique virale (RHVD2) chez le lapin de garenne en 2010 dans le Cantal et la moitié nord de la France ou la maladie de l'œdème chez le sanglier en 2013 en Ardèche. Il permet aussi de détecter un changement de forme épidémiologique ou clinique comme la première déclaration d'épizootie de tularémie chez le lièvre d'Europe en France en 2010 dans le Pas-de-Calais. Entre 2002 et 2010, une maladie (pseudo) émergente dans la faune sauvage était détectée tous les deux ans. Après 2010, une à trois maladies (pseudo) émergentes sont détectées chaque année. Il est possible que ces résultats soient liés à l'accélération des émergences, mais le réseau a aussi probablement gagné en efficacité et sensibilité, notamment du fait d'un renfort d'animation et de formation croissant depuis 2009. La surveillance toxicologique exercée par le réseau Sagir a également permis, sur la période 1995-2014, de rapporter et décrire 101 foyers d'intoxication (mortalité ou troubles nerveux) d'oiseaux granivores en lien avec la consommation de semences enrobées avec l'insecticide imidaclopride (Millot et al., 2015). SAGIR contribue notamment au dispositif de phytopharmacovigilance, créé en 2014 par la loi d'avenir pour l'agriculture⁸.

SAGIR, une impulsion pour la recherche et le développement

Depuis 1986, les données de plus de 90 000 nécropsies ont été bancarisées dans ce qui constitue un jeu de données très riche et disponible pour les questions de recherche. Jusqu'en 2013, les données étaient saisies à partir de dossiers papiers, dans une base de données Microsoft Access® par un unique opérateur. Depuis 2014, les données sont enregistrées directement par les ITD et les laboratoires vétérinaires départementaux dans la base de données Epifaune. Epifaune est une base de données construite sur mesure et permettant la gestion de l'ensemble des données liées à un événement de mortalité/morbidité, y compris des

données complexes comme les résultats d'examen nécropsique, en temps proche du réel (Brena et al., 2018). Par ailleurs, l'outil de business intelligence Qlikview® permet une analyse des données en temps proche du réel à partir d'une copie de la base de données datant de la veille. Epifaune a nécessité en amont un travail collaboratif avec l'ADILVA et les experts en anatomopathologie afin d'harmoniser les procédures de nécropsie et d'élaborer un référentiel de données standardisées (concernant les commémoratifs, lésions, matrices, agents étiologiques, méthodes et unités de mesure), de manière à pouvoir analyser les données de façon réactive. Epifaune est mise à disposition d'autres réseaux de surveillance événementielle travaillant avec les laboratoires vétérinaires départementaux pour la mise en œuvre du diagnostic et permet le partage facilité des données, tout en respectant leur propriété. La structuration des données répond aux standards nationaux. Cela permettra à terme l'échange de données informatisées et favorise l'interopérabilité entre les bases de données des dispositifs de surveillance événementielle basé sur le diagnostic et s'appuyant entre autres sur les laboratoires vétérinaires départementaux (comme Résuméq⁹ par exemple). Les découvertes de maladies émergentes, de franchissement de la barrière d'espèce, de changement d'expression épidémiologique suscitent en effet des questions épidémiologiques qui nécessitent souvent la mise en œuvre de projets de recherche particuliers.

SAGIR est donc à l'origine de nombreux travaux de recherche et de développements méthodologiques ou diagnostiques. Le nombre de publications auquel est associé le réseau témoigne du dynamisme de la recherche impulsée par SAGIR (plus de 25 publications scientifiques recensées en 12 ans et autant de publications techniques). La recherche en épidémiologie inspirée par SAGIR recouvre l'épidémiologie descriptive et analytique. La première vise à décrire l'évolution spatio-temporelle des foyers de maladies détectées par le réseau. Citons par exemple le suivi des foyers d'infection au virus Usutu qui a touché un nombre important de merles pendant l'été 2018. Cela a permis d'objectiver le fait que la circulation virale dans l'avifaune sauvage a été plus précoce et plus largement distribuée par rapport aux années précédentes (Decors et al., 2019).

En épidémiologie analytique, les études menées visent à mieux comprendre les mécanismes

⁸ <https://www.anses.fr/fr/content/la-phytopharmacovigilance>

⁹ <https://www.platforme-esa.fr/article/resumeq-le-reseau-national-de-surveillance-des-causes-de-mortalite-des-equides-un-dispositif>

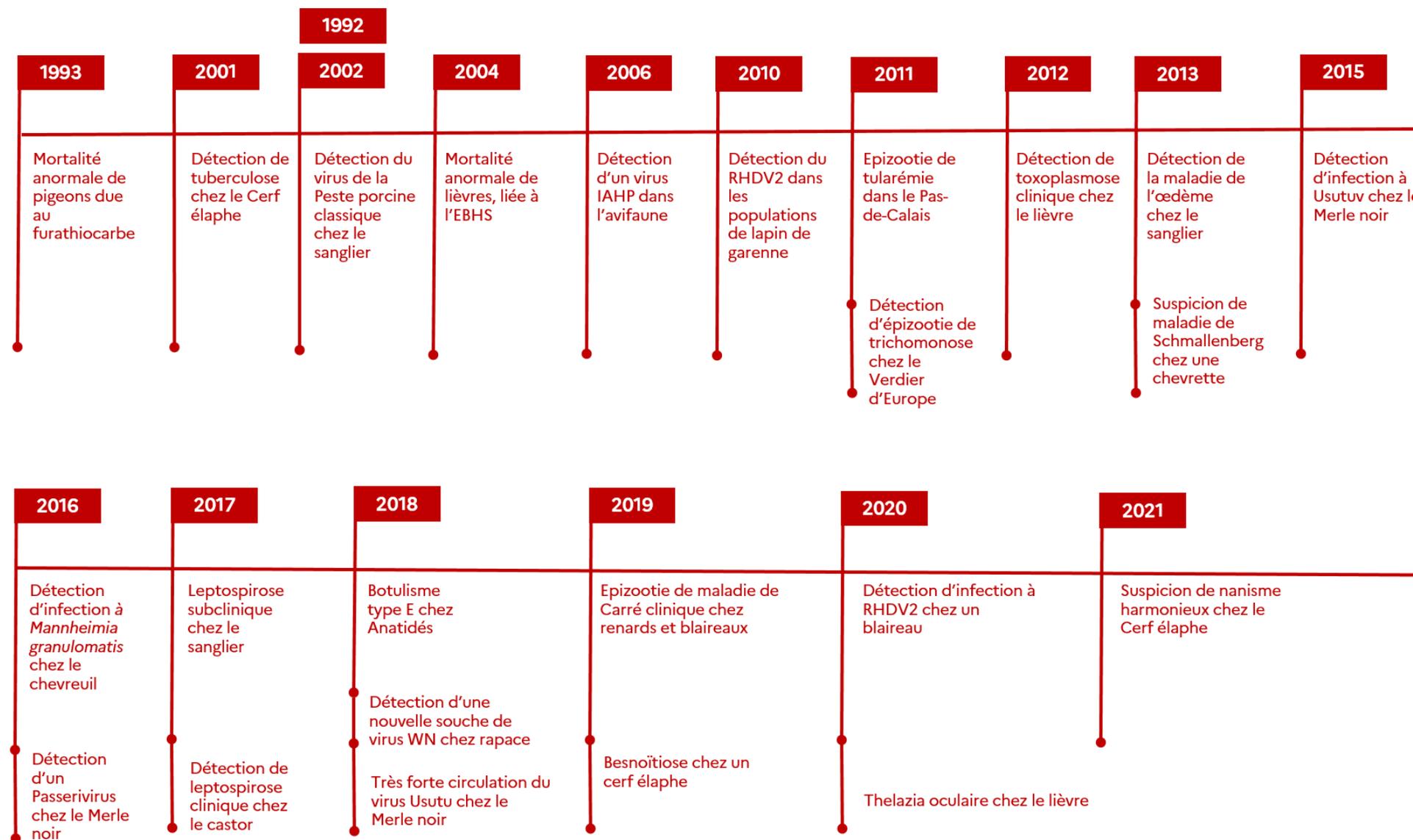
conduisant à l'émergence, la persistance et la transmission d'agents infectieux. Ainsi, la maladie de l'œdème, détectée pour la première fois par le réseau SAGIR en 2013 chez le sanglier, a fait l'objet d'études plus poussées afin de comprendre les facteurs d'émergence et de diffusion des foyers (Petit *et al.*, 2020 ; Decors *et al.*, 2020). Le rôle épidémiologique des populations sauvages et notamment le rôle dans la transmission et la persistance d'agents infectieux partagés avec la faune domestique sont également étudiés. Par exemple, l'interface entre populations sauvages réceptives et bovins a été investiguée dans le cas du système multihôtes de la tuberculose bovine (Payne *et al.*, 2016), le rôle du cerf dans la persistance de la FCO a été évalué (Rossi *et al.*, 2019).

Ces travaux permettent de fournir des outils aux gestionnaires pour optimiser la gestion des maladies ciblées mais ils nourrissent également la surveillance opérée par le réseau : en améliorant la compréhension des mécanismes d'émergence, de persistance et de diffusion, ils permettent d'affiner les alertes et un meilleur ciblage de la surveillance.

Références bibliographiques

- Brena P., Gauthier D., Humeau A., Baurier F., Dej F., Lemberger K., Chollet J.Y., Decors A., 2018. : How can computer tools improve early warnings for wildlife diseases. In : how Information Systems Can Help in Alarm/Alert Detection (Ed: Florence Sedes). Elsevier
- De Lavour E., 1978, Diagnostic de l'intoxication par les pesticides sur le gibier mort, in Pesticides et gibier, maladies du gibier, chap.1, 57-70, Bordas, Paris, 275p, ISBN 2-04-010274-4.
- Decors A. *et al.*, 2015. Le réseau Sagir : un outil de vigilance vis-à-vis des agents pathogènes exotiques. Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation, 66, 35-39.
- Decors A. *et al.*, 2020. Maladie de l'œdème chez le sanglier. Qu'a-t-on appris depuis son émergence en 2013. Faune sauvage, 327, 32-35.
- Fialdes S., Decors A., Saint-Andrieux C., Barboiron A., Faure E., Calenge C., Rossi S., 2016. La gale sarcoptique comme indicateur de santé des populations de sangliers ? Ce que nous apprennent les différents réseaux sur cette maladie. Faune sauvage, 312, 11-15.
- Hars J., Boschiroli M.L., Belli P., Vardon J., Coquatrix E., Garin-Bastuji B., Thorel M.F., 2004, Découverte du premier foyer de tuberculose sur les ongulés sauvages en France, Faune Sauvage, 261, 29-34.
- Hars J., Ruetter S., Benmergui M., Fouque C., Fournier J.Y., Legouge A., Cherbonnel M., Baroux D., Dupuy C., Jestin V., 2008, The epidemiology of the highly pathogenic H5N1 avian influenza in mute swan (*Cygnus olor*) and other anatidae in the Dombes region (France) – 2006, J. Wild. Dis., 44(4), 811-823.
- Lamarque F., Hatier C., Artois M., Berny P. et Diedler C., 2000, Le réseau SAGIR, réseau national de suivi sanitaire de la faune sauvage française, Epidémiol. et santé anim., 37, 21-30.
- Lambert S., Gilot-Fromont E., Freycon P., Thébault A., Game Y., Toïgo C., Garin-Bastuji B., Rossi S. (2018). High shedding potential and significant individual heterogeneity in naturally-infected Alpine ibex (*Capra ibex*) with *Brucella melitensis*. *Frontiers in Microbiology*, 9, 1065
- Lambert S., Gilot-Fromont E., Toïgo C., Marchand P., Petit E., Garin-Bastuji B., Gauthier D., Gaillard J.-M., Rossi S. & Thébault A. (2020). An individual-based model to assess the spatial and individual heterogeneity of *Brucella melitensis* transmission in Alpine ibex. *Ecological Modelling*, 425, 109009.
- Millot F., Decors A., Mastain O., Quintaine T., Berny P., Vey D., & Bro E. (2017). Field evidence of bird poisonings by imidacloprid-treated seeds: a review of incidents reported by the French SAGIR network from 1995 to 2014. *Environmental Science and Pollution Research*, 24(6), 5469-5485.
- Payne A., Chappa S., Hars J. Dufour B., Gilot-Fromont E. 2016. Interaction patterns between wildlife and cattle assessed by camera-trap in a French bovine tuberculosis infected area, *European Journal of Wildlife Research*. 62(1):33-42.
- Petit G., Grosbois V., Chalvet-Monfray K., Ducos A., Desmech D., Martineau G.-P. & Decors A. 2020. Polymorphism of the Alpha-1-Fucosyltransferase (FUT1) Gene in Several Wild Boar (*Sus Scrofa*) populations in France and Link to Edema Disease ». *Research in Veterinary Science* 131: 78-86. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.03.025>
- Reydellet M., 1952, A propos d'une organisation sanitaire cynégétique en France, Rapport présenté à la VIe Session du Conseil International de la Chasse, Madrid, Octobre, 20p.
- Rossi S., Artois M., Ponthier D., Crucière C., Hars J., Barrat J., Pacholek X., Fromont E., 2005, Longterm monitoring of classical swine fever in wild boars (*Sus scrofa* sp.) using serological data, *Vet. Res.*, 36, 2742.
- Rossi S.; Balenghien T.; Viarouge C.; Faure E.; Zanella G.; Sailleau C.; Mathieu B.; Delécolle J.-C.; Ninio C.; Garros C.; Gardès L.; Tholoniati C.; Ariston A.; Gauthier D.; Mondoloni S.; Barboiron, A.; Pellerin M.; Gibert P.; Novell C.; Barbier, S.; Guillaumat E.; Zientara S.; Vitou, D.; Bréard E. Red deer. (*Cervus elaphus*) Did Not Play the Role of Maintenance Host for Bluetongue Virus in France: The Burden of Proof by Long-Term Wildlife Monitoring and Culicoides Snapshots. *Viruses* 2019, 11, 903. <https://doi.org/10.3390/v11100903>

Figure 3. Principales maladies « nouvelles » pour le territoire ou une espèce, détectées par le réseau SAGIR entre 1993 et 2021



Pour citer cet article :

Decors A., Desvaux S., Payne A., Hivert L., Cardoso O., Brule M., Gauthier D., Faure E. 2022. « Le réseau SAGIR, la surveillance au carrefour des enjeux ». Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 95 (5) : 1-9

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Roger Genet

Directeur associé : Bruno Ferreira

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooch, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,

Céline Richomme,, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljar

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166

Qualiplan, dispositif d'évaluation et d'amélioration de la qualité des données des plans de surveillance et de contrôle des contaminants de la chaîne alimentaire pilotés par la Direction générale de l'alimentation (DGAL)

Qualiplan, system for assessing and improving the data quality from the surveillance and control plans for contaminants in the food chain managed by the French general Directorate for food (DGAL)

Pauline Bres¹, Jean-Cédric Reninger², Patrice Chasset³, Bertrand Lombard⁴, Jean-Philippe Amat¹, Diane Cuzzucoli⁵

Auteur correspondant : pauline.bres@anses.fr

- ¹ ANSES, Coordinatrice du projet Qualiplan, Unité Épidémiologie et appui à la surveillance (EAS), Lyon, France
- ² ANSES, Direction de l'évaluation des risques, Unité Observatoire des aliments (UOA), Maisons-Alfort, France
- ³ DGAL, Bureau de l'appui aux politiques incitatives (BAPI), Paris, France
- ⁴ ANSES, Direction de la stratégie et des programmes, Pôle recherche et référence, Maisons-Alfort, France
- ⁵ DGAL, Bureau de la gestion intégrée du risque (BGIR), Paris, France

Mots clés : Qualité des données, Indicateurs, Surveillance de la chaîne alimentaire, Plans de surveillance et plans de contrôle

Keywords: Data Quality, Indicators, Food chain monitoring

Chaque année, dans le cadre du dispositif de surveillance de la sécurité sanitaire des aliments, la Direction générale de l'alimentation (DGAL) du ministère de l'agriculture et de la souveraineté alimentaire (MASA) pilote et coordonne la mise en œuvre de plans de surveillance et de contrôle (PS/PC). Ces plans visent à surveiller la contamination des productions primaires animale et végétale, des denrées alimentaires et de l'alimentation animale. Les contaminants recherchés présentent un effet néfaste suspecté ou avéré sur la santé des consommateurs, que ce soit à court ou à long terme: microorganismes

pathogènes (bactéries – dont celles résistantes aux antibiotiques - virus, parasites), résidus de substances chimiques introduites par l'Homme dans la chaîne alimentaire (tels que des résidus de médicaments vétérinaires, d'hormones, de produits phytopharmaceutiques), contaminants chimiques environnementaux et industriels (métaux lourds, dioxines, etc.), ou contaminants physiques (radionucléides). L'ensemble du dispositif de surveillance et de contrôle de la DGAL génère une quantité conséquente de données; en 2020, plus de 58 000 prélèvements ont été analysés pour un budget annuel de 13 millions d'euros (DGAL, 2020).

La qualité et la fiabilité des données constituent un enjeu crucial pour un dispositif de surveillance sanitaire et influencent directement sa performance et sa capacité à répondre à ses objectifs. Suite à l'observation récurrente de valeurs manquantes, incomplètes ou erronées et d'incohérences rendant difficilement exploitable une partie des données issues des PS/PC, le projet Qualiplan a été initié en 2017 par la DGAL au travers d'une convention avec l'Anses pour une phase pilote de trois ans. Qualiplan a par la suite été pérennisé à l'Anses. Il s'agit d'un dispositif d'évaluation et de suivi de l'amélioration de la

qualité des données, s'appuyant sur une application informatique présentant un ensemble d'indicateurs de qualité et de fonctionnement, et reposant sur divers acteurs : DGAL, services régionaux de l'alimentation (SRAL), directions départementales en charge de la protection des populations (DDecPP), laboratoires nationaux de référence (LNR), laboratoires d'analyse agréés par le ministère en charge de l'agriculture et de l'alimentation pour réaliser les analyses officielles, Anses.

Les PS/PC intégrés dans Qualiplan sont sélectionnés par type de plans et de contaminants (**Tableau 1**).

Tableau 1. Plans intégrés dans Qualiplan entre 2017 et 2021

Année de campagne PS/PC	Plans intégrés dans Qualiplan
2018	<ul style="list-style-type: none"> Plans de contrôle des résidus chimiques (promoteurs de croissance, substances interdites, médicaments vétérinaires, pesticides) chez les animaux de boucherie, les volailles, les lapins, les gibiers, et dans les poissons d'élevage, le lait, les œufs, le miel.
2019	<ul style="list-style-type: none"> Plans de contrôle des résidus chimiques (promoteurs de croissance, substances interdites, médicaments vétérinaires, pesticides) chez les animaux de boucherie, les volailles, les lapins, les gibiers, et dans les poissons d'élevage, le lait, les œufs, le miel.
2020	<ul style="list-style-type: none"> Plans de contrôle des résidus chimiques (promoteurs de croissance, substances interdites, médicaments vétérinaires, pesticides) chez les animaux de boucherie, les volailles, les lapins, les gibiers, et dans les poissons d'élevage, le lait, les œufs, le miel. Plan de surveillance des contaminants chimiques du milieu aquatique dans les produits de la pêche (ETM, dioxines, PCB, HAP). Plan de surveillance de la contamination des viandes fraîches de volaille par <i>Salmonella</i> spp. au stade de l'abattoir et de la résistance aux antibiotiques des souches isolées
2021	<ul style="list-style-type: none"> Plans de contrôle des résidus chimiques (promoteurs de croissance, substances interdites, médicaments vétérinaires, pesticides, PCB, dioxines, ETM) chez les animaux de boucherie, les volailles, les lapins, les gibiers, et dans les poissons d'élevage, le lait, les œufs, le miel. Plan de surveillance des contaminants chimiques du milieu aquatique dans les produits de la pêche (ETM, dioxines, PCB, HAP). Plan de surveillance de la contamination des saucissons secs et chorizos de porc par <i>Salmonella</i> spp. au stade de la distribution. Plan de surveillance de la résistance aux antibiotiques de certaines bactéries sentinelles et zoonotiques (dont <i>Salmonella</i> spp) dans les contenus caecaux des porcs d'engraissement et des bovins de moins d'un an. Plan de surveillance de la contamination des viandes hachées de bœuf par <i>Escherichia coli</i> producteurs de shigatoxines (STEC) au stade de la distribution. Plan de surveillance de la contamination des coquillages par <i>Escherichia coli</i> au stade de l'expédition. Plan de surveillance de la contamination des produits de la pêche par l'histamine au stade de la distribution.

Les indicateurs de qualité des données évaluent la complétude, le format, la validité et la cohérence des données, extraites mensuellement du système d'information (SIGAL) du MASA. Le suivi de ces indicateurs est assuré grâce à une application web interactive, gérée par la coordinatrice du dispositif Qualiplan. Cette application, outil de pilotage central du dispositif, est mise à disposition des services déconcentrés de l'État (SRAL) et des LNR, qui assurent le rôle d'animateurs de la qualité des données au sein du dispositif Qualiplan, auprès de leurs réseaux respectifs : DDecPP et laboratoires d'analyse agréés, acteurs de terrain chargés de la collecte et saisie des données dans SIGAL. Pour chaque indicateur, l'animateur peut évaluer la proportion de données de qualité satisfaisante transmises par les acteurs de terrain, mettre en évidence les défauts de qualité, puis identifier la donnée problématique. En collaboration avec les différents acteurs, les animateurs de la qualité identifient la cause du défaut de qualité puis la définition et la mise en œuvre des actions correctives appropriées pour éviter la réapparition du défaut (Figure 1). Les actions les plus souvent réalisées sont : i) le re-paramétrage des systèmes de

gestion de l'information des laboratoires d'analyse (LIMS), ii) la correction manuelle des données, iii) le renvoi vers les instructions techniques relatives à la saisie des données, iv) la correction et l'amélioration de ces instructions. Le dispositif Qualiplan a créé un espace d'échange entre les acteurs impliqués dans la réalisation des PS/PC qui conduit à mutualiser et à harmoniser les pratiques en lien avec la qualité des données. Ce dispositif a permis une nette amélioration de la qualité des données. Pour illustration, l'indicateur global de qualité pour le plan de surveillance Résidus de pesticides, correspondant à la proportion d'analyses pour lesquelles les données ne présentent aucun défaut de qualité parmi les critères de qualité définis, 50 en 2020, est passé de 11 à 81 % entre 2017 et 2020. L'amélioration de la qualité des données se poursuit, grâce à la collaboration de l'ensemble des acteurs impliqués dans la réalisation des PS/PC ainsi qu'à une animation soutenue et continue à tous les niveaux du dispositif, y compris grâce à des actions de sensibilisation et de formation à l'utilisation de l'application informatique.

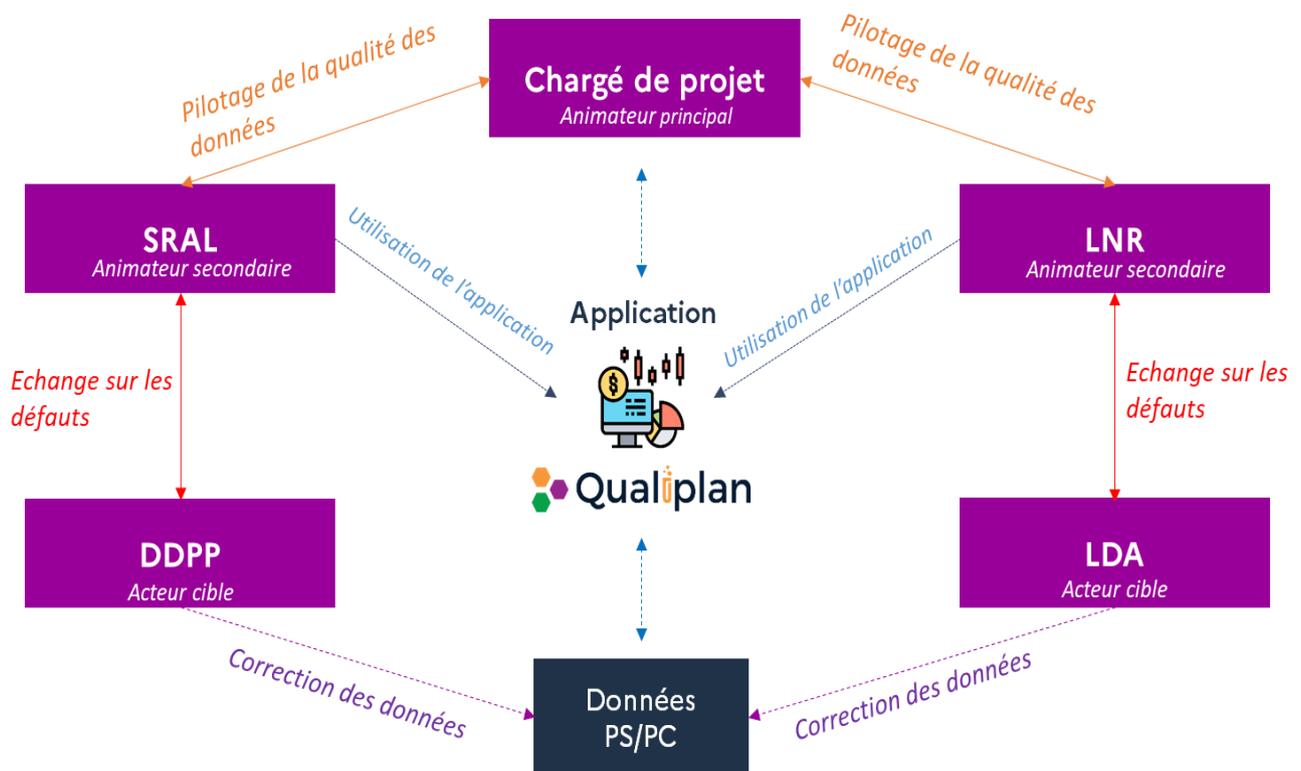


Figure 1. Animation de la qualité des données au sein de QualiPlan

Une bonne qualité de données est primordiale à plus d'un titre. Cela permet tout d'abord à la DGAL de disposer de données exploitables en tant que gestionnaire du risque, mais également aux autres utilisateurs de ces données de pouvoir les ré-exploiter. Par exemple, chaque année, ces données sont transmises à l'Efsa par la Direction de l'évaluation des risques de l'Anses (équipe Contamine) et le laboratoire de Lyon afin de permettre leurs utilisations dans le cadre d'évaluations de risque au niveau européen. Ces activités d'évaluation de risque et d'échange de données sont rendues beaucoup plus complexes et chronophages (voire impossibles) lorsque la qualité des données n'est pas suffisante. Qualiplan contribue donc à fluidifier ces échanges et à rendre plus faciles les multiples utilisations faites des données des PS/PC.

Qualiplan est depuis 2018 un projet transversal de la Plateforme de surveillance de la chaîne alimentaire (SCA)¹. Ce projet a pour objectif à moyen terme d'intégrer l'ensemble des données pérennes du dispositif PS/PC piloté par la DGAL.

Pour citer cet article :

Bres P., Reninger J-C., Chasset P., Lombard B., Amat J-P., Cuzzucoli D. 2022. « Qualiplan, dispositif d'évaluation et d'amélioration de la qualité des données des plans de surveillance et de contrôle des contaminants de la chaîne alimentaire pilotés par la Direction générale de l'alimentation (DGAL) ». Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 95 (6) : 1-4

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Roger Genet

Directeur associé : Maud Faipoux

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljär

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiolo@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166

Pour la campagne 2020, 80 % des données PS/PC ont été intégrées dans le dispositif Qualiplan. En fonction de l'intégration de nouveaux plans ainsi que l'évolution de la réglementation, le dispositif est évolutif et pourra intégrer de nouveaux critères d'évaluation de la qualité des données au travers de nouveaux indicateurs. L'évaluation et le suivi de la qualité des données sont des thématiques prédominantes au sein des plateformes d'épidémiologie française. Ainsi, un guide pratique et interactif sur la qualité des données de surveillance est désormais à disposition suite aux travaux du groupe de suivi inter-plateforme dédié à cette thématique².

Remerciements

L'équipe Qualiplan tient à remercier l'ensemble des collaborateurs et collaboratrices du projet.

Références bibliographiques

DGAL, 2020. Bilan 2020 plans de surveillance et plans de contrôle

¹ <https://www.plateforme-sca.fr/>

² <https://wiki.esa.inrae.fr/books/guide-pratique-sur-la-qualite-des-donnees-de-surveillance>

Un clone hybride d'*Escherichia coli* shigatoxinogène et entérotoxino-gène responsable de la maladie de l'œdème chez le sanglier sauvage (*Sus scrofa*)

Alexandre Perrat¹, Geoffrey Petit^{2,3,4}, Karine Chalvet-Monfray^{3,4}, Guy-Pierre Martineau⁵, Fabrice Etienne⁶, Sylvia Turci⁷, Marie-Hélène Bayon-Auboyer⁷, Vladimir Grosbois², Priscilla Branchu¹, Hubert Brugère¹, Eric Oswald^{1,8}, Anouk Decors⁹, Frédéric Auvray¹

Auteur correspondant : frederic.auvray@envt.fr

¹ IRSD, Université de Toulouse, INSERM, INRAE, ENVT, UPS, Toulouse

² CIRAD, UMR ASTRE, Montpellier.

³ Université de Lyon, INRAE, VetAgro Sup, UMR EPIA, Marcy-l'Etoile

⁴ Université Clermont Auvergne, INRAE, VetAgro Sup, UMR EPIA, Saint-Genès-Champagnelle

⁵ Université de Toulouse, ENVT, Toulouse

⁶ Fédération départementale des chasseurs de l'Ardèche, Saint-Étienne-de-Boulogne.

⁷ Labocea, Ploufragan

⁸ CHU Toulouse, Hôpital Purpan, Service de Bactériologie-Hygiène, Toulouse.

⁹ OFB, Direction de la recherche et de l'appui scientifique, Unité sanitaire de la faune, Orléans.

Résumé

La maladie de l'œdème affecte le porc domestique et se caractérise par une entéro-toxémie aiguë souvent fatale, causée par des souches de *Escherichia coli* productrices de shigatoxines (STEC). A partir de 2013, des épidémies de cette maladie sont apparues pour la première fois chez le sanglier sauvage en France, dans des conditions naturelles. Les investigations épidémiologiques suggèrent une forte saisonnalité pour cette maladie, probablement liée à la dynamique des mises-bas étant donné que les jeunes en cours de sevrage sont les plus sensibles à la maladie. L'étude du gène de l'alpha-1-fucosyltransferase (FUT1) a également permis de mettre en évidence la sensibilité des sangliers à la maladie de l'œdème. Enfin, le séquençage du génome des souches de STEC isolées des sangliers a montré qu'elles appartenaient au sérotype O139:K82:H1 et possédaient un prophage codant la shigatoxine Stx2e ainsi que deux plasmides, l'un codant des adhésines F18, l'autre des entérotoxines typiques des *E. coli* entérotoxino-gènes (ETEC). Les souches responsables de la maladie de l'œdème chez le sanglier correspondent ainsi à un pathotype

Abstract

Title: A hybrid clone of Shiga toxigenic and enterotoxigenic *Escherichia coli* responsible for edema disease outbreaks in wild boars (*Sus scrofa*)

Edema disease affects domestic pigs and is characterized by acute, often fatal, enterotoxaemia caused by strains of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC). From 2013, outbreaks of this disease occurred for the first time in wild boars, in France, under natural conditions. Epidemiological investigations suggest a strong seasonality for this disease, probably linked to the dynamics of farrowing, given that the young animals at the weaning period are the most susceptible to the disease. The study of the alpha-1-fucosyltransferase (FUT1) gene highlighted the susceptibility of wild boars to edema disease. Finally, the sequencing of the genomes of wild boar STEC strains showed that they belonged to serotype O139:K82:H1 and possessed a prophage encoding Shiga toxin Stx2e as well as two plasmids, one encoding F18 adhesins, the other enterotoxins typical of enterotoxigenic *E. coli* (ETEC). The strains responsible for edema disease in wild boar thus correspond to a STEC/ETEC

hybride STEC/ETEC O139:K82:H1 qui n'avait jamais été décrit chez le porc. Ces travaux apportent un éclairage sur la plasticité des génomes bactériens, et sur le rôle de la faune sauvage comme réservoir ou révélateur de la circulation d'agents infectieux encore non détectés chez le porc domestique.

Mots-clés

maladie de l'œdème, sangliers, porcs, *Escherichia coli*, STEC, ETEC

O139:K82:H1 hybrid pathotype which had never been described in pigs. This work sheds light on the plasticity of bacterial genomes, and on the role of wildlife as a reservoir or indicator of the spread of new pathogens not previously detected in domestic pigs.

Keywords

edema disease, wild boars, pigs, *Escherichia coli*, STEC, ETEC

Introduction

La maladie de l'œdème (MO) qui affecte le porc domestique se caractérise par une entéro-toxémie aiguë souvent fatale, provoquée par un pathotype particulier de *Escherichia coli*. Ces *E. coli* pathogènes appartiennent principalement aux sérotypes¹ O138:K81:NM, O139:K82:H1 et O141:K85:H4. Ils prolifèrent dans l'intestin grêle et produisent une shigatoxine (Stx2e), responsable de lésions de l'endothélium vasculaire. Il en résulte des œdèmes généralisés et pas toujours visibles macroscopiquement, des morts subites et des signes neurologiques consécutifs à l'œdème cérébral (Fairbrother et al. 2019).

Les premiers cas de MO chez des suidés sauvages ont été diagnostiqués dans une population de sangliers en Ardèche en 2013 (Decors et al., 2015). D'autres cas ont également été recensés les trois années suivantes dans ce même département, ainsi que deux nouveaux foyers en 2016 et 2019, dans les Pyrénées-Orientales (Decors et al., 2017) et dans la Drôme, respectivement. Les tableaux lésionnels et cliniques de la MO chez le sanglier sont les mêmes que ceux observés chez le porc. Les principaux signes cliniques rapportés sur le terrain sont l'ataxie (démarche ébrieuse) et les convulsions. Les principales lésions macroscopiques observées sur les cadavres sont un œdème palpébral et du mésocolon, un épanchement thoracique, abdominal et péricardique, une colite (inflammation du colon) congestivo-hémorragique.

L'émergence et le maintien de la MO dans la population de sangliers dépendent très certainement de nombreux facteurs (stress alimentaire, densité de sangliers, facteurs de comorbidité, facteurs génétiques, caractéristiques

de l'agent pathogène). Cet article décrit les principaux résultats obtenus à partir des investigations épidémiologiques et des analyses génétiques réalisées sur les sangliers et sur les souches d'*E. coli* responsables des cas de MO, en vue de fournir un nouvel éclairage sur les facteurs ayant conduit à l'émergence de cette maladie dans la faune sauvage.

Résultats

Forte saisonnalité des cas de maladies de l'œdème

En Ardèche, entre 2013 et 2016, 82 % des sangliers ardéchois suspects de MO (car présentant des signes cliniques et lésions évocateurs de cette maladie) étaient des individus âgés de moins d'un an, et 73 % présentaient un bon état corporel. Les mortalités étaient concentrées dans le centre de l'Ardèche, excepté une faible mortalité localisée dans le sud du département durant la dernière année d'étude. Le nombre de cas observés annuellement a diminué sur la période 2013-2016 (**Figure 1**). Pendant cette période d'étude, la date de démarrage et la durée de l'épizootie ont varié d'une année sur l'autre. Néanmoins, la concentration des cas du début de l'été jusqu'à la fin de l'automne suggère une forte saisonnalité de la maladie. Comme cela a été rapporté chez le porc domestique, les jeunes animaux semblent plus touchés, particulièrement durant la période de sevrage. Il est donc plausible que la saisonnalité marquée soit liée à la dynamique des mises-bas. Le démarrage de l'épisode de mortalité pourrait en effet coïncider avec la période de sevrage qui suit le pic de naissance.

¹ Les sérotypes d'*E. coli* sont décrits par la combinaison d'antigènes somatiques (O), capsulaires (K) et flagellaires (H)

Susceptibilité génétique du sanglier vis-à-vis de la maladie de l'œdème

Le risque d'apparition et de maintien de la maladie dans une population dépend de nombreux facteurs, parmi lesquels le facteur génétique. L'adhésion des souches de *E. coli* responsables de la maladie de l'œdème à la muqueuse intestinale et leur multiplication dans l'intestin (conditions préalables au développement des signes cliniques), dépendent de la présence de récepteurs intestinaux reconnus par les adhésines de type F18 produites par les souches de *E. coli*. La production de ces récepteurs est régulée par le gène de l'alpha-1-fucosyltransferase (FUT1), lequel présente des variants alléliques. Selon l'allèle du gène FUT1 qu'ils possèdent dans leur patrimoine génétique, les animaux sont alors soit résistants, soit sensibles aux infections à *E. coli* F18+. L'analyse du polymorphisme du gène FUT1 a montré que tous les sangliers échantillonnés dans plusieurs départements du sud de la France possédaient l'allèle du gène FUT1 conférant une sensibilité aux *E. coli* F18+ (Petit *et al.*, 2020).

Un seul et même clone d'*E. coli* O139:K82:H1 responsable des épizooties

Les génomes des souches de *E. coli* isolées des sangliers ont été séquencés et comparés à ceux de souches retrouvées chez le porc domestique. L'analyse phylogénétique de 28 souches de *E. coli* O139:K82:H1 isolées de sangliers suspects de MO (21 provenant de l'Ardèche entre 2013 et 2016, et 7 de la Drôme en 2019) et de 30 souches de *E. coli* O139:K82:H1 isolées de porcs élevés dans différentes régions ou départements français (13 en Bretagne, 2 dans les Hautes-Alpes et 1 en Dordogne) ou à l'étranger a montré que les souches de sangliers étaient regroupées au sein d'un seul groupe (ou clade, nommé « WB1 »), distinct des groupes formés par les souches porcines (Figure 2) (Perrat *et al.* 2021). Les souches de sangliers sont extrêmement proches d'un point de vue génomique, avec un nombre de SNP (Single Nucleotide Polymorphism) très faible (inférieur à 10), suggérant l'existence d'un seul et même clone se propageant lentement à partir du foyer primaire de 2013. On notera que les souches isolées dans la Drôme en 2019 sont regroupées dans un sous-groupe au sein du clade WB1, suggérant une augmentation de la variabilité génétique de ce clone dans le temps et/ou dans l'espace.

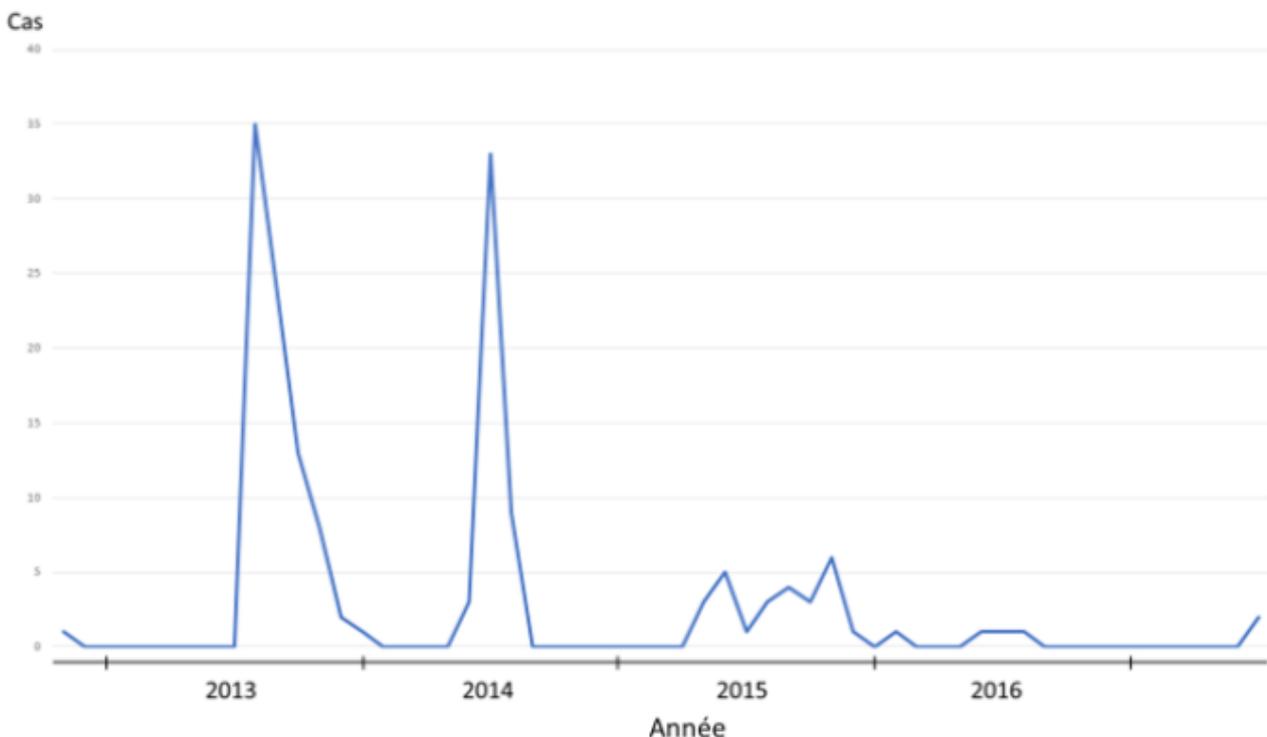


Figure 1. Evolution de la mortalité observée liée à la MO en Ardèche de 2013 à 2016.

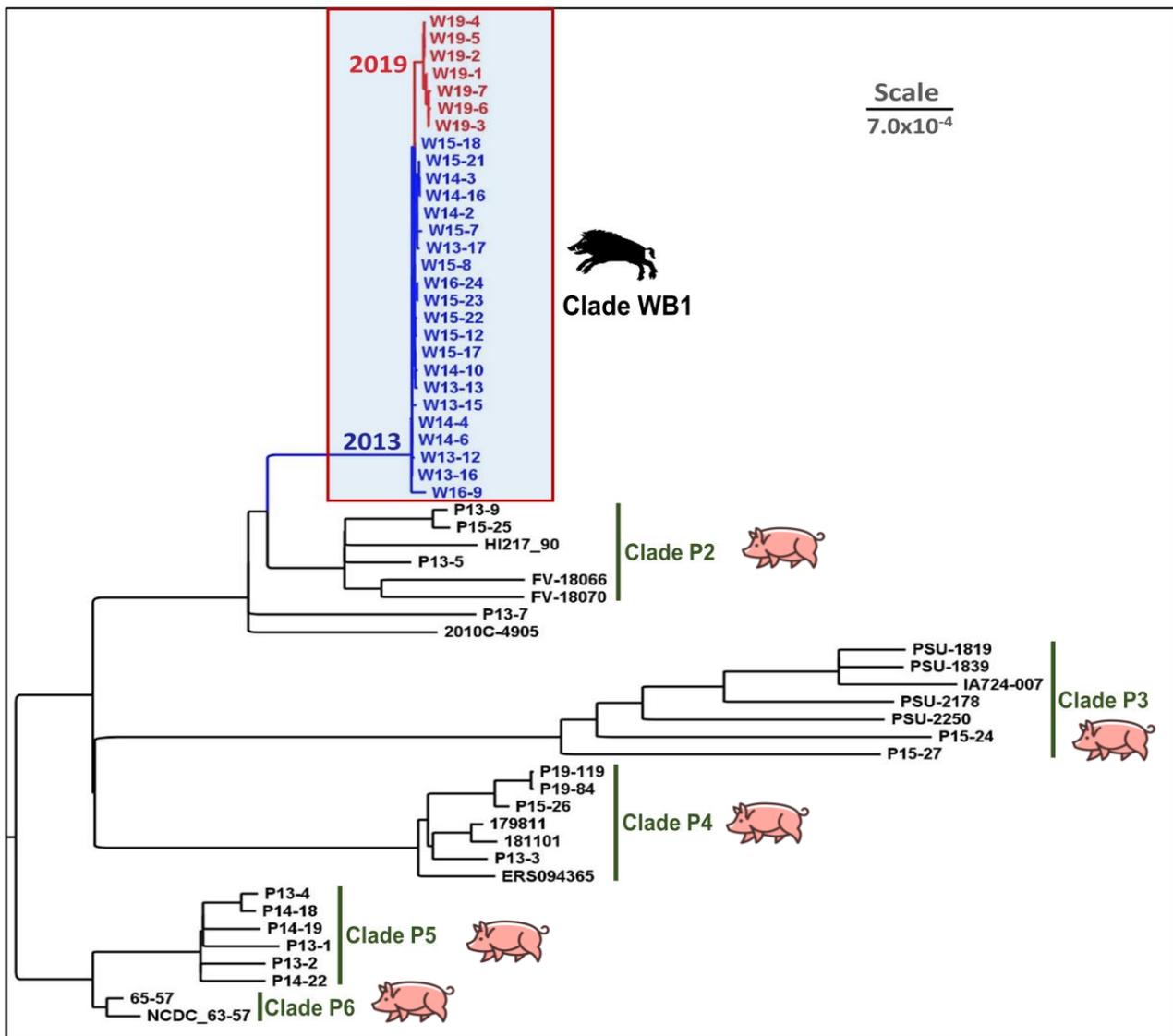


Figure 2. Arbre phylogénétique basé sur le génome cœur de souches de *E. coli* O139:K82:H1 provenant d'animaux atteints ou suspects de maladie de l'œdème. Cet arbre comprend 63 isolats, dont 28 issus de sangliers français et 30 de porcs domestiques d'origines française (n=16) ou étrangère (n=14). Le clade des souches de sangliers (WB1) est encadré et représenté dans la partie supérieure de l'arbre ; les souches de ce clade sont colorées selon l'origine et l'année d'isolement (bleu : Ardèche, 2013-2016 ; rouge : Drôme, 2019). Les clades de souches porcines sont numérotés de P2 à P6.

Un pathotype d'*E. coli* hybride shigatoxinogène et entérotoxinogène

L'analyse du génome des souches de *E. coli* isolées de sangliers a également permis d'identifier sur le chromosome la présence d'un prophage contenant les gènes codant la shigatoxine Stx2e, conférant ainsi à ces souches le pathotype STEC (Shiga toxin-producing *E. coli*) (Figure 3) (Perrat et al. 2021). Cette analyse a également révélé l'existence de deux plasmides (Figure 3). Le premier plasmide est classiquement retrouvé chez les souches de *E. coli* O139:K82:H1 porcines, et code les fimbriae (facteur d'attachement) de type F18ab impliqués dans la

colonisation intestinale. Caractéristique originale, le second plasmide est rarement retrouvé chez les souches O139:K82:H1 porcines, et contient des gènes codant les entérotoxines Sta1 et Stb qui sont typiques de souches de *E. coli* entérotoxinogènes (ETEC), du séro groupe O138 ou O141 notamment, à l'origine de colibacilloses chez le porc (Fairbrother et al. 2005 ; Jardin et al. 2017). Les souches de sanglier possèdent donc un statut hybride STEC/ETEC leur conférant une virulence particulière. Par ailleurs, aucun gène de résistance aux antibiotiques n'a été détecté dans le génome de ces souches, dont la sensibilité aux antibiotiques a été confirmée à l'aide d'antibiogrammes.

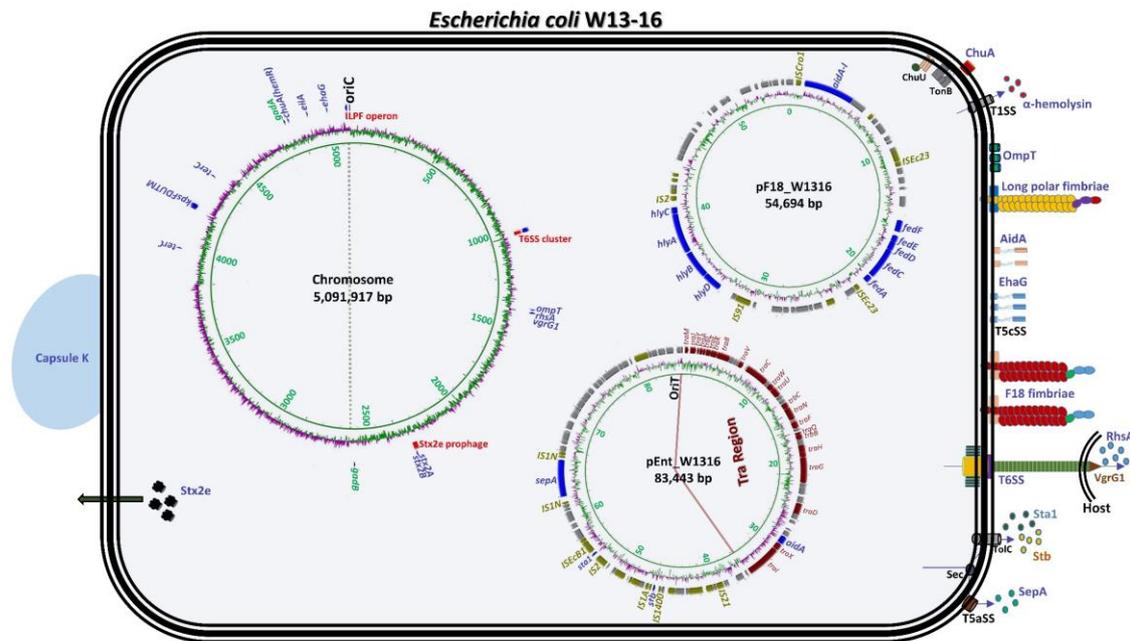


Figure 3. Résumé des principaux facteurs de virulence de la souche W13-16, représentative des souches de *E. coli* O139:K82:H1 responsables des épidémies de maladie de l'œdème chez les sangliers. Les facteurs de virulence sont représentés schématiquement et leurs gènes sont indiqués sur les cartes circulaires du chromosome et des deux plasmides identifiés. Les séquences d'insertion (IS) et les gènes impliqués dans le transfert conjugatif (région tra) sont également indiqués sur les cartes plasmidiques. La toxine Stx2e est codée par un phage intégré dans le chromosome, l'adhésine F18 (FedA) par le plasmide pF18_W1316 et les entérotoxines (Sta1 et Stb) par le plasmide pEnt_W1316.

DISCUSSION - CONCLUSION

L'apparition et le maintien de la maladie dans les populations de sangliers est très certainement multifactorielle (Petit et al. 2020).

Cette étude a tout d'abord montré que les sangliers présents dans le sud de la France sont prédisposés génétiquement à la MO car ils possèdent l'allèle du gène FUT1 conférant une sensibilité aux *E. coli* porteurs des facteurs d'adhésion F18. Il est alors possible de voir apparaître en France de nouveaux foyers de cette maladie chez le sanglier. On ne peut exclure cependant à ce stade que d'autres facteurs génétiques interviennent dans la sensibilité à cette maladie.

Cette étude a également permis de mettre en évidence qu'un clone hybride STEC/ETEC O139:K82:H1 était à l'origine des différentes épizooties de MO chez le sanglier en Ardèche et dans la Drôme. Ce clone n'avait jamais été décrit chez le porc et se distingue des souches STEC O139:K82:H1 porcines par la présence d'un plasmide codant des entérotoxines probablement acquis par transfert génétique horizontal. De plus, l'absence de gènes de résistance aux antibiotiques suggère que ce clone n'a été soumis à aucune pression de sélection (généralement observée lors de l'utilisation d'antibiotiques). Ainsi ces éléments

suggèrent que l'apparition des cas de MO chez les sangliers n'est pas due à une contamination de ces derniers par des élevages de porcs.

Toutefois, les souches porcines domestiques utilisées comme référence provenaient majoritairement du nord-ouest. On ne peut donc exclure complètement une transmission de ce clone à partir d'élevages porcins locaux dont la présence a été rapportée (67 élevages répertoriés en 2012, la majorité en plein air) ou de porcs vietnamiens féralisés, c'est à dire des animaux domestiques de compagnie retournés à l'état sauvage. Leur présence a également été rapportée à de nombreuses reprises, notamment en 2013 au milieu de la zone géographique touchée par la MO.

Si des élevages porcins ou des porcs de compagnie retournés à l'état sauvage auraient pu constituer une source du clone STEC/ETEC O139:K82:H1, ce dernier n'a été retrouvé à l'heure actuelle que chez les sangliers qui semblent donc constituer son unique hôte. Les caractéristiques génomiques particulières de ce clone (notamment son répertoire de gènes de virulence, son génome accessoire et son appartenance à un clade phylogénétique à part) pourraient lui conférer une adaptation particulière au sanglier ainsi qu'une certaine virulence, à l'origine de l'émergence de la MO au sein de la population de sangliers. Ce clone pourrait constituer une menace pour les élevages porcins en plein-air si les règles de biosécurité pour

protéger les animaux des contacts avec la faune sauvage (qu'ils soient directs ou indirects via les matières fécales) ne sont pas respectées.

En conclusion, ces travaux ont permis d'apporter un nouvel éclairage sur la flexibilité des génomes bactériens, et sur le rôle de la faune sauvage comme réservoir ou révélateur de circulation de nouveaux pathogènes. Ils illustrent également l'importance du respect des mesures de biosécurité dans les élevages de suidés, et mettent en lumière la nécessité de développer des programmes de surveillance de la faune sauvage mais aussi des compartiments domestiques (animaux de compagnie).

Remerciements

Les auteurs remercient les fédérations départementales des chasseurs de l'Ardèche et de la Drôme, ainsi que les vétérinaires praticiens, les laboratoires vétérinaires départementaux et les agents de l'office biodiversité pour leur participation à cette étude.

Références bibliographiques

Decors, A., Morvan, H., Galivel, J., Agnes, C. & Lemberger, K. 2017. Brève. Nouveau foyer de maladie de l'œdème chez le Sanglier, massif des Albères, Pyrénées-Orientales. *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* n°78 : 12. https://be.anses.fr/sites/default/files/M-85_2017-05-19_MalOedeme.pdf

Decors, A., Richomme, C., Morvan, H., Botteron, C., Nicolier, A., Rambaud, F., Berny, P., Gault, G., Belli, P. & Le Potier, M.-F. 2015. Diagnostiquer un problème de santé dans la faune sauvage : exemple de la maladie de l'œdème chez le sanglier sauvage (*Sus scrofa*) en Ardèche. *Bulletin*

épidémiologique, santé animale et alimentation n°69 : 2-7.

<https://be.anses.fr/sites/default/files/BEP-mg-BE69.pdf>

Fairbrother JM, Nadeau É. Colibacillosis. In: Diseases of swine. 11th edition. Hoboken (NJ): Wiley-Blackwell; 2019. p. 807–34.

Fairbrother JM, Nadeau E, Gyles CL. *Escherichia coli* in postweaning diarrhea in pigs: an update on bacterial types, pathogenesis, and prevention strategies. *Anim Health Res Rev.* 2005;6:17–39. <https://doi.org/10.1079/AHR2005105>

Jardin A, Leneveu P, Bayon-Auboyer M-H, Morvan H, Moalic P-Y, Le Guennec J, et al. Diagnostic de la maladie de l'œdème chez le porc en France: bilan des connaissances acquises depuis 2014 par la PCR de génotypage des *Escherichia coli*. *Journées de la Recherche Porcine en France.* 2017;49:177–82 [cited 2021 Jul 2]. <http://www.journeesrecherche-porcine.com/texte/2017/santeanimale/S01.pdf>

Perrat, A., Branchu, P., Decors, A., Turci, S., Bayon-Auboyer, M.-H., Petit, G., Grosbois, V., Brugère, H., Auvray, F., Oswald, E. Wild boars as reservoir of highly virulent clone of hybrid Shiga toxigenic and enterotoxigenic *Escherichia coli* responsible for edema disease, France. *Emerging Infectious Diseases* 28:382-393. <https://doi.org/10.3201/eid2802.211491>

Petit, G., Grosbois, V., Chalvet-Monfray, K., Ducos, A., Desmecht, D., Martineau, G.-P. & Decors, A. 2020. Polymorphism of the Alpha-1-Fucosyltransferase (FUT1) Gene in Several Wild Boar (*Sus Scrofa*) populations in France and Link to Edema Disease ». *Research in Veterinary Science* 131: 78-86. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.03.025>

Pour citer cet article :

Perrat A., Petit G., Chalvet-Monfray K., Martineau G-P., Etienne F., Turci S., Bayon-Auboyer M-H., Grosbois V., Branchu P., Brugère H., Oswald E., Decors A., Auvray F. 2022. « Un clone hybride d'*Escherichia coli* shigatoxinogène et entérotoxinogène responsable de la maladie de l'œdème chez le sanglier sauvage (*Sus scrofa*) » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 95 (7) : 1-6

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Roger Genet

Directeur associé : Maud Faipoux

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,

Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljär

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiolo@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166

Élaboration d'un guide pratique pour des données de qualité

Cécile Bouveret¹, Pauline Bres², Sophie Carles³, André Chabert⁴, Diane Cuzzucoli⁵, Marie Grosdidier⁶, Lucie Michel⁶, Charlotte Rüger⁷, Fanny Tenenhaus-Aziza⁸

Auteur correspondant : lucie.michel@inrae.fr

¹ OQUALIM, 41 bis Boulevard La Tour-Maubourg, 75007 Paris, France

² Plateforme SCA, ANSES, Unité Épidémiologie et Appui à la Surveillance (EAS), 69007 Lyon, France

³ Plateforme ESA, INRAE, UMR EPIA, 69280 Marcy-l'Étoile, France

⁴ ACTA - les instituts techniques agricoles, Agrapole 23 rue Jean Baldassini 69 364 Lyon Cedex 07, France

⁵ MASA, DGAL, Bureau de la gestion intégrée du risque, 251 Rue de Vaugirard, 75015, Paris, France

⁶ Plateforme ESV, INRAE, BioSP, 84000 Avignon, France

⁷ Plateforme ESA-ESV-SCA, ANSES, Unité Épidémiologie et Appui à la Surveillance (EAS), 69007 Lyon, France

⁸ CNIEL, 42 rue du Châteaudun, 75009 Paris, France

Mots-clés

guide, qualité des données, bonnes pratiques, plateformes nationales d'épidémiologie

Keywords

guidelines, data quality, good practices, epidemiological surveillance platform

Dans le contexte actuel de crises sanitaires (pandémie, rappel de produits, etc), nous ne pouvons que constater le rôle crucial des dispositifs de surveillance et de l'analyse des données qui en résultent. L'objectif de la surveillance est de connaître, dans des délais appropriés, l'état sanitaire et phytosanitaire d'un territoire ou le statut sanitaire des aliments afin de mettre en œuvre des actions de maîtrise et de gestion. L'analyse des données issues des dispositifs de surveillance permet de faire un diagnostic de l'objet de la surveillance, d'effectuer des prédictions, de consolider et d'optimiser le dispositif de surveillance au fil du temps. Cela contribue à améliorer les connaissances et la gestion relative à un agent chimique, biologique (agent pathogène, phytopathogène) ou physique afin de mettre en place des actions plus efficaces contre ceux-ci.

Des données de qualité, en terme de fiabilité, crédibilité, robustesse sont donc primordiales pour le bon fonctionnement des dispositifs de surveillance tels que ceux mis en place et/ou étudiés au sein des Plateformes d'Épidémiologie et Appui à la Surveillance en Santé Végétale (ESV), Santé Animale (ESA) et la Plateforme de Surveillance de la Chaîne Alimentaire (SCA). Au regard de la qualité très inégale des données traitées au sein des plateformes et dans une perspective d'amélioration continue de cette qualité, un groupe de suivi inter-plateformes sur la qualité des données de surveillance a été mis en

place. Ce groupe d'experts multidisciplinaire a pour objectif de rassembler des bonnes pratiques et des grands principes à travers un guide en s'appuyant sur les retours d'expériences des contributeurs et la littérature disponible. Ce guide propose des recommandations, applicables par tous les acteurs de la surveillance, pour garantir la qualité des données en s'appuyant sur des exemples concrets.

Composé de quatre chapitres, le guide rappelle et explicite :

- le contexte des travaux du groupe de suivi ;
- la définition de la qualité des données de surveillance et ses composantes ;
- les grands principes et les bonnes pratiques à adopter à toutes les étapes de vie de la donnée : identification des données utiles selon l'objectif de la surveillance ; méthode pour obtenir des données de qualité à différentes étapes du dispositif de surveillance (conception ou appropriation d'une base de données, diffusion des données) (**Figure 1**) ; évaluation de la qualité des données grâce à des indicateurs.
- l'importance d'animer / sensibiliser les acteurs à la qualité des données au sein d'un dispositif pour assurer une amélioration continue de cette qualité.

Pour chaque partie, un point synthétise les principales recommandations.

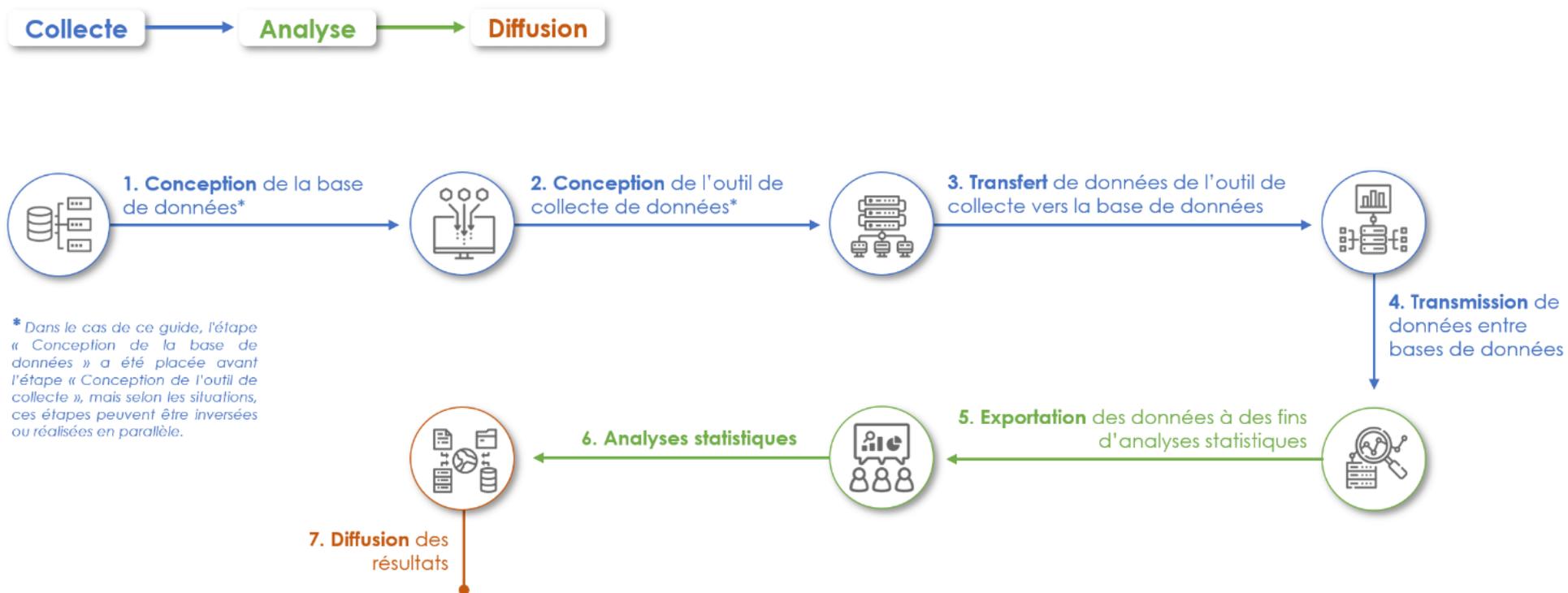


Figure 1. Étapes clés de la vie de la donnée de surveillance

Cinq annexes viennent compléter les chapitres du guide. Elles sont constituées d'exemples concrets, un modèle de plan d'analyse de données permettant d'organiser la gestion et le traitement des données avant leur collecte afin qu'elles répondent aux objectifs identifiés, un exemple de formalisation de dictionnaire des variables, un recensement non exhaustif des nomenclatures et standards utiles dans les domaines de la santé animale, végétale et sécurité des aliments, et un tableau synthétique des différents indicateurs de qualité mentionnés dans le guide pratique.

Ce guide est disponible en libre accès sur le web dans un format interactif (wiki)¹ et peut être téléchargé en PDF. Il peut se consulter comme un livre (en suivant les chapitres) ou comme un recueil dynamique en allant rechercher l'information d'intérêt en naviguant d'une partie à une autre grâce à des liens hypertextes.

Ce guide a vocation à évoluer. De nouveaux exemples pourront être ajoutés en fonction des situations rencontrées ainsi que de nouvelles

thématiques identifiées au sein des 3 plateformes. Il sera donc mis à jour selon le besoin. Par ailleurs, des fiches synthétiques, résumant les essentiels, sont en cours de rédaction par le groupe de suivi.

Suivre les recommandations de ce guide permettra à chacun d'améliorer la qualité des données qu'il collecte, traite ou diffuse.

Remerciements :

Le Groupe de Suivi sur la qualité des données de surveillance tient à remercier l'ensemble des personnes ayant participé à la relecture du guide, à la rédaction des exemples en annexes et à la mise en forme de la version wiki.

Référence bibliographique :

Guide Qualité des données :
<https://wiki.esa.inrae.fr/books/guide-pratique-sur-la-qualite-des-donnees-de-surveillance>

Pour citer cet article :

Bouveret C., Bres P., Carles S., Chabert A., Cuzzucoli D., Grosdidier M., Michel L., Rüger C., Tenenhaus-Aziza F. 2022 « Titre » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 95 (8) :1-3.

Le Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation est une publication conjointe de la Direction générale de l'alimentation et de l'Anses.

Directeur de publication : Benoît Vallet

Directeur associé : Maud Faipoux

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier, Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoît

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Céline Richomme, Jackie

Tapprest, Sylvain Traynard

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljar

Responsable d'édition :
 Fabrice Coutureau Vicaire

Assistante d'édition :

Flore Mathurin

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166

¹ <https://wiki.esa.inrae.fr/books/guide-pratique-sur-la-qualite-des-donnees-de-surveillance>

Directeur de publication : Roger Genet
Directeur associé : Bruno Ferreira
Directrice de rédaction : Emilie Gay
Rédacteur en chef : Julien Cauchard
Rédacteurs adjoints : Hélène Amar, Jean-Philippe Amat,
Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier,
Yves Lambert

Comité de rédaction : Anne Brisabois,
Benoit Durand, Françoise Gauchard,
Guillaume Gerbier, Marion Laurent,
Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant,
Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard
Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljar
Responsable d'édition: Fabrice Coutureau Vicaire
Assistante d'édition: Flore Mathurin

Anses - www.anses.fr
14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort Cedex
Courriel : bulletin.epidemie@anses.fr
Conception et réalisation: Parimage
Crédits photos: Anses, 123RF

Dépôt légal : décembre 2022 / ISSN 1630-8018



**RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE**

*Liberté
Égalité
Fraternité*



anses