



# Bulletin épidémiologique

Santé animale - alimentation

2024 / numéro 102  
**Numéro spécial  
Sécurité sanitaire  
des aliments (SSA)**

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.

## **ARTICLE 1**

Le dispositif de surveillance officielle des contaminants dans la chaîne alimentaire sous police sanitaire unique de l'alimentation

## **ARTICLE 2**

Contamination par *Yersinia enterocolitica* pathogène des joues, langues et autres viandes de porc à la distribution, plan exploratoire 2023

## **ARTICLE 3**

Antibiorésistance des souches de *Campylobacter jejuni* et *Campylobacter coli* issues des plans de surveillance chez le porc et le veau, au stade de l'abattoir

## **ARTICLE 4**

Contamination des viandes fraîches de volaille par *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. et *Clostridioides difficile* au stade de la distribution, plan de surveillance officiel, 2022

Réalisé par l'Anses et la direction générale de l'Alimentation (DGAL) du ministère en charge de l'Agriculture, le *Bulletin épidémiologique Santé animale - Alimentation* est un outil d'échange d'informations à destination des agents de l'Anses, de la DGAL et de l'ensemble des acteurs locaux, régionaux et nationaux œuvrant dans le champ de la santé animale et de la sécurité sanitaire des aliments.

Ce numéro spécial du *Bulletin épidémiologique* présente un bilan de l'organisation et des résultats des principaux dispositifs de surveillance des contaminants chimiques et biologiques de la chaîne alimentaire. Il témoigne de l'étroite collaboration dans laquelle travaillent la DGAL, l'Anses et les autres acteurs de la sécurité sanitaire à travers les personnes impliquées, d'une part, dans la surveillance, la détection et l'identification des dangers sanitaires et, d'autre part, l'investigation épidémiologique et la gestion des situations de contamination. Les regards croisés des gestionnaires, des acteurs de la surveillance et des scientifiques contribuent à une analyse et une interprétation plus fines de la situation sanitaire et des dispositifs de surveillance en place.

## Le dispositif de surveillance officielle des contaminants dans la chaîne alimentaire sous police sanitaire unique de l'alimentation

Diane Cuzzucoli<sup>1</sup>, Marie Brunet<sup>1</sup>

Auteur correspondant : [diane.cuzzucoli@agriculture.gouv.fr](mailto:diane.cuzzucoli@agriculture.gouv.fr)

<sup>1</sup> Ministère de l'Agriculture et de la Souveraineté Alimentaire, Direction Générale de l'Alimentation, Sous-Direction Europe International et Gestion Intégrée du risque, Paris, France

**Mots clés :** surveillance, contrôles officiels, sécurité sanitaire des aliments

**Keywords:** Surveillance, official controls, food safety

Depuis 2017, le règlement (UE) 2017/625 prévoit que chaque Etat membre structure un plan national de contrôles officiels pluriannuels (MANCP). Pour garantir la sécurité sanitaire des aliments produits et/ou consommés en France, deux types de contrôles officiels sont mis en œuvre par les autorités: i/les inspections d'établissements producteurs et distributeurs de denrées et ii/des campagnes de surveillance et de contrôle sur la chaîne alimentaire. Ainsi, dans le cadre du système français de sécurisation sanitaire de la chaîne alimentaire (PNCOPA), la direction générale de l'alimentation (DGAL) pilote et coordonne la mise en œuvre du dispositif de plans de surveillance et de plans de contrôle (PSPC). La mise en place de la Police sanitaire unique de l'alimentation (PSU) en 2023 représente l'opportunité d'un élargissement significatif du périmètre de contrôle du dispositif PSPC et permet de donner une nouvelle impulsion stratégique à l'organisation au sein du dispositif.

### Une surveillance intégrée de la chaîne alimentaire

Le décret n° 2022-840 relatif aux attributions du Ministère de l'agriculture et de la souveraineté alimentaire (MASA) porte sur le transfert des compétences en sécurité sanitaire des aliments (SSA) de la DGCCRF vers la DGAL. Le dispositif PSPC couvre dès lors l'ensemble de la chaîne alimentaire,

de l'alimentation animale et la production primaire (animale et végétale) à la mise sur le marché national, avec plus de 70 000 prélèvements programmés par an. Des prélèvements sont également réalisés aux frontières de l'Union européenne, pour vérifier la conformité des denrées importées avec les exigences de l'Union<sup>1</sup>. Le dispositif sous PSU assure la surveillance des contaminants chimiques et résidus de pesticides autorisés ou interdits, des contaminants biologiques, des améliorants alimentaires, des OGM non autorisés, des radionucléides et des denrées traitées par ionisation.

Un second projet lié à la réforme de la SSA (outre la création de la PSU) a pris effet au 1<sup>er</sup> janvier 2024, avec la délégation à des tiers (laboratoires) d'une partie des prélèvements du dispositif (à la transformation et à la distribution) en France hexagonale uniquement (hors Corse). La programmation, le suivi et la valorisation des données restent de la responsabilité directe du MASA.

### Pilotage stratégique et coordination opérationnelle

Les objectifs du dispositif sont de différents ordres: 1) éviter la mise sur le marché de productions non conformes; 2) identifier des mauvaises pratiques d'hygiène ou d'utilisation de certaines substances;

<sup>1</sup> L'élargissement du périmètre de contrôles officiels du dispositif, après mise en place de la PSU, ne concerne pas les contrôles programmés sur les denrées d'origine non

animale avant dédouanement en postes de contrôles frontaliers, qui sont réalisés par la Direction Générale des Douanes et Droits Indirects.

3) améliorer la connaissance sur les niveaux de contamination dans les productions primaires, les aliments pour animaux et les denrées alimentaires ;  
4) apporter des garanties sanitaires sur les produits, à l'importation et à l'exportation et ce désormais, sur l'ensemble de la chaîne alimentaire.

Au-delà des défis d'ordre opérationnel liés à cette réforme, deux axes transversaux stratégiques ont été développés au sein du dispositif depuis la réforme, en lien avec les bureaux métiers et les Laboratoires Nationaux de Référence :

- l'intégration des nouvelles filières et des nouveaux types de contaminants associée au transfert de mission en SSA (e.g fruits et légumes, compléments alimentaires, boissons) ;

- le développement d'une méthodologie structurée d'analyse des risques, avec établissement de profils de risque, qui permettra la priorisation de différentes problématiques sanitaires pour orienter la surveillance officielle. Pour cela la DGAL se base sur de récents travaux de l'Anses (Anses, 2020 ; Audiat-Perrin et al., 2024) et collabore avec l'Agence pour l'opérationnalisation de la méthode sur l'ensemble des dangers et des couples dangers - aliments retenus.

#### **Pour citer cet article :**

Cuzzucoli, D., Brunet, M.. 2024. « Le dispositif de surveillance officielle des contaminants dans la chaîne alimentaire sous police sanitaire unique de l'alimentation » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation n° 102 (1) : 1-2.

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

Ces développements stratégiques, et intégrés sur la chaîne alimentaire, s'inscrivent en cohérence avec la réforme à l'origine de la création de la police sanitaire unique de l'alimentation.

## Références bibliographiques

Anses. 2020. *Avis et rapport d'expertise. Hiérarchisation des dangers biologiques et chimiques dans le but d'optimiser la sécurité sanitaire des aliments : Méthodologie et preuve de concept.* Disponible : <https://www.anses.fr/fr/system/files/BIORISK2016SA0153Ra.pdf>

Audiat-Perrin, F., Guillier, L., Augustin, J.C., Bornert, G., Federighi, M., Gautier, M., Jourdan-da Silva, N., Pouillot, R., Merad, M., on behalf of the Anses Working Group on Prioritization of food risks, Sanaa, M., et Kooh, P. 2024. Into the Jungle of Biological Agents of Foodborne Diseases: Time to Put Some Order for the French Risk Manager. *Foodborn Pathogens and Disease*, 21(9):536-545. DOI: 10.1089/fpd.2023.0105

Décret n° 2022-840 du 1<sup>er</sup> juin 2022 relatif aux attributions du ministre de l'agriculture et de la souveraineté alimentaire. NOR : AGRX2215204. JORF n°0127 du 2 juin 2022

**Directeur de publication :** Benoît Vallet  
**Directeur associé :** Maud Faipoux  
**Directrice de rédaction :** Emilie Gay  
**Rédacteur en chef :** Julien Cauchard  
**Rédacteurs adjoints :** Jean- Philippe Amat, Diane Cuzzucoli, 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, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard  
**Secrétaire de rédaction :** Virginie Eymard  
**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

**Sous dépôt légal :** CC BY-NC-ND  
**ISSN :** 1769-7166

## Contamination par *Yersinia enterocolitica* pathogène des joues, langues et autres viandes de porc à la distribution, plan exploratoire 2023

Denis Martine<sup>1</sup>, Ducret Linda<sup>1</sup>, Houard Emmanuelle<sup>1</sup>, Chemaly Marianne<sup>1</sup>, Novi Delphine<sup>2</sup>

Auteur correspondant : [martine.denis@anses.fr](mailto:martine.denis@anses.fr)

<sup>1</sup> Anses, Unité Hygiène et Qualité des Produits Avicoles et Porcins (UHQAP), Anses-Laboratoire de Ploufragan/Plouzané/Niort, Ploufragan, France

<sup>2</sup> Direction générale de l'Alimentation, Bureau de la gestion intégrée du risque, sous-direction de l'Europe, de l'international et de la gestion intégrée du risque, Paris, France

### Résumé

*Yersinia enterocolitica* est le 3<sup>ème</sup> agent zoonotique pathogène rapporté en Europe avec le biotype BT4 le plus fréquent dans les cas de yersiniose. Le porc est un réservoir de cet agent, il l'héberge dans sa cavité orale et son tractus digestif. Le désossage de la tête peut être une étape à risque. Le niveau de contamination par *Y. enterocolitica* pathogène des joues, langues et autres viandes de porc à la distribution a été évalué au travers d'un plan exploratoire déployé par la DGAL, en 2023. Sur neuf mois, 111 échantillons de joues, 104 de langues et 160 de viandes fraîches ont été prélevés à la distribution sur treize régions. Sur les 375 échantillons, le taux de contamination en *Y. enterocolitica* pathogène est de 16,0 % avec une contamination plus élevée pour les langues (39,4 %) suivie des joues (16,2 %). Un seul échantillon de viande fraîche s'est avéré contaminé. Sur les 125 souches isolées, 97,6 % sont de biotype BT4. Ce plan exploratoire a permis l'acquisition de données de contamination sur de nouvelles matrices de porcs au stade de la distribution en métropole française. Avec une contamination de 16 % et un biotype BT4 majoritairement retrouvé sur ces matrices, cet agent zoonotique reste un agent à surveiller chez le porc. Les contaminations plus élevées sur les langues et les joues, et plus faibles sur la viande suggèrent que l'étape de désossage de la tête serait plus à risque que l'étape d'éviscération pour la contamination des porcs par *Yersinia enterocolitica* pathogène.

### Mots-clés

surveillance, *Yersinia enterocolitica*, porc, distribution

### Abstract

#### Pathogenic *Yersinia enterocolitica* contamination of cheeks, tongues and other pork meats at retail

*Yersinia enterocolitica* is the 3rd most common zoonotic pathogen reported in Europe, with biotype BT4 being the most frequently isolated in cases of yersiniosis. Pigs are reservoirs for this pathogen, harbouring it in their oral cavity and digestive tract. Deboning the head can be a high-risk step. Pathogenic *Y. enterocolitica* contamination of cheeks, tongues and other pork meats at the retail was assessed through an exploratory plan mandated by the DGAL in 2023. Over 9 months, 111 samples of cheek, 104 of tongue and 160 of fresh meat were taken at retail from 13 French countries. Among the 375 samples, the level of contamination of pathogenic *Y. enterocolitica* was 16.0% with a higher contamination for tongues (39.4%) followed by cheeks (16.4%). Only one meat sample was contaminated. Of the 125 strains isolated, 97.6 % belonged to the BT4 biotype.

This exploratory survey provided data on level of contamination on new matrices of pigs at retail in French mainland. With a contamination of 16 % and a BT4 biotype predominantly found on these matrices, this zoonotic agent remains an agent to be monitored in pigs. The higher contamination on tongues and cheeks, and lower on meat, suggests that the head deboning step would be more at risk than the evisceration step for the contamination by pathogenic *Yersinia enterocolitica*.

### Keywords

surveillance, *Yersinia enterocolitica*, pork, retail

## Surveillance de *Yersinia enterocolitica*

La directive 2003/99/CE impose aux États Membres de mettre en place un système de surveillance des zoonoses et des agents zoonotiques. *Yersinia enterocolitica* fait partie de la liste B de cette directive, « Zoonoses et agents zoonotiques à surveiller en fonction de la situation épidémiologique ».

*Yersinia enterocolitica* est, depuis de nombreuses années, identifié comme le troisième agent bactérien d'origine alimentaire en Europe responsable de gastro-entérites après *Campylobacter* et *Salmonella* (EFSA et ECDC, 2023). En France, le nombre de cas moyen par an a été estimé à 23 674 cas sur la période de 2008 à 2013 (Van Cauteren *et al.*, 2018). L'analyse des biotypes et sérotypes de la collection de souches de *Yersinia enterocolitica* du Centre national de Référence (CNR) de la peste et autres yersiniose (Institut Pasteur, Paris), confirme la contribution importante du réservoir porcin dans les cas humains de yersiniose (Le Guern *et al.*, 2016). En effet, c'est le biotype BT4, avec son sérotype O:3 qui est majoritairement retrouvé dans les infections humaines (66,8 % des souches), et ce biotype est également très prévalent chez le porc en France (91,9 % des souches) (Fondrevez *et al.*, 2014). L'évaluation des risques réalisée par Fosse *et al.* (2008) indique que *Yersinia enterocolitica* fait partie des trois dangers (avec *Salmonella* et *Campylobacter*) les plus fréquemment signalés dans les cas humains liés à la consommation de viande de porcs.

Chez le porc, *Yersinia enterocolitica* a un tropisme amygdalien et intestinal, avec des taux plus élevés sur les amygdales que dans les fèces (Nesbakken *et al.* 2003). Ce tropisme sur les amygdales et également sur la langue a été démontré dans un essai expérimental sur des porcs inoculés par une souche de *Yersinia enterocolitica* de BT4 d'origine porcine (Esnault *et al.*, 2023). *Yersinia enterocolitica* est régulièrement isolé sur les amygdales et ce, dans de nombreux pays (Feurer *et al.*, 2012; Sacchini *et al.*, 2018, Terentjeva *et al.*, 2022). Une enquête menée par l'Anses en 2010-2011 (16 abattoirs, 3120 porcs, 96 lots de porcs) à partir d'écouvillon d'amygdales a montré que 74 % des lots de porcs à l'abattoir étaient contaminés par *Yersinia enterocolitica* pathogène au niveau amygdalien et

que la prévalence individuelle était de 14 % (Fondrevez *et al.*, 2014).

La présence de cette bactérie dans la cavité orale des porcs peut conduire à une contamination des muscles de la tête, langue et joues de porc, lors du désossage\* de la tête. Mais jusqu'en 2023, aucune donnée de prévalence de *Yersinia enterocolitica* n'était disponible sur ces matrices et sur les autres viandes fraîches de porc en France. Il n'y a pas de critère réglementaire européen ou de critère de sécurité dans le règlement 2073/2005 pour ce pathogène.

Aussi, les objectifs de ce plan exploratoire programmé par la DGAL étaient de compléter les données de prévalence collectées précédemment dans le cadre d'un premier plan de surveillance de la contamination par *Yersinia enterocolitica* dans les amygdales de porc au stade de l'abattoir mené en 2006. Ce plan exploratoire a été déployé au stade de la distribution et sur trois matrices : les joues, les langues et les autres viandes fraîches de porc.

## Matériels et méthodes

### Echantillonnage

Ce plan exploratoire s'est déroulé du 15 avril au 15 décembre 2023, et 375 échantillons (111 échantillons de joues, 104 échantillons de langues et 160 échantillons de viande fraîche (pièces de découpe et viandes hachées) ont été prélevés à la distribution et mis en analyse. Ils étaient répartis sur 13 régions de France hexagonale (figure 1) et sur 83 départements.

Le nombre d'échantillons à prélever par région était établi proportionnellement à la population humaine avec une répartition identique entre les trois matrices joues, langues et autres viandes fraîches de porc. Certaines régions ayant des difficultés à trouver les trois matrices (notamment la langue) ont reporté les prélèvements sur les deux autres matrices. Ces matrices étaient conditionnées sous film (48,0 %), sous atmosphère modifiée (38,6 %) ou sous vide (12,3 %). Il n'y avait pas de matrice particulièrement liée à un type de conditionnement (Tableau 1). Le conditionnement est un moyen de conservation des viandes et selon le type, il peut avoir un impact sur la survie ou non des pathogènes, dont éventuellement sur celle de *Yersinia enterocolitica*.

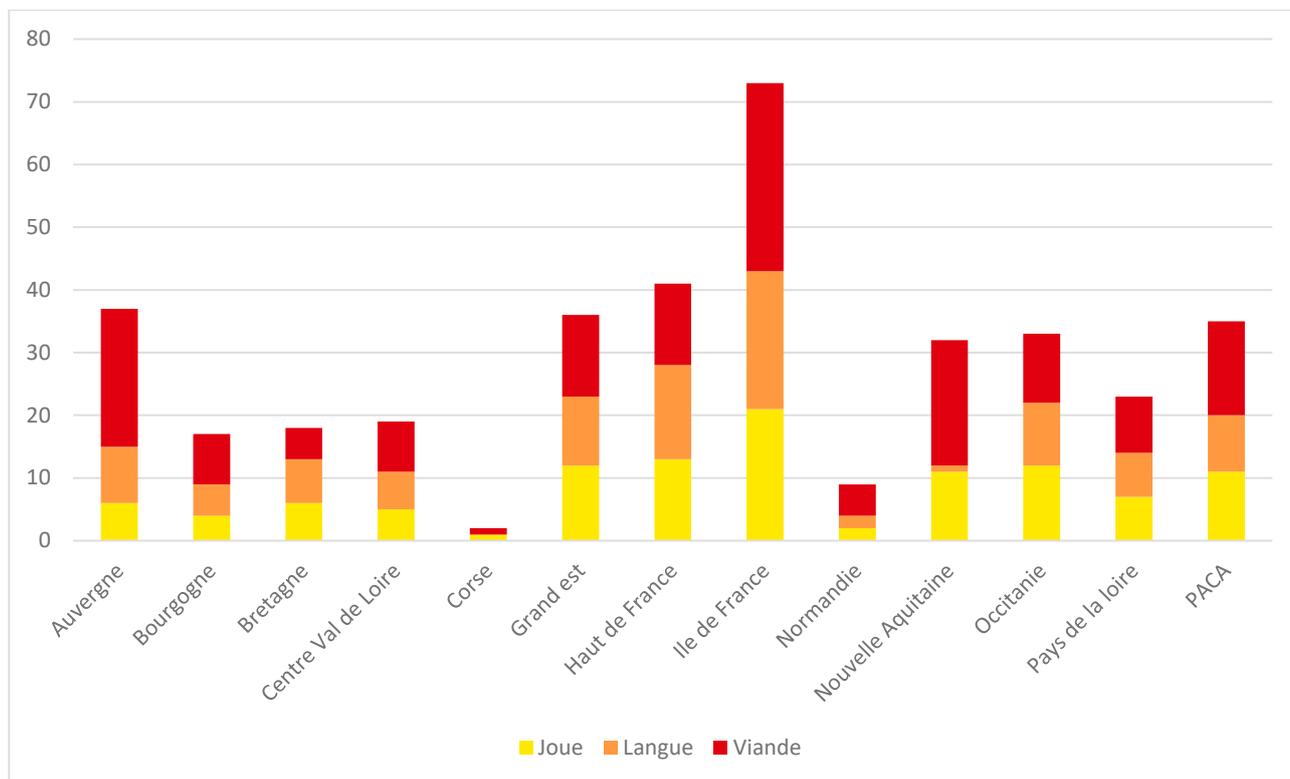


Figure 1. Répartition du nombre d'échantillons par région selon le type de matrice

Tableau 1. Distribution des matrices selon le type de conditionnement

Matrice	atmosphère modifiée	sous film	sous vide	ND	Total
Joue	34	53	23	1	111
Langue	42	53	7	2	104
Viande	69	74	17	0	160
<b>Total</b>	<b>145</b>	<b>180</b>	<b>47</b>	<b>3</b>	<b>375</b>

ND : non déterminé

### Détection et confirmation de *Yersinia enterocolitica* pathogène

Les analyses ont été réalisées à l'Anses site de Ploufragan à partir d'une prise d'essai de 10 g par échantillon, en suivant la norme EN NF ISO 10273:2003, à laquelle a été ajoutée une étape d'isolement sur une gélose chromogénique YeCM fabriquée au laboratoire selon Weagant (2008). Cette gélose permet de différencier les *Yersinia enterocolitica* pathogènes (colonies rouges) des non pathogènes (colonies bleues).

La pathogénicité des souches a été confirmée par PCR en temps réel en ciblant le gène chromosomique *ail*, et l'identification du biotype a été réalisé en micro-méthode selon les tests biochimiques décrits dans la norme EN NF ISO 10273:2003. Seules les *Yersinia enterocolitica* identifiées comme appartenant à un biotype pathogène ont été considérées pour estimer le niveau de contamination par ce pathogène des matrices de ce plan exploratoire.

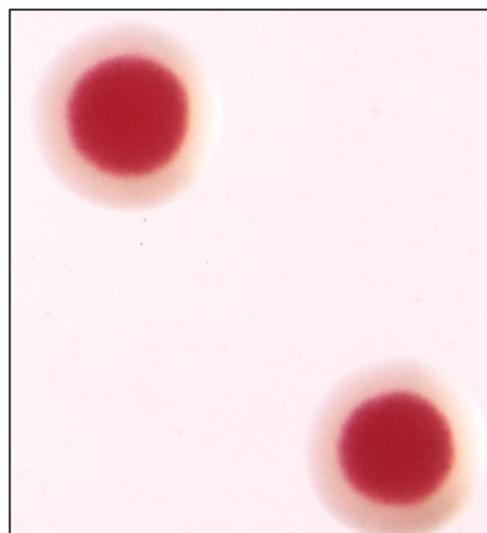


Figure 2. Colonies de *Yersinia enterocolitica* pathogène BT 4 sur la gélose CIN (cefsulodin-Irgasan-novobiocin, voir norme EN NF ISO 10273:2003) (photo Anses)

## Résultats

### Prévalence de *Yersinia enterocolitica* pathogène

Sur les 375 échantillons analysés, 60 se sont avérés contaminés par une *Yersinia enterocolitica* pathogène soit un taux de contamination globale de 16,0% IC95% [12,3-19,7]. Une différence significative ( $\chi^2$ ,  $P < 0,01$ ) entre les trois types de matrice a été mise en évidence : le taux de contamination par *Yersinia enterocolitica* pathogène était beaucoup plus élevé pour les langues (39,4%) que pour les joues (16,4%) (Tableau 2). Seul un échantillon de viande hachée sur les 160 prélevés était contaminé. Si seules les matrices de la tête sont considérées (langues et joues), le taux de contamination atteint 27,4 % IC95% [21,5-33,4] à la distribution.

L'effet saison a été considéré en tenant compte de l'absence de prélèvements sur la période hivernale (Tableau 3). Les taux de contamination se situent

entre 14,9 % et 18,2 % selon les saisons, sans que cette différence soit significative ( $\chi^2$ ,  $P = 0,759$ ).

De même, les taux de contamination par *Yersinia enterocolitica* pathogène ne sont pas significativement différents ( $\chi^2$ ,  $P = 0,395$ ) selon le type de conditionnement de ces échantillons et ce, pour toutes matrices confondues (Tableau 4).

### Répartition de *Yersinia enterocolitica* pathogène selon leur biotype

Parmi les 60 échantillons dans lesquels *Yersinia enterocolitica* pathogène a été détectée, 128 souches appartenant à un biotype pathogène ont été isolées à raison d'au moins deux souches par échantillon ; l'une par la voie d'enrichissement en PSB (Bouillon Peptone Sorbitol, Sels Biliaires) et l'autre par la voie d'enrichissement en ITC (Bouillon Irgasan, Ticarcilline, Chlorate de potassium) (cf EN NF ISO 10273:2003). Ces souches sont réparties comme suit selon le biotype : 125 souches de biotype BT4 (97,6 % des souches), deux souches de biotype BT3 isolées de deux joues (1,6 %) et une souche de biotype BT2 isolée d'une joue (0,8 %).

**Tableau 2.** Répartition des détections de *Yersinia enterocolitica* pathogène selon les trois matrices du plan exploratoire, 2023

Matrice	Négatif	Positif	Total	% de positifs	IC95%
Joue	93	18	111	16,2	9,3-23,1
Langue	63	41	104	39,4	30,0-48,8
Viande	159	1	160	0,6	0,0-1,8
<b>Total</b>	<b>315</b>	<b>60</b>	<b>375</b>	<b>16,0</b>	<b>12,3-19,7</b>

**Tableau 3.** Prévalence de *Yersinia enterocolitica* pathogène selon les saisons

Saison	Négatif	Positif	Total	% de positifs	IC95%
Printemps	81	18	99	18,2	10,6-25,8
Été	62	12	74	16,2	7,8-24,6
Automne	172	30	202	14,9	9,9-10,7
<b>Total</b>	<b>315</b>	<b>60</b>	<b>375</b>	<b>16,0</b>	<b>12,3-19,7</b>

**Tableau 4.** Taux de contamination par *Yersinia enterocolitica* pathogène selon le type conditionnement des échantillons

Conditionnement	négatif	positif	Total	% de positifs	IC95%
Sous atm. modifiée	117	28	145	19,3	12,9_25,7
Sous film	154	26	180	14,4	9,3-19,6
Sous vide	41	6	47	12,8	3,2-22,3
Non indiqué	3	0	3	0,0	-
<b>Total</b>	<b>315</b>	<b>60</b>	<b>375</b>	<b>16,0</b>	<b>12,3-19,7</b>

## Discussion - Conclusion

Ce plan exploratoire a permis d'acquérir des données de contamination par *Yersinia enterocolitica*, sur un maillon, la distribution, et sur des matrices (joues, langues et autres viandes fraîches de porc), jusqu'alors non explorés, et ce, sur l'ensemble des régions de France hexagonale. Le taux de contamination en *Yersinia enterocolitica* pathogène est de 16,0% dans les matrices du plan. Il est du même ordre que celui observé lors de l'enquête menée par Fondrevez et al., (2014) (14,0 %) dont les prélèvements consistaient en des écouvillonnages d'amygdales avant séparation de la tête de la carcasse du porc.

Les résultats indiquent que 39,4 % des langues et 16,2 % des joues analysées sont contaminées par *Yersinia enterocolitica* pathogène, alors que les autres viandes le sont très peu (< à 1 %). Si seules les matrices de la tête sont considérées (langues et joues), le taux de contamination atteint 27,4 % IC<sub>95</sub> [21,5-33,4] à la distribution. Les muscles de la tête et les langues sont des matrices alimentaires à risque vis-à-vis de *Yersinia enterocolitica* pathogène. Ce taux de contamination (27,4%) pour ces deux matrices est significativement plus élevé ( $p < 0,05$ ) que celui obtenu sur amygdales sur tête entière (13,3 % IC<sub>95</sub> [12,1-14,4], Fondrevez et al., 2014); ceci suggère que des transferts de contamination peuvent se produire lors du désossage des têtes de porc. La contamination des autres viandes (0,6 %) est, quant à elle, cohérente avec les résultats d'une étude conduite par l'IFIP mettant en évidence une contamination nulle des carcasses de porc chiffonnées en abattoir (Feurer et al, 2012), et ce malgré la présence de *Yersinia enterocolitica* dans les fèces de 9,5% IC<sub>95</sub> [4,9-14,1] de ces mêmes porcs. Ainsi l'étape d'éviscération à l'abattoir semble moins à risque que l'étape de désossage des têtes de porc.

*Yersinia enterocolitica* est une bactérie ayant un type respiratoire oxydatif et fermentatif ; c'est une aéro-anaérobie facultative. Le type de conditionnement de ces matrices n'a pas d'impact sur le taux de contamination par *Yersinia enterocolitica* pathogène. Ceci suggère que *Yersinia enterocolitica* ne semble pas être sensible au manque d'oxygène ou à la présence de CO<sub>2</sub> dans les conditions qui sont celles appliquées sur les échantillons soumis à l'enquête. Aucun effet de la saison sur la prévalence en *Yersinia enterocolitica* sur ces matrices prélevées à la distribution n'a été observé contrairement à l'étude de Fondrevez et al., (2014), qui avait conclu à une prévalence sur les amygdales plus élevée en période chaude (15,3 %) qu'en période froide (5,9 %). Néanmoins, aucun échantillon n'ayant été prélevé en hiver lors de ce

plan exploratoire, cette discordance n'est pas contradictoire.

Lors de ce plan exploratoire, ce sont principalement des souches du biotype pathogène BT4 qui ont été isolées (97,6 % des souches). Le même biotype pathogène BT4 avait été majoritairement isolé chez le porc à l'abattoir sur amygdales lors de l'enquête conduite par l'Anses en 2010-2011 (Fondrevez et al., 2014) et dans les fèces lors de l'enquête conduite par l'IFIP en 2010 (Feurer et al, 2012). Sur la base du biotype, le CNR de la peste et autres yersinioses a conclu à une forte association de ce biotype BT4 retrouvé dans le cas des infections humaines avec le biotype BT4 isolé du porc (Le Guern et al., 2016).

Une étude récente conduite par l'Anses a démontré que les souches BT4 d'origine porcine pouvaient survivre et se multiplier à 4°C sur du jambon, et ce, pendant 10 jours, confirmant ainsi la nature psychrotrophe de ce pathogène (Denis et al., 2024). Cette capacité peut représenter un réel problème sanitaire à l'abattoir, en atelier de découpe et chez le consommateur, étapes de vie du produit pour lesquelles la réfrigération est utilisée comme un moyen de maîtrise de la multiplication des pathogènes. Il convient donc que les opérateurs respectent les bonnes pratiques d'hygiène lors du désossage de la tête des porcs pour éviter lors de cette étape la contamination de muscles de la tête et de la langue par ce pathogène qui pourrait par la suite se multiplier lors de la réfrigération.

En perspective, un séquençage des souches de *Yersinia enterocolitica* isolées lors de ce plan exploratoire permettrait d'apprécier la diversité génétique de ce pathogène sur le territoire métropolitain et de comparer leur génome avec celui de souches isolées de cas humains pendant la même année.

\*Le désossage de têtes de porc : En fin de ligne d'abattage, la tête entière est séparée de la carcasse et envoyée sur la ligne de désossage des têtes de porc. Cette étape, généralement manuelle, consiste à séparer les différentes parties de la tête (oreille, groin, couenne sans viande, couenne avec viande, langues, viande de joue, viande de tempe, etc ...) en vue de valoriser au moins 50 % de la tête de porc. Certaines de ces parties sont destinées à l'alimentation animale, les autres pour la consommation humaine sous forme de produits transformés ou non, comme les joues et les langues disponibles à la distribution.

## Remerciements

Nous remercions tout le personnel de l'Unité HQPAP, Anses site de Ploufragan, qui a contribué à

l'accomplissement de ce plan exploratoire, en particulier Justine Gateau et Valérie Rose pour leur aide technique.

## Références bibliographiques

- EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control), 2023. « The European Union One Health 2022 Zoonoses Report ». *EFSA Journal* 2023;21:e8442. doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8442
- Denis, M., Houard, E., Ouedraogo, A., Le Berre, L., Feurer, C., Pizarro-Cerda, J., Savin, C., Le Guern, A-S. 2024. Survie au froid et pathogénicité de souches de *Yersinia enterocolitica* BT4 isolées chez le porc et génétiquement proches ou non de souches isolées chez l'homme. *Journées de la Recherche Porcine, 06-07 février 2024, Saint-Malo*
- Esnault, E., Rouaud, A., Labbé, A., Houdayer, C., Bailly, Y., Houard, E., Bougeard, S., Paboeuf, F., Eterradosi, N., Chemaly, M., Denis, M. 2024. « Controlled Experimental Infection in Pigs with a Strain of *Yersinia enterocolitica* Harboring Genetic Markers for Human Pathogenicity: Colonization and Stability ». *Infection and Immunity*, 18;91(7):e0015723. doi: 10.1128/jai.00157-23..
- Feurer, C., Piaudel, G., Le Roux, A., Minvielle, B. 2012. « *Yersinia enterocolitica* : fréquence de contamination des amygdales, fèces et carcasses de porc dans un abattoir breton ». 4<sup>èmes</sup> Journées des Sciences du Muscle et Technologies des Viandes - 13 et 14 novembre 2012 – Caen
- Fondrevéz, M., Minvielle, B., Labbé, A., Houdayer, C., Rose, N., Esnault, E., Denis, M. 2014. « Prevalence of pathogenic *Yersinia enterocolitica* in slaughter-aged pigs during a one-year survey, 2010-2011, France ». *International Journal of Food Microbiology*, 174:56-62. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2013.12.027.
- Fosse J, Seegers H, Magras C. 2008. « Foodborne zoonoses due to meat: a quantitative approach for a comparative risk assessment applied to pig slaughtering in Europe ». *Veterinary Research*, 39(1):1. doi: 10.1051/vetres:2007039.
- Le Guern, A-S., Martin, L., Savin, C., Carniel, E. 2016. « Yersiniosis in France: overview and potential sources of infection ». *International Journal of Infectious Diseases*, 46:1-7. doi: 10.1016/j.ijid.2016.03.008.
- Nesbakken, T., Eckner, K., Høidal, H-K., Røtterud, O-J. 2003. « Occurrence of *Yersinia enterocolitica* and *Campylobacter* spp. in slaughter pigs and consequences for meat inspection, slaughtering, and dressing procedures ». *International Journal of Food Microbiology*, 15;80(3):231-40. doi: 10.1016/s0168-1605(02)00165-4.
- Sacchini L, Garofolo G, Di Serafino G, Marotta F, Ricci L, Di Donato G, Miracco MG, Perletta F, Di Giannatale E. 2018. «The prevalence, characterisation, and antimicrobial resistance of *Yersinia enterocolitica* in pigs from Central Italy ». *Veterinaria Italiana*, 54(2):115-123. doi: 10.12834/VetIt.1126.6109.2.
- Terentjeva M, Kibilds J, Gradovska S, Alksne L, Streikiša M, Meistere I, Valciņa O. 2022. « Prevalence, virulence determinants, and genetic diversity in *Yersinia enterocolitica* isolated from slaughtered pigs and pig carcasses ». *International Journal of Food Microbiology*, 376:109756. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109756.
- Van Cauteren, D., Le Strat, Y., Sommen, C., Bruyand, M., Tourdjman, M., Jourdan-Da Silva, N., Couturier, E., Fournet, N., De Valk, H., Desenclos, J-C. 2008. « Estimation de la morbidité et de la mortalité liées aux infections d'origine alimentaire en France métropolitaine, 2008-2013 ». *Bulletin Epidémiologique Hebdomadaire*. (1):2-10.
- Weagant SD. 2008. «A new chromogenic agar medium for detection of potentially virulent *Yersinia enterocolitica*». *Journal of Microbiological Methods*, 72(2):185-90. doi: 10.1016/j.mimet.2007.11.019.

### Liens utiles :

Fiche de description du danger biologique *Yersinia enterocolitica* transmissible par les aliments  
[https://www.anses.fr/fr/system/files/BIORISK2016S\\_A0266Fi.pdf](https://www.anses.fr/fr/system/files/BIORISK2016S_A0266Fi.pdf)  
 Centre nationale de référence de la peste et autres yersiniose, Institut Pasteur, Unité Yersinia,  
<https://www.pasteur.fr/fr/sante-publique/cnr/les-cnr/peste-autres-yersiniose>

### Pour citer cet article :

Denis M., Ducret L., Houard E., Chemaly M., Novi D. 2024. « Contamination par *Yersinia enterocolitica* pathogène des joues, langues et autres viandes de porc à la distribution, plan exploratoire, 2023 » *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* 102 (2) : 1-7

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 :** Jean-Philippe Amat,  
Diane Cuzzucoli, Céline Dupuy, Viviane  
Hénaux, Renaud Lailier

**Comité de rédaction :** Martine Denis, Benoit  
Durand, Françoise Gauchard, Guillaume  
Gerbier, Pauline Kooch, Marion Laurent, Sophie  
Le Bouquin Leneveu, Céline Richomme, Jackie  
Tapprest, Sylvain Traynard

**Secrétaire de rédaction :** Virginie Eymard

**Responsable d'édition :**  
Fabrice Coutureau Vicaire

**Assistante d'édition :**  
Flore Mathurin

**Anses -** [www.anses.fr](http://www.anses.fr)

14 rue Pierre et Marie Curie  
94701 Maisons-Alfort Cedex

**Courriel :** [bulletin.epidemiologie@anses.fr](mailto:bulletin.epidemiologie@anses.fr)

**Sous dépôt légal :** CC BY-NC-ND  
**ISSN :** 1769-7166



## Antibiorésistance des souches de *Campylobacter jejuni* et *Campylobacter coli* issues des plans de surveillance chez le porc et le veau, au stade de l'abattoir

Mourand Gwénaëlle, Jouy Eric, Tardy Florence  
Auteur correspondant : [gwenaelle.mourand@anses.fr](mailto:gwenaelle.mourand@anses.fr)

Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Mycoplasmatologie Bactériologie et Antibiorésistance, Ploufragan, France

### Résumé

Les infections intestinales à *Campylobacter* comptent parmi les zoonoses les plus fréquentes en Europe. La consommation de viande de volaille et secondairement de porc ou de veau constitue la principale source de contamination. Seuls les cas sévères chez des patients fragilisés ou les infections extra-intestinales font l'objet d'un traitement antibiotique. La surveillance de l'antibiorésistance des souches de *Campylobacter* (*C.*) *jejuni* et *C. coli* isolées de porc d'engraissement et de bovin de moins d'un an est réalisée de façon bisannuelle en France (en alternance avec la volaille) conformément à la décision d'exécution de la Commission Européenne 2020/1729/UE. Elle cible six familles d'antibiotiques. Cette surveillance a révélé des taux de résistance élevés vis-à-vis de la ciprofloxacine et faibles, voire nuls, vis-à-vis de l'ertapénème, deux antibiotiques critiques pour la santé humaine. La résistance à l'érythromycine, antibiotique majeur contre les infections à *Campylobacter*, est faible pour *C. jejuni* et modérée pour *C. coli*. Les taux de résistance sont faibles vis-à-vis de la gentamicine et élevés vis-à-vis de la tétracycline. Aucune résistance n'a été détecté pour le chloramphénicol. De manière générale, l'antibiorésistance est plus importante chez *C. coli* par rapport à *C. jejuni* et au sein de *C. coli* chez le veau par rapport au porc.

### Mots-clés

*Campylobacter*, antibiorésistance, porc, veau

### Abstract

**Antibiotic resistance of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* strains isolated from surveillance plans in pigs and calves**

*Campylobacter gastroenteritis* is one of the most common zoonotic diseases in Europe. Consumption of poultry - and secondarily pork or veal- meat is the main source of contamination. Only severe cases in fragile patients or extraintestinal infections are treated with antibiotics. Antimicrobial resistance monitoring of *Campylobacter* (*C.*) *jejuni* and *C. coli* strains isolated from fattening pigs and bovine animals under one year of age is carried out every two years in France (alternating with poultry) in accordance with the European Commission Implementing Decision 2020/1729/EU. It covers six families of antibiotics. This surveillance revealed high rates of resistance to ciprofloxacin and low, or no, resistance to ertapenem, two antibiotics considered critical for human health. Resistance to erythromycin, the main antibiotic against *Campylobacter* infections, is low in *C. jejuni* and moderate in *C. coli*. Resistance rates are low for gentamicin and high for tetracycline. No resistance has been reported for chloramphenicol. In general, antibiotic resistance is higher in *C. coli* than in *C. jejuni* and in *C. coli* in calves than in pigs.

### Keywords

*Campylobacter*, antimicrobial resistance, pig, cattle

## Introduction

Les bactéries du genre *Campylobacter* (C.) sont fréquemment impliquées dans les infections intestinales communautaires chez l'Homme. La maladie associée, appelée campylobactériose, est la zoonose la plus rapportée en Europe depuis 2005 avec, en 2022, plus de 137 000 cas **confirmés** (soit 43,1 cas pour 100 000 habitants). Ce taux est stable depuis 2018 (EFSA/ECDC, 2024). En France, le nombre moyen de cas symptomatiques d'infection à *Campylobacter* a été **estimé** à 493 000 par an, suggérant une sous-estimation au niveau Européen (Chereau et al., 2023). Les deux espèces les plus régulièrement mises en cause sont *C. jejuni* (84,8 %) puis *C. coli* (14,0 %) (Chereau et al., 2023), sans distinction des tableaux cliniques associés : entérite avec diarrhées parfois sanglantes, douleurs abdominales et vomissements. Des formes compliquées plus rares sont décrites : péritonites, colites graves perforées, appendicites, hépatites et pancréatites. Une campylobactériose peut évoluer en une infection systémique, principalement chez des patients immunodéprimés ou atteints de comorbidités. Des complications post infectieuses peuvent survenir, la plus sévère étant le syndrome de Guillain-Barré. Le traitement antibiotique des formes digestives n'est pas recommandé et doit être réservé aux formes les plus graves, et/ou aux âges extrêmes de la vie, aux femmes enceintes et aux immunodéprimés. Les macrolides sont alors le traitement de référence en France. Par contre, lors d'infections systémiques, le traitement est systématique, avec une association de deux antibiotiques, comme par exemple une bêta-lactamine ou une fluoroquinolone (si l'isolat clinique est sensible) associée à de la gentamicine (Lehours, 2023).

La transmission des *Campylobacter* à l'Homme est essentiellement liée à l'ingestion d'aliments contaminés, y compris les eaux de boisson souillées suite à divers incidents comme par exemple des ruptures de canalisations ou des fortes pluies (Lehours, 2023). Selon le Centre National de Référence des *Campylobacter* et *Helicobacter* (CNRCH), en 2022, 392 000 infections à *Campylobacter* sur 493 000 seraient d'origine alimentaire (Chereau et al., 2023). La contamination a lieu essentiellement lors de la préparation de viandes ou produits carnés ou lors de leur consommation après une cuisson incomplète. La volaille constitue la source principale de contamination mais le porc et le veau sont également impliqués dans les campylobactérioses humaines (EFSA/ECDC, 2024). En France, une étude d'attribution des sources de contamination confirme que les réservoirs principaux des

*Campylobacter* humains sont la volaille et les veaux (Thépault et al., 2018).

Chez l'animal, *C. jejuni* et *C. coli* font partie du microbiote intestinal de nombreuses espèces chez qui ils ne sont pas pathogènes. D'autres espèces comme *C. fetus* peuvent être impliquées dans des problèmes d'infertilité ou d'avortements chez les ruminants mais leur prévalence est faible (Costa et al., 2019). De façon générale, en santé animale, les bactéries du genre *Campylobacter* ne sont que très rarement la cible de traitements antibiotiques. Ainsi, surveiller la résistance aux antibiotiques chez *C. coli* et *C. jejuni* permet non seulement de s'assurer de l'efficacité d'un arsenal thérapeutique chez l'Homme mais également de mesurer les conséquences des usages génériques de l'antibiothérapie chez l'espèce animale source.

Depuis 2004, la directive européenne 2003/99/CE visant à surveiller la résistance antimicrobienne chez les agents zoonotiques mentionne explicitement les bactéries *C. jejuni* et *C. coli*, entre autres. Elle a été complétée par une décision d'exécution 2020/1729/UE, fixant les modalités harmonisées applicables pendant la période 2021-2027 en matière de surveillance et de présentation de rapports concernant la résistance antimicrobienne (RAM) qui incombent aux États membres. Depuis lors, la surveillance officielle de l'antibiorésistance pour le genre *Campylobacter* est effectuée en France chez *C. jejuni* et *C. coli* pour diverses populations animales productrices d'aliments : poulets de chair, dindes d'engraissement, porcs d'engraissement et bovins de moins d'un an. La fréquence de la surveillance est fixée à une fois tous les deux ans pour chaque population (voir **Encadré 1**).

Le niveau de résistance est évalué vis-à-vis de six antibiotiques représentant six familles différentes : l'érythromycine (macrolides), la ciprofloxacine (fluoroquinolones), la gentamicine (aminosides), l'ertapénème (carbapénèmes), la tétracycline (tétracyclines) et le chloramphénicol (phénicolés).

Les macrolides constituent le traitement de référence pour les campylobactérioses intestinales humaines nécessitant un traitement. Les autres familles, à l'exception des phénicolés, sont des alternatives possibles. Elles ont par ailleurs diverses indications vis-à-vis d'autres infections bactériennes chez l'Homme et les animaux.

Le chloramphénicol, qui n'est plus prescrit en médecine humaine et vétérinaire chez les animaux producteurs de denrées alimentaires, est utilisé comme marqueur d'un mécanisme de résistance particulier, l'efflux actif, qui, chez *Campylobacter*, peut entraîner la résistance à d'autres antibiotiques

(EFSA, 2019). Les carbapénèmes font l'objet d'une réglementation française qui interdit leur utilisation en médecine vétérinaire, à l'instar d'autres antibiotiques. Cette réglementation encadre également l'utilisation de deux autres familles chez les animaux : les fluoroquinolones et les céphalosporines de 3ème et 4ème génération (Journal Officiel De La République Française. 2016).

Le présent article présente les résultats de la surveillance de la résistance aux antibiotiques pour *C. jejuni* et *C. coli* isolés chez le porc et le jeune bovin en 2021 et 2023 en France au regard des données européennes et/ou de la médecine humaine. L'analyse tient compte également de l'usage des différentes familles antibiotiques en médecine humaine et/ou vétérinaire. Un focus sur l'évolution temporelle depuis 2011 de la résistance pour *C. coli* isolé chez le porc est présenté qui permet d'estimer l'effet des évolutions réglementaires concernant l'usage des antibiotiques sur les taux de résistance.

## Matériels et méthodes

La surveillance officielle de la résistance aux antibiotiques est mise en œuvre par l'application de la directive européenne 2003/99/CE et de la décision d'exécution 2020/1719/UE qui précise les modalités d'harmonisation de la surveillance au niveau européen. Ce dispositif de surveillance a été

précédemment décrit (Perrin-Guyomard *et al.*, 2022). Chaque année la Direction Générale de l'Alimentation (DGAL) rédige une instruction technique décrivant le déroulement du plan de surveillance : i) le plan d'échantillonnage, ii) le mode opératoire des prélèvements de contenu caecal à l'abattoir, iii) les analyses bactériologiques et iv) la transmission des résultats (**Encadré 1**).

En 2021 et 2023, les huit laboratoires agréés par la DGAL ont effectué la recherche directe de *Campylobacter* thermotolérants à partir de caeca prélevés à l'abattoir sur des animaux sains en utilisant indifféremment deux milieux spécifiques (milieu mCCDA et/ou milieu Butzler) incubés entre 41,5 et 42°C, en atmosphère micro-aéroophile pendant 44 +/- 4 heures. L'identification du genre *Campylobacter* spp. a été faite selon les modalités proposées par le Laboratoire de Référence de l'Union Européenne<sup>1</sup>, le plus souvent par spectrométrie de masse de type MALDI-ToF à partir d'une colonie prélevée sur gélose. Les isolats positifs, un ou si possible deux isolats pour le porc et un ou si possible quatre pour le jeune bovin par lot d'abattage, ont été transmis au Laboratoire National de Référence pour la résistance aux antimicrobiens (LNR-RAM, unité MBA du laboratoire de l'Anses de Ploufragan-Plouzané-Niort site de Ploufragan pour les *Campylobacter*).

**Tableau 1.** Gammas de concentrations et seuils épidémiologiques (Ecoff) utilisés pour les antibiotiques suivis dans le cadre des plans de surveillance de l'antibiorésistance des souches de *Campylobacter*

Familles d'antibiotiques	Antibiotiques	Gammas de concentrations (mg/L)	Ecoff (mg/L)	
<b>Fluoroquinolones</b>	Ciprofloxacine	0,12-32	<i>C. jejuni</i> et <i>C. coli</i>	0,5
<b>Carbapénèmes</b>	Ertapénème	0,12-4	<i>C. jejuni</i> et <i>C. coli</i>	0,5
<b>Macrolides</b>	Erythromycine	1-512	<i>C. jejuni</i>	4
			<i>C. coli</i>	8
<b>Aminosides</b>	Gentamicine	0,25-16	<i>C. jejuni</i> et <i>C. coli</i>	2
<b>Tétracyclines</b>	Tétracycline	0,5-64	<i>C. jejuni</i>	1
			<i>C. coli</i>	2
<b>Phénicolés</b>	Chloramphénicol	2-64	<i>C. jejuni</i> et <i>C. coli</i>	16

<sup>1</sup>

[https://www.sva.se/media/8d9e266d63a9cad/harmonise-d-protocol-campy-for-amr-mon-version-1-final\\_2.pdf](https://www.sva.se/media/8d9e266d63a9cad/harmonise-d-protocol-campy-for-amr-mon-version-1-final_2.pdf)

Les isolats ont été identifiés au niveau de l'espèce par PCR en temps réel (Le Blanc-Maridor *et al.* 2011). Pour chaque lot d'abattage positif, un seul isolat de *C. jejuni* ou *C. coli* a ensuite été soumis à une analyse de sensibilité aux antibiotiques par détermination des concentrations minimales inhibitrices (CMI) selon la méthode de micro-dilution en milieu liquide basée sur la norme CLSI Vet01-A4 (CLSI, 2013) et en utilisant les plaques commerciales Sensititre EUCAMP3 (Thermo Fisher Scientific). Selon la décision d'exécution 2020/1719/UE, la détermination des CMI doit être réalisée pour au moins 170 isolats de l'espèce majoritaire par hôte animal. Le **tableau 1** résume les antibiotiques testés. La catégorisation des isolats a été réalisée en utilisant les seuils épidémiologiques (Epidemiological cut-offs (Ecoff)) précisés par l'EUCAST ou par la décision 2020/1719/UE (**Tableau 1**). Ces Ecoff permettent de distinguer les souches dites « sauvages » -sans mécanisme de

résistance acquis vis-à-vis d'un antibiotique donné- des souches « non sauvages » -qui ont acquis un ou plusieurs mécanismes de résistance-. Dans la suite de l'article, les souches « sauvages » et « non sauvages » sont respectivement dénommées « sensibles » et « résistantes ». La comparaison des proportions de souches résistantes a été effectuée à l'aide du test de Chi<sup>2</sup>, du test exact de Fisher, ou du test de tendance de Cochran-Armitage.

## Résultats - Discussion

Les proportions d'isolats résistants issus des prélèvements de 2021 et 2023, au regard des données européennes de 2021 (EFSA/ECDC, 2024) sont présentées dans le tableau 2. Des ajustements du nombre de caeca analysés ont été réalisés entre 2021 et 2023 pour atteindre la cible de 170 souches de l'espèce majoritaire telle que voulue par la réglementation européenne.

**Tableau 2.** Pourcentages de résistance à partir des données françaises et européennes pour *C. coli* et *C. jejuni* isolés chez le porc et le veau.

Espèce bactérienne	ATB	France, 2021		France, 2023		Europe, 2021 (1)	
		Veau (n_Cj = 127) (n_Cc = 32)	porc (n_Cc = 203)	Veau (n_Cj = 170) (n_Cc = 51)	porc (n_Cc = 186)	Veau (n_Cj = 1198) (n_Cc = 443)	porc (n_Cj = 60) (n_Cc = 3546)
<i>C. jejuni</i>	CIP	48,0	NA	54,1	NA	54,7	41,7
	ETP	0,0	NA	0,0	NA	1,0	0,0
	ERY	1,6	NA	0,0	NA	1,0	1,7
	GEN	0,0	NA	0,6	NA	0,5	1,7
	TET	81,1	NA	81,8	NA	68,8	43,3
	CHL	0,0	NA	0,0	NA	0,1	0,0
<i>C. coli</i>	CIP	71,9	41,4	62,7	51,6	79,7	51,7
	ETP	9,4	0,0	2,0	0,0	29,1	1,3
	ERY	25,0	17,7	27,5	10,8	37,5	12,2
	GEN	12,5	1,0	11,8	0,0	12,4	2,6
	TET	87,5	85,2	94,1	78,5	90,5	69,3
	CHL	0,0	0,0	0,0	0,0	3,4	0,0

ATB : antibiotique ; CIP: ciprofloxacine ; ETP : ertapénème ; ERY: érythromycine ; GEN: gentamicine ; TET: tétracycline ; CHL : chloramphénicol ; NT: non testé. (1) : EFSA/ECDC, 2024.

NA : non applicable, aucun *C. jejuni* n'a été isolé chez le porc en 2021 et 2023 en France.

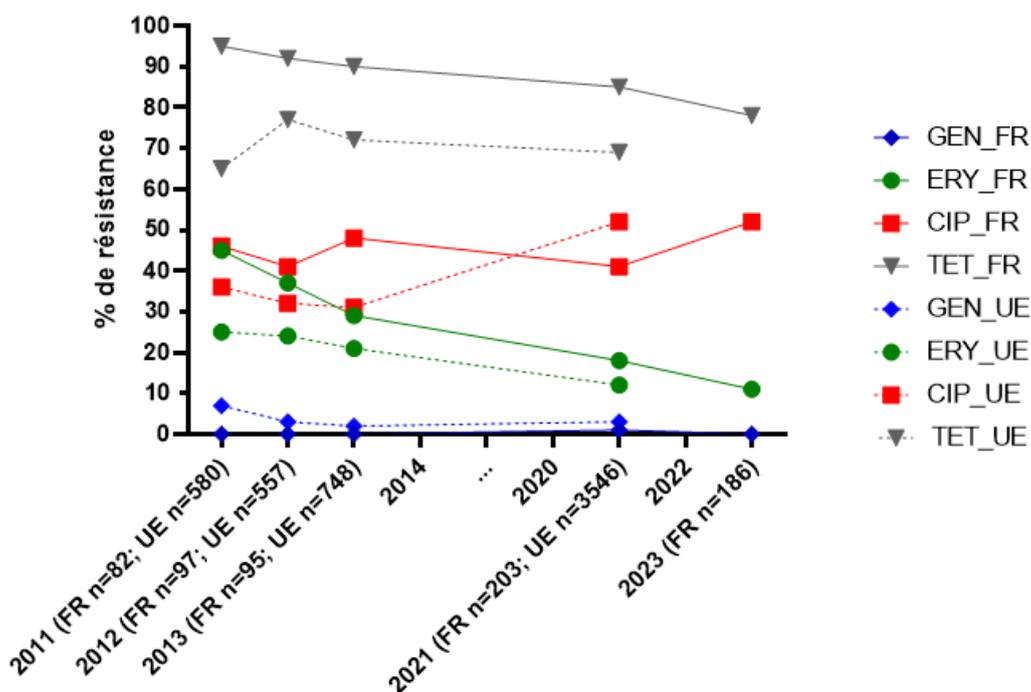
En 2021, le nombre d'isolats en France a été inférieur à la cible de 170 isolats de l'espèce majoritaire, telle que préconisée par la réglementation européenne. «n\_Cj et n\_Cc» représentent le nombre d'isolats testés pour *C. jejuni* et *C. coli* respectivement. Il peut varier en fonction des antibiotiques et dans ce cas une fourchette est donnée entre crochets.

## Résistance vis-à-vis d'antibiotiques d'importance critique

Parmi les six antibiotiques inclus dans la surveillance, deux appartiennent à des familles qui font l'objet d'une réglementation particulière en médecine vétérinaire en France : les fluoroquinolones dont l'usage est spécifiquement encadré et les carbapénèmes dont l'usage est interdit (Journal Officiel De La République Française, 2016). Les fluoroquinolones sont des antibiotiques à large spectre, actifs contre un grand nombre de bactéries à Gram négatif ou positif (Zhangqi et al., 2017). Chez l'Homme, ces antibiotiques peuvent être prescrits pour différents types d'infections (Santé Publique France, 2023). Les CMI ont été déterminées vis-à-vis de la ciprofloxacine, antibiotique pouvant être utilisé pour traiter l'entérite ou des infections systémiques à *Campylobacter* lorsque la sensibilité de la souche a été démontrée via la réalisation d'un antibiogramme (Lehours, 2023). Chez le veau, en 2021 et 2023, en France, la fréquence de résistance est élevée, et plus importante chez *C. coli* (66,3 % en moyenne sur les deux ans) que chez *C. jejuni* (46,3 %). En 2021, la plupart des pays européens observe ce même différentiel à l'exception de la Roumanie et de la Croatie (EFSA/ECDC, 2024). Cette résistance élevée est d'autant plus surprenante que l'exposition aux fluoroquinolones chez les bovins a été réduite de 89,1 % entre 2011 et

2022 (Anses, 2023). Chez le porc, la résistance phénotypique a été détectée pour environ la moitié des souches de *C. coli* en France comme en Europe (Tableau 2). Ce niveau de résistance est du même ordre que celui observé pour les souches de *C. coli* et *C. jejuni* isolées chez l'Homme (environ 63% en France pour les deux espèces) en 2022 (Chereau et al., 2023).

La résistance aux fluoroquinolones est principalement due à une mutation (T86I) dans la région des QRDR (région de détermination de la résistance aux quinolones) de l'ADN codant pour l'enzyme ADN gyrase A. Cette mutation unique n'entraîne pas de coût biologique pour certaines souches de *Campylobacter*. En effet, des études ont montré que des isolats résistants aux fluoroquinolones peuvent se développer au détriment d'une population sensible et perdurer même sans pression de sélection (Kempf et al., 2022). Ces résultats pourraient expliquer la persistance de la résistance aux fluoroquinolones chez *Campylobacter* malgré la baisse d'exposition à ces antibiotiques depuis plusieurs années chez les animaux producteurs de denrées alimentaires. Cependant il ne faut pas oublier que l'usage de quinolones telles que la fluméquine sélectionne chez *Campylobacter* la même mutation dans la topoisomérase GyrA que les fluoroquinolones et donc conduit à une résistance croisée (Zhangqi et al., 2017 ; Yeh et al., 2021).



**Figure 1.** Evolution dans le temps de la proportion de souches résistantes parmi les souches de *C. coli* isolées chez le porc en France et en Europe. L'ancienne directive 2013/652/EU n'imposait pas de surveillance de l'antibiorésistance de *Campylobacter* chez le porc. Nous ne disposons donc pas de données pour cette espèce entre 2013 et 2021, ni en 2022

Les carbapénèmes sont des bêta-lactamines dont l'usage est réservé à la médecine humaine, notamment pour traiter certaines bactéries multi-résistantes dans les services de réanimation ou d'hématologie (Santé Publique France, 2023). L'ertapénème fait partie des antibiotiques utilisables lors d'infection systémique à *Campylobacter* chez l'Homme (Lehours, 2023). En France, comme en Europe, aucune résistance vis-à-vis de l'ertapénème n'a été détectée pour les souches de *C. jejuni* isolées de veau et les souches de *C. coli* isolées de porc. Par contre 4,8 % (en moyenne sur les deux ans) des souches de *C. coli* issues de veau sont résistantes à l'ertapénème. Ce chiffre atteint 29 % en Europe en 2021, alors même que l'ertapénème n'est pas utilisée en médecine vétérinaire (ESVAC, 2023). Le projet CARBACAMP issu d'une collaboration entre l'EFSA, l'ECDC, l'EUCAST, LRUE et les LNR<sup>2</sup> (EFSA/ECDC, 2024) entend notamment évaluer la pertinence du seuil épidémiologique actuel (**Tableau 1**) : si ce seuil est sous-estimé, alors la proportion des souches résistantes est artificiellement augmentée.

### **Résistance vis-à-vis de familles d'antibiotiques utilisées à la fois chez l'Homme et l'animal**

La surveillance cible par ailleurs les macrolides, famille d'antibiotiques notamment utilisée pour traiter les entérites à *Campylobacter* chez l'Homme (azithromycine) (Lehours, 2023). Très peu de souches de *C. jejuni* sont résistantes à l'érythromycine alors qu'environ 30 % des souches de *C. coli* issues de veau sont résistantes, en France (26,5 %) comme en Europe (37,5 %). Chez le porc, la proportion de souches de *C. coli* résistantes est significativement moindre et atteint un maximum de 17,7 % en 2021. De plus, une diminution significative (test Cochran-Armitage ;  $p < 0,05$ ) de la proportion des souches résistantes a été observée en France entre 2011 et 2023 et en Europe entre 2011 et 2021 (**Figure 1**). Cette évolution pourrait être liée à la diminution de l'exposition vis-à-vis de cette famille plus marquée chez le porc (-57,8 % entre 2011 et 2022) par rapport aux bovins (-24,1 % entre 2011 et 2022) (Anses, 2023).

Les données humaines en France et en Europe confirment cette fréquence de résistance aux macrolides plus importante pour l'espèce *C. coli* par rapport à l'espèce *C. jejuni* (Chereau et al., 2023). La proportion de souches résistantes à l'érythromycine est plus élevée pour les *C. coli* de veau (26,5 % en France et 35,7 % en Europe) que

pour les isolats humains (7 et 7,8 % respectivement). Cette différence pourrait s'expliquer par le fait que la volaille (et non le veau) est la première source de campylobactériose chez l'Homme. En effet en 2022, en France, nos données issues de la volaille montrent une proportion de souches de *C. coli* résistantes à l'érythromycine de 4,5 % (filiales dinde et poulet confondues) proche de ce qui est observé chez l'Homme (Chereau et al., 2023).

A l'échelle moléculaire, la résistance aux macrolides est principalement due à la mutation A2075G du gène codant l'ARNr 23S (EFSA/ECDC, 2024). Cette mutation a été détectée sur l'ensemble des isolats résistants issus de notre surveillance ( $n = 97$ ). L'acquisition des gènes *erm(B)* et *erm(N)*, codant pour des méthyltransférases de l'ARN ribosomique 23S, conduit également à de la résistance, un phénomène observé chez quelques souches de *C. jejuni* et *C. coli* isolées de cas cliniques humains (Jehanne et al., 2021) mais jamais dans notre cohorte de souches. En 2021, au niveau Européen, un seul isolat de *C. coli* isolé chez le porc possédait le gène *erm(B)* (EFSA/ECDC, 2024).

La gentamicine (famille des aminosides) est une option thérapeutique pour le traitement des infections systémiques à *Campylobacter* (Lehours, 2023) en lien avec une bonne sensibilité des souches de *C. jejuni* (Chereau et al., 2023). Chez l'animal, cette faible proportion de souches résistantes est effectivement retrouvée chez *C. jejuni*. En revanche, chez *C. coli*, la proportion de souches résistantes à la gentamicine issues de veau n'est pas rare et elle est plus élevée (12 %) par rapport au porc (0,5 %). Selon le rapport de l'ANMV, l'exposition aux aminosides est moindre chez le porc (indicateur ALEA de 0,039) comparé aux bovins (indicateur ALEA de 0,066) (Anses, 2023). Cette différence d'exposition -sous l'hypothèse d'un ALEA comparable chez les jeunes bovins, spécifiquement- pourrait expliquer la différence de résistance chez *C. coli*.

Chez *Campylobacter*, la résistance à la gentamicine est principalement conférée par les gènes *aph(2'')* codant des phosphotransférases qui agissent par modification enzymatique des aminosides. Ces gènes peuvent être localisés sur le chromosome bactérien ou sur des plasmides (Fabre et al., 2018).

<sup>2</sup> EFSA : Autorité Européenne De Sécurité Des Aliments ; EUCAST : European Committee On Antimicrobial Susceptibility Testing ; LRUE : Laboratoire de Référence de

l'Union Européenne ; LNR : Laboratoire National de Référence.

### Résistance vis-à-vis de familles d'antibiotiques utilisées (quasi) exclusivement chez l'animal

La tétracycline est la molécule pour laquelle la proportion de souches résistantes est la plus élevée quelles que soient l'espèce de *Campylobacter* et l'espèce animale (Tableau 2). Les tétracyclines sont couramment utilisées chez ces animaux. Une légère diminution de l'exposition chez les bovins (-6,7 %) et une diminution importante chez le porc (-65,3 %) ont été observées entre 2011 et 2022 (Anses, 2023).

Chez le veau, la proportion chez *C. jejuni* de souches résistantes est significativement plus importante en France qu'en Europe (Test Chi<sup>2</sup>;  $p < 0,05$ ). Selon les pays européens, la résistance varie considérablement entre 10 % et 90% (EFSSA/ECDC, 2023). La France est ainsi l'un des pays européens qui présente les plus forts taux de *Campylobacter* résistants aux tétracyclines.

Chez le porc, une diminution de la proportion des souches résistantes a été observée en France entre 2011 et 2023 mais pas en Europe (Figure 1). Cette diminution est probablement en lien avec une diminution conséquente de l'usage des tétracyclines pour la filière porcine. Le gène *tet(O)* est le plus souvent responsable de la résistance à la tétracycline chez *Campylobacter* spp. Ce gène code pour une protéine qui empêche la fixation efficace de l'antibiotique à sa cible, la sous unité 30S de l'ARN ribosomique. Il peut être chromosomique ou plasmidique, et donc transférable entre souches voire entre espèces bactériennes (Zhangqi *al.*, 2017).

En France, chez l'Homme, le chloramphénicol a été retiré du marché en 2008 à cause des effets secondaires potentiellement mortels (Ameline *et al.*, 2020). Il est interdit d'usage chez les animaux producteurs de denrées alimentaires (UE, 2010) mais des résistances croisées florfénicol / chloramphénicol – molécules appartenant toutes deux à la famille des phénicolés - ont été décrites (Zhangqi *et al.*, 2017). L'usage du florfénicol, molécule strictement vétérinaire, chez les porcs et les veaux est essentiellement restreint aux infections respiratoires (Anses, 2023 ; Kempf *et al.*, 2022). Aucune souche résistante au chloramphenicol n'est détectée en France et, au niveau européen, seules quelques souches issues du veau sont résistantes (*C. coli* : 3,4 % ; *C. jejuni* : 0,1 % ; Tableau 1).

### Multirésistance

Des résistances à plusieurs familles d'antibiotiques peuvent être acquises simultanément chez *Campylobacter*, ce qui met alors en péril l'arsenal thérapeutique disponible. Le tableau 3 résume les

profils de résistance les plus fréquemment observés. La multirésistance est définie comme la résistance à au moins trois familles d'antibiotiques.

Chez *C. coli* d'origine porcine la résistance à la tétracycline seule domine, la résistance cumulée à la tétracycline et aux fluoroquinolones n'arrive qu'en deuxième position. Le schéma est identique pour *C. jejuni* chez le veau. A contrario, pour les souches de *C. coli* de veau la résistance à une seule famille d'antibiotique (le plus souvent les tétracyclines) est moins fréquente que la double résistance (tétracyclines et fluoroquinolones).

Concernant la fréquence de souches multirésistantes, elle est très faible pour *C. jejuni*. Chez *C. coli* les souches de veau sont significativement plus souvent multirésistantes que les souches de porc (test Chi<sup>2</sup> ;  $p$ -value < 0,05). La multirésistance la plus fréquente concerne l'érythromycine, la ciprofloxacine et la tétracycline. La très grande majorité des souches résistantes aux fluoroquinolones isolées au cours de cette surveillance sont également résistantes aux tétracyclines. Il n'est donc pas exclu que l'exposition à ces dernières molécules chez les animaux de production participe au maintien de (sous) populations de *Campylobacter* clonales co-résistantes aux tétracyclines et aux fluoroquinolones (Cobo-Díaz *et al.*, 2021).

Entre 2021 et 2023, neuf souches de *C. coli* ont présenté des résistances vis-à-vis des quatre antibiotiques suivants : la tétracycline, la ciprofloxacine, l'érythromycine et la gentamicine. De telles souches pourraient être problématiques en cas d'infections systémiques chez l'Homme nécessitant un traitement.

## Conclusions

De façon générale, la fréquence de souches résistantes voire multirésistantes est plus importante dans l'espèce *C. coli* par rapport à *C. jejuni*, indépendamment de la filière animale. Ceci est un élément favorable puisque la première espèce impliquée dans les campylobactérioses humaines est *C. jejuni*. A titre d'exemple, peu de souches de *C. jejuni* sont résistantes à l'érythromycine (macrolides) chez le veau et aucune chez le porc. Les macrolides restent donc une option thérapeutique pour les campylobactérioses humaines en cas de besoin.

Les tétracyclines échappent à cette règle avec des proportions de souches résistantes élevées (> 80 %) pour *C. coli* et *C. jejuni*, quel que soit l'hôte animal. Cette famille est peu utilisée chez l'Homme mais est très régulièrement prescrite en filière vétérinaire pour traiter diverses infections bactériennes. La

diminution du niveau d'exposition en filière porcine (depuis 2011 en France) pourrait avoir contribué à la

diminution constatée de la proportion de souches de *C. coli* résistantes.

**Tableau 3.** Profils de (multi)résistance chez les souches de *C. coli* et *C. jejuni* isolées de caeca de porc et de veau en 2021 et 2023

Espèce animale	Espèce bactérienne	Année (N)	Nombre de résistances	Nombre de souches	% [IC95]	Profil le plus représenté
Porc	<i>C. coli</i>	2021 (N=202)	0	20	9,9 [5,8-14]	sensible
			1	89	43,8 [37,0-50,7]	TET *(79/89)
			2	78	38,4 [37,1-45,1]	CIP-TET *(59/78)
			3	14	6,9 [3,4-10,4]	ERY-CIP-TET *(14/14)
		4	2	1,0 [0,0-2,3]	ERY-GEN-CIP-TET *(2/2)	
		2023 (N=186)	0	21	11,3 [6,7-15,8]	sensible
			1	81	43,5 [36,4-50,7]	TET *(62/81)
			2	71	38,2 [31,2-45,2]	CIP-TET *(67/71)
3	13		7,0 [3,3-10,47]	ERY-CIP-TET *(13/13)		
Veau	<i>C. coli</i>	2021 (N=32)	0	4	12,5 [1-24]	sensible
			1	5	15,6 [3-28,2]	TET *(5/5)
			2	11	34,4 [17,9-50,8]	CIP-TET *(11/11)
			3	9	28,1 [12,5-43,7]	ERY-CIP-TET *(5/9)
		4	3	9,4 [0,0-19,5]	ERY-GEN-CIP-TET *(2/3)	
		2023 (N=51)	0	3	5,9 [1-12,3]	sensible
			1	15	29,4 [16,9-41,9]	TET *(15/15)
			2	18	35,3 [22,2-48,4]	CIP-TET *(17/18)
	3		10	19,6 [8,7-30,5]	ERY-CIP-TET *(9/10)	
	4	5	9,8 [1,6-18,0]	ERY-GEN-CIP-TET *(5/5)		
	<i>C. jejuni</i>	2021 (N=127)	0	14	11,0 [5,6-16,5]	sensible
			1	61	48,0 [39,3-56,7]	TET* (51/61)
			2	51	40,2 [31,6-48,7]	CIP-TET* (50/51)
		3	1	0,8 [0,0-2,3]	ERY-CIP-TET *(1/1)	
2023 (N=170)		0	20	11,8 [6,9-16,6]	sensible	
		1	69	40,6 [33,2-48,0]	TET *(58/69)	
	2	80	47,1 [39,6-54,6]	CIP-TET *(80/80)		
3	1	0,6 [0,0-1,7]	GEN-CIP-TET *(1/1)			

ERY : érythromycine ; GEN : gentamycine ; CIP : ciprofloxacine ; TET : tétracycline ; N : nombre d'isolats ; IC95 : intervalle de confiance à 95, \*(): nombre d'apparitions du profil dans la catégorie considérée (le profil majoritaire est cité)

A contrario la proportion de souches résistantes à la ciprofloxacine (de 50 à 75% en fonction des espèces et filières) reste importante malgré les restrictions d'usage en médecine vétérinaire. En conséquence, pour traiter les campylobactérioses humaines la ciprofloxacine n'est plus recommandée en première intention par la société de pathologie infectieuse de langue française.

Concernant la résistance à la gentamicine et à l'ertapénème, deux antibiotiques pouvant être prescrits lors d'infections systémiques à *Campylobacter*, elle est peu fréquente chez *C. jejuni* isolé chez le veau et *C. coli* isolé chez le porc. La proportion de *C. coli* résistants à l'ertapénème chez le veau est plus importante, en France et plus globalement en Europe. Les carbapénèmes étant d'un usage strictement humain, ce phénomène fait donc l'objet d'une attention particulière, tant sur la réalité du signal biologique que sur la pertinence des seuils utilisés permettant la catégorisation des souches.

*Campylobacter* est le premier agent zoonotique bactérien en termes de nombre de cas rapportés en Europe. Le maintien d'une surveillance pérenne de sa résistance aux antibiotiques est essentiel, tant chez les animaux producteurs de denrées alimentaires que chez l'Homme, dans une démarche holistique « une seule santé », dite « one health ». La comparaison des données issues de différentes sources permet en effet de mieux comprendre les dynamiques de transmission des *Campylobacter* antibiorésistants. Dans ce contexte, l'apport de la génomique dans le système de surveillance est une perspective incontournable.

La forte diminution de l'exposition aux antibiotiques des animaux producteurs de denrées alimentaires ces dernières années n'a pas eu d'impact positif sur la résistance des *Campylobacter* aux fluoroquinolones isolés chez le veau et le porc. Ce constat est à mettre en lien avec le faible coût biologique de la résistance pour *Campylobacter* spp., ainsi qu'avec l'existence d'une résistance croisée avec les quinolones ou encore d'une co-résistance (avec la tétracycline par exemple). A contrario, concernant les macrolides, c'est probablement la réduction d'exposition qui est à l'origine de la constante baisse du taux de *C. coli* résistants à l'érythromycine observée chez le porc depuis 2011. L'usage raisonné des antibiotiques reste donc un moyen privilégié pour limiter la sélection de populations bactériennes résistantes.

## Remerciements

Les auteurs souhaitent remercier les services départementaux de l'Etat en charge des

prélèvements, les laboratoires agréés pour la surveillance de l'antibiorésistance, la Direction Générale de l'Alimentation pour leur implication dans la mise en œuvre de cette surveillance.

Les auteurs remercient également Agnès Perrin-Guyomard (Anses Fougères), Claire Chauvin (Anses Ploufragan) et Eric Morignat (Anses Lyon) pour leur contribution à l'animation du LNR ainsi qu'à l'acquisition et au traitement des données. Merci à l'ensemble des personnes de la plateforme de séquençage (Anses Ploufragan) pour la préparation, le séquençage et l'analyse bio-informatique.

## Références bibliographiques

- Ameline A., Taquet MC., Terrade JE., Goichot B., Raul JS., Kintz P. 2020. « Identification of chloramphenicol in human hair leading to a diagnosis of factitious disorder ». *Clinical Toxicology*. <https://doi.org/10.1080/15563650.2019.1708375>
- Anses. 2023. « Suivi des ventes de médicaments vétérinaires contenant des antimicrobiens en France en 2022 ». Rapport annuel. Anses-ANMV, 99 p.
- Chereau F., Bessède E., Jauvain M., De Valk H., Lehours P. 2023 « Bilan de la surveillance des infections à *Campylobacter* en France en 2022 ». *Santé Publique France*. CNRCH. <https://www.cnrch.fr/>
- CLSI. 2013. Performance standards for antimicrobial disk and dilution susceptibility tests for bacteria isolated from animals; approved standard – fourth edition. CLSI document VET01-A4.
- Cobo-Diaz JF., Gonzalez Del Rio P., Alvarez-Ordóñez A. 2021. « Whole Resistome Analysis in *Campylobacter jejuni* and *C. coli* Genomes Available in Public Repositories ». *Frontiers in Microbiology*. doi: 10.3389/fmicb.2021.662144
- Costa D., Iraola G. 2019. « Pathogenomics of Emerging *Campylobacter* Species ». *Clin Microbiol Rev* 32:e00072-18. <https://doi.org/10.1128/CMR.00072-18>.
- Directive 2003/99/CE du Parlement européen et du Conseil du 17 novembre 2003 sur la surveillance des zoonoses et des agents zoonotiques modifiant la décision 90/424/CEE du Conseil et abrogeant la directive 92/117/CEE du Conseil.
- Décision 2020/1729/UE de la Commission du 17 novembre 2020 concernant la surveillance et la présentation de rapports relatifs à la résistance aux antimicrobiens chez les bactéries zoonotiques et commensales et abrogeant la décision d'exécution 2013/652/UE.

- EFSA. 2019. «Technical specifications on harmonised monitoring of antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from food-producing animals and food». Scientific Report. doi: 10.2903/j.efsa.2019.5709
- EFSA/ECDC. 2024. «The European Union One Health 2022 Zoonoses Report». DOI: 10.2903/j.efsa.2023.8442EFSA/ECDC. The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2021–2022. DOI: 10.2903/j.efsa.2024.8583
- ESVAC. 2023. «Sales of veterinary antimicrobial agents in 31 European countries in 2022». Report. *European Medicines Agency*.
- EUCAST. 2024. The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. «Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters». Version 14.0. <http://www.eucast.org>.
- Fabre A., Oleastro M., Nunes A., Santos A., Sifré E., Ducournau A., Bénéjat L., Buissonnière A., Floch P., Mégraud F., Dubois V., Lehours P. 2018. «Whole-Genome Sequence analysis of multidrug-resistant *Campylobacter* isolates: a focus on aminoglycoside resistance determinant». *Journal of Clinical Microbiology*. <https://doi.org/10.1128/JCM.00390-18>
- Jehanne Q., Bénéjat L., Ducournau A., Domingues-Martins C., Cousinou T., Bessède E., Lehours P. 2021. «Emergence of erythromycin resistance methyltransferases in *Campylobacter coli* strains in France». *Antimicrob Agents Chemother* 65:e01124-21. <https://doi.org/10.1128/AAC.01124-21>.
- Journal Officiel De La République Française. Arrêté du 18 mars 2016. «Liste des substances antibiotiques d'importance critique prévue à l'article L. 5144-1-1 du code de la santé publique et fixant la liste des méthodes de réalisation du test de détermination de la sensibilité des souches bactériennes prévue à l'article R. 5141-117-2 ».
- Kempf I., Lehours P. 2022. «Antimicrobial resistance in *Campylobacter*» In: *Campylobacter*: French Society for Microbiology Ed; p.117-138
- Leblanc-Maridor M., Beaudeau B., Seegers H., Denis M., Belloc C. 2011. «Rapid identification and quantification of *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* by real-time PCR in pure cultures and in complex samples». *BMC Microbiology*. <http://www.biomedcentral.com/1471-2180/11/113>
- Lehours P. 2023. «Infections à *Campylobacter*». *EMC-Biologie médicale*. [http://dx.doi.org/10.1016/S2211-9698\(23\)42156-5](http://dx.doi.org/10.1016/S2211-9698(23)42156-5)
- Perrin-Guyomard A., Bruneau M., Mourand G., Kempf I., Cuzzucoli D., Granier S. 2022 «Dispositif français de surveillance de la résistance aux antibiotiques des bactéries zoonotiques et commensales isolées chez les animaux d'élevage et dans les denrées alimentaires d'origine animale» *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* Volume 96 Article 3-2022
- Santé Publique France. 2023 «Surveillance de la consommation d'antibiotiques et des résistances bactériennes en établissements de santé en 2021». Mission Spare. Saint-Maurice : Santé publique France, 2023. 108 p. [www.santepubliquefrance.fr](http://www.santepubliquefrance.fr)
- Thépault A., Poezevara T., Quesne S., Rose V., Chemaly M., Rivoal K. 2018. «Prevalence of thermophilic *Campylobacter* in cattle production at slaughterhouse level in France and Link between *C. jejuni* bovine strains and *Campylobacteriosis*». *Frontiers in Microbiology*. doi: 10.3389/fmicb.2018.00471
- UE, 2010. Règlement 37/2010 de la Commission du 22 décembre 2009 relatif aux substances pharmacologiquement actives et à leur classification en ce qui concerne les limites maximales de résidus dans les aliments d'origine animale. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/ALL/?uri=celex%3A32010R0037>
- Wieczorek K., Osek J. 2013. «Antimicrobial resistance mechanisms among *Campylobacter*». *BioMed Research International*. Volume 2013, Article ID 340605, 12 pages. <http://dx.doi.org/10.1155/2013/340605>
- Yeh H., Cox N., Hinton A., Berrang M., Lawrence J., Thompson T. 2021. «Prevalence and characterization of quinolone resistance in *Campylobacter* spp. isolates in chicken livers from retail stores in Georgia, USA» *Journal of Food Production*. <https://doi.org/10.4315/JFP-21-357>
- Zhangqi S., Wang Y., Zhang Q., Shen J. 2017. «Antimicrobial Resistance in *Campylobacter* spp». *Microbiology Spectrum*. doi:10.1128/microbiolspec.ARBA-0013-2017.

**Encadré 1.** Plan de la surveillance de la résistance aux antibiotiques de bactéries zoonotiques dans les contenus caecaux de porcs, de veaux, poulets de chair et de dindes

### Objectif de la surveillance

Surveillance de la résistance aux antibiotiques chez *Campylobacter jejuni* et *Campylobacter coli*.

### Populations /matrices/productions surveillées

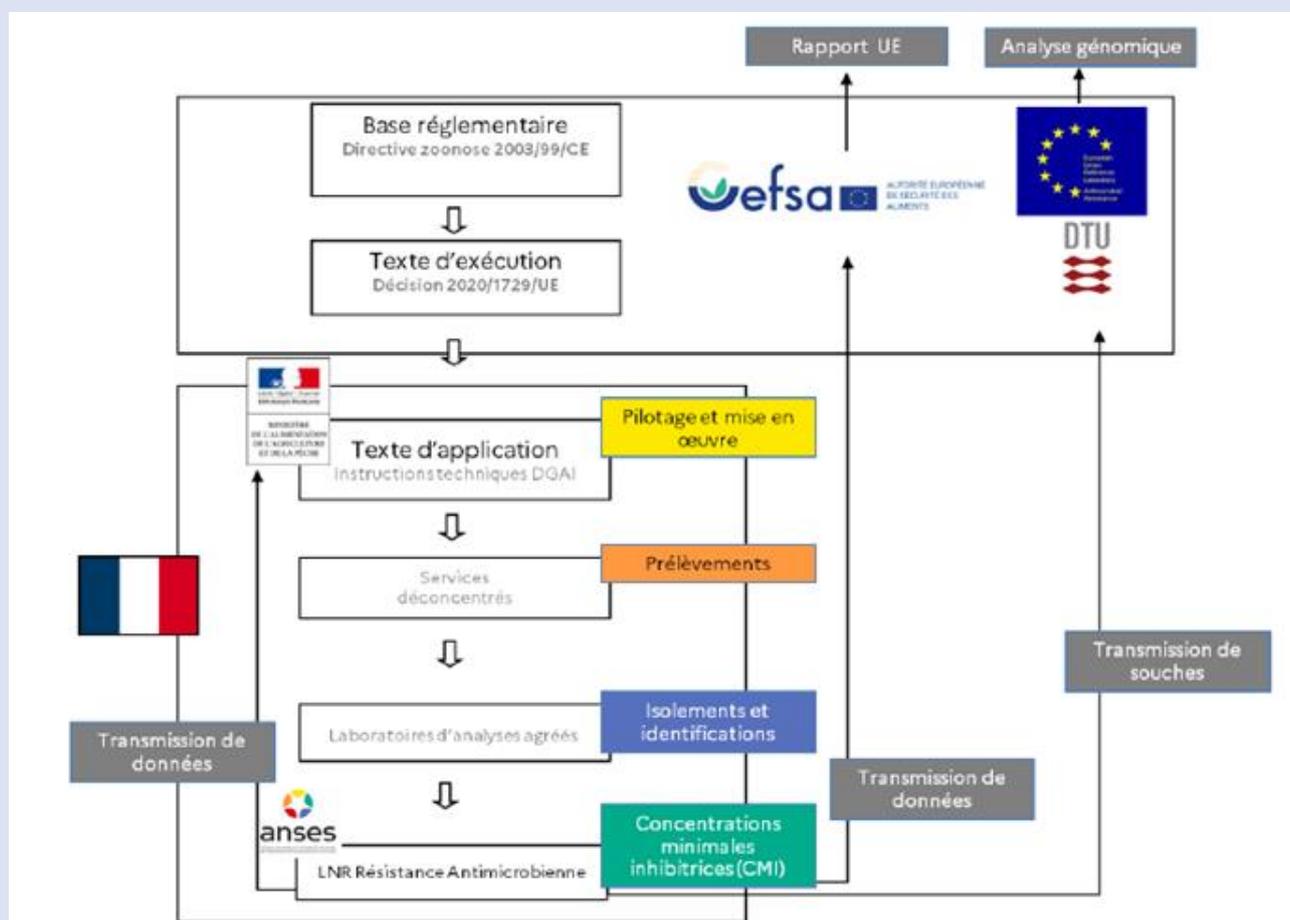
Surveillance réalisée :

- Les années paires chez *C. jejuni* et *C. coli* isolés de caeca de poulet de chair et de caeca de dinde
- Les années impaires chez *C. jejuni* et *C. coli* isolés de caeca de porc et de caeca de veau

### Périmètre ou champ de surveillance

Surveillance réalisée sur des animaux sains à l'abattoir. Il est à noter qu'un plan de surveillance est également mené en parallèle chaque année sur les viandes fraîches de la population concernée au stade de la distribution. Il concerne uniquement les *E. coli* productrices de BLSE, AmpC ou carbapénèmes.

### Modalités de la surveillance



**Figure 2.** Structuration du dispositif de surveillance de la résistance chez les animaux d'élevage. DGAL : Direction Générale de l'Alimentation, LNR : Laboratoire National de Référence, DTU : Technical University of Denmark, UE : Union Européenne (Perrin-Guyomard et al., 2022).

### Référence(s) réglementaire(s)

Directive 2003/99/CE du Parlement européen et du Conseil du 17 novembre 2003 sur la surveillance des zoonoses et des agents zoonotiques modifiant la décision 90/424/CEE du Conseil et abrogeant la directive 92/117/CEE du Conseil ;

Décision 2020/1729/UE de la Commission du 17 novembre 2020 concernant la surveillance et la présentation de rapports relatifs à la résistance aux antimicrobiens chez les bactéries zoonotiques et commensales et abrogeant la décision d'exécution 2013/652/UE.

**Pour citer cet article :**

Mourand G., Jouy E., Tardy F. 2024. « Antibiorésistance des souches de *Campylobacter jejuni* et *Campylobacter coli* issues des plans de surveillance chez le porc et le veau » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 102 (3) : 1-12.

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 :** Jean-Philippe Amat,  
Diane Cuzzucoli, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier

**Comité de rédaction :** Martine Denis, Benoit

Durand, Françoise Gauchard, Guillaume

Gerbier, Pauline Kooch, Marion Laurent, Sophie

Le Bouquin Leneveu, Céline Richomme, Jackie

Tapprest, Sylvain Traynard

**Secrétaire de rédaction :** Virginie Eymard

**Responsable d'édition :**

Fabrice Coutureau Vicaire

**Assistante d'édition :**

Flore Mathurin

**Anses -** [www.anses.fr](http://www.anses.fr)

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

**Courriel :** [bulletin.epidemiologie@anses.fr](mailto:bulletin.epidemiologie@anses.fr)

**Sous dépôt légal :** CC BY-NC-ND

**ISSN :** 1769-7166

## Contamination des viandes fraîches de volaille par *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. et *Clostridioides difficile* au stade de la distribution, plan de surveillance officiel, 2022

Denis Martine<sup>1</sup>, Bonifait Laetitia<sup>1</sup>, Barbut Frédéric<sup>2</sup>, Houry Baptiste<sup>1</sup>, Quesne Ségolène<sup>1</sup>, Nagard Bérengère<sup>1</sup>,  
Bauge Louise<sup>1</sup>, Ehmig Muriel<sup>2</sup>, Novi Delphine<sup>3</sup>, Chemaly Marianne<sup>1</sup>, Le Marechal Caroline<sup>1</sup>

Auteur correspondant : [martine.denis@anses.fr](mailto:martine.denis@anses.fr)

<sup>1</sup>Anses, Unité Hygiène et Qualité des Produits Avicoles et Porcins (UHQPAP), Anses-Laboratoire de Poufragan-Plouzané-Niort, Ploufragan, France

<sup>2</sup>Centre National de Référence *Clostridioides difficile* (laboratoire associé au CNR des bactéries anaérobies et du Botulisme), hôpital Saint Antoine, Assistance Publique- Hôpitaux de Paris, Paris, France

<sup>3</sup>Direction générale de l'Alimentation, Bureau de la gestion intégrée du risque, sous-direction de l'Europe, de l'international et de la gestion intégrée du risque, Paris, France

### Résumé

En France, *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp. sont les deux principaux agents bactériens responsables de zoonoses d'origine alimentaire, et *Clostridioides difficile* le 2<sup>ème</sup> agent isolé des selles chez les patients ayant des troubles digestifs. La volaille est reconnue comme un réservoir pour ces trois pathogènes. Ce plan de surveillance officiel réalisé sur l'année 2022 avait pour but de mettre à jour les données sur *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp. sur les produits de volaille avec peau (cuisses) et sans peau (escalopes) à la distribution et d'obtenir des données sur *C. difficile* sur ces mêmes matrices. La prévalence de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. et *C. difficile*, est respectivement de 0,9 % (n=2435 unités), de 49,2 % (n=2425 unités) et de 0,9 % (n=465 unités). Pour l'ensemble des pathogènes, la prévalence est plus élevée sur les produits avec peau. Pour *Campylobacter* spp, un effet saison a été observé, avec un pourcentage d'unités positives en *Campylobacter* spp. moins élevé en hiver (30,3%) que pendant les trois autres saisons (en moyenne 50,7 %). Le dénombrement de *Campylobacter* spp. réalisé sur ces matrices montre que 28% des escalopes et 31% des cuisses sont faiblement contaminées ( $\leq 10$  UFC/g). Par ailleurs, 2,4 % des cuisses et 0,2 % des escalopes présentent plus de 1 000 UFC/g, valeur limite pour le critère d'hygiène à l'abattoir.

### Mots-clés

Surveillance, *Salmonella*, *Campylobacter*, *C. difficile*, volailles, distribution

### Abstract

#### Contamination of fresh poultry meat by *Salmonella* spp.,

In France, *Salmonella* spp. and *Campylobacter* spp. are the two main bacterial agents responsible for food-borne zoonoses, and *C. difficile* is the 2nd agent isolated from the stools of patients with digestive disorders. Poultry is recognized as a reservoir for these three pathogens. The aim of this 12-month official surveillance plan in 2022 was to update data on *Salmonella* spp. and *Campylobacter* spp. in poultry products with skin (thighs) and without skin (cutlets) at retail level, and to collect data on *C. difficile* in these same matrices. The prevalence of *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. and *C. difficile* was 0.9% (n=2435 units), 49.2% (n=4245 units) and 0.9% (n=465 units), respectively. Whatever the pathogen was, the prevalence was higher on products with skin. A seasonal effect was also observed for *Campylobacter* spp., with a lower percentage of *Campylobacter*-positive units in winter (30.3%) compared to the other three seasons (on average 50.7%). The *Campylobacter* spp. counts on these matrices showed that 28% of the cutlets and 31% of the thighs presented a low level of contamination ( $\leq 10$  CFU/g). Furthermore, 2.4% of the thighs and 0.2% of the cutlets had more than 1,000 CFU/g, the threshold for the slaughterhouse hygiene criteria.

### Keywords

Surveillance, *Salmonella*, *Campylobacter*, *C. difficile*, Poultry, Retail

## Surveillance officielle des trois pathogènes

*Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp. sont les deux principaux agents bactériens responsables de zoonoses d'origine alimentaire en Europe (EFSA et ECDC, 2024) avec un nombre de cas rapportés de 148 181 campylobactérioses et de 77 486 salmonelloses en 2023. Ces deux pathogènes font partie de la liste des agents zoonotiques à surveiller selon la directive 2003/99/CE. La Direction Générale de l'Alimentation (DGAL) met en place depuis de nombreuses années des plans de surveillance (PS) ou exploratoires (PE), sur des matrices issues de différentes filières et prélevées à différents maillons de la chaîne alimentaire permettant ainsi une meilleure évaluation du risque de ces deux pathogènes vis-à-vis des consommateurs. Les viandes de volailles figurent parmi les principales sources de contamination de l'Homme par *Salmonella* spp., (avec les ovoproduits et les viandes de porc) et sont considérées comme l'une des principales sources de contamination de l'Homme par *Campylobacter* spp. en France et en Europe (Thépault et al., 2018 ; EFSA et ECDC, 2024).

Le Centre National de Référence (associé) *Clostridioides difficile* (*C. difficile*), a montré que cet agent pathogène était la deuxième bactérie isolée de selles en France, après *Campylobacter* spp., chez des patients ayant consulté leur médecin généraliste pour diarrhées ou troubles gastro-intestinaux (Barbut 2017). Il est à noter qu'un clone hypervirulent de *C. difficile* responsable d'infections nosocomiales sévères associées à des taux de mortalités élevés a émergé à partir des années 2000 au niveau mondial (Colomb-Cotinat et al. 2019). Le nombre d'infections communautaires (c'est-à-dire non associées à une hospitalisation) à *C. difficile* a également augmenté dans de nombreux pays, y compris en Europe et représente actuellement à peu près la moitié des infections à *C. difficile* (Ofori et al. 2018). Des études récentes ont montré que l'environnement (sol, rivières, lacs...), animaux et aliments constituent des réservoirs de *C. difficile* et que les profils de certaines souches retrouvées dans les cas cliniques humains communautaires sont proches de ceux identifiés dans ces réservoirs (Bolton et al. 2023). Une étude récente réalisée par l'Anses a permis d'isoler *C. difficile* dans le contenu cæcal de volailles dans 85,7 % des élevages investigués (Le Maréchal et al., 2022). Ce pathogène a par ailleurs été retrouvé dans 15,8 % des viandes de volaille avec peau en Allemagne (Heise et al., 2021).

A ce jour, il n'existe aucun critère réglementaire concernant *Campylobacter* spp. et *C. difficile* dans

les viandes fraîches de poulet à la distribution. Concernant *Salmonella*; le règlement (CE) n°2073/2005 fixe en effet, un critère de sécurité des denrées alimentaires pour *Salmonella* Typhimurium, le variant monophasique de *Salmonella* Typhimurium (1,4,[5],12 :i-) et *Salmonella* Enteritidis pour les viandes fraîches de volaille (non détecté dans 25 g) applicable pour les produits mis sur le marché pendant leur durée de conservation.

Ce même règlement (CE) n° 2073/2005 établit toutefois un critère d'hygiène des procédés au stade de l'abattoir pour *Campylobacter* spp. Ce critère est basé sur le dénombrement de *Campylobacter* à partir des peaux de cou des carcasses de volaille avec une limite de 1000 UFC/g (IT DGAL/SDSSA/2018-23 09/01/2018).

Les objectifs de ce plan de surveillance (PS) au stade de la distribution étaient de :

- d'estimer la prévalence des dangers sanitaires, *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp., sur les viandes fraîches de poulet en vue de les comparer à celles précédemment obtenues dans le cadre des plans de surveillance
- d'obtenir des données de dénombrement de *Campylobacter* spp. sur ces matrices pour voir si le critère d'hygiène à l'abattoir a un impact sur les produits à l'étal,
- et de déterminer la prévalence de *C. difficile* dans les viandes fraîches de poulet en France.

## Matériels et méthodes

### Echantillonnage

Le plan de répartition des prélèvements concernait les départements les plus représentatifs de la consommation de viandes fraîches de poulet en France. Il prenait en compte la répartition des lieux d'achat et de la saisonnalité de la consommation. Ce plan est conforme aux recommandations de l'EFSA (Autorité européenne de sécurité des aliments) sur la surveillance de *Campylobacter* et *Salmonella* dans les viandes fraîches de poulet à la distribution.

Ce PS mené en 2022 a porté sur 487 unités épidémiologiques de viandes fraîches de poulet. Les viandes fraîches étaient des viandes n'ayant subi aucun traitement de conservation autre que la réfrigération, y compris les viandes conditionnées sous-vide ou sous atmosphère contrôlée, tel que défini dans le règlement (CE) n°853/2004. Une unité épidémiologique consistait en au moins 6 unités d'analyse provenant d'une même barquette, ou de barquettes identiques si en plusieurs barquettes. Cinq de ces unités d'analyse étaient destinées aux analyses en parallèle pour *Salmonella* et

*Campylobacter*. La sixième unité était quant à elle destinée à l'analyse pour *C. difficile*.

Ces échantillons étaient environ pour moitié des cuisses de poulets avec peau et pour moitié des escalopes de poulet sans peau (Tableau 1). Ils ont été prélevés à la distribution dans 84 départements métropolitains. Plusieurs informations sur les unités épidémiologiques prélevées étaient requises à savoir, le département de prélèvement, la matrice, la date de prélèvement, le conditionnement, Pour les unités d'analyse dont l'information était renseignée (n=1785), celles-ci étaient conditionnées sous atmosphère modifiée (77,0 % des unités), sous film (18,7 %) ou sous vide (4,2 %). La répartition des unités prélevées selon leur mode de conditionnement est indiquée dans le tableau 1. Bien que cette modalité ne fasse pas partie des critères pour l'échantillonnage, la répartition des unités était similaire pour les deux types de matrices. Ainsi, un type de conditionnement n'a pas été privilégié selon que la matrice soit avec peau (cuisse) ou sans peau (escalope).

#### Détection de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Clostridioides difficile* et dénombrement de *Campylobacter* spp.

Les prélèvements des échantillons ont été réalisés par les DDPP et adressés sous régime du froid positif aux laboratoires agréés pour la mise en analyse à réception pour la recherche de *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp. Ces laboratoires conservaient à une température inférieure à -18°C une unité d'analyse de chaque échantillon en vue de les adresser au laboratoire de l'Anses de Ploufragan-Plouzané-Niort pour la détection de *C. difficile*. La congélation n'impacte pas la détection de *C. difficile* (Marcos et al. 2023) et a été retenue ici pour des raisons logistiques.

Pour chacune des cinq unités d'analyse qui constituaient l'échantillon, les laboratoires agréés ont procédé :

- à la recherche de *Salmonella* spp. dans 25 g selon la norme NF EN ISO 6579-1 « Microbiologie de la chaîne alimentaire – Méthode horizontale pour la recherche, le dénombrement et le sérotypage des *Salmonella* - Partie 1 : recherche des *Salmonella* spp. » ou selon une méthode alternative validée AFNOR (Association

française de normalisation) ou certifiée MicroVal, par rapport à la méthode de référence.

- au sérotypage des souches de *Salmonella* spp. isolées, selon les recommandations techniques du Fascicule de Documentation FD CEN ISO/TR 6579-3 « Microbiologie de la chaîne alimentaire – Méthode horizontale pour la recherche, le dénombrement et la sérotypie des *Salmonella* - Partie 3 : lignes directrices pour la sérotypie de *Salmonella* spp. ».
- à la recherche de *Campylobacter* spp., dans 10 g selon la norme NF EN ISO 10272-1 : 2017 « Microbiologie de la chaîne alimentaire - Méthode horizontale pour la recherche et le dénombrement de *Campylobacter* spp. - Partie 1 : Méthode de recherche »,
- au dénombrement de *Campylobacter* spp., selon la norme NF EN ISO 10272-2 : 2017 « Microbiologie de la chaîne alimentaire – Méthode horizontale pour la recherche et le dénombrement de *Campylobacter* spp. - Technique par comptage des colonies ».

Il n'existe pas de norme pour détecter *C. difficile*. La détection de *C. difficile* a été réalisée selon une méthode interne développée dans l'unité Hygiène et Qualité des Produits Avicoles et Porcins du laboratoire de l'Anses Ploufragan-Plouzané-Niort (Le Maréchal et al., 2019). Une prise d'essai d'1 g de chaque échantillon a été diluée au dixième dans du bouillon Brain Heart Infusion (BHI) BioMérieux, Craponne, France) supplémenté avec 0,1% de taurocholate (Sigma Aldrich, Lyon, France), et le supplément cefoxitin (8 mg/L) et cycloserine (250 mg/L) (Oxoid, Dardilly, France). Les tubes ont ensuite été incubés en anaérobiose (en jarre avec Anaerogen (Oxoid, Dardilly, France)) à 37°C pendant 7 jours. Un isolement en cadran sur milieu chromogène ChromID *C. difficile* (Biomérieux, Craponne, France) a été réalisé. Les géloses ont été incubées 48h en anaérobiose à 37°C avant lecture et mise en collection des isolats par repiquage sur gélose ChromID puis re-suspension des colonies en bouillon glycérolé peptoné et stockage à une température inférieure à -80°C. Entre 2 et 5 isolats ont été mis en collection par échantillon (colonies caractéristiques selon leur forme et leur couleur).

**Tableau 1.** Répartition des unités d'analyses selon la matrice et le mode de conditionnement

Matrice	Sous atm. modifiée	Sous film	Sous vide	Non renseigné	Total
Cuisse	695	190	30	290	1205
Escalope	680	145	45	360	1230
<b>Total</b>	<b>1375</b>	<b>335</b>	<b>75</b>	<b>650</b>	<b>2435</b>

Atm. : atmosphère modifiée

**Tableau 2.** Prévalence en pourcentage d'unités épidémiologiques en *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp., selon la matrice « viande fraîche de volaille » avec peau (cuisse) ou sans peau (escalope)

Pathogène	Matrice	Nombre d'unités épidémiologiques	% d'unités positives	IC95%
<i>Salmonella</i>	Cuisse	246	3,66	[1,7 % - 5,6 %]
	Escalope*	241	1,66	[1,3 % - 3,0 %]
	<b>Total</b>	<b>487</b>	<b>2,7</b>	<b>[1,4 % - 4,5 %]</b>
<i>Campylobacter</i>	Cuisse	239	77,4	[72,9 %-81,8 %]
	Escalope*	246	57,7	[52,5 %-62,9 %]
	<b>Total</b>	<b>485</b>	<b>67,4</b>	<b>[63,9 %-70,9 %]</b>

IC 95% : intervalle de confiance à 95%

\*Escalope : Escalope et filet de poulets

La confirmation et le typage moléculaire de *C. difficile* ont été effectués par le CNR *C. difficile*. L'identification des souches a été confirmée par spectrométrie de masse (Maldi-Tof, Bruker Daltonics, Germany) (Jolivet et al. 2023). Le PCR-ribotype a été déterminé selon les recommandations européennes (Fawley et al., 2015 ; <https://webribo.ages.at>); (<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/laboratory-procedures-diagnosis-and-typing-human-clostridium-difficile-infection>).

Les gènes codant les principaux facteurs de virulence ont été recherchés (*tcdA*, *tcdB*, *tcdC*, *cdtA*, *cdtB*) par PCR multiplex et la sensibilité aux antibiotiques des isolats collectés a été évaluée par la technique de diffusion des disques en milieu gélosé (Colomb-Cotinat et al., 2019).

## Résultats

### Prévalence de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *C. difficile*

Le **tableau 2** indique le nombre d'unités épidémiologiques mis en analyse en fonction des pathogènes, *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp. et pour lesquels le résultat est positif si au moins une des unités d'analyse sur les cinq a été testée positive. Le **tableau 3** indique le nombre d'unités mis en analyse en fonction des pathogènes.

Sur les 487 unités épidémiologiques analysés pour *Salmonella* spp., 13 unités épidémiologiques avaient au moins une unité d'analyse positive pour *Salmonella* spp. (sur les cinq mises en analyse par unité épidémiologique), soit une prévalence « unité épidémiologique » de 2,7 % IC95% [1,4 % - 4,5 %]. Une seule unité épidémiologique positive présentait les cinq unités d'analyse positives à *Salmonella* spp. Au total, sur les 2435 unités d'analyse, 23 étaient positives en *Salmonella* spp., soit une prévalence « individuelle » de 0,9 % IC95% [0,6 % - 1,3 %] (**Tableau 3**). Sur les 13 unités épidémiologiques contaminés, sept sérotypes différents ont été mis

en évidence parmi lesquels *S. Infantis* (n=4), *S. Agama* (n=3), *S. Derby* (n=2), et *S. Enteritidis*, variant monophasique de *S. Typhimurium*, *S. Mbandaka* et *S. Paratyphi B* (n=1 pour chacun de ces quatre derniers sérotypes). Sur les 13 unités épidémiologiques positives en *Salmonella* spp., dix l'étaient également en *Campylobacter* spp.

Sur les 485 unités épidémiologiques analysés pour *Campylobacter* spp., 327 avaient au moins une unité d'analyse positive en *Campylobacter* spp. (sur les cinq mises en analyse par échantillon), soit une prévalence « unité épidémiologique » de 67,4 % IC95% [63,9 %-70,9 %]. Parmi les 327 unités épidémiologiques positives, 15,9 %, 12,5 %, 11,9 %, 10,4 % et 49,2% des unités épidémiologiques avaient respectivement 1, 2, 3, 4 et 5 unités d'analyse positives en *Campylobacter* spp. Sur les 2425 unités analysées, 1192 étaient positives en *Campylobacter* spp., soit une prévalence « individuelle » de 49,2 % IC95% [47,4 %-50,8 %] (**Tableau 3**).

Sur les 465 unités d'analyses, *C. difficile* n'a été détecté que dans quatre unités soit une prévalence individuelle de 0,9 % IC95% [0,3 %-2,2 %] (**Tableau 3**). Ces quatre unités d'analyse provenaient de barquettes (unités épidémiologiques) dont les 5 unités d'analyse étaient positives en *Campylobacter*, et parmi celle-ci, 3 unités d'une barquette étaient en plus positives en *Salmonella* *Infantis*. Un maximum de cinq souches a été caractérisé par unité d'analyse positive. Un seul profil (même PCR-ribotype, mêmes gènes de virulence, mêmes résultats de sensibilité aux antibiotiques) a été identifié par unité d'analyse positive, aucune variabilité intra-échantillon n'a été mise en évidence. Ce résultat suggère la présence d'une seule souche par unité d'analyse. Pour deux unités d'analyse, le PCR-ribotype identifié est le RT-001, PCR-ribotype fréquemment impliqué dans des infections humaines (European Centre for Disease Prevention and Control 2022). Pour les deux autres unités d'analyse, les PCR-ribotypes identifiés sont le

RT-713 et le RT-629, peu fréquents chez l’Homme. La caractérisation des PCR-ribotypes RT-001 et RT-713 a permis la détection des gènes codant l’entérotoxine A et la cytotoxine B (toxines majeures impliquées dans le virulence de *C. difficile*), aucune délétion au niveau du répresseur *tcdC* (gène qui régule l’expression des gènes codant les toxines A et B ; en cas de délétion de *tcdC*, une surexpression de ces gènes est observée) n’a été détectée et les gènes codant la toxine binaire (autre facteur de virulence majeur) sont tronqués (pseudogènes). Les souches du PCR-ribotype RT-629 ne présentent pas de gène de toxine. Elles sont considérées comme non toxigènes donc non pathogènes.

Toutes les souches présentent une résistance à la clindamycine, ce qui est courant chez les souches de *C. difficile*. Les souches non toxigènes de PCR-ribotype RT-629 présentent par ailleurs une résistance à la tétracycline et à la tigécycline. Toutes les souches sont sensibles à l’érythromycine, à la moxifloxacine, à la rifampicine, au métronidazole et à la vancomycine.

Quel que soit le pathogène, la prévalence pour les unités d’analyse mises en analyse est plus élevée pour les produits avec peau (Tableau 3), avec une

différence significative entre ces deux matrices pour *Campylobacter* spp. pour les deux analyses de prévalence, par nombre d’unités d’analyse (Chi2,  $p < 0,05$ ) et par nombre d’unités épidémiologiques (Chi2,  $p < 0,05$ ) (Tableau 2).

Il y a également une différence significative (Chi2,  $p=0,046$ ) au niveau des unités d’analyse entre les types de conditionnements pour la prévalence en *Campylobacter* spp., elle est, moins élevée pour les viandes sous vide (31 unités positives sur 75 ; 41,3%) et sous atmosphère modifiée (652 unités positives sur 1375 ; 47,4%) par rapport au conditionnement sous film (179 unités positives sur 330 ; 54,2%).

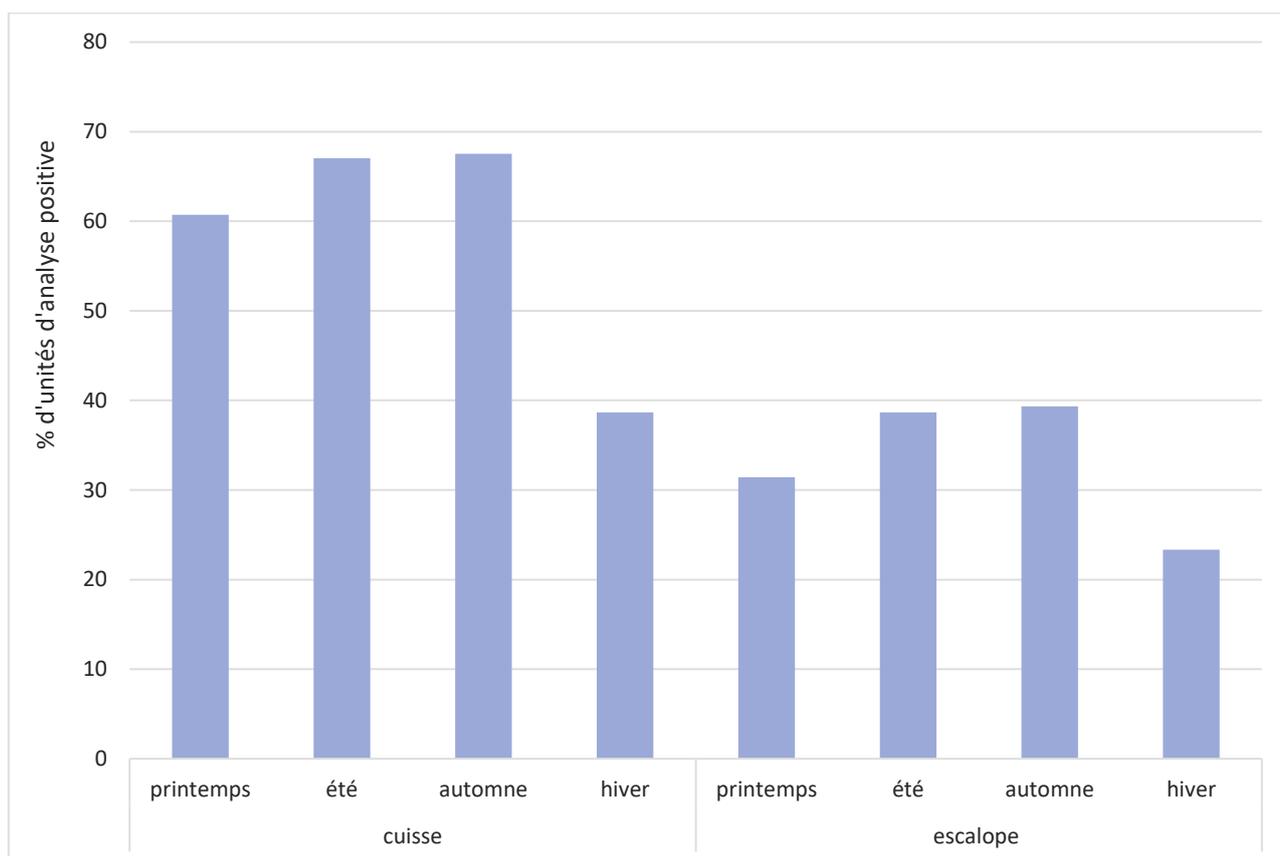
Un effet saison a également été observé au niveau des unités d’analyse pour *Campylobacter* spp. avec un pourcentage d’unités d’analyses positives moins élevé en hiver (30,3%) et plus élevé pour les trois autres saisons (en moyenne 50,7%). Cette différence existe pour les deux types de matrices, bien que moins marquée pour les escalopes (Chi2,  $P= 0,005$ ) que pour les cuisses (Chi2,  $p < 0,05$ ) (Figure 1).

Les effets conditionnement et saison n’ont pas pu être évalués pour *Salmonella* spp. et *C. difficile* en raison du faible nombre d’unités positives.

**Tableau 3.** Prévalence en pourcentage d’unités d’analyses en *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., et *C. difficile* selon la matrice « viande fraîche de volaille » avec peau (cuisse) ou sans peau (escalope)

Pathogène	Matrice	Nombre d'unités d'analyse	% d'unités d'analyse positives	IC95%
<i>Salmonella</i>	Cuisse	1205	1,5	[0,9 % - 2,0 %]
	Escalope	1230	0,4	[0,1 % - 1,0 %]
	<b>Total</b>	<b>2435</b>	<b>0,9</b>	<b>[0,6 % - 1,3 %]</b>
<i>Campylobacter</i>	Cuisse	1195	63,2	[60,8 %-35,4 %]
	Escalope	1230	35,5	[32,4 %-36,9 %]
	<b>Total</b>	<b>2425</b>	<b>49,2</b>	<b>[47,4 %-50,8 %]</b>
<i>C. difficile</i>	Cuisse	271	1,7	[0,4 %-4,3 %]
	Escalope	194	0	/
	<b>Total</b>	<b>465</b>	<b>0,9</b>	<b>[0,2 %-2,2 %]</b>

IC 95% : intervalle de confiance à 95%



**Figure 1 :** Pourcentage d'unités d'analyses positives en *Campylobacter* spp. selon la matrice avec peau (cuisse) ou sans peau (escalope) et en fonction des saisons de prélèvement à l'étal.

#### Dénombrement de *Campylobacter* spp.

Parmi les unités d'analyse positives en *Campylobacter* spp., 28 % des escalopes (n=344) étaient faiblement contaminés ( $\leq 10$  UFC/g) contre 31% pour les cuisses (n=370). Une plus grande proportion d'échantillons de cuisses était davantage contaminée avec des dénombrements plus élevés : 15,6% des cuisses positives ont plus de 100 UFC/g (n=187), et ce nombre peut dépasser 10 000 UFC/g (n=3) (Tableau 4). Parmi les unités d'analyse positives en *Campylobacter* spp., le conditionnement et la saison n'ont pas montré d'impact sur la charge en *Campylobacter* spp..

En tenant compte des unités épidémiologiques dont au moins une unité d'analyse est positive, les courbes de densité basée sur le  $\text{Log}_{10}$  UFC/g des unités d'analyse (Figure 2) montrent qu'il y a beaucoup plus d'escalopes négatives ou avec un faible nombre d'UFC/g.

La variabilité intra-unité d'analyse pour le dénombrement de *Campylobacter* est du même ordre entre les cuisses et les escalopes. La variabilité inter-unité d'analyse est quant à elle plus élevée pour les cuisses (Tableau 5).

**Tableau 4.** Nombre d'unités d'analyse selon le dénombrement en UFC/g de *Campylobacter* spp. pour la « viande fraîche de volaille » avec peau (cuisse) ou sans peau (escalope)

Matrice	Négatif	$\leq 10$	$>10 \leq 100$	$>100 \leq 1000$	$>1000 \leq 10000$	$>10000$	Total
Cuisse	440	370	198	158	26	3	1195
Escalope	793	344	71	19	3	0	1230
<b>Total</b>	<b>1233</b>	<b>714</b>	<b>269</b>	<b>177</b>	<b>29</b>	<b>3</b>	<b>2425</b>

**Tableau 5:** variabilité intra- et inter-unités d'analyse pour celles issues d'unité épidémiologique positives

Cuisse		Escalope	
Variabilité intra-unités d'analyse	Variabilité inter-unités d'analyse	Variabilité intra-unités d'analyse	Variabilité inter-unités d'analyse
<b>0,94</b>	<b>1,87</b>	<b>1,02</b>	<b>1,05</b>

## Discussion

En 2022, 1 924 toxi-infections alimentaires collectives (TIAC) ont été déclarées en France, affectant plus de 16 000 personnes. Parmi ces TIAC, l'agent pathogène le plus fréquemment confirmé était *Salmonella* avec pour sérotype majoritaire *S. Enteritidis*, suivi de *S. Typhimurium* et de son variant monophasique (SPF, 2024). Dans la plupart des cas de TIAC, il n'est pas possible d'identifier une catégorie d'aliments en particulier. Toutefois, le risque lié à la consommation de viandes, de poissons, de volailles, de végétaux, d'œufs et produits à base d'œufs a pu être mis en évidence. Concernant les TIAC confirmées à *Salmonella*, il s'agit dans la majorité des cas d'une suspicion de contamination due à la consommation d'œufs ou de produits à base d'œufs comme principale source d'infection (SPF, 2024).

La prévalence de *Salmonella* spp. dans les produits de poulets de chair avait été estimée, au stade de la distribution, à 1,7 %<sub>IC95%</sub> [0,5 % - 5,8 %] en 2009 et à 1,2 %<sub>IC95%</sub> [0,3 % - 3,1 %] en 2010. En 2022 il est constaté une diminution de la prévalence à 0,9 %<sub>IC95%</sub> [0,6 % - 1,3 %]. Cette prévalence française est faible en comparaison avec une étude récente qui a mis en évidence un niveau de contamination par *Salmonella* de 7 % en Europe (Gonçalves-Tenório et al., 2018). L'élevage est une étape clé pour la maîtrise du risque sanitaire tout au long de la chaîne alimentaire, une diminution de la contamination à l'élevage permet en effet de réduire le risque de contamination humaine et par conséquent des produits contaminés à la distribution. Ainsi, le système de surveillance et les moyens de lutte mis en place grâce à la réglementation des élevages avicoles en France (par exemple, l'application de l'Arrêté du 29 septembre 2021 relatif « aux mesures de biosécurité applicables par les opérateurs et les professionnels liés aux animaux dans les établissements détenant des volailles ou des oiseaux captifs dans le cadre de la prévention des maladies animales transmissibles aux animaux ou aux êtres humains ») ont certainement eu un rôle dans la diminution de la prévalence de contamination à *Salmonella* des produits avicoles à la distribution. En 2009 et 2010, le sérotype majoritairement isolé était *S. Livingstone*. Dans ce PS, le sérotype le plus représenté est *S. Infantis*. Il est difficile de conclure sur un sérotype majoritaire car la prévalence dans ces échantillons est particulièrement faible. Toutefois, au cours de ces dernières années, il a été notifié une augmentation de la prévalence des infections à *S. Infantis* aux États-Unis, en Europe et en Amérique latine, en lien

avec une contamination de la viande de poulet (Alvarez et al., 2023).

La prévalence de contamination au niveau des unités d'analyse par *Campylobacter* spp. observée lors de ce PS (49,2 %<sub>IC95</sub> [47,4 %-50,8 %]) est plus faible que celle observée lors du PS réalisé en 2009 (62,3 %<sub>IC95</sub> [64,4 % -74,1 %]) sur les mêmes types matrices. De même, la prévalence au niveau des unités d'analyse est toujours plus élevée pour les cuisses (85 % et 63 % respectivement pour 2009 et 2022), matrices avec peau par rapport aux escalopes (53,3 % et 35,5 % respectivement pour 2009 et 2022), matrice sans peau. Il est à noter que la prévalence en *Campylobacter* spp. au niveau des unités d'analyse était plus faible sur les cuisses lors du PS réalisé en 2017 (59,4 %<sub>IC95</sub> [47,6-70,2]). Ce résultat est en partie dû à un nombre de cuisses mises en analyse en 2017 (n=69) beaucoup plus faible que le nombre d'escalopes (n=253) lors de ce PS. Pour voir la réelle évolution de la situation en *Campylobacter* spp. à la distribution, il conviendrait que ces plans soient dimensionnés systématiquement de la même façon.

Néanmoins, en prenant en compte les données 2009 et 2022 qui respectent un nombre d'unités d'analyse du même ordre de grandeur par type de matrice, on observe une réduction de la prévalence de *Campylobacter* spp. Ceci pourrait être le résultat positif de la mise en place du critère d'hygiène des procédés à l'abattoir qui a été mis en place au 1<sup>er</sup> janvier 2018 (règlement (UE) n°2017/1495 modifiant le règlement (UE) 2073/2005)). Celui-ci se base sur des dénombrements de peaux de cou de carcasse de poulet, avec une exigence de moins de 15 carcasses > à 1 000 UFC/g sur 50 carcasses pour 2020 et de moins de 10/50 en 2025.

Pour permettre une meilleure évaluation du risque *Campylobacter* spp., il conviendrait dans les futurs PS d'adapter les différentes catégories de matrices au taux de contamination relatif de ces matrices, c'est à dire escalopes, cuisses, carcasses, en y incluant les différents abats de volaille. En effet, les abats (foie, gésier et cœur) analysées dans le cadre d'un PS mené en 2020, avaient montré une prévalence en *Campylobacter* spp. au niveau des unités d'analyse respectivement de 78,9%, 64,5% et 52,1%.

Dans ce PS réalisé en 2022, les prévalences en *Campylobacter* spp. observées selon le type de conditionnement indiquent que les conditionnements sous-vide et sous atmosphère modifiée seraient plus favorables à la maîtrise de ce pathogène par rapport au conditionnement sous-film. Un effet saison est à nouveau observé sur ces

matrices à la distribution, avec une prévalence en *Campylobacter* spp. plus faible en hiver. C'est la conséquence du même effet saison généralement observé au stade de l'élevage (Allain et al., 2014). Cela pourrait avoir un impact également sur le nombre de campylobactérioses observées tout le long de l'année. En effet, un nombre plus important de cas d'infections humaines est observé l'été (rapport du Centre National de Référence *Campylobacter* et *Helicobacter* (CNRCH), 2021).

La prévalence de *C. difficile* estimée dans cette étude est faible (avec seulement quatre unités d'analyse positive), plus faible que dans une étude précédente menée en Autriche qui rapportait un pourcentage de détection de 15,8 % (Heise et al., 2021). Dans cette étude (Heise et al., 2021), une prise d'essai de 25g avait été utilisée et le protocole d'analyse n'était pas le même, ce qui pourrait expliquer la différence observée. Aucune norme n'existe pour la détection de *C. difficile* et aucun consensus international n'a été établi pour le moment concernant la méthode d'analyse à mettre en œuvre pour détecter *C. difficile*. La méthode utilisée dans le cadre de ce PS avait cependant déjà été utilisée précédemment pour d'autres études, notamment au stade de l'élevage (Le Maréchal et al., 2022) et a prouvé sa bonne performance à détecter *C. difficile*. Une revue de la littérature publiée en 2023 (Borji et al., 2023) rapporte une prévalence moyenne de 6,1% dans les viandes crues de volaille (entre 3,4 % et 10,7 %) à partir de 17 études menées à travers le monde. Il est à noter que d'autres études ont trouvé comme ici des prévalences de *C. difficile* très faibles (Ersöz et al., 2018). Dans une étude menée aux Pays-Bas, *C. difficile* a été détecté dans 2,7% des viandes de poulet analysées (de Boer et al., 2011). Les PCR-ribotypes identifiés dans cette étude étaient différents de ceux retrouvés dans les cas cliniques humains à l'exception du PCR-ribotype 001, que nous avons également détecté ici. Ce PCR-ribotype 001 avait également été détecté au stade de l'élevage en France (Le Maréchal et al., 2022). Une comparaison génomique des souches de ce PCR-ribotype 001 retrouvées dans la filière avicole et dans les cas cliniques humaines permettrait de déterminer si les souches identifiées dans cette filière présentent ou non un risque pour la santé publique.

## Conclusion

Ce plan de surveillance a permis de faire un état des lieux de la contamination en France des viandes de poulet au stade de la distribution par *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp., ce qui n'avait pas été fait depuis 2010 pour *Salmonella* spp. et 2017 pour *Campylobacter* spp. Ce plan a par ailleurs permis

d'évaluer la contamination de ces produits par *C. difficile*, danger émergent, pour lequel aucune donnée n'était disponible jusqu'à présent en France. Quel que soit le pathogène, une fréquence de détection plus élevée a été notée pour les cuisses que pour les escalopes. Une baisse de la prévalence au niveau de ces matrices a été observée que ce soit pour *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp. en comparaison avec les plans antérieurs suggérant que les mesures mises en place dans les élevages avicoles pour *Salmonella* et dans les abattoirs de volailles pour *Campylobacter* spp. seraient favorables à une meilleure maîtrise de la contamination des viandes de volailles par ces deux pathogènes. Il est nécessaire de poursuivre la surveillance pour ces deux pathogènes et pour *C. difficile*, afin de voir si l'efficacité des mesures de maîtrise perdure et se répercute également sur *C. difficile*.

Il est à noter que la variabilité dans le dimensionnement des plans de surveillance en fonction des années ne permet pas de suivre objectivement l'évolution de la contamination par *Salmonella* spp. et *Campylobacter* spp. Nous recommandons donc de mettre en œuvre à intervalle de temps régulier des plans similaires pour pouvoir surveiller de manière optimale l'évolution de la contamination par ces pathogènes majeurs de la chaîne alimentaire, pour s'assurer de l'efficacité des mesures mises en place, et pour émettre des recommandations pour l'améliorer. Outre les viandes (escalopes, carcasses et cuisses), il conviendrait d'élargir cette surveillance à d'autres filières avicoles (dinde, canard, pintade) et de considérer à nouveau les abats, matrices pour lesquelles des taux de prévalence élevés en *Campylobacter* spp. avaient été observés lors d'un PS antérieur, et en raison d'une prévalence importante rapportée dans la littérature scientifique pour *C. difficile*.

## Remerciements

La mise en œuvre de ce plan a été financée et piloté par la DGAL. Nous remercions les agents des services déconcentrés, ainsi que le personnel de l'Unité HQPAP, du laboratoire de l'Anses de Ploufragan-Plouzané-Niort, qui ont contribué à la réalisation de ce plan de surveillance. Nous remercions également S. Bougeard, de l'Anses de Ploufragan-Plouzané-Niort, pour son aide dans l'analyse statistique des données.

## Références bibliographiques

Allain V, Chemaly M, Laisney MJ, Rouxel S, Quesne S, Le Bouquin S. 2014. «Prevalence of and risk factors for *Campylobacter* colonisation in broiler

- flocks at the end of the rearing period in France». *British Poultry Science* 2014;55(4):452-9.
- Alvarez DM, Barrón-Montenegro R, Conejeros J, Rivera D, Undurraga EA, Moreno-Switt AI. 2023. «A review of the global emergence of multidrug-resistant Salmonella enterica subsp. enterica Serovar Infantis». *International Journal of Food Microbiology*. 403:110297. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110297.
- Barbut, F. 2017. «Poids de l'infection à *Clostridium difficile* en France et dans le monde ». *JNI 18ème journées nationales d'infectiologie*, St Malo, Juin 2017.
- Bolton D, Marcos P. The Environment, Farm Animals and Foods as Sources of *Clostridioides difficile* Infection in Humans. *Foods*. 2023 Mar 4;12(5):1094. doi: 10.3390/foods12051094.
- Borji S, Kadivar S, Dashtbin S, Kooti S, Abiri R, Motamedi H, Moradi J, Rostamian M, Alvandi A. 2023 «Global prevalence of *Clostridioides difficile* in 17,148 food samples from 2009 to 2019: a systematic review and meta-analysis». *Journal of Health, Population and Nutrition*. 42(1):36. doi: 10.1186/s41043-023-00369-3.
- Colomb-Cotinat, M., L. Assouvie, J. Durand, C. Daniau, L. Leon, S. Maugat, S. Soing-Altrach, C. Gateau, J. Couturier, I. Arnaud, P. Astagneau, A. Berger-Carbonne, and F. Barbut. 2019. «Epidemiology of *Clostridioides difficile* infections, France, 2010 to 2017. » *Euro Surveill* 24 (35). doi: 10.2807/1560-7917.Es.2019.24.35.1800638.
- de Boer E, Zwartkruis-Nahuis A, Heuvelink AE, Harmanus C, Kuijper EJ. 2011. «Prevalence of *Clostridium difficile* in retailed meat in the Netherlands». *International Journal of Food Microbiology* 5;144(3):561-4. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2010.11.007.
- EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control) 2024. «The European Union One Health 2023 Zoonoses Report». *EFSA Journal*, DOI: 10.2903/j.efsa.2024.9106
- Ersöz ŞŞ, Coşansu S. 2018. «Prevalence of *Clostridium difficile* Isolated from Beef and Chicken Meat Products in Turkey». *Food Science of Animal Resources* 38(4):759-767. doi: 10.5851/kosfa.2018.e14.
- ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control). 2022. «*Clostridioides (Clostridium) difficile* infections». *Annual epidemiological report for 2016–2017*, Stockholm, ECDC.
- Fawley WN, Knetsch CW, MacCannell DR, Harmanus C, Du T, Mulvey MR, Paulick A, Anderson L, Kuijper EJ, Wilcox MH. 2015. «Development and validation of an internationally-standardized, high-resolution capillary gel-based electrophoresis PCR-ribotyping protocol for *Clostridium difficile*». *PLoS One*, 10(2):e0118150. doi: 10.1371/journal.pone.0118150.
- Gonçalves-Tenório, A.; Silva, B.N.; Rodrigues, V.; Cadavez, V.; Gonzales-Barron, U. 2018. «Prevalence of pathogens in poultry meat: A meta-analysis of European published surveys». *Foods* 7(5):69. doi: 10.3390/foods7050069.
- Heise, J., P. Witt, C. Maneck, H. Wichmann-Schauer, and S. Maurischat. 2021. «Prevalence and phylogenetic relationship of *Clostridioides difficile* strains in fresh poultry meat samples processed in different cutting plants». *International Journal of Food Microbiology* 339:109032. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2020.109032.
- Jolivet S, Couturier J, Grohs P, Vilfaillot A, Zahar JR, Frange P, Casetta A, Moulin V, Lawrence C, Baune P, Bourgeois C, Bouffier A, Laussucq C, Sienzonit L, Picard S, Podglajen I, Kassis-Chikhani N, Barbut F. Prevalence and risk factors of toxigenic *Clostridioides difficile* asymptomatic carriage in 11 French hospitals. *Front Med (Lausanne)*. 2023 Jul 19;10:1221363. doi: 10.3389/fmed.2023.1221363.
- Kachrimanidou, M., E. Tzika, and G. Filioussis. 2019. «*Clostridioides (Clostridium) difficile* in Food-Producing Animals, Horses and Household Pets: A Comprehensive Review» *Microorganisms* 7 (12). doi: 10.3390/microorganisms7120667.
- Kim, G., and N. A. Zhu. 2017. «Infection au *Clostridium difficile* acquise dans la communauté» *Canadian Family Physician* 63 (2):e97-e99.
- Le Maréchal C, Druilhe C, Repérant E, Boscher E, Rouxel S, Le Roux S, Poëzevara T, Ziebal C, Houdayer C, Nagard B, Barbut F, Pourcher AM, Denis M. 2019. «Evaluation of the occurrence of sporulating and nonsporulating pathogenic bacteria in manure and in digestate of five agricultural biogas plants ». *Microbiologyopen*. 8(10):e872. doi: 10.1002/mbo3.872.
- Le Maréchal C., Guyard M., Martin L., Gateau C., Rouxel S., Couturier J., Poezevara T., Syed-Zaidi R., Marault M., Youssouf A., Kooh P., Chemaly M., Barbut F., Firmesse O. 2022. «Detection and characterization of *Clostridioides difficile* strains in French broiler farms». 14èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, *Animal-Science proceedings*, doi: 10.1016/j.anscip.2022.05.043
- Le Maréchal C., Guyard M., Martin L., Gateau C., Rouxel S., Couturier J., Poezevara T., Syed-Zaidi R.,

Marault M., Youssouf A., Kooch P., Chemaly M., Barbut F., Firmesse O. 2022. «Detection and characterization of *Clostridioides difficile* strains in French broiler farms». *Animal - science proceedings*, vol 13, Issue 5, p.635, ISSN 2772-283X, <https://doi.org/10.1016/j.anscip.2022.05.043>

Marcos P, Glennon C, Whyte P, Rogers TR, McElroy M, Fanning S, Frias J, Bolton D. The effect of cold storage and cooking on the viability of *Clostridioides difficile* spores in consumer foods. *Food Microbiol.* 2023 Jun;112:104215. doi: 10.1016/j.fm.2023.104215. Epub 2023 Jan 9.

Ofori, E., D. Ramai, M. Dhawan, F. Mustafa, J. Gasperino, and M. Reddy. 2018. «Community-acquired *Clostridium difficile*: epidemiology, ribotype, risk factors, hospital and intensive care unit outcomes, and current and emerging therapies». *Journal of Hospital Infection* 99 (4):436-442. doi: 10.1016/j.jhin.2018.01.015.

Rivas L, Dupont PY, Gilpin BJ, Cornelius AJ. 2020. «Isolation and characterization of *Clostridium difficile* from a small survey of wastewater, food and animals in New Zealand». *Letters of Applied Microbiology.* 70(1):29-35. doi: 10.1111/lam.13238.

Rodriguez Diaz, C., C. Seyboldt, and M. Rupnik. 2018. «Non-human *C. difficile* Reservoirs and Sources: Animals, Food, Environment». *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 1050:227-243. doi: 10.1007/978-3-319-72799-8\_13.

SFP (Santé publique France). 2024. « Surveillance des toxi-infections alimentaires collectives (TIAC). Données de la déclaration obligatoire, 2022». *Bulletin, Édition nationale*, 21 février 2024, p. 6

Sun T, Liu Y, Qin X, Aspridou Z, Zheng J, Wang X, Li Z, Dong Q. 2021. «The prevalence and epidemiology of *Salmonella* in retail raw poultry meat in China: A Systematic Review and Meta-Analysis». *Foods*, 10(11):2757. doi: 10.3390/foods10112757.

Thépault A, Rose V, Quesne S, Poezevara T, Béven V, Hirschaud E, Touzain F, Lucas P, Méric G, Mageiros L, Sheppard SK, Chemaly M, Rivoal K. 2018.

«Ruminant and chicken: important sources of campylobacteriosis in France despite a variation of source attribution in 2009 and 2015». *Scientific Reports*, 18;8(1):9305. doi: 10.1038/s41598-018-27558-z. PMID: 29915208; PMCID: PMC6006168.

Thomas KM, de Glanville WA, Barker GC, Benschop J, Buza JJ, Cleaveland S, Davis MA, French NP, Mmbaga BT, Prinsen G, Swai ES, Zadoks RN, Crump JA. 2019. «Prevalence of *Campylobacter* and *Salmonella* in African food animals and meat: A systematic review and meta-analysis». *International Journal of Food Microbiology*, 16;315:108382. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108382.

Tsai, C. S., Y. P. Hung, J. C. Lee, L. S. Syue, P. R. Hsueh, and W. C. Ko. 2021. «*Clostridioides difficile* infection: an emerging zoonosis?» *Expert Review of Anti-Infective Therapy*, 19 (12):1543-1552. doi: 10.1080/14787210.2021.1967746.

#### Liens utiles :

Instruction technique :

<https://info.agriculture.gouv.fr/gedei/site/bo-agri/instruction-2022-95>

Fiche de description de danger biologique transmissible par les aliments : "*Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli*" - Juin 2020 | Anses - Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail

Fiche de description de danger biologique transmissible par les aliments : "*Salmonella* spp" - juin 2021 | Anses - Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail

Rapport du CNR des Campylobacters et des Helicobacters : <https://cnrch.fr/wp-content/uploads/2021/08/Rapport-CNRCH-2021-VA.pdf>

Rapport du Laboratoire associé au CNR

*Clostridioides difficile* :

<https://www.pasteur.fr/fr/file/44921/download>

**Pour citer cet article :**

Denis M., Bonifait L., Barbut F., Houry B., Quesne S., Nagard B., Bauge L., Ehmig M., Chemaly M., Novi D., Le Marechal C. (2024) « Contamination des viandes fraîches de volaille par *Salmonella* spp., *Campylobacter* et *Clostridoïdes difficile* au stade de la distribution, plan de surveillance officielle, 2022 ». Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 102 (4) : 1-11.

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 :** Jean- Philippe Amat, Diane Cuzzucoli, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailier

**Comité de rédaction :** Martine Denis, Benoit Durand, Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooch, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard

**Secrétaire de rédaction :** Virginie Eymard

**Responsable d'édition :**

Fabrice Coutureau Vicaire

**Assistante d'édition :**

Flore Mathurin

**Anses -** [www.anses.fr](http://www.anses.fr)

14 rue Pierre et Marie Curie  
94701 Maisons-Alfort Cedex

**Courriel :** [bulletin.epidemiologie@anses.fr](mailto:bulletin.epidemiologie@anses.fr)

**Sous dépôt légal :** CC BY-NC-ND

**ISSN :** 1769-7166

Directeur de publication : Dr Benoit Vallet  
Directeur associé : Maud Faipoux  
Directrice de rédaction : Emilie Gay  
Rédacteur en chef : Julien Cauchard  
Rédacteurs adjoints : Jean-Philippe Amat,  
Diane Cuzzucoli, Céline Dupuy, Viviane Hénaux,  
Renaud Lailler

Comité de rédaction : Martine Denis, Benoit Durand,  
Françoise Gauchard, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh,  
Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Céline  
Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard  
Secrétaire de rédaction : Virginie Eymard  
Responsable d'édition : Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - [www.anses.fr](http://www.anses.fr)  
14 rue Pierre et Marie Curie  
94701 Maisons-Alfort Cedex  
Courriel : [bulletin.epidemi@anses.fr](mailto:bulletin.epidemi@anses.fr)  
Crédits photos : Anses, 123RF

Dépôt légal : janvier 2025/ ISSN 1630-8018  
CC BY-NC-ND



**RÉPUBLIQUE  
FRANÇAISE**

*Liberté  
Égalité  
Fraternité*



**anses**