

# Caractérisation moléculaire des souches de *Listeria monocytogenes* isolées en France, dans le cadre d'une enquête de prévalence communautaire ciblant certaines denrées alimentaires prêtes à être consommées

Sophie Roussel (1) (sophie.roussel@anses.fr), Benjamin Félix (1), Anselme Agbessi (2), Trinh Tam Dao (1), Joël Grout (1), Noemie Vingadassalon (1), Bertrand Lombard (3), Anne Brisabois (1)

(1) Université Paris-Est, Anses, Laboratoire de sécurité des aliments, Unité Caractérisation et épidémiologie bactérienne (CEB), Maisons-Alfort, France

(2) Direction générale de la concurrence, de la consommation et de la répression des fraudes, Qualité et valorisation des denrées alimentaires, Paris, France

(3) Université Paris-Est, Anses, Laboratoire de sécurité des aliments, Laboratoire national de référence pour *Listeria monocytogenes*, Maisons-Alfort, France

## Résumé

L'Autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA) a enregistré ces dernières années, des taux élevés de non-conformités pour *Listeria monocytogenes* (Lm) dans certaines denrées alimentaires prêtes à être consommées. De plus, une augmentation des cas humains de listériose a également été observée durant la même période. De ce fait, la Commission européenne, à travers la DG-SANCO (Direction générale Santé et Consommateurs), a organisé une enquête de prévalence coordonnée au niveau européen, afin de recueillir des données de prévalence en Lm au niveau européen, dans certains produits prêts à consommer au niveau de la distribution. La participation de la France à ce plan communautaire a été pilotée par la Direction générale de la concurrence, de la consommation et de la répression des fraudes (DGCCRF). Après avoir procédé à des analyses de détection, et le cas échéant de dénombrement de Lm, dans les différents prélèvements analysés, les laboratoires du Service commun des laboratoires (SCL) concernés ont transmis les isolats au Laboratoire national de référence (LNR) pour *Listeria* pour caractérisation moléculaire des isolats. Ces isolats ont été caractérisés par la technique de sérotypage moléculaire et par macro-restriction de l'ADN et électrophorèse en champ pulsé (PFGE). Les trente-sept souches se sont réparties en trois sérogroupes, le sérogroupe IIa étant majoritaire (32 souches) suivi des sérogroupes minoritaires IIb (2 souches) et IIc (3 souches). La caractérisation par PFGE a permis de différencier vingt-trois profils moléculaires différents. Aucun de ces profils n'appartenait à plusieurs sérogroupes. Ces profils, comparés à l'ensemble des profils disponibles dans la base de données de typage du LNR, correspondent à des profils fréquents et répandus dans plusieurs filières alimentaires en France. Cependant, aucun profil n'a pu être associé spécifiquement à une catégorie de produit alimentaire. Ce résultat est conforme à ceux obtenus lors de différents travaux de recherche menés au laboratoire sur la diversité génétique des souches alimentaires disponibles, isolées en France ces quinze dernières années.

## Mots clés

*Listeria monocytogenes*, enquête de prévalence communautaire, France, denrées prêtes à être consommées, typage moléculaire, PFGE.

## Abstract

**Molecular typing of *Listeria monocytogenes* strains isolated in France in the framework of the European coordinated baseline survey in certain ready-to eat foods** The European Food Safety Authority (EFSA) reported high rates of non-compliance in certain ready-to-eat foodstuffs (RTE-food) with regard to *Listeria monocytogenes* (Lm). Moreover, an unexpected increase in listeriosis cases was observed during the same period. Therefore, the European Commission's DG SANCO set up a coordinated monitoring program called the "Baseline Survey" in order to collect data on the prevalence of Lm in RTE-food at the European level. In France this program was managed by the General Directorate for Competition Policy, Consumer Affairs and Fraud Control (DGCCRF). The Joint Laboratory Services detected and enumerated Lm and referred thirty-seven isolates to the French National Reference Laboratory (NRL) for characterization. Molecular serotyping separated the strains into three distinct serogroups with IIa being the most prevalent (32 out of the 37 strains). DNA macro-restriction and Pulsed Field Gel Electrophoresis (PFGE) differentiated the strains into twenty-three distinct combined profiles. No specific PFGE profile was associated with more than one serogroup. The overall profiles were matched with those already present in the NRL's molecular typing database. While, they were frequently observed in several French food sectors; no single profile was found to be associated with any particular food sector. These results concur with those obtained in previous research projects carried out by the laboratory which focused on the genetic diversity of Lm food strains isolated in France over the last fifteen years.

## Keywords

*Listeria monocytogenes*, baseline survey, France, ready-to-eat foods, molecular typing, PFGE.

*Listeria monocytogenes* (Lm) est responsable chez l'Homme, d'une maladie infectieuse d'origine alimentaire appelée listériose. En France, 300 cas de listériose sont recensés en moyenne chaque année, correspondant à une incidence annuelle de 0,4 cas pour 100 000 habitants (Goulet *et al.*, 2008; Roussel *et al.*, 2012a). La contamination des aliments peut survenir à partir de matières premières animales ou végétales ou à partir de l'environnement. La capacité de cette bactérie à persister dans les produits tout au long de la chaîne alimentaire et

à s'y multiplier, y compris à basse température, constitue un risque pour le consommateur (Brisabois, 2008). Certaines populations, telles que les personnes immunodéprimées ou les femmes enceintes, sont plus sensibles à ce risque et des recommandations particulières sont diffusées pour ces populations (<http://www.sante.gouv.fr/listeriose.html>). De plus, une augmentation de l'incidence des cas humains à partir 2006 a été rapportée dans différents pays européens sans qu'on puisse en trouver la cause (Goulet *et al.*, 2008).

L'Autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA) a montré, dans ses rapports annuels sur les agents zoonotiques et les intoxications alimentaires, l'existence de non-conformités aux critères microbiologiques de sécurité relatifs à *Lm* (règlement (CE n° 2073/2005 de la Commission européenne du 15 novembre 2005)) dans certaines denrées alimentaires prêtes à être consommées. C'est pourquoi l'EFSA en lien avec la DG-SANCO de la Commission européenne a organisé une enquête de prévalence communautaire, afin de recueillir des données de prévalence de *Lm* dans certaines catégories de denrées alimentaires prêtes à être consommées, les produits ciblés devant être prélevés au stade du commerce de détail.

En France, le pilotage opérationnel de cette enquête de prévalence a été assuré par la Direction générale de la concurrence, de la consommation et de la répression des fraudes (DGCCRF). De plus, dans l'objectif de mieux connaître les caractéristiques et la diversité génétique des isolats circulant dans les États membres (EM), l'étude a été complétée par une caractérisation des isolats de *Lm* détectés dans les différentes catégories de produits. Le présent article a pour objectif de présenter les résultats de caractérisation génotypique des souches de *Lm* isolées en France, dans le cadre de cette enquête.

## Matériel et méthodes

### Description succincte du plan

L'échantillonnage annoncé par la Commission imposait un nombre de prélèvements réalisés dans chaque EM proportionnel au nombre d'habitants et que les prélèvements soient réalisés dans les grandes villes, de façon à représenter l'exposition potentielle de 30 % de la population humaine nationale, ou bien que l'enquête puisse concerner les villes les plus peuplées du territoire. C'est ainsi que les prélèvements ont été réalisés en France dans les villes de Paris, Marseille, Lyon, Toulouse, Nice, Nantes, Strasbourg et Montpellier, sélectionnées pour cette étude sur deux périodes d'échantillonnage en 2010 et en 2011 selon les modalités décrites dans la décision SANCO/5100/2009. Les prélèvements ont été réalisés au hasard sur les produits à l'étalage en début de leur durée de vie, dans la mesure où ils présentaient une DLC longue.

Au total 1695 prélèvements ont été réalisés, se répartissant en trois catégories d'aliments (a) poisson fumé à chaud ou à froid ou « gravad lax » (poisson mariné dans du sel et du sucre sans traitement thermique), emballé (n = 862); (b) fromages au lait cru, thermisé ou pasteurisé à pâte molle ou semi-molle, à l'exception des fromages frais (n = 421); et (c) produits à base de viande soumis à un traitement thermique, emballés (n = 412).

Les analyses ont ensuite été réalisées par les laboratoires du Service commun des laboratoires de Massy et de Montpellier. La détection et le dénombrement de *Lm* ont été effectués suivant les méthodes normalisées EN ISO 11290-1:1996 pour la partie « recherche » et EN ISO 11290-2:1998 pour la partie « dénombrement » et son amendement EN ISO 11290-2:1998/Amd 1:2004 pour la partie « modification du milieu d'isolement ». Pour contribuer à l'estimation de l'exposition alimentaire des consommateurs européens à *Lm*, les échantillons ont tous été analysés à la date de fin de durée de vie. Pour les poissons, prélevés en deux échantillons de même lot, un lot a également été analysé à la réception des échantillons au laboratoire. (EFSA, 2013).

### Les souches de *L. monocytogenes*

Un isolat a été sélectionné par échantillon positif pour une caractérisation plus poussée. La sélection s'est effectuée soit à partir des isolats détectés après enrichissement selon la méthode officielle, soit lorsque cela était possible après dénombrement. Les isolats ont été transmis au Laboratoire national de référence (LNR) pour *Listeria monocytogenes*. Un total de trente-sept isolats a été caractérisé par la détermination du sérotype moléculaire et de profil moléculaire ou

pulsotype. Ces deux méthodes ont été réalisées selon des protocoles harmonisés au niveau européen par le Laboratoire de référence de l'Union européenne (LR-UE) pour *Listeria monocytogenes*, qui par ailleurs est responsable également de la centralisation des données de caractérisation des souches isolées dans les autres EM.

## Les méthodes moléculaires de typage des souches

### Sérotypage moléculaire

Le sérotypage a été réalisé par la méthode de PCR multiplex de Doumith (Doumith *et al.*, 2004) modifiée par Kerouanton *et al.*, (2010) qui permet de différencier six sérogroupes moléculaires.

### Typage par Electrophorèse en champ pulsé (PFGE, Pulsed Field Gel Electrophoresis) après macro-restriction de l'ADN et analyse des profils obtenus

Cette technique consiste à extraire l'ADN total bactérien et à le digérer séparément par deux enzymes de macro-restriction *ApaI* et *AscI*, suivant un protocole standardisé développé par Graves (Graves and Swaminathan, 2001) et utilisé depuis plusieurs années par PulseNet USA (<http://www.cdc.gov/pulsenet/protocols>), par le Centre national de référence des *Listeria* (Institut Pasteur, Paris), et par le LNR et le LR-UE (Félix *et al.*, 2012b; Félix *et al.*, 2013) selon un protocole accrédité par le COFRAC ([www.cofrac.fr](http://www.cofrac.fr) numéro 1-0245).

La dénomination « profil moléculaire » ou « pulsotype » dans le cadre de cette étude, correspond à un profil obtenu après digestion de l'ADN total par une enzyme (*ApaI* ou *AscI*) et séparation sur gel d'agarose des fragments obtenus par PFGE; l'appellation « profil combiné » étant la combinaison des deux profils ou pulsotypes. Deux pulsotypes seront considérés comme différents lorsqu'il existe au minimum une bande de différence entre eux, comme préconisé par d'autres auteurs (Peters *et al.*, 2003). Par conséquent, deux souches ayant le même profil moléculaire avec *ApaI* et deux profils différents avec *AscI* appartiendront à deux profils combinés proches mais différents. L'analyse des profils génomiques a été réalisée à l'aide du logiciel BioNumerics (Applied Maths, Belgique, version 6.6) selon un protocole d'analyse et d'interprétation standardisé des profils, développé par le laboratoire (Félix *et al.*, 2012a) et un numéro de pulsotype a été attribué à chaque profil obtenu par les deux enzymes *AscI* et *ApaI* selon une nomenclature propre au laboratoire, correspondant ainsi à un profil combiné. Les profils combinés reliés aux informations épidémiologiques et phénotypiques ont été archivés dans la base de données du laboratoire. La comparaison des profils a été réalisée à partir du calcul de la distance entre deux profils selon l'indice de Dice et est facilitée par la création de groupes rassemblant des profils dont le taux de similarité est supérieur à 90 %. La méthode UPGMA (Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages) a été appliquée pour le regroupement des profils permettant la construction du dendrogramme.

## Résultats

L'analyse microbiologique des 1695 échantillons a permis d'identifier trente-sept échantillons positifs pour *L. monocytogenes*, dont trente-deux issus des prélèvements de poissons, un échantillon issu de fromages et quatre échantillons de viandes (Tableau 1). Le taux de prévalence correspondant à la détection d'échantillons positifs est par conséquent de 2 % globalement, quels que soient la localisation géographique et le type de produit. Les échantillons positifs ont été identifiés dans toutes les villes ciblées, Marseille et Lille étant les villes ayant donné lieu au plus grand nombre d'échantillons positifs (Tableau 1).

### Sérotypage moléculaire

Les trente-sept souches se sont réparties en trois sérogroupes moléculaires différents (Tableau 2). Le sérotype largement majoritaire était le sérotype IIa (32 souches), ce qui est habituel dans les populations de souches isolées des aliments. En effet, parmi toutes les souches d'origine alimentaire et environnementale caractérisées

depuis 2001 au laboratoire, le sérotype 1/2a, auquel est rattaché au sérotype IIa, est représenté par 65 % des souches (Kerouanton *et al.*, 2008; Roussel *et al.*, 2010b). Trois souches appartenait au sérotype IIc et deux souches au sérotype IIb.

**Tableau 1. Nombre de prélèvements effectués et d'échantillons positifs pour chaque ville sélectionnée**

Ville sélectionnée	Nombre de prélèvements attendus	Nombre de prélèvements réalisés	Nombre d'échantillons positifs
Nice	100	102	1
Marseille	400	446	10
Toulouse	100	101	4
Montpellier	200	209	4
Nantes	100	100	5
Paris	400	420	9
Strasbourg	100	109	1
Lyon	200	208	3
<b>Total</b>	<b>1 600</b>	<b>1 695</b>	<b>37</b>

### Résultats de typage par PFGE

Les trente-sept souches issues des échantillons positifs ont pu être typées par PFGE. La combinaison des pulsotypes obtenus avec les deux enzymes de restriction a permis de distinguer vingt-trois profils combinés (Tableau 2). La grande majorité de ces profils (16 sur 23) était des profils uniques c'est-à-dire identifiés pour une seule souche, montrant ainsi la grande diversité génétique des souches d'origine alimentaire (Kerouanton *et al.*, 2008; Roussel *et al.*, 2010b). Des souches isolées de prélèvements réalisés dans une même ville ont présenté des profils combinés identiques (Tableau 2). Cette situation a été identifiée pour sept profils combinés identifiés pour plusieurs souches isolées de prélèvements provenant des villes suivantes: Marseille, Toulouse et Nantes. Les souches des sérotypes IIa, IIb et IIc se sont divisées respectivement en 19, un et trois profils combinés différents (Tableau 2). Les profils combinés ont toujours été reliés à un seul sérotype moléculaire.

Parmi les vingt-trois profils combinés différents, 20 d'entre eux ont été observés pour les 32 souches isolées de poissons, et les quatre souches isolées de viandes ont présenté quatre profils combinés distincts (Tableau 3). Parmi ces profils combinés, deux d'entre eux ont été retrouvés à la fois pour des souches isolées de poisson et de viande. L'analyse de ces profils au sein de l'ensemble de la base de données du LNR montre que ces vingt-trois profils combinés avaient déjà été observés précédemment (Encadré). Ces mêmes profils avaient été associés à des souches isolées de produits alimentaires variés tels que saucisses, merguez, farces, chipolatas, fromages, poissons; par conséquent, ils ne semblent pas être associés spécifiquement à une catégorie de produits. La comparaison des profils combinés de cette étude avec ceux correspondant à des signalements de cas humains transmis par le CNR *Listeria* a montré que deux profils combinés étaient similaires (Tableau 2).

**Tableau 2. Nombre de souches, nombre de profils combinés différents, nombre de profils uniques au sein des trois sérotypes**

Sérotype	Nombre de souches	Nombre total de profils combinés	Nombre de profils uniques (comprenant une seule souche)	Nombre de profils communs à plusieurs souches	Nombre de profils communs à des souches isolées d'une même ville	Nombre de profils similaires aux profils de souches humaines
IIa	32	19	13	6	5	1*
IIb	2	1	0	1	2	0
IIc	3	3	3	0	0	1
<b>Total</b>	<b>37</b>	<b>23</b>	<b>16</b>	<b>7</b>	<b>7</b>	<b>2</b>

\* profil correspondant au profil d'un signalement de cas humains groupés par le CNR

**Tableau 3. Nombre de souches, nombre de profils combinés distincts au sein des trois sérotypes en fonction des filières alimentaires**

Sérotype	Nombre de souches	Nombre de profils combinés distincts			
		Nombre total de profils combinés distincts	Poisson	Fromage	Viande
IIa	32	19	16*	1	3*
IIb	2	1	1*	0	1*
IIc	3	3	3	0	0
<b>Total</b>	<b>37</b>	<b>23</b>	<b>20</b>	<b>1</b>	<b>4</b>

\* Profil observé pour des souches isolées de plusieurs filières différentes

## Discussion-Conclusion

Il s'agit de la première enquête de prévalence coordonnée au niveau européen, dont l'objectif était de cibler les produits prêts à être consommés au stade de la distribution, permettant ainsi de mesurer le niveau d'exposition des populations.

Cette enquête menée en France dans les trois catégories d'aliments prêts à consommer, a permis d'identifier trente-sept échantillons positifs sur un total de 1695 prélèvements réalisés dans les grandes villes sélectionnées. Les trente-sept souches de *Listeria monocytogenes* issues de ces échantillons se sont réparties en trois sérotypes moléculaires, le sérotype IIa étant majoritaire. Ce résultat vient conforter les données observées depuis de nombreuses années, montrant la nette prépondérance du sérotype IIa au sein des souches isolées des aliments. La caractérisation par PFGE de ce panel de souches a permis d'identifier vingt-trois profils combinés parmi lesquels seize étaient uniques c'est-à-dire représentés par une seule souche. Ce résultat est bien en corrélation avec la grande diversité génétique des souches au sein du sérotype IIa, qui par ailleurs est le plus fréquemment représenté par des souches isolées d'aliments; cette biodiversité ne s'étend pas au sérotype IVb, groupe majoritairement retrouvé dans les souches d'origine humaine. Les profils identifiés ont été retrouvés fréquemment dans la base de données du LNR dans différentes catégories de produits; de ce fait aucun de ces profils n'a pu être associé spécifiquement à un type de produit alimentaire. Cette situation avait déjà été observée dans différentes études menées par le LNR portant sur la diversité génotypique des souches alimentaires isolées en France ces quinze dernières années. Ainsi, certains travaux semblent montrer qu'il n'existe pas de lien entre le type de produit contaminé et la diversité génotypique définie non seulement par PFGE, mais aussi par d'autres méthodes actuelles de typage, telles que la rep-PCR automatisée (Roussel *et al.*, 2010a), la méthode MLVA (Roussel *et al.*, 2012b), la méthode fAFLP (Roussel *et al.*, 2013) et la méthode MLST (Roussel, manuscrit en préparation). D'autres méthodes plus fines, telles que le séquençage du génome complet, pourraient peut-être apporter des informations expliquant à la fois cette grande diversité génotypique mais sans distribution spécifique dans les catégories de produits.

L'ensemble de ces résultats doit être analysé plus globalement avec les résultats de caractérisation des isolats des autres EM. Cette analyse est réalisée par le LR-UE. C'est ainsi qu'à ce jour, 381 profils PFGE combinés ont été identifiés à partir des données de l'ensemble des LNRs dans

le cadre de cette enquête. L'ensemble des profils PFGE associés aux sérotypes et aux informations épidémiologiques a été intégré dans la base de données européenne centralisée, mise en place et coordonnée par le LR-UE. Les 23 profils combinés obtenus à partir des souches isolées en France seront prochainement comparés à l'ensemble des profils européens présents dans cette base, permettant ainsi de disposer d'une vision globale à l'échelle européenne des différents profils PFGE circulant. De plus, un projet de comparaison de l'ensemble des profils obtenus dans le cadre de cette enquête avec les profils des souches cliniques isolées durant la même période de temps, piloté par l'ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control) est en cours de réalisation dans le cadre du projet ELiTE (European *Listeria* Typing Exercise).

## Remerciements

Les auteurs remercient le laboratoire SCL de Massy et de Montpellier pour la réalisation des analyses de détection et dénombrement et la transmission des souches au LNR *Listeria monocytogenes*. Les auteurs remercient également le CNR des *Listeria*, Institut Pasteur, Paris pour la transmission des profils moléculaires correspondant aux signalements de cas humains.

## Références bibliographiques

- Bille J., Rocourt, J., 1996. WHO International Multicenter *Listeria monocytogenes* Subtyping Study- rationale and set-up of the study. Int J Food Microbiol 32, 251-262.
- Brisabois A., 2008. *Listeria monocytogenes*: une bactérie sous haute surveillance. Bulletin de l'association des anciens élèves de l'Institut Pasteur 195, 71-77.
- Doumith M., Buchriese, C., Glaser P., Jacquet C., Martin P., 2004. Differentiation of the major *Listeria monocytogenes* serovars by multiplex PCR. J Clin Microbiol 42, 3819-3822.
- EFSA 2013. Analysis of the baseline survey on the prevalence of *Listeria monocytogenes* in certain ready-to-eat foods in the EU, 2010-2011 Part A: *Listeria monocytogenes* prevalence estimates, EFSA Journal 11(6):3241.
- Félix B., Brisabois A., Dao T.T., Lombard B., Asséré, A., Roussel S. 2012a. The use of Pulsed Field Gel Electrophoresis in *Listeria monocytogenes* subtyping: harmonization at the European Union level, In: INTECH (Ed.) Gel Electrophoresis: Principles and Basics. Niigata University, Japan, 241-254.
- Félix B., Dao T.T., Grout J., Lombard B., Asséré A., Brisabois A., Roussel S., 2012b. Pulsed-Field Gel Electrophoresis, Conventional, and Molecular Serotyping of *Listeria monocytogenes* from Food Proficiency Testing Trials: toward an Harmonization of Subtyping at European Level. Foodborne Pathog. Dis. 9, 719-726.
- Félix B., Vingadassalon N., Dao T.T., Asséré A., Lombard B., Brisabois A., Roussel S., 2013. PFGE Proficiency Testing Trials: toward an harmonization of typing of *Listeria monocytogenes* food and clinical strains at European Level. Foodborne Pathog. Dis. In press.
- Goulet V., Hedberg C., Le Monnier A., de Valk H., 2008. Increasing incidence of listeriosis in France and other European countries. Emerg. Infect. Dis. 14, 734-740.
- Graves L.M., Swaminathan B., 2001. PulseNet standardized protocol for subtyping *Listeria monocytogenes* by macrorestriction and pulsed-field gel electrophoresis. Int. J Food Microbiol. 65, 55-62.
- Kerouanton A., Marault M., Dao T.-T., Brisabois A., 2008. Bilan de la caractérisation des souches isolées dans le cadre du plan de surveillance 2006-contamination par *Listeria monocytogenes* des préparations de viandes. Bull. Epid. Afssa-DGAL, 23-24, 10-11.
- Peters T.M., Maguire C., Threlfall E.J., Fisher I.S., Gill N., Gatto A.J., 2003. The Salm-gene project - a European collaboration for DNA fingerprinting for food-related salmonellosis. Euro. Surveill. 8, 46-50.
- Roussel S., Felix B., Colaneri C., Vignaud M.L., Dao T.T., Marault M., Brisabois A., 2010a. Semi-automated repetitive-sequence-based polymerase chain reaction compared to pulsed-field gel electrophoresis for *Listeria monocytogenes* subtyping. Foodborne Pathog. Dis. 7, 1005-1012.
- Roussel S., Felix B., Grant K., Dao T.T., Brisabois A., Amar C., 2013. Fluorescence amplified fragment length polymorphism compared to pulsed field gel electrophoresis for *Listeria monocytogenes* subtyping. BMC Microbiol. 13, 14.
- Roussel S., Giuliani L., Dao T.T., Vignaud M.L., Grout J., Félix B., Brisabois A., 2010b. Bilan de la caractérisation moléculaire des souches de *Listeria*

*monocytogenes* isolées de merguez et de charcuterie dans le cadre des plans de contrôle mis en place par la Direction générale de l'Alimentation en 2008 et en 2009. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 37, 7-11.

Roussel S., Leclercq A., Santolini J., Agbessi A., Chenal-Francoise V., Lailler R., Lecuit M., Pihier N., Brisabois A., 2012a. Surveillance des *Listeria monocytogenes* dans les aliments. Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 50, 51-56.

Roussel S., Vignaud M.L., Larsson J.T., Félix B., Rossignol A., Moller Nielsen E., Brisabois A. 2012b. The Use of Pulsed Field Gel Electrophoresis in *Listeria monocytogenes* Sub-Typing - Comparison with MLVA Method Coupled with Gel Electrophoresis, In: INTECH (Ed.) Gel Electrophoresis : Principles and Basics. Niigata University, Japan, 299-314.

## Encadré

Le LNR *Lm* français dispose d'une large collection d'isolats d'origine alimentaire (environ 5000 souches) collectés à partir de filières alimentaires variées, depuis ces vingt dernières années. Ces données de typage associées aux informations épidémiologiques, aux données phénotypiques et aux sérotypes des souches, sont archivées dans une base de données gérée, entretenue et régulièrement mise à jour. La base de données comprend les profils combinés d'environ 2 500 souches d'origine alimentaire. Cette base de données contient également des profils d'une trentaine de souches humaines provenant (1) d'une étude multicentrique internationale menée par l'Organisation mondiale de la santé (Bille and Rocourt, 1996) et (2) de différents laboratoires et obtenues lors de projets de recherche ou d'études. La base contient aussi douze profils combinés envoyés par le Centre national de référence des *Listeria* (CNR), associés à des signalements observés entre 2006 et 2013. Un signalement se définit par la mise en évidence sur une période donnée d'au moins trois cas de listériose dus à des souches présentant des caractéristiques microbiologiques et moléculaires identiques (profils combinés en PFGE) ou de tout autre phénomène jugé anormal par le CNR. Cette base de données est intégrée au dispositif de surveillance de *Lm* au niveau national et européen. Elle représente un outil d'aide à l'investigation épidémiologique et microbiologique lors de la survenue de cas humains groupés et elle permet, le cas échéant, d'orienter l'investigation vers une filière alimentaire ou une catégorie de produit suspectée d'être à l'origine des cas. De plus, cette base de données est utile pour alimenter des projets de recherche fondés sur l'analyse de la diversité génétique de *Listeria monocytogenes*.