

Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

Décembre 2019

Le réseau *Salmonella*, un dispositif de surveillance des salmonelles de la fourche à la fourchette: bilan 2016

Vincent Leclerc⁽¹⁾, Frédérique Moury⁽¹⁾, Viviane Morel⁽¹⁾, Véronique Noel⁽¹⁾, Renaud Lailler⁽¹⁾

Auteur correspondant: vincent.leclerc@anses.fr

(1) Anses, Laboratoire de sécurité sanitaire des aliments, site de Maisons-Alfort, France

Résumé

Salmonella est depuis de nombreuses années un contaminant microbiologique majeur à l'origine d'épidémies d'origine alimentaires en France et en Europe. Dans ce contexte, le réseau *Salmonella* centralise, depuis 20 ans, des résultats de sérotypage de salmonelles isolées sur la chaîne alimentaire. Les laboratoires partenaires envoient des souches qui proviennent de toutes filières et de tous secteurs d'activités. Ces envois sont basés sur le volontariat. Cette surveillance événementielle complète les contrôles officiels réalisés chaque année. Ce volume massif de données collecté par l'Anses confirme les tendances et les émergences rapportées au niveau européen. Toutes origines confondues, *S. Typhimurium* et ses variants monophasiques ainsi que *S. Enteritidis* demeurent majoritairement isolées (20 % des souches reçues).

L'optimisation de l'évaluation et de la gestion du risque de salmonellose chez l'Homme et l'animal implique la collecte de données de qualité, dans un pas de temps adapté. À la suite d'un processus d'évaluation de son fonctionnement, ce réseau a donc entamé en 2015 une profonde action de modernisation de ses outils analytiques mais également de pilotage, de partage et de communication de l'information pour mieux répondre aux besoins exprimés par l'ensemble des acteurs et utilisateurs de cette surveillance.

Mots-clés:

Salmonella, surveillance, zoonose, sérovar, émergence

Abstract

The Salmonella network, a surveillance system from farm to fork: review 2016

Salmonella has been a major microbiological contaminant in foodborne outbreaks in France and in Europe for many years. In this context, the Salmonella network has centralized, for twenty years, serotyping results for Salmonella isolated from the entire food chain. On a voluntary basis, partner laboratories send strains isolated from all sectors of production and activities. This passive surveillance supplements the official controls carried out each year. This massive volume of data collected by Anses confirms trends and emergence phenomena reported at the European level. Considering all origins, S. Typhimurium and monophasic variant strains as well as S. Enteritidis remain the most commonly isolated species (20% of strains). Optimising the assessment and the management of the risk of salmonellosis in humans and animals requires the collection of high-quality data in an adapted timeframe. Following a process of performance evaluation in 2015, this network began an in-depth modernisation initiative on its analytical tools but also to steer, interpret, share and communicate information in order to better respond to the needs expressed by all stakeholders and users of this surveillance data.

Keywords:

Salmonella, Surveillance, Zoonosis, Serovar, Emergence

Les salmonelles représentent un danger microbiologique, majoritairement transmissible à l'Homme par la voie alimentaire. Ce danger est connu et surveillé au niveau local, national et international depuis de nombreuses années. En 2015, *Salmonella* apparaît en deuxième position, derrière *Campylobacter*, dans le classement des agents bactériens isolés chez l'Homme en Europe. C'est également le premier contaminant microbiologique à l'origine de toxi-infections alimentaires collectives pour lesquelles l'agent responsable a pu être confirmé (EFSA-ECDC, 2016). En France, sur la période 2008-2013, l'incidence des *Salmonella* non-typhiques a été estimée à 307 cas pour 100 000 habitants (IC_{90%} : 173–611), entraînant en moyenne 4 305 hospitalisations par an (Van Cauteren *et al.*, 2015).

Les aliments les plus fréquemment contaminés par *Salmonella* sont les viandes de volailles, de porcs et de bovins. Si les œufs de consommation (et les ovo-produits) sont plus rarement contaminés, ils représentent cependant la première cause d'épidémie à *Salmonella* en Europe du fait de leur très large consommation et du risque de consommer ces aliments crus ou insuffisamment cuits (EFSA-ECDC, 2016). L'impact de *Salmonella* en santé humaine et les répercussions économiques

des mesures de gestion dans les différentes filières de productions animales soulignent la nécessité d'identifier et de caractériser les *Salmonella* tout au long de la chaîne alimentaire.

Objectifs du dispositif

Créé en 1997, le réseau *Salmonella* a aujourd'hui pour objectif principal de détecter l'émergence de souches potentiellement problématiques en santé publique et/ou pouvant impacter économiquement les filières de production animales. Il doit permettre de caractériser la contamination des animaux, de leur environnement, de l'écosystème et des aliments au regard du danger *Salmonella* (Leclerc *et al.*, 2015).

Les données présentées ici concernent uniquement les résultats de sérotypage par agglutination sur plaque, obtenus en 2016 au Laboratoire de sécurité des aliments de l'Anses, site de Maisons-Alfort (LSAI). Ces résultats sont associés à des méta-données descriptives concernant les prélèvements réalisés sur le terrain. Le bilan de ces données a été finalisé en juin 2017.

Synthèse du fonctionnement

Des laboratoires partenaires volontaires

Le réseau *Salmonella* est géré et animé par le LSAI de l'Anses, site de Maisons-Alfort. Ce laboratoire est associé au Laboratoire national de référence *Salmonella* de l'Anses, site de Ploufragan-Plouzané-Niort, pour la caractérisation des salmonelles isolées des différents secteurs d'activités. Le LNR est chargé, dans le cadre de son mandat de référence et selon l'ordonnance 2015-1245 du 7 octobre 2015, d'apporter « à l'État, aux laboratoires agréés et aux plates-formes mentionnées au II de l'article L. 201-14 l'appui scientifique et technique nécessaire à la collecte, au traitement, à l'accessibilité, à la transmission et à la diffusion des données d'épidémiologie. Ces laboratoires peuvent également apporter leur appui aux autres gestionnaires de dispositifs de surveillance ». Le réseau *Salmonella* collabore ainsi étroitement avec le LNR pour l'aider dans cette tâche et pour répondre à ces obligations. Le réseau propose, à ce titre, un exemple d'outil pour la surveillance sous gestion complète de l'Anses.

Les partenaires de ce réseau sont des laboratoires publics ou privés (Figure 1), adhérant, pour la majorité, aux associations Adilva, Aflabv et Aprobab. Ces trois associations assurent la représentation au sein du réseau *Salmonella*, respectivement :

- des laboratoires vétérinaires départementaux publics d'analyse,
- des laboratoires privés d'analyses de biologie vétérinaire impliqués en particulier en production primaire,
- des laboratoires privés d'analyses d'environnement et d'hygiène des aliments.

En 2016, 127 laboratoires partenaires ont transmis au réseau 3 443 souches et les métadonnées associées (entre 1 et 272 souches par partenaire). Parmi celles-ci, 90 % proviennent d'autocontrôles réalisés par les professionnels pour la surveillance de leurs activités quelle que soit l'étape de la chaîne alimentaire (Tableau 1). Certaines souches sont isolées dans le cadre d'analyses réalisées à des fins de diagnostic en élevage. Plus rarement, les salmonelles reçues ont été isolées dans un contexte d'alerte lié à la contamination d'un produit fini ou en cours de distribution voire suite à la survenue de cas humains de salmonellose. Les souches collectées par le réseau sont donc isolées de matrices très diverses : des animaux malades ou porteurs sains, dans l'environnement d'élevages, dans des abattoirs, dans des ateliers de transformation ou dans des aliments destinés à la consommation humaine ou animale.

Description des données collectées

L'état sanitaire d'un animal ou d'un végétal qui entre dans le processus de transformation et de production de l'alimentation humaine doit être

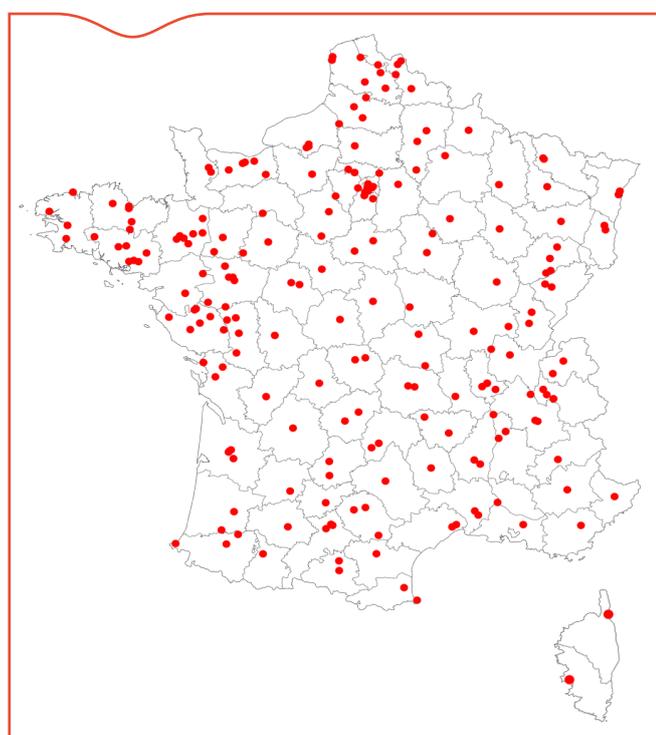


Figure 1. Répartition géographique des laboratoires partenaires adhérents au réseau *Salmonella* en 2016. Chaque point rouge représente un laboratoire partenaire. Les laboratoires situés dans les DOM-COM et à l'étranger ne sont pas représentés sur cette carte

Tableau 1. Importance relative des différents contextes de prélèvement associés aux souches reçues au LSAI dans le cadre du réseau *Salmonella*. Dates de prélèvement comprises entre le 17/03/2015 et le 23/12/2016. Dates de réception des souches par l'Anses comprises entre le 04/01/2016 et le 30/12/2016

Contexte de prélèvement	Nombre de souches	Proportion (%)
Alerte produit	26	0,8
Épidémie/alerte	15	0,4
Diagnostic en élevage	278	8,1
Surveillance (autocontrôles)	3 098	90,0
Enquête	26	0,8
Total général	3 443	100,0

surveillé pour éviter la transmission d'agents pathogènes à l'Homme tels que *Salmonella*. Les laboratoires partenaires effectuent donc la recherche de salmonelles sur des prélèvements réalisés à tous les stades de la chaîne alimentaire: depuis l'importation de matières premières qui composent l'alimentation animale, jusqu'à l'aliment destiné au consommateur à son domicile ou à la table d'un restaurant. Dans ce contexte, de nombreuses analyses sont demandées chaque année à partir de prélèvements effectués en élevage, à l'abattoir ou à d'autres stades de la chaîne dans le cadre, soit des plans de surveillance et de contrôles officiels, soit d'autocontrôles des opérateurs.

Les résultats de sérotypage intégrés dans la base de données du réseau *Salmonella* sont obtenus, soit par les laboratoires partenaires, soit par le LSAL. Ces résultats sont accompagnés de données épidémiologiques qui caractérisent la souche:

- le pays, le département et si possible la ville où le prélèvement a été réalisé,
- le « lieu » (exploitation, atelier de transformation, abattoir, etc.) et la date de prélèvement,
- le « secteur » (écosystème naturel, alimentation animale, santé et production animales, alimentation humaine) et éventuellement l'existence de signes cliniques chez l'animal,
- le « contexte » (surveillance, diagnostic, épidémie, alerte produit, etc.),
- le « préleveur » (autocontrôle, échantillonnage officiel, etc.),
- le « type de prélèvement » (aliment destiné à l'animal ou à l'Homme, prélèvement de l'environnement, prélèvement sur l'animal, etc.),
- la nature de la matrice prélevée,
- les numéros d'identification permettant l'investigation de situations le cas échéant (INUAV, DAP, EDE, EGET, TIAC, note de service, etc.).

Pour chaque souche envoyée, une fiche est renseignée par les laboratoires et les métadonnées ainsi collectées sont saisies par le LSAL dans la base de données du réseau, nommée ACTEOLab. Les commémoratifs (résultats et données associées) de sérotypage transmis par les partenaires sont systématiquement vérifiés avant d'être intégrés dans la base de données. Ces données peuvent faire l'objet d'un contact téléphonique avec le laboratoire expéditeur des souches pour apporter d'éventuels compléments d'information. Lorsque le sérotypage est réalisé au LSAL et que ce résultat a été validé par l'équipe technique, un rapport d'analyse est envoyé au laboratoire demandeur. Dans le cas de souches non agglutinables, qui ne peuvent pas être sérotypées par des méthodes classiques, une méthode alternative est mise en œuvre.

Ces données sont utiles:

- aux laboratoires partenaires qui peuvent interroger l'équipe du réseau *Salmonella* pour, par exemple, identifier le sérovar majoritairement rencontré dans une matrice ou un environnement donné, ou connaître l'évolution d'un sérovar au cours des années,
- aux gestionnaires du risque qui disposent d'information sur la présence de sérovirs non réglementés et sur l'émergence de certaines souches à prendre en compte le cas échéant dans la réglementation,
- aux partenaires impliqués dans l'investigation des toxi-infections alimentaires collectives ou des alertes produits liées à des non conformités de produits mis sur le marché. La contribution du réseau se traduit, dans ce cas, par la transmission de bilans permettant de cibler des sérovirs et/ou des aliments (potentiellement) impliqués,
- à la détection d'événements inhabituels sur la chaîne alimentaire, par la mise en place d'outils statistiques dédiés (analyse de séries temporelles notamment).

Des méthodes de typage moléculaire (MLVA, PFGE, séquençage, caractérisation de variants de Typhimurium par PCR) peuvent également être mises en œuvre au laboratoire. Ces méthodes permettent de comparer les souches entre elles et d'illustrer le lien potentiel entre

des souches isolées de différents types de prélèvements. En effet, la probabilité que deux souches dérivent d'un ancêtre commun récent est d'autant plus élevée que ces souches présentent des profils moléculaires similaires, voire non distinguables. En complément des informations sur les prélèvements (contexte, date et lieu de prélèvement), ces méthodes sont particulièrement intéressantes dans le suivi des souches au sein d'une exploitation/atelier ou dans le contexte d'investigations de toxi-infections alimentaires collectives.

Résultats obtenus

En 2016, le LSAL a réalisé le sérotypage de 3 443 souches. En moyenne, 66 souches ont été réceptionnées chaque semaine par le LSAL, pour confirmation du sérovar. Il existe, toutefois, de grosses disparités dans les volumes de réception avec un pic à 117 souches reçues en une semaine.

Répartition des isolats en fonction du secteur et du type de matrice

Les souches inventoriées selon le secteur d'activité d'origine se répartissent de la façon suivante: 1 605 souches (46,6 %) en alimentation humaine, 1 166 souches (33,9 %) en santé et production animales, 575 souches (16,7 %) en alimentation animale et 97 souches (2,8 %) issues de l'écosystème naturel (Figure 2).

Alimentation humaine

Les souches collectées dans ce secteur sont principalement issues de la catégorie « produits carnés » (947 souches soit 59,0 %) et de la catégorie « produits laitiers » (476 souches soit 29,7 %). Les autres catégories de produits (œufs et ovoproduits, produits de la mer et fruits et légumes) représentent quant à elles, moins de 3 % des isolats pour chacune d'entre elles.

Parmi les produits carnés, les viandes de porc (288 souches), de poulet (253 souches) et de dinde (126 souches) représentent 70,4 % des souches. Les viandes bovines, ovines et de canards représentent respectivement 8,0, 7,1 et 4,2 %. Les autres viandes (cerf, cheval, chèvre, sanglier, oie, gibier, lapin, etc.) représentent 10,3 % des souches.

Les laits et fromages issus de bovins (154 et 99 souches) et d'ovins (91 et 85 souches) représentent 90,1 % des souches isolées de produits laitiers.

Santé et production animales

Les souches ont été majoritairement isolées de l'espèce *Gallus gallus* (457 souches soit 39,2 %), de bovins (369 souches soit 31,6 %) et de canards (83 souches soit 7,1 %). Sur les 457 souches isolées de *Gallus gallus*, 119 (26,0 %) proviennent de poules pondeuses et 267 (58,4 %) de poulets de chair.

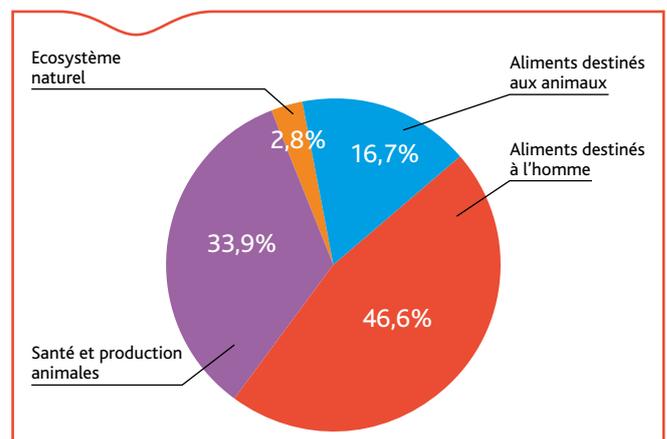


Figure 2. Répartition des isolats reçus en 2016 au LSAL, en fonction du secteur d'origine (n=3443)

Alimentation animale

Les souches ont été majoritairement isolées d'aliments destinés aux animaux domestiques (240 souches soit 41,7 %). Pour 160 des 575 isolats (27,8 %), l'information précise n'est pas connue et est notée sous la forme de « tous les aliments pour animaux ». Cette part d'information inconnue a doublé par rapport à 2015. Viennent ensuite les aliments composés pour les volailles avec 59 souches (10,2 %), les matières premières d'origine animale avec 44 souches (7,6 %), les matières premières d'origine oléagineuse avec 35 souches (6,1 %) et les matières premières d'origine céréalière avec neuf souches (1,6 %). Les autres souches sont issues d'aliments composés pour bétail, porcs, matières premières d'origine céréalière, etc.

Écosystème

Les souches ont été majoritairement isolées de sources/captage d'eau (41 souches soit 42,3 %) et des usines de traitement d'eau (31 souches soit 32 %). Cinq souches (4,7 %) proviennent des systèmes de distribution des eaux et onze souches (10,3 %) sont identifiées en tant que « autres activités ». Les autres souches sont issues de boues, digestats, eaux usées ou résiduelles, etc.

Principaux sérovars recensés au Laboratoire de sécurité des aliments

Parmi les 3443 souches reçues au LSAL en 2016, 40 (1,2 %) se sont avérées non agglutinables (sérovar dit « Rough »).

Alimentation humaine

> Catégorie « Viandes »

- Viandes de porc (n=288 dont onze souches non agglutinables) : les souches collectées dans cette catégorie appartiennent à 24 sérovars. Les trois principaux sérovars que sont les variants monophasiques de Typhimurium (S. 1,4,[5],12:i:-) (40,1 %), les S. Derby (28,2 %) et les S. Typhimurium (13,4 %) représentent 81,6 % des souches issues de cette catégorie.
- Viandes de poulet (n=253 dont une souche non agglutinable) : S. Kentucky (28,2 %), S. Derby (15,1 %), S. Infantis (9,9 %) sont les sérovars majoritairement isolés parmi les 31 sérovars retrouvés.
- Viandes de dinde (n=126) : les trois principaux sérovars, S. Bredeney (34,9 %), S. Saintpaul (11,9 %) et S. 1,4,[5],12:i:- (9,5 %) représentent 56,3 % des souches issues de cette catégorie de viande. Sur les 22 sérovars recensés (huit de plus qu'en 2015) S. Brandenburg est passé de la troisième place en 2015 (14,6 %) à la dernière en 2016 (0,8 %).
- Viandes de mouton (n=67) : parmi les sept sérovars isolés de cette catégorie de viande, le sérovar S. IIIb 61:k:1,5,7 est celui majoritairement retrouvé (71,6 %).

> Catégorie « Lait et produits laitiers »

- Lait de vache (n=154 dont 5 souches non agglutinables) : les principaux sérovars isolés sont S. Dublin (28,2 %), S. Montevideo (12,8 %), S. IV 40:z₄,z₂₃- (11,4 %) et S. Typhimurium (8,7 %). On peut constater le passage de S. Mbandaka de la deuxième à la septième place (21,1 % des souches en 2015 contre 4 % en 2016). Au total, 27 sérovars ont été recensés (onze de plus qu'en 2015).
- Fromages fabriqués à base de lait de vache (n=99) : S. Dublin (34,3 %), S. Typhimurium (15,2 %), S. Kimuenza (13,1 %) et S. Enteritidis (12,1 % des souches contre 31,2 % en 2015) sont les quatre principaux sérovars isolés sur les treize recensés dans ce type de produits.
- Lait de brebis (n=91) : Sur les dix sérovars retrouvés, S. IIIb 61:k:1,5,7 et S. IIIb 50:iz sont les deux sérovars majoritaires et représentent 50,6 % des souches isolées.
- Fromages au lait de brebis (n=85), le principal sérovar rencontré est S. IIIb 61:k:1,5,7 (43,5 % des souches contre 27,4 % en 2015).
- Produits laitiers non précisés, tous types confondus, S. Kedougou (40,7 %) est le sérovar majoritairement isolé parmi les dix sérovars détectés.

> Catégorie « Ovoproduits »

Le sérovar le plus souvent retrouvé est S. Livingstone (77,1 %) mais le nombre de ces matrices traitées au LSAL est faible (n=35). Au total, sept sérovars ont été recensés dans cette catégorie de produits.

> Catégorie « Produits de la mer »

Crustacés, mollusques et poissons (n=26), 26 sérovars différents ont été identifiés et aucun n'est majoritaire.

> Catégorie « Fruits et légumes »

Seules cinq souches ont été reçues et quatre sérovars retrouvés.

Santé et production animales

Les souches recensées dans ce secteur se répartissent en 152 sérovars.

- Filière « bovine » (n=369 dont quatre souches non agglutinables) : les souches collectées en filière bovine sont majoritairement issues de prélèvements d'animaux malades et de leur environnement d'élevage. Ces souches appartiennent à 30 sérovars, dont les principaux sont S. Enteritidis (22,2 %), S. Montevideo (18,6 %), S. Dublin (15,3 %), les variants monophasiques de Typhimurium (S. 1,4,[5],12:i:-) (11,2 %) et S. Mbandaka (11 %).
- Filière « poulets de chair » (n=267 dont une souche non agglutinable) : les sérovars les plus représentés concernent S. Lille (10,8 %) et S. 6,7:d:- (7,1 %). S. Livingstone est passé de la première place en 2015 (18,1 %) à la douzième place en 2016 (2,6 %). Il est également intéressant de noter l'importante diversité des sérovars recensés (n=75) au sein de ces 267 souches sérotypées au LSAL.
- Filière « poules pondeuses » (n=119 dont 3 souches non agglutinables) : les sérovars les plus fréquemment isolés sont S. Enteritidis (14,7 %), S. Banana (8,6 %) et S. California (6,9 %). Au total 42 sérovars différents ont été retrouvés.
- Filière « canards » (n=83 dont une souche non agglutinable) : les quatre sérovars majoritairement isolés sont S. IIIa 48:z₄,z₂₃- (17,1 %), S. 6,7:- (13,4 %), S. Give (11 %) et les variants monophasiques de Typhimurium (S. 1,4,[5],12:i:-) (8,5 %).

Alimentation animale

Dans ce secteur, les aliments destinés aux animaux domestiques représentent la catégorie de prélèvement à l'origine du plus grand nombre de souches sérotypées au LSAL (n=240). Les salmonelles le plus souvent isolées dans ce secteur appartiennent aux sérovars S. Cerro (15,4 %), S. Livingstone (13,8 %) et aux variants monophasiques de Typhimurium (S. 1,4,[5],12:i:-) (9,2 %) parmi les 58 sérovars recensés (contre 31 en 2015).

Écosystème

Les souches provenant de sources ou de captage d'eau (n=41), ont permis d'identifier majoritairement S. Typhimurium (7,2 %) parmi les 22 sérovars recensés. À partir des prélèvements réalisés en usines de traitement de l'eau (n=31), S. Typhimurium a été le sérovar le plus fréquemment isolé (8,2 %).

Évolutions entre 2015 (Leclerc et al., 2015) et 2016

- **Alimentation humaine** : les variants monophasiques de Typhimurium (S. 1,4,[5],12:i:-) représentent, comme en 2015, les sérovars les plus souvent retrouvés dans ce secteur. On observe, en 2016, une diminution de S. Typhimurium (deuxième place en 2015, quatrième place en 2016), de S. Enteritidis (troisième place en 2015, huitième place en 2016) et de S. Montevideo (huitième place en 2015, treizième place en 2016). À l'inverse, certains sérovars sont plus retrouvés en 2016 : S. Kentucky (onzième place en 2015, cinquième place en 2016), S. IIIb 61:k:1,5,7 (sixième place en 2015, troisième place en 2016) et S. Derby (quatrième place en 2015, deuxième place en 2016).

Tableau 2. Principaux sérovars des souches reçues au LSAI selon le secteur d'activité, dans le cadre du réseau *Salmonella* en 2016

Alimentation humaine (n=1 605)	Alimentation animale (n=575)	Santé animale (n=1 166)	Écosystème (n=97)
S. 1,4,[5],12:i:- (206)	S. 1,3,19:z ₂₇ :- (63)	S. Enteritidis (115)	S. Typhimurium (15)
S. Derby (153)	S. Livingstone (53)	S. 1,4,[5],12:i:- (91)	S. Corvallis (6)
S. IIIb 61:k:1,5,7 (119)	S. Cerro (43)	S. Montevideo (72)	S. Enteritidis (6)
S. Typhimurium (106)	S. 1,4,[5],12:i:- (28)	S. Dublin (59)	S. 1,4,[5],12:i:- (5)
S. Kentucky (80)	S. Senftenberg (26)	S. Mbandaka (50)	S. Agona (5)
S. Dublin (76)	S. Poona (22)	S. IIIa 48:z ₄ z ₂₃ :- (45)	S. Grumpensis (5)
S. Bredeney (57)	S. Mbandaka (21)	S. Typhimurium (46)	S. Kibusi (3)
S. Enteritidis (53)	S. Liverpool (18)	S. IIIb 61:k:1,5,7 (44)	S. Llandoff (3)
S. Livingstone (52)	S. Montevideo (15)	S. Lille (34)	S. Mbandaka (3)
S. Infantis (48)	S. 3,10:z:- (14)	S. 6,7:-: (25)	S. Montevideo (3)
S. Yoruba (39)	S. 1,13,23:i:- (13)	S. Senftenberg (23)	S. Stanley (3)
S. Anatum (37)	S. Anatum (13)	S. Virchow (23)	S. 13,23:d:- (2)
S. Montevideo (37)	S. Infantis (13)	S. 6,7:d:- (21)	S. Anatum (2)
S. IIIb 50:i:z (27)	S. Kintambo (13)	S. Agona (19)	S. Derby (2)
S. Saintpaul (24)	S. Albany (12)	S. Venezia (19)	S. Give (2)

- **Santé et production animales :** les principales évolutions concernent *S. Livingstone*⁽¹⁾ (deuxième rang en 2015 et supérieur au quinzième rang en 2016) et *S. Dublin* (seizième place en 2015 et quatrième en 2016). L'évolution de *S. Dublin* s'explique en grande partie par l'augmentation du nombre de contrôles dans la filière animale suite à une alerte dans des fromages. Hormis le cas de *S. Livingstone*, les *S. Enteritidis*, *S. 1,4,[5],12:i:-* et les *S. Montevideo* demeurent, dans ce secteur, les sérotypes prédominants en 2015 et 2016.
- **Alimentation animale :** si *S. Livingstone*, *S. Cerro* et *S. 1,3,19:z₂₇:-* restent les trois sérovars les plus souvent retrouvés que ce soit en 2015 ou 2016, les variants monophasiques de *Typhimurium* (*S. 1,4,[5],12:i:-*) passent de la seizième place en 2015 à la quatrième place en 2016. Certains sérovars présents dans la liste des quinze premiers sérovars en 2015 n'apparaissent plus en 2016 (*S. Hadar*, *S. Havana*, *S. Tennessee* étaient respectivement à la quatrième, septième et huitième places en 2015). À l'inverse, *S. Senftenberg*, *S. Poona* et *S. Liverpool* apparaissent respectivement aux cinquième, sixième et huitième places du classement de 2016.
- **Écosystème :** *S. Typhimurium* est le premier sérovar retrouvé en 2016 (le quatrième en 2015). Beaucoup de sérovars différent entre la liste classée de 2015 et celle de 2016. Les effectifs sont toutefois faibles.

Représentation hiérarchique de la répartition des sérovars

Dans cette représentation (Figure 3), l'aire de chaque rectangle est corrélée à la proportion relative⁽²⁾ du sérovar dans le secteur étudié et pour chacune des années correspondantes (2004-2008-2012-2016). Cette figure, complémentaire du tableau 2 pour le secteur « Santé et production animales », permet de visualiser quelques tendances pour les quatre années choisies : une baisse de la proportion relative de *S. Typhimurium* est observée entre les années 2004 et 2016. À l'inverse, la proportion relative de variants monophasiques de *S. Typhimurium* et de *S. 6,7:-:* a augmenté régulièrement sur cette même période. *S. Enteritidis*, *S. Lille* semblent évoluer de façon irrégulière au cours de ces quatre années tandis que certains sérovars (*S. Mbandaka*, *S. Montevideo*, *S. IIIa 48:z₄z₂₃:-*) ont tendance, à être plus souvent retrouvés en 2008, 2012 et 2016 qu'en 2004. L'augmentation du nombre de contrôles dans la filière animale suite à l'alerte à *S. Dublin* dans des fromages est visible en 2016.

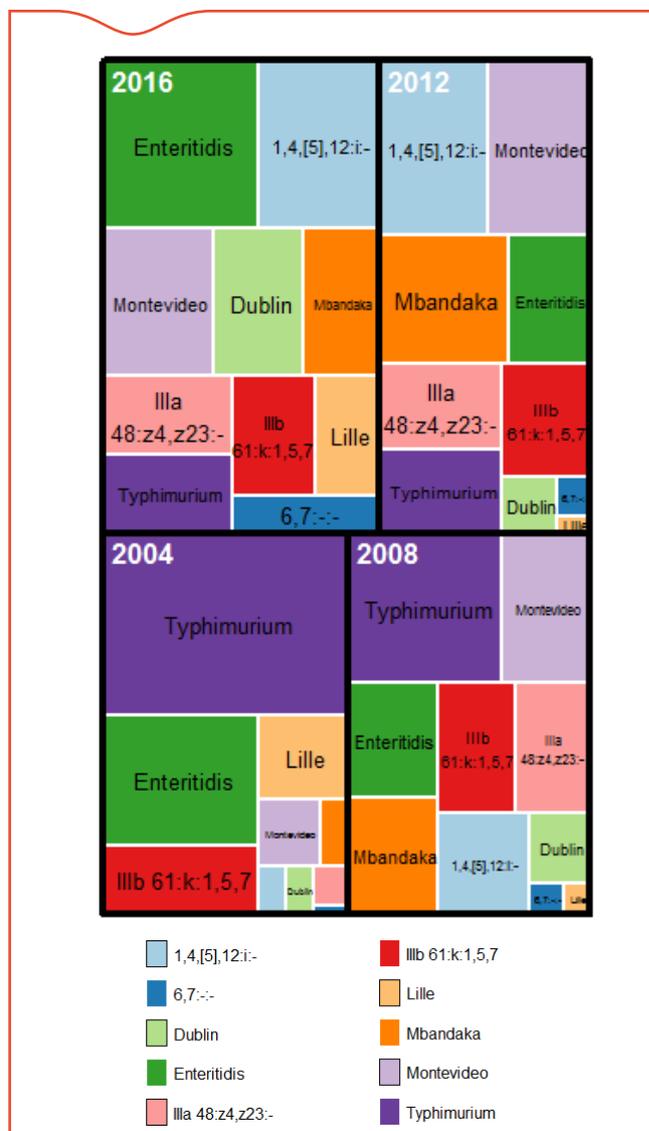


Figure 3. Représentation hiérarchique de la répartition des 10 principaux sérovars identifiés en 2016 (n=581) dans le secteur « Santé et production animales » et leur évolution par rapport aux années 2004 (n=287), 2008 (n=245) et 2012 (n=442). Les aires sont corrélées à la proportion relative de chacun des sérovars

(1) Impact ponctuel de *S. Livingstone* entre 2013 et 2015 sur le secteur « Santé et production animales » en lien avec la filière volaille (Leclerc *et al.*, 2016).

(2) Cette proportion relative a été calculée à partir du nombre total de souches reçues au LSAI pour l'année et le secteur considérés.

Concernant le secteur « Alimentation animale » (données non présentées dans la [Figure 3](#)), au regard des années 2008 et 2012, on observe en 2016 une augmentation importante de la proportion relative des *S. 1,3,19:z₂₇-* et plus modérée pour les variants monophasiques de Typhimurium.

Pour la même année, dans le secteur « Alimentation humaine » (données non présentées dans la [Figure 3](#)), on observe une augmentation de la proportion relative des *S.11b 61:k:1,5,7* mais également des variants monophasiques de Typhimurium, de *S. Bredeney* et de *S. Livingstone*. L'importance relative des *S. Typhimurium a*, elle, diminuée.

Un réseau qui évolue...

Le réseau *Salmonella* existe depuis 1997. À ce jour, près de 130 laboratoires partenaires participent régulièrement à la vie de ce réseau, dont environ la moitié provient du secteur privé. L'ensemble de ces laboratoires est réparti sur tout le territoire national et la totalité des laboratoires officiels adhère au réseau *Salmonella*. L'envoi de souches se fait sur une base volontaire et demeure stable au cours des ans. Un ELA de sérotypage par agglutination sur lames réalisé chaque année permet de valider la qualité des données intégrées à la base. Un comité de pilotage et une journée d'échanges annuels, des inventaires, des formations, un site Internet et une communication fréquente (boîte mail réseau, téléphone) existent depuis de nombreuses années et permettent d'échanger avec les partenaires. C'est donc un réseau structuré et stable qui s'est développé au cours de ces vingt dernières années. Pour autant, des évolutions sont envisageables pour les années à venir. Ces améliorations concernent plus particulièrement la capacité du réseau à alerter dans un contexte d'émergence, à exploiter plus encore les données tout en les partageant au mieux avec ses partenaires et, enfin, à apprécier la représentativité des données collectées.

Alerter

La capacité d'alerte du réseau est dépendante de deux facteurs principaux : disposer d'une base de données la plus complète possible (avec des données ajoutées en « temps réel ») et utiliser un algorithme qui détecte les événements inhabituels parmi les souches reçues.

- Une base de données complète : à ce jour, trois quarts des données de la base concernent les résultats ainsi que les données épidémiologiques associées, obtenus par les laboratoires partenaires. La difficulté actuelle réside donc dans la capacité du réseau à collecter et à intégrer dans la base (après validation) cette masse d'informations dans un délai court afin de pouvoir les exploiter dans un pas de temps adapté à l'objectif de surveillance et d'alerte.
- Un algorithme adapté : précédemment développé pour les besoins du réseau, un algorithme est en cours d'optimisation en lien avec l'UCAS de l'Anses, site de Lyon. Celui-ci doit permettre aux gestionnaires du réseau d'interroger la base de données de façon hebdomadaire et d'alerter, tant les tutelles que les laboratoires partenaires, en cas de variation inhabituelle, statistiquement significative, du nombre de souches appartenant à un sérovar donné.

Caractériser et évaluer le risque *Salmonella*

Le réseau et sa base de données ont été sollicités, en 2016, pour fournir un appui scientifique et technique à deux groupes d'experts de l'Anses. Un bilan des données collectées en 2009 et 2015 a été transmis, fin 2016, à la Direction d'évaluation des risques de l'Anses pour le traitement d'une saisine relative à la maîtrise des salmonelles dans le secteur de la production d'aliments destinés à l'animal (tous sérovats confondus). Un second appui scientifique et technique a été fourni au groupe de travail de la plateforme de surveillance de la chaîne alimentaire, relatif à l'amélioration des protocoles de surveillance de *Salmonella spp* en filière fromagère bovine.

En cas d'alerte, le réseau *Salmonella* est également sollicité par Santé publique France ou la mission des urgences sanitaires de la Direction Générale de l'Alimentation pour tenter d'identifier d'éventuelles sources de contamination non révélées par les investigations menées par ces interlocuteurs. Dans ce cas, un bilan anonymisé des données disponibles est transmis. Des réunions téléphoniques peuvent être organisées et des investigations complémentaires sont généralement mises en œuvre (caractérisation moléculaire, incluant de plus en plus souvent le séquençage complet du génome des salmonelles isolées).

Le sérotypage systématique des salmonelles est recommandé par les évaluateurs de risque et les normes en vigueur (EFSA 2010, NF EN ISO 6579-3) pour mener une surveillance plus fine aux différents stades de la chaîne alimentaire ou préciser les notifications au système RASFF. Dans ce contexte, le sérotypage par agglutination demeure la méthode de référence pour identifier en première intention les isolats. S'agissant de sérovats peu fréquents, l'isolement et l'identification de telles souches constituent des données précieuses pour établir une forte présomption de lien entre les souches. Cependant, cette méthode présente des limites s'agissant des sérovats les plus abondants (variants monophasiques de Typhimurium, Enteritidis, Newport, Livingstone, Derby, etc.). Le réseau souhaite donc développer la mise en œuvre du séquençage partiel ou total des génomes afin que cette avancée technologique analytique profite au dispositif de surveillance. Cette approche sur la diversité génomique permettrait de mieux discriminer les clones circulants, les voies de contamination et d'alimenter les études d'attribution des sources.

Exploiter les données brutes, partager les résultats, communiquer

Suite à l'évaluation du réseau *Salmonella* réalisée en 2015 par une équipe externe (méthode « Oasis flash » - Hendrikx *et al.*, 2011) il a été souligné l'intérêt de valoriser les données tout en renforçant leur partage et la communication avec les partenaires.

Trois groupes de travail initiés en 2016

L'un d'eux s'attache à l'exploitation des données avec la mise en place d'indicateurs sanitaires à destination des laboratoires partenaires, d'indicateurs de pilotage et de fonctionnement à destination des gestionnaires du réseau.

Les indicateurs sanitaires permettront aux laboratoires de réaliser des recherches ciblées. Ils disposeront, pour cela, de représentations graphiques des données nationales pour visualiser aisément la proportion d'un ou plusieurs sérovats au sein des différentes matrices prélevées, par exemple. Les laboratoires partenaires disposeront également d'un accès à un onglet leur permettant de consulter les données manquantes (une date, un département de prélèvement, etc.) ou aberrantes (une date de prélèvement postérieure à une date d'envoi, etc.) saisies lors de leurs demandes d'analyses ou envois de récapitulatifs. Cette fonctionnalité permettra d'améliorer la complétude de la base et donc la qualité des données collectées.

Le réseau travaille également sur des indicateurs de fonctionnement et de pilotage qui lui permettent de se fixer des objectifs en termes de délai de mise en analyse et de rendu des résultats. Plus globalement, des indicateurs existent tout au long du processus de production et de transmission des données (délai entre prélèvement et réception de la souche au LSAL, par exemple). Afin de disposer d'un dispositif de surveillance réactif pour alerter sur d'éventuelles émergences ou répondre à des sollicitations d'ordre sanitaire, il est essentiel que les souches à analyser et/ou commémoratifs soient rapidement envoyés et intégrés dans la base de données du réseau.

Un deuxième groupe de travail s'intéresse à la consolidation des textes relatifs aux modalités de fonctionnement du réseau (objectifs, charte, etc.). La réflexion doit se poursuivre sur la notion de propriété des souches, de données et de résultats analytiques avant d'aboutir à la finalisation de ces documents socles pour le réseau.

Enfin, un troisième groupe a pour but d'améliorer la communication entre les membres du réseau. Une première réunion de travail a souligné différentes pistes d'amélioration : réalisation d'une enquête sur les outils, forces et faiblesses du réseau, création d'un forum de discussion pour permettre l'échange simultané, réactivation du bulletin trimestriel, développement du nouveau site Internet créé en janvier 2016, liste des personnes contacts, questions fréquemment posées, vidéos, etc.

Ces trois groupes ont été momentanément mis en veille en octobre 2016 pour prioriser l'ouverture de l'accès des partenaires du réseau à la base de données. Toutefois, le travail sur les indicateurs a été poursuivi au regard des objectifs préalablement définis par le groupe de travail correspondant.

Un nouveau portail ouvert aux partenaires du réseau

Cette interface permettra de disposer d'un accès sécurisé à une grande partie des données de la base, qu'elles soient brutes ou travaillées, notamment via les indicateurs sanitaires. L'interface Web permettra également d'informer les partenaires, via un message sur la page d'accueil, d'un signal d'alerte (événement inhabituel, par exemple) et ainsi de favoriser la remontée de données précieuses pour la surveillance. Cette ouverture de la base permettra également aux laboratoires partenaires de saisir et transmettre leurs demandes d'analyses et les données associées, de suivre l'état d'avancement de leurs analyses, de faire des recherches ciblées sur leurs souches et données respectives, de récupérer facilement des fichiers d'exportation correspondants, etc.

La possibilité de déposer des récapitulatifs sur le portail du réseau et la réactivation du bulletin trimestriel devraient faciliter la réduction du délai de transmission des récapitulatifs des laboratoires partenaires au LSAL. Le réseau n'en sera que plus efficace et, en retour, les partenaires pourront optimiser l'utilisation des données du réseau.

Améliorer la représentativité des données

Le réseau manque d'informations concernant la représentativité des données collectées. En effet, s'il dispose des informations concernant les souches identifiées au LSAL ou chez ses partenaires, il n'a pas connaissance du nombre total d'analyses de détection réalisées par les laboratoires partenaires pour isoler ces différentes souches. Pour autant, la prévalence des salmonelles dans les matrices dites à risque pourrait être estimée par une centralisation de ces résultats d'analyse, incluant les résultats négatifs obtenus sur le territoire national.

Des efforts importants amenant au développement d'outils sont d'ores et déjà en cours de réalisation. Ils devraient améliorer la communication avec les partenaires du réseau afin de permettre une exploitation plus réactive des données. Par la suite, des objectifs plus contraignants pourront être développés comme par exemple, la mise en place d'outils concernant la représentativité des données collectées.

Conclusion

Particulièrement impliqué dans l'appui technique apporté à ses partenaires, le réseau renforce son implication dans les missions de surveillance épidémiologique et d'appui à la santé publique. Suite à l'évaluation Oasis du réseau en 2015, l'équipe d'animation s'applique à améliorer la qualité des données collectées, la collecte et l'exploitation des données en « temps réel », la communication avec ses nombreux partenaires. Le réseau est, ainsi, plus à même de caractériser la contamination de la chaîne alimentaire par les salmonelles de la fourche à la fourchette, d'alerter en « temps réel » sur d'éventuelles émergences et de fournir des données de qualité à ses partenaires ainsi qu'aux évaluateurs du risque pour contribuer à la santé publique.

Encadré.

Objectifs

Détection d'émergence de sérovars de *Salmonella* au sein d'une filière particulière, suivi des tendances évolutives de chaque sérovar isolé sur la chaîne alimentaire, appui scientifique et technique aux laboratoires de terrain pour la caractérisation des isolats.

Cadre de la programmation

La recherche de *Salmonella*, tout au long de la chaîne alimentaire, s'inscrit dans le respect de la réglementation européenne (Paquet hygiène). Les règlements (CE) N°178/2002 et N°2073/2005 (modifié) définissent les responsabilités des différents acteurs de cette chaîne et les critères microbiologiques de sécurité et d'hygiène qui ciblent notamment les salmonelles dans les aliments. Dans leurs derniers avis concernant *Salmonella*, l'Efsa (2010) et l'Anses (2013) recommandent le sérotypage complet des salmonelles isolées sur la chaîne alimentaire pour fournir une information précise aux évaluateurs et gestionnaires du risque.

Salmonella et *Campylobacter* sont considérés en Europe comme les agents zoonotiques responsables de la plupart des cas de zoonose chez l'Homme (règlement (CE) N°2160/2003). Pour prendre en compte l'impact dans le domaine de la santé animale et des crises sanitaires, fortement mobilisatrices de moyens financiers et humains, l'autorité compétente a défini *Salmonella* comme un danger sanitaire de 1^{ère} catégorie pour les espèces animales *Gallus gallus* et *Meleagris gallopavo* (arrêté du 9 juillet 2013).

Protocole

- Nature du contaminant recherché : *Salmonella* spp.
- Productions concernées : productions animales et végétales, environnements de production, alimentation pour animaux, alimentation humaine, écosystème.
- Stade de la chaîne alimentaire : de la fourche à la fourchette.
- Définition du « cas » : isolement d'une salmonelle à partir d'un prélèvement réalisé sur la chaîne agro-alimentaire, culture bactérienne adressée à l'Anses pour confirmation du sérotype.
- Nombre d'échantillons et modalité d'échantillonnage : 3 443 salmonelles isolées en 2016 dans le cadre d'autocontrôles, d'alertes, de diagnostics en élevage ou d'enquêtes (nombre total d'échantillons prélevés pour autocontrôles non connu).
- Stratégie d'échantillonnage : aléatoire/ciblée selon les dispositifs de surveillance impliqués ; transmission des données selon volontariat.
- Méthode analytique, nature du prélèvement : potentiellement, toute matrice présente sur la chaîne alimentaire. Recherche de *Salmonella* par les méthodes validées par Afnor Validation), méthode de référence : NF EN ISO 6579-1 et NF EN ISO 6579/A1 (Annexe D). Sérotypage par agglutination de *Salmonella* : FD CEN ISO/TR 6579-3.

Remerciements

L'ensemble des laboratoires partenaires du réseau *Salmonella* est remercié pour leur participation volontaire à ce dispositif de surveillance. L'équipe d'animation du réseau repose sur un collectif de scientifiques, techniciens et personnels administratifs plus large que la liste des co-auteurs de cet article. Ces personnes sont vivement remerciées pour leur précieuse implication.

Glossaire

ACTEOLab : Application pour la Centralisation et le Transfert de données dédiées à l'Épidémiosurveillance Opérationnelle des Laboratoires

DAP : Document d'Accompagnement des Prélèvements

DROM-COM : Départements et Régions d'Outre-Mer et Collectivités d'Outre-Mer

ECDC : European Centre for Disease prevention and Control

EDE : Numéro d'identification des élevages de bovins

EFSA : European Food Safety Authority

EGET : Numéro d'identification des ateliers de porcs à l'engraissement

INUAV : Identifiant Unique Atelier Volailles

MLVA: Multi Locus VNTR Analysis

OMS: Organisation mondiale de la santé

PFGE: Pulse Field Gel Electrophoresis

RASFF: Rapid Alert System for Food and Feed

UCAS: Unité de Coordination et d'Appui à la Surveillance

Références bibliographiques

Anses, Identification de variants de *Salmonella* Typhimurium et prise en compte de ces variants dans le programme officiel de lutte en élevage avicole. Avis de l'Anses, rapport d'expertise scientifique et technique, juillet 2013.

EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ), 2010. Scientific Opinion on monitoring and assessment of the public health risk of "*Salmonella* Typhimurium-like" strains. EFSA Journal, 8(10), 1826.

EFSA-ECDC, 2016. European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control. The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2015. EFSA Journal 2016 ; 14 (12) : 4634.

Hendrikx, P., Gay, E., Chazel, M., Moutou, F., Danan, C., Richomme, C., Boue,

F., Souillard, R., Gauchard, F., Dufour, B., 2011. OASIS: an assessment tool for epidemiological surveillance systems in animal health and food safety. Epidemiol Infect, 139, 1486–1496.

Lailler, R., Moury, F., Granier, S. A., Brisabois, A. (2012). Le Réseau *Salmonella*, un outil pour la surveillance des salmonelles de la « fourche à la fourchette », EuroReference, N°8, ER08-12RX01.

Leclerc, V., Moury, F., Noel, V., Berta-Vanrullen, I., Cadel-Six, S., Lailler, R. (2015). Le réseau *Salmonella*, un

dispositif de surveillance des salmonelles sur la chaîne alimentaire : bilan 2015, *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* n°77/ Numéro spécial-surveillance sanitaire des aliments.

Leclerc, V., Noel, V., Moury, F., Morel, V., Oudart C., Piquet C., NG P., Cadel-Six S., Brisabois A., Lailler, R. (2016).

A decade of *Salmonella* monitoring in food, feed and animal sectors reported by the French *Salmonella*

Network. Poster aux journées I3S (Symposium International *Salmonella* et Salmonellosis), juin 2016, Saint-Malo.

Van Cauteren, D., De Valk, H., Sommen, C., King, L.A., Jourdan-Da Silva, N., Weill, F.X., Le Hello, S., Megraud, F., Vaillant, V., Desenclos, J.C., 2015. Community Incidence of *Campylobacteriosis* and Nontyphoidal Salmonellosis, France, 2008–2013. *Foodborne Pathog Dis* 12, 664–669.