



Bulletin épidémiologique Santé animale - alimentation

Mai 2021

Approche combinée d'analyses de séries temporelles et génomiques : exemple de la détection d'une augmentation de la présence de *Salmonella* Goldcoast en filière avicole.

*Combined approach of time series and genomic analyses: example of the detection of an increase in the occurrence of *Salmonella* Goldcoast in the French poultry sector*

Marie-Léone Vignaud⁽¹⁾, Véronique Noel⁽¹⁾, Mathilde Saussac⁽²⁾, Maria Pardos de Gandara⁽⁴⁾, Jean-Philippe Amat⁽²⁾, Frédérique Moury⁽¹⁾, Vincent Leclerc⁽¹⁾, Jean-Charles Leblanc⁽¹⁾, Renaud Lailler⁽³⁾, Corinne Danan⁽¹⁾

Auteur correspondant : marie-leone.vignaud@anses.fr

(1) Anses, Laboratoire de sécurité sanitaire des aliments, unité *Salmonella* et *Listeria*, Maisons-Alfort, France

(2) Anses, Laboratoire de Lyon, unité Epidémiologie et appui à la surveillance, Lyon, France

(3) Anses, Laboratoire de sécurité sanitaire des aliments, Mission de coordination de la référence et de la surveillance, Maisons-Alfort, France

(4) Centre National de référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella*, Unité des Bactéries pathogènes entériques, Institut Pasteur, Paris, France

Résumé

Les salmonelles, bactéries ubiquitaires, représentent la deuxième cause la plus fréquente de toxi-infections alimentaires bactériennes en France et en Europe. Dans ce contexte, l'Anses exerce une activité de surveillance de la chaîne alimentaire via le réseau *Salmonella* qui centralise, depuis plus de vingt ans, des résultats de sérotypage de salmonelles d'origine non humaine. Un outil statistique d'analyse de séries temporelles a été développé pour analyser ces données de surveillance. Il permet de détecter précocement des augmentations inhabituelles de la présence de certains sérovars aux niveaux national, régional ou encore dans une filière spécifique, susceptible de présenter un risque pour le consommateur. Le couplage de cette approche statistique et de l'analyse génomique des souches permet de caractériser finement ces événements inhabituels d'un point de vue épidémiologique. Cet article décrit un exemple de cette approche combinée déployée suite à l'augmentation inhabituelle de la détection de *Salmonella* Goldcoast au cours de la période 2018-2019 en France. Les analyses épidémiologiques et génomiques ont mis en évidence un cluster majoritaire lié à la filière avicole.

Mots-clés :

Salmonella, génomique, statistiques, épidémiologie, évaluation du risque sanitaire

Abstract

Combined approach of time series and genomic analyses: example of the detection of an increase in the occurrence of *Salmonella* Goldcoast in the French poultry sector
Salmonella, an ubiquitous bacteria, is the second-most frequent cause of bacterial food poisoning in France as well as in Europe. In this context, ANSES monitors the food chain via the *Salmonella* network, which has been centralizing serotyping results for non-human *Salmonella* for more than 20 years. A statistical tool for time series analysis has been developed for these data, enabling the early detection of unusual increases in specific serotypes at the national or regional level, or in a given sector. Coupling this statistical approach with the genomic analysis of strains makes it possible for these events to be characterized with a very high degree of precision. This article describes an example of this combined approach used for an unusual increase in *Salmonella* Goldcoast during the 2018-2019 period in France.

Keywords:

Salmonella, genomics, statistics, epidemiology, risk assessment

Introduction

Salmonella est une bactérie pathogène pour l'homme. Ubiquitaire, elle peut être détectée chez l'homme, les animaux, les aliments destinés à l'homme ou aux animaux, dans les environnements de production et les écosystèmes. Cette bactérie est la deuxième cause de toxi-infections alimentaires collectives en France et la seconde en Europe, après *Campylobacter* (EFSA 2019, Réseau *Salmonella* 2020). Les cas d'infections humaines d'origine alimentaire résultent le plus souvent d'une perte de maîtrise de l'hygiène à un stade de la chaîne agro-alimentaire (pratiques d'élevage, transformation des aliments, préparation au stade de la consommation). Les salmonelles d'origine animale peuvent également se retrouver dans l'environnement naturel toujours difficile à maîtriser, et contaminer les filières de production alimentaire (David *et al.* 2011). De plus, 95 % des cas de salmonelloses humaines sont dus à une contamination alimentaire (Van Cauteren *et al.* 2018).

L'impact des salmonelles dans les toxi-infections alimentaires collectives souligne la nécessité de renforcer les activités de surveillance et de vigilance, pour la détection de sérovars émergents, en identifiant le plus précocement possible, sur la chaîne alimentaire et dans l'environnement naturel (écosystème) et d'élevage, les situations présentant un risque pour le consommateur ou signifiant une perte de maîtrise sanitaire à un stade de la chaîne alimentaire.

Dans cette perspective, des outils statistiques d'analyses de séries temporelles pour la détection d'augmentation inhabituelle du nombre de souches de salmonelles ont été déployés sur les données de surveillance des salmonelles d'origine humaine et non humaine, pour une coordination de la surveillance nationale (Guillou *et al.* 2010 ; Danan *et al.* 2011).

Les données nationales du réseau *Salmonella* recensent de 2010 à 2017, de 3 à 20 souches chaque année de *Salmonella* Goldcoast (*S.* Goldcoast). Ce sérovar a déjà été identifié, au niveau européen, comme responsable de plusieurs toxi-infections alimentaires collectives liées notamment à la consommation de pâté, de salami ou encore de bulot (Inns *et al.* 2013, Scavia *et al.* 2013, Threlfall *et al.* 1986). En octobre 2018, une augmentation significative du nombre de souches reçues par le réseau a été observée en France. Cet événement précède une alerte RASFF (Rapid Alert System for Food and Feed) notifiée par les autorités néerlandaises en lien avec de la viande fraîche de porc provenant de Belgique (AFSCA 01/12/2018). Cet article décrit l'ensemble de l'approche ayant permis de mettre en évidence et de caractériser cette augmentation inhabituelle du nombre de souches de *S.* Goldcoast détectées en France dans la filière avicole entre octobre 2018 et novembre 2019.

Matériels et méthodes

Dispositif de surveillance des salmonelles d'origine non humaine

Au niveau national, les salmonelles d'origine non-humaine sont surveillées dans le contexte d'une réglementation de santé publique vétérinaire (« Paquet Hygiène »), par les opérateurs de la chaîne alimentaire et les autorités compétentes, avec l'appui du Laboratoire National de Référence *Salmonella* (LNR Anses site de Ploufragan et LNR associé Anses LSAL site de Maisons-Alfort). La réglementation est fondée sur une analyse de risque qui privilégie une surveillance dès l'amont des filières présentant le plus de risques pour l'homme (filiale avicole en particulier). A cette surveillance sectorielle, s'ajoute un dispositif national de surveillance transversale, toutes filières confondues, animé par l'Anses depuis plus de vingt ans : le réseau *Salmonella* (David *et al.* 2011 ; Danan *et al.* 2012) (cf. encadré ci-dessous).

Algorithmes statistiques pour la détection d'événements inhabituels

Chaque semaine, les données du réseau *Salmonella* (souches analysées et métadonnées transmises) sont analysées par trois algorithmes d'analyses de séries temporelles: Farrington, RKI (algorithmes développés par le Robert Koch Institut) et Bayes (Bédubourg *et al.* 2017). Chacun des trois algorithmes réalise une prédiction du nombre de souches attendu d'un sérovar pour une semaine S en fonction du nombre de souches observé pour ce sérovar sur la même semaine S au cours des trois années précédentes (N-1, N-2, N-3). D'un point de vue statistique, cette approche permet de tenir compte de la possible saisonnalité de certains sérovars. Les prédictions et les effectifs réels sont alors comparés. Si les deux valeurs ont une différence significative (intervalle de prédiction $\alpha \leq 0,01$), un signal est déclenché. Une alarme statistique est produite pour un sérovar, si au moins deux des trois algorithmes déclenchent un signal. La combinaison de ces trois algorithmes avec des spécificités et des sensibilités différentes permet une détection optimale d'augmentation inhabituelle du nombre de souches d'un sérovar donné.

Dans le cas où les algorithmes de Farrington, RKI et Bayes ne convergent pas (cas des sérovars rares), une méthode de calculs adaptée aux petits effectifs est utilisée. Cette analyse consiste à comparer le nombre de souches observé d'un sérovar en une semaine S de l'année N, avec le nombre de souches prévues à partir des observations des trois semaines (S, S-1, S-2) des deux années précédentes (N-1, N-2), permettant la mise en évidence de l'émergence de sérovars rares sur un pas de temps court. Une alarme statistique est générée si les effectifs réels dépassent la valeur maximale observée, pour la même semaine S, au cours des deux années précédentes.

Le Réseau Salmonella :

Le réseau *Salmonella* est un dispositif de surveillance événementielle contribuant à caractériser la diversité et l'évolution spatio-temporelle des souches circulant dans les secteurs de la santé et production animales, l'alimentation humaine et animale, l'environnement des ateliers de production et l'écosystème naturel (eaux fluviales, eaux de réseau, boues, par exemple). Son fonctionnement repose sur le volontariat de 130 laboratoires publics ou privés, repartis sur l'ensemble du territoire (Leclerc *et al.* 2019). Il centralise l'ensemble des résultats de sérotypage effectués par le laboratoire de sécurité des aliments et les laboratoires partenaires. Ceux-ci transmettent leurs résultats à l'aide de tableaux récapitulatifs (« récapitulatifs ») rassemblant, par secteur, des informations (métadonnées) pour chaque souche sérotypées. Les métadonnées précisent, par exemple : date et lieu de prélèvement, origine (filiale) de la matrice de l'échantillon prélevé, laboratoire fournisseur, contexte des analyses (autocontrôle, alertes). Chaque année le réseau reçoit de ses laboratoires partenaires plus de 3 000 souches à analyser et environ 10 000 résultats de sérotypage et métadonnées liées à chacun des isolats (« récapitulatif ») (Réseau salmonella, inventaire 2018).

Les résultats (alarmes statistiques, courbe d'évolution temporelle sur dix ans, informations épidémiologiques associées aux sérovars à l'origine des alarmes) sont visualisés dans une interface Web R Shiny, consultable uniquement par les gestionnaires du réseau *Salmonella* en charge de l'interprétation des résultats.

Répartition géographique

La répartition géographique des lieux d'isolement des souches est visualisée à l'aide du logiciel R à l'aide du package GADMtools.

Sélection des souches

En cas de détection d'une alarme statistique sur un sérovar donné, l'ensemble des métadonnées associées aux souches incluses dans l'alarme est analysé. Cette analyse permet de s'assurer que l'alarme statistique observée n'est pas due à un artefact de fonctionnement suite à l'intégration de doublons ayant les mêmes dates de prélèvement, de matrices, de lieux de prélèvement et de contextes.

Analyses génomiques des souches

L'analyse des métadonnées permet d'identifier et de sélectionner les souches à analyser par séquençage complet du génome. Les données de séquençage vont permettre une analyse du polymorphisme nucléotidique (SNP : single Nucleotide polymorphisme) des souches analysées par rapport à une souche de référence.

Ainsi, suite à l'alarme statistique liée à la détection d'une augmentation du nombre de souches *S. Goldcoast* déclenchée en octobre 2018, l'ensemble des souches de ce sérovar collectées par le réseau *Salmonella* sur la période de l'alarme (octobre 2018 à mars 2019) a été séquencé.

- Profil Multi-Locus Sequence Typing (MLST*)

Une première caractérisation génotypique a été réalisée à partir des séquences de sept gènes de ménage* (*aroC*, *dnaN*, *hemD*, *hisD*, *purE*, *sucA*, *etthA*) pour chaque souche en utilisant le service MLST du Center for Genomic Epidemiology (CGE : <https://cge.cbs.dtu.dk/services/MLST/>). Cette analyse permet de déterminer le profil MLST directement à partir des reads (non-assemblés) issus du séquençage complet du génome.

- Analyse Single Nucleotide Polymorphism (SNP*)

L'analyse SNP permet une caractérisation génomique plus fine, fondée sur l'ensemble du génome des souches analysées. L'objectif de cette méthode est d'observer la variation nucléotidique des séquences des souches analysées par rapport à une souche de référence la plus proche possible des génomes analysés. Cette approche permet d'apprécier la proximité phylogénétique des souches étudiées.

Les séquences des génomes des souches de *S. Goldcoast* ont été comparées par une analyse SNP avec pour référence la souche humaine R18.0877 (Biosample SAMN11129919) isolée à Taiwan en 2018 (Sevellec *et al.* 2018). La visualisation de l'arbre phylogénétique a été obtenue à l'aide de la library phytools du logiciel R.

Les données de séquençage de quatre souches, deux appartenant au cluster majoritaire identifiées par la méthode SNP (2019LSAL00348, 2019LSAL00068), et deux souches n'appartenant pas à ce cluster (issues de prélèvements d'alimentation animale et de prélèvements d'alimentation humaine : lait) ont été intégrées dans la base de données Enterobase. Enterobase est une base de données génomiques internationale (Zhou *et al.* 2020) rassemblant aujourd'hui plus de 283 000 génomes de *Salmonella* isolées chez l'homme, l'environnement, l'alimentation ou l'animal. Afin de comparer les souches d'origine non-humaine avec les souches d'origine humaine, le Centre National de Référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella* (CNR-ESS) a soumis sur Enterobase l'ensemble des souches de *S. Goldcoast* de profil MLST 358 isolées en France sur la période étudiée ($n = 15$). Les modules d'analyse cg MLST et de visualisation graphique d'Enterobase ont été utilisés pour réaliser la comparaison des données génomiques avec les séquences des souches humaines.

Résultats

Alarmes statistiques

Une augmentation significative du nombre de souches *S. Goldcoast* reçues par le réseau *Salmonella* a été observée en octobre 2018. Cette augmentation a été confirmée après intégration des récapitulatifs envoyés (cf. encart) par les laboratoires partenaires du réseau *Salmonella* (figure 1).

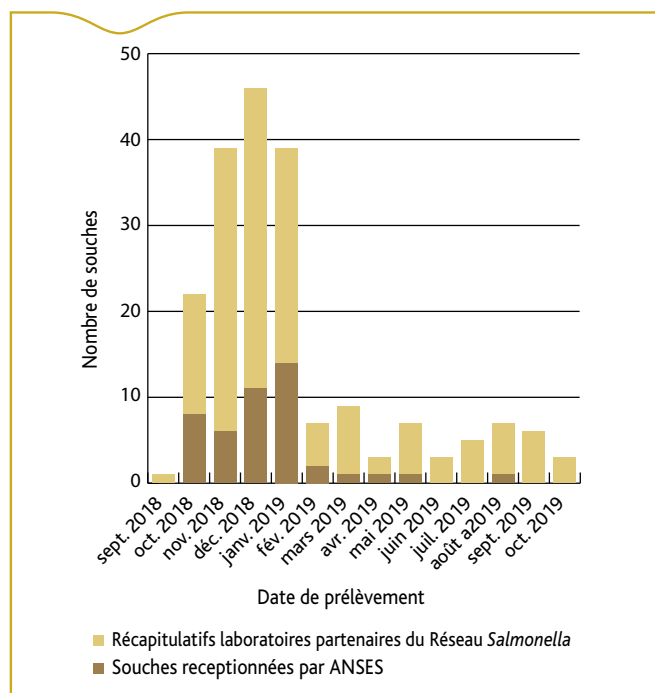


Figure 1. Évolution temporelle du nombre de souches et « récapitulatifs » de *Salmonella Goldcoast* collectés par le réseau *Salmonella*

Le nombre de souches de *S. Goldcoast* recensées par le réseau *Salmonella* entre octobre 2018 et novembre 2019 a atteint un total de 197 (souches et récapitulatifs), contre sept l'année précédente durant la même période. Une majorité des souches ($n = 172$) est issue de prélèvements effectués dans la filière avicole. Les autres souches proviennent de la filière porcine ($n = 7$), de prélèvements d'aliments pour animaux ($n = 6$), de la filière bovine ($n = 2$), et du secteur de la santé animale mais sans précision de la filière ($n = 10$). La répartition géographique indique que les prélèvements dans lesquels les souches de *S. Goldcoast* ont été isolées proviennent de 24 départements et huit régions principalement dans l'Ouest de la France (région Pays de la Loire et ses départements limitrophes) représentant 78 % des souches recensées (figure 2). Les données nationales du réseau *Salmonella*, recensent de 2010 à 2017, de 3 à 20 souches chaque année de *S. Goldcoast*. Jusqu'en 2015, 61 % de ces souches étaient isolées dans des aliments d'origine porcine. À partir de 2016, la proportion de souches isolées dans le secteur de la santé et production animales de la filière avicole devient majoritaire (64 %) (données non présentées ici).

Analyses génomiques

La totalité des souches réceptionnées à l'Anses sur la période octobre 2018 à mars 2019 ($n = 31$), période concentrant le maximum de souches de ce sérovar réceptionnées par le réseau *Salmonella*, a fait l'objet d'un séquençage complet du génome. Ces souches proviennent de onze départements, principalement des régions Bretagne et Pays de la Loire, 27 souches de la filière avicole, dont 24 sont issues de production primaire de volailles (*Gallus gallus*) et trois d'aliments destinés à l'homme (viande ou carcasse de poulet), deux souches d'alimentation animale et deux souches isolées de lait de vache.

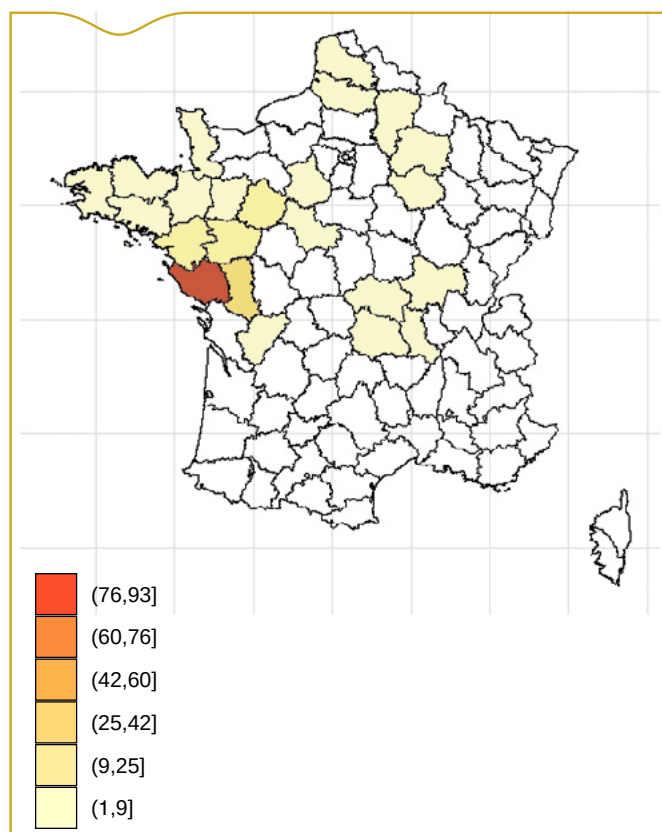


Figure 2. Répartition par département des souches de *Salmonella* Goldcoast collectées par le réseau *Salmonella* sur la période d'octobre 2018 à novembre 2019.

L'analyse MLST montre que l'ensemble des souches appartient au profil MLST 358 ; ce qui ne permet pas de distinguer les souches entre elles.

L'analyse SNP a permis de les discriminer, en mettant en évidence un cluster majoritaire ($n = 27$) constitué exclusivement de souches provenant de la filière avicole. Ce cluster est caractérisé par une variation nucléotidique inférieure à dix nucléotides (en vert dans la figure 3) ; ces souches peuvent donc être considérées proches génétiquement Pightling *et al.* (2018).

Les données épidémiologiques associées aux données génomiques, tendent à conforter l'hypothèse d'un lien entre ces souches. En effet les informations sur les lieux de prélèvement indiquent que la majorité des souches composant ce cluster a été isolée dans les régions Bretagne et Pays de la Loire ($n = 24$). Par ailleurs, au sein de ce cluster, trois souches, ont été détectées en région Auvergne-Rhône-Alpes (Figure 3).

Aucun lien génomique n'a pu être mis en évidence entre ce cluster et les autres souches isolées de l'alimentation animale ou de lait (en rouge sur la figure 3).

Comparaison avec les souches humaines

La comparaison des souches humaines et non-humaines sur la base de données EnteroBase a montré une variation allélique supérieure à 30 allèles. Cette importante différence n'est pas en faveur d'un lien génomique entre ces souches (Figure 4, page 5).

Discussion - Conclusion

L'analyse statistique de séries temporelles utilisée dans cette étude a permis de détecter l'augmentation du sérovar Goldcoast à partir

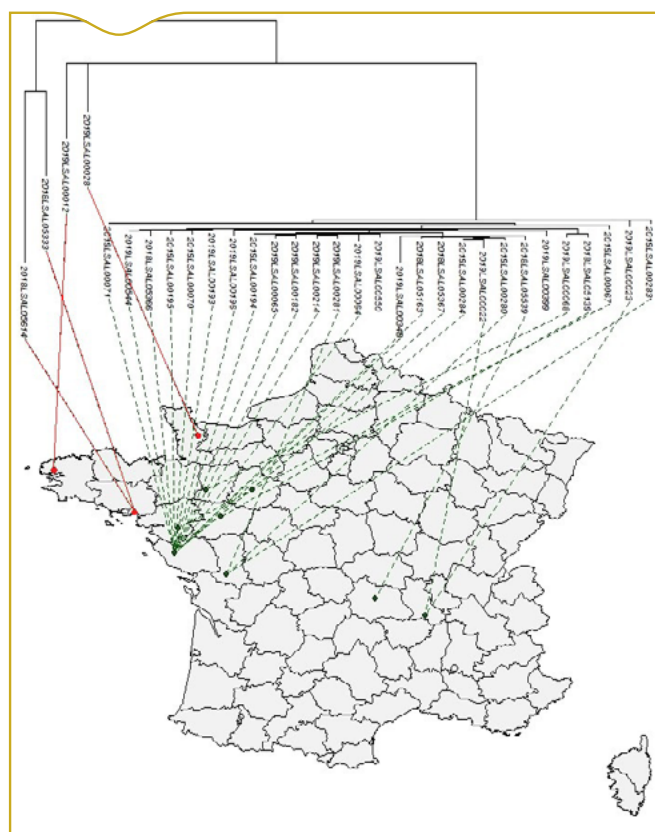


Figure 3. Distribution phylogénétique des SNP du panel de souches de *Salmonella* Goldcoast corrélées au lieu et à la filière d'isolement ($n = 31$). En rouge les souches isolées de prélèvement autre que la filière avicole (pointillés verts)

des résultats de sérotypage des salmonelles d'origine non-humaine centralisés par le réseau *Salmonella*. Les données épidémiologiques ont mis en évidence que cette augmentation était liée à la filière avicole principalement dans les régions Pays de la Loire et dans le nord de la Nouvelle-Aquitaine, bassins de production avicole (ITAVI 2018). Au niveau international, ce sérovar est uniquement décrit en filière porcine (AFSCA 01/12/2018, Feng *et al.* 2019, Roschanski *et al.* 2019). De même, les cas de toxi-infections alimentaires rapportés à ce sérovar sont généralement dus à la consommation de produits issus de la filière porcine, comme en Allemagne en 2001 (Bremer *et al.* 2004) ou en Hongrie et Italie en 2009-2010 (Scavia *et al.* 2013). En France, bien que *S. Goldcoast* n'a jamais été décrit comme responsable de toxi-infection alimentaire, les données nationales du réseau *Salmonella* indiquent que ce sérovar était détecté préférentiellement dans la filière porcine jusqu'en 2015 avec une augmentation de son isolement en filière avicole à partir de 2016. Le lien entre les souches isolées des secteurs porcin et avicole pourrait être approfondi par l'analyse génomique des souches, afin d'explorer l'hypothèse d'une contamination intersectorielle.

La proximité phylogénétique des souches de la filière avicole des régions Bretagne, Pays de la Loire et Auvergne-Rhône-Alpes a été démontrée par l'analyse génomique. Ces observations soulèvent des questions, non explorées dans cette étude, sur les éventuels liens entre les élevages (origine commune de l'alimentation animale, liens commerciaux, etc.). Ce type de liens sont en effet des facteurs de risque connus de diffusion de la contamination entre les élevages au niveau national.

Les analyses génomiques n'ont pas mis en évidence de lien entre les souches nationales d'origine non-humaine et les souches humaines accessibles dans la base EnteroBase. A Taiwan, les récents résultats de surveillance de *S. Goldcoast* chez l'homme ont montré une augmentation significative de souches présentant une multi-

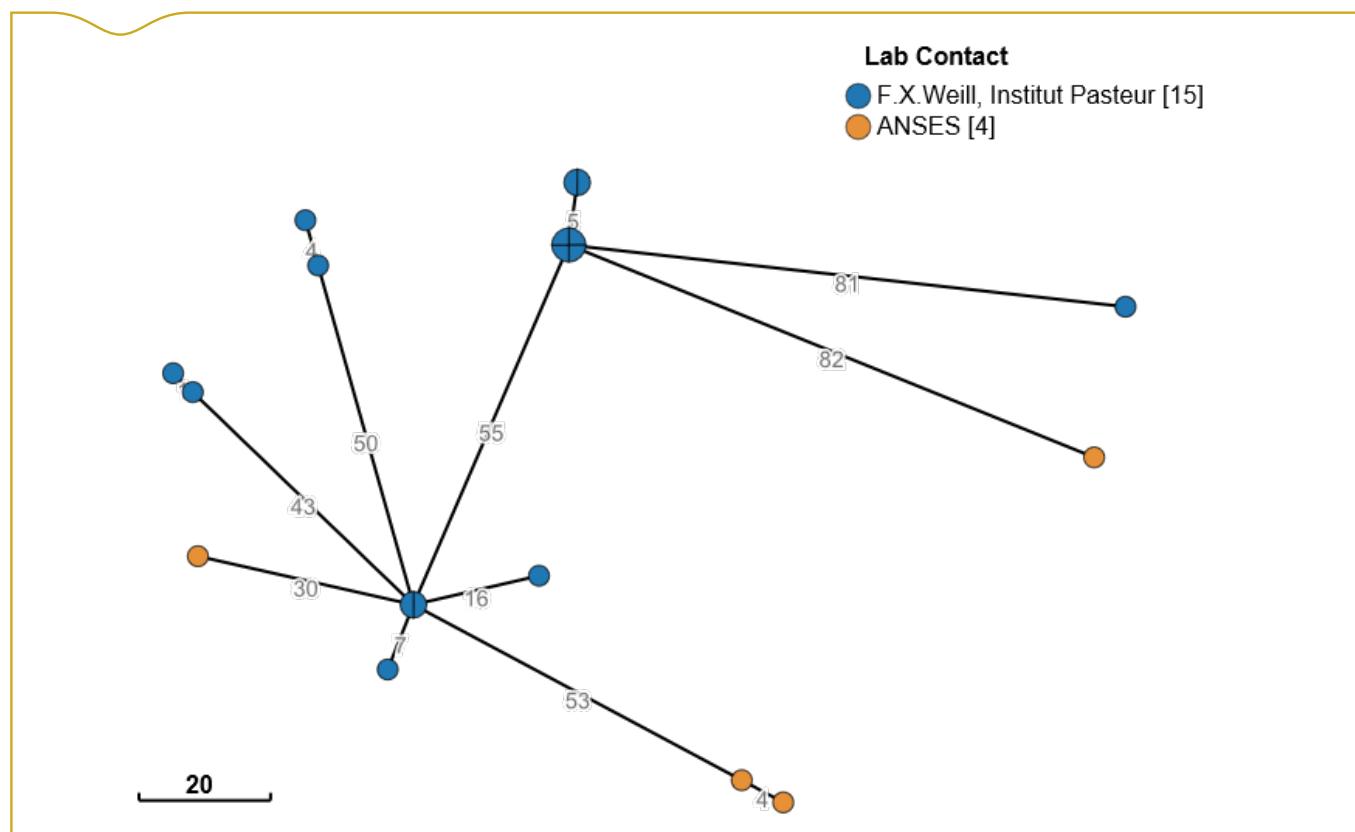


Figure 4. Minimum spanning tree des souches d'origine humaine (Centre National de Référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella*: bleu) et non-humaine (Anses : orange). Analyse effectuée par cgMLST. Le nombre d'allèles de différence entre les deux souches est indiqué sur la branche. La visualisation a été réalisée grâce à l'option MSTree V2.

résistance aux antibiotiques (Liao *et al.* 2019) non observée sur les souches françaises étudiées (données non présentées ici). Bien que les données du réseau *Salmonella* indiquent un retour depuis novembre 2019, à des niveaux comparables aux années antérieures à 2018, une attention particulière sera maintenue sur ce serovar dans le cadre des activités de surveillance du réseau *Salmonella*. Ces informations sont également à partager en temps réel avec le CNR-ESS et les autorités sanitaires compétentes, afin d'optimiser la vigilance nationale et réduire, le cas échéant, l'exposition du consommateur.

Appliqué aux données du réseau *Salmonella*, le couplage des outils statistiques et du séquençage complet du génome des souches permet de caractériser finement des situations d'augmentation inhabituelle de souches possiblement reliées d'un point de vue épidémiologique et génomique, au niveau national, régional ou encore dans une filière spécifique.

Glossaire

Récapitulatifs : résultats de sérotypage et métadonnées associées aux souches sérotypées par les laboratoires partenaires transmis au réseau *Salmonella*.

Gène de ménage : gène s'exprimant dans tous les types cellulaires et indispensable à la survie de la cellule.

MLST : Multi-Locus Sequence Typing : méthode consistant à séquencer un ensemble de fragments d'ADN, amplifiés par PCR, provenant d'autant de gènes de ménage. Pour chaque fragment, des séquences différentes représenteront des allèles différents.

cg MLST : core génome MLST : méthode reposant sur l'analyse de l'ensemble des gènes conservés au sein d'une même espèce. Pour chaque gène, des séquences différentes représenteront des allèles différents.

SNP : Single Nucleotide Polymorphism : polymorphisme de l'ADN dans lequel deux génomes diffèrent sur un segment donné par une seule paire de bases.

Bibliographie

- AFSCA, Agence fédérale pour la sécurité de la chaîne alimentaire : 01/12/2018. «Contamination possible par la bactérie *Salmonella* goldcoast d'un certain nombre de produits à base de viande, suite à la transformation de matières premières potentiellement contaminées : blocage de denrées alimentaires dans 2 entreprises et rappels de produits auprès des consommateurs.» doi: <http://www.afsca.be/professionnels/publications/presse/2018/2018-12-01.asp>.
- Bédubourg, Gabriel, and Yann Le Strat. 2017. "Evaluation and comparison of statistical methods for early temporal detection of outbreaks: A simulation-based study." *PloS one* 12 (7):e0181227-e0181227. doi: 10.1371/journal.pone.0181227.
- Bremer, V., K. Leitmeyer, E. Jensen, U. Metzler, H. Meczulat, E. Weise, D. Werber, H. Tschaep, L. Kreienbrock, S. Glaser, and A. Ammon. 2004. "Outbreak of *Salmonella* Goldcoast infections linked to consumption of fermented sausage, Germany 2001." *Epidemiol Infect* 132 (5):881-7. doi: 10.1017/S0950268804002699.
- Danan, C., T. Delespierre, F. Moury, N. Jourdan-da Silva, A. Brisabois, and Y. Le Strat. 2011. "Automated early warning system for the surveillance of *Salmonella* isolated in the agro-food chain in France." *Epidemiol Infect* 139:736-41. doi: 10.1017/S0950268810001469.
- Danan, D., Agbessi, A., Cabassut, G., Moury, F., Guyot, M., Talleu, L., Salah, S., Chemaly, M. 2012. «Surveillance des salmonelles isolées de la chaîne alimentaire en France.» *Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation* no 50 (Spécial Risques alimentaires microbiologiques).
- David, J.M., C Danan, C Chauvin, M Chazel, R. Souillard, A Brisabois, F.X. Weill, N. Jourdan Da Silva, M. Picherot, D. Guillemot, and P Sanders. 2011. "Structure of the French farm-to-table surveillance system for *Salmonella*." *Revue Méd. Vét.* 162 (10):489-500, <https://hal-anses.archives-ouvertes.fr/hal-00653472>.
- EFSA, European Food Safety Authority. 2019. "The European Union One Health 2018 Zoonoses Report." *EFSA Journal* 17 (12). doi: 10.2903/j.efsa.2019.5926.

Feng, Y., Y. J. Chang, S. H. Fang, L. H. Su, H. C. Li, H. P. Yang, M. J. Yu, and C. H. Chiu. 2019. "Emergence and Evolution of High-Level Cephalosporin-Resistant *Salmonella* Goldcoast in Northern Taiwan." *Open Forum Infect Dis* 6 (12):ofz447. doi: 10.1093/ofid/ofz447.

Guillou, A., and M. Fau Kratz, Le Strat, Y. 2012. "An extreme value theory approach for the early detection of time clusters. A simulation-based assessment and an illustration to the surveillance of *Salmonella*." *Statist. Med.* (1097-0258). doi: DOI: 10.1002/sim.6275.

Inns, T, G Beasley, C Lane, V Hopps, T Peters, K Pathak, R Perez-Moreno, G K Adak, A G Shankar, and on behalf of the Outbreak Control Team. 2013. "Outbreak of *Salmonella* enterica Goldcoast infection associated with whelk consumption, England, June to October 2013." *Euro Surveill* 18 (49):20654. doi: doi:https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2013.18.49.20654.

ITAVI. 2018. Les chiffres clés, URL : <https://www.volaille-francaise.fr/wp-content/uploads/rapport2018chiffres-cles.pdf>.

Liao, Y. S., B. H. Chen, Y. P. Hong, R. H. Teng, Y. W. Wang, S. Y. Liang, Y. Y. Liu, Y. H. Tu, Y. S. Chen, J. H. Chang, C. S. Tsao, and C. S. Chiou. 2019. "Emergence of Multidrug-Resistant *Salmonella* enterica Serovar Goldcoast Strains in Taiwan and International Spread of the ST358 Clone." *Antimicrob Agents Chemother* 63 (10). doi: 10.1128/AAC.01122-19.

Pightling, Arthur W., James B. Pettengill, Yan Luo, Joseph D. Baugher, Hugh Rand, and Errol Strain. 2018. "Interpreting Whole-Genome Sequence Analyses of Foodborne Bacteria for Regulatory Applications and Outbreak Investigations." *Front Microbiol* 9 (1482). doi: 10.3389/fmicb.2018.01482.

Réseau *Salmonella*. 2020. «Inventaire des *Salmonella* d'origine non humaine 2018 URL :<https://sitesv2.anses.fr/fr/minisite/salmonella/inventaires-2010-2018>.»

Roschanski, N., S. Hadziabdic, M. Borowiak, B. Malorny, B. A. Tenhagen, M. Projahn, A. Kaesbohrer, S. Guenther, I. Szabo, U. Roesler, and J. Fischer. 2019. "Detection of VIM-1-Producing *Enterobacter cloacae* and *Salmonella* enterica Serovars Infantis and Goldcoast at a Breeding Pig Farm in Germany in 2017 and Their Molecular Relationship to Former VIM-1-Producing *S. Infantis* Isolates in German Livestock Production." *mSphere* 4 (3). doi: 10.1128/mSphere.00089-19.

Scavia, G, G Ciaravino, I Luzzi, A Lenglet, A Ricci, L Barco, A Pavan, F Zaffanella, and A M Dionisi. 2013. "A multistate epidemic outbreak of *Salmonella* Goldcoast infection in humans, June 2009 to March 2010: the investigation in Italy." *Euro Surveill* 18 (11):20424. doi: <https://doi.org/10.2807/ese.18.11.20424-en>.

Sevellec, Y., M. L. Vignaud, S. A. Granier, R. Lailier, C. Feurer, S. Le Hello, M. Y. Mistou, and S. Cadel-Six. 2018. "Polyphyletic Nature of *Salmonella* enterica Serotype Derby and Lineage-Specific Host-Association Revealed by Genome-Wide Analysis." *Front Microbiol* 9:891. doi: 10.3389/fmicb.2018.00891.

Threlfall, E. J., M. L. Hall, and B. Rowe. 1986. "*Salmonella* gold-coast from outbreaks of food-poisoning in the British Isles can be differentiated by plasmid profiles." *J Hyg (Lond)* 97 (1):115-122. doi: 10.1017/s0022172400064408.

Van Cauteren D, Le Strat Y, Sommen C, Bruyand M, Tourdjman M, Jourdan-Da Silva N, et al. . 2018. «Estimation de la morbidité et de la mortalité liées aux infections d'origine alimentaire en France métropolitaine, 2008-2013.» *Bull Epidémiol Hebd.* 2018 2018;(1):2-10, http://invs.santepubliquefrance.fr/beh/2018/1/2018_1_1.html.

Zhou, Zheming, Nabil-Fareed Alikhan, Khaled Mohamed, Yulei Fan, Group Agama Study, and Mark Achtman. 2020. "The Enterobase user's guide, with case studies on *Salmonella* transmissions, *Yersinia pestis* phylogeny, and *Escherichia* core genomic diversity." *Genome Res* 30 (1):138-152. doi: 10.1101/gr.251678.119.

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

Comité de rédaction : Anne Brisabois, Benoit Durand, Guillaume Gerbier, Pauline Kooh, Marion Laurent, Sophie Le Bouquin Leneveu, Elisabeth Repérant, Céline Richomme, Jackie Tapprest, Sylvain Traynard
Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljär
Responsable d'édition : Fabrice Coutureau

Assistante d'édition : Elsa Vidal
Anses - www.anses.fr
14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort Cedex
Courriel : bulletin.epidemio@anses.fr
Conception et réalisation : Parimage
Crédits photos : AdobeStock



**MINISTÈRE
DE L'AGRICULTURE
ET DE L'ALIMENTATION**

*Liberté
Égalité
Fraternité*



anses

AGENCE NATIONALE DE SÉCURITÉ SANITAIRE
de l'alimentation, de l'environnement et du travail