

Le réseau *Salmonella*, un dispositif de surveillance des salmonelles de la fourche à la fourchette : bilan des données de sérotypage 2019

Véronique Noël¹, Frédérique Moury¹, Viviane Morel¹, Claude Oudart¹, Patricia NG¹, Karol Romero¹, Béatrice Tésolin¹, Claire Yvon¹, Jean-Charles Leblanc¹, Corinne Danan¹, Vincent Leclerc¹

Auteur correspondant : veronique.noel@anses.fr

¹ Anses, Laboratoire de sécurité sanitaire des aliments, Unité Salmonella et Listeria, équipe surveillance, Maisons-Alfort, France

Résumé

Les salmonelloses non typhiques sont des zoonoses bactériennes transmises à l'Homme principalement par voie alimentaire. *Salmonella* représente la deuxième cause de toxi-infections alimentaires en France et en Europe, derrière *Campylobacter*. Évaluer et maîtriser les risques sanitaires de salmonellose pour l'Homme nécessite de surveiller les sérovars susceptibles de circuler aux différentes étapes de la chaîne agro-alimentaire. Depuis plus de vingt ans, le réseau *Salmonella*, piloté par le Laboratoire de sécurité des aliments de l'Anses, collecte et centralise des résultats de sérotypage de salmonelles isolées de la fourche à la fourchette. Cette surveillance événementielle au niveau national, tous sérovars et toutes filières confondus, repose sur le volontariat des laboratoires partenaires; elle est complémentaire des programmes de lutte officiels mis en œuvre par l'autorité de contrôles en filière avicole. En 2019, 135 laboratoires partenaires du réseau ont envoyé 2 972 souches à sérotyper par l'Anses et 10 584 résultats de sérotypage de salmonelles isolées de toutes filières, aux différents maillons de la chaîne agro-alimentaire. Par la centralisation de ces données au niveau national, le réseau *Salmonella* représente une source unique permettant d'apprécier la diversité et la circulation des salmonelles dans les différents réservoirs de la chaîne agro-alimentaire. Au-delà de cette activité de surveillance des salmonelles sur le territoire national, la base de données représente un patrimoine biologique sur lequel s'appuient les travaux de recherche et de référence de l'Agence.

Mots-clés

Surveillance épidémiologique, *Salmonella*, Sérovar, Emergence, Alimentation, Animal, Environnement

Abstract

The *Salmonella* network, a surveillance system from farm to fork: serotyping data from 2019

Non-typhoidal salmonellosis diseases are bacterial zoonoses transmitted to humans mainly through food. *Salmonella* is the second most common cause of foodborne illness in France and Europe, after *Campylobacter*. Assessing and controlling the health risks of salmonellosis for humans requires the monitoring of serovars likely to circulate at the various stages of the agri-food chain. For more than twenty years, the *Salmonella* network, managed by the Anses Food Safety Laboratory, has been collecting and centralising the results of serotyping of *Salmonella* isolated from farm to fork. This passive surveillance, for all serovars and all sectors, is based on the voluntary participation of partner laboratories and is complementary to the official control programmes implemented by the control authority in the poultry sector. In 2019, 135 partner laboratories in the network sent 2,972 strains to be serotyped to Anses and 10,584 serotyping results of *Salmonella* isolated from all sectors to various stages in the agri-food chain. By centralising these data at national level, the *Salmonella* network represents a unique source for assessing the diversity and circulation of *Salmonella* in the various reservoirs of the agri-food chain. Beyond this surveillance activity on the national territory, the database represents a biological heritage on which the Agency's research and reference work is based.

Keywords

Epidemiological surveillance, *Salmonella*, Serovar, Emergence, Food, Animal, Environment

Les salmonelles représentent un danger microbiologique transmissible à l'Homme majoritairement par voie alimentaire. En 2019, au niveau européen, *Salmonella* apparaît en deuxième position, derrière *Campylobacter*, dans le classement des agents responsables de zoonoses chez l'Homme, avec près de 88 000 cas rapportés (Efsa, 2021). La surveillance européenne indique également que *Salmonella* est l'agent bactérien le plus fréquemment confirmé en cas de toxi-infections alimentaires collectives (TIAC) et est responsable de la majorité des cas d'hospitalisation. En France, en 2019, *Salmonella* est identifiée dans 36 % des TIAC, représentant 139 foyers et 807 malades (Santé publique France, 2021). Les aliments les plus fréquemment contaminés sont les œufs et ovoproduits (30 % des cas). Viennent ensuite les aliments composés transformés (plats cuisinés, plats prêts à être consommés) (21%) et les charcuteries (14 %). Pour 7 % des TIAC à *Salmonella*, aucun aliment suspecté d'être à l'origine de l'infection n'a pu être identifié. Par ailleurs, il faut considérer que les données des dispositifs de surveillance sous-évaluent le nombre de cas réels. Ainsi, les estimations nationales de morbidité et de mortalité des infections d'origine alimentaire, établies à partir de données nationales 2008-2013, placent *Salmonella* en troisième position en nombre de cas symptomatiques humains (12 % du nombre total de cas, soit plus de 183 000 cas/an), après les norovirus et *Campylobacter* (Van Cauteren *et al.* 2017).

L'impact de *Salmonella* en santé humaine, mais également en santé animale, et notamment en filière bovine (Plateforme SCA, 2019) ainsi que les répercussions économiques des mesures de gestion dans les filières de production, notamment en filière avicole (Collineau *et al.*, 2021) soulignent la nécessité d'identifier et de caractériser les salmonelles de la fourche à la fourchette (Lailler *et al.*, 2012). La réglementation européenne¹ a ainsi défini un cadre harmonisé pour une maîtrise sanitaire des salmonelles à tous les stades de la chaîne agro-alimentaire, visant un haut niveau de protection du consommateur final, en précisant les niveaux de responsabilités des autorités de contrôle et des exploitants des secteurs de l'alimentation humaine et animale. Les laboratoires d'analyse effectuent donc la recherche de salmonelles sur des prélèvements réalisés dans le cadre des contrôles officiels ou d'autocontrôles, à tous les stades de la chaîne alimentaire, tels que prévu dans la réglementation. En participant aux

activités du réseau *Salmonella*, les laboratoires d'analyse contribuent à une surveillance nationale transversale intersectorielle des sérovars circulant sur la chaîne agro-alimentaire.

Cet article présente le bilan de l'activité de surveillance du réseau *Salmonella* pour l'année 2019.

Description du réseau *salmonella*

Créé en 1997, ce dispositif national de surveillance a pour objectif principal de suivre les tendances et détecter l'émergence de souches présentant un risque sanitaire pour le consommateur ou les productions animales, et/ou pouvant impacter économiquement les filières de production de denrées alimentaires. Il contribue à caractériser les contaminations par *Salmonella* des animaux de rente, de compagnie ou sauvages, de leur environnement, ou de l'écosystème naturel (Leclerc *et al.*, 2015).

Le réseau *Salmonella* permet de présenter les résultats de surveillance des *Salmonella* selon quatre secteurs de la chaîne agro-alimentaire :

- la santé et production animales (SA) : souches isolées de prélèvements d'animaux ou d'environnement de production primaire,
- l'alimentation humaine (AH) : souches isolées d'aliments destinés à l'homme ou d'environnement d'atelier de fabrication,
- l'alimentation animale (AA) : souches isolées d'aliments destinés aux animaux ou d'environnement de fabrication d'alimentation animale,
- l'écosystème naturel (ES) : souches isolées de cours d'eau, de stations d'épuration, de boues, sans contexte direct avec la production animale.

Le réseau *Salmonella* est piloté et animé par le Laboratoire de sécurité des aliments (LSAI, site de Maisons-Alfort). Par ailleurs, le LSAI est associé au Laboratoire National de Référence des *Salmonella* (LNR Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort) pour les activités de sérotypage des souches. A ce titre, le LSAI est accrédité pour la méthode de référence (sérotypage conventionnel par agglutination), détient les sérums permettant d'identifier une large diversité de sérovars et supervise les compétences des laboratoires officiels dans ce domaine en organisant des essais inter-laboratoires. L'activité du réseau *Salmonella*

¹ Règlement (CE) du Parlement européen et du Conseil du 17 novembre 2003 sur le contrôle des salmonelles et d'autres agents zoonotiques spécifiques présents dans la chaîne

alimentaire (JO L 325 du 12.12.2003, p. 1-15) (<https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/TXT/?uri=celex%3A32003R2160>).

s'appuie sur cette mission pour apporter aux laboratoires partenaires un appui scientifique et technique sur le typage des souches qu'ils isolent.

Des laboratoires partenaires volontaires

Le réseau recense 135 laboratoires publics (70) ou privés (65) adhérant pour la majorité aux associations Adilva (Association Française des Directeurs et Cadres de laboratoires Vétérinaires Publics d'analyses), Aflabv (Association Française des Laboratoires d'Analyses de Biologie Vétérinaires) et Aprolab (Association Professionnelle des Sociétés françaises de Contrôle en Laboratoire) qui siègent au comité de pilotage du réseau *Salmonella*. Les laboratoires publics du réseau *Salmonella* représentent 86 % des laboratoires départementaux d'analyse (LDA). Il est, en revanche, difficile d'estimer la représentativité des laboratoires privés sans liste de référence au niveau national.

Parmi ces 135 laboratoires, 127 sont situés en France métropolitaine, quatre à la Réunion, deux en Guadeloupe, un en Polynésie française et un en Nouvelle-Calédonie (Figure 1).



Figure 1. Répartition géographique des laboratoires partenaires adhérants au réseau *Salmonella* en 2019. Chaque point rouge représente un laboratoire. Les laboratoires situés dans les départements et régions d'outre-mer et collectivités d'outre-mer ne sont pas représentés sur cette carte.

Contexte et description des données collectées

Le sérotypage des salmonelles est couvert par la réglementation uniquement en filière avicole. En France, les programmes de lutte en production primaire contre les salmonelles visent six sérovars considérés comme dangers sanitaires de première catégorie (Enteritidis, Typhimurium et variant monophasique, Hadar, Infantis, Virchow et Kentucky)². Dans les autres contextes de surveillance de la chaîne alimentaire (autocontrôles, investigations sanitaires, plans de surveillance ou de contrôle des aliments), le sérotypage peut être demandé aux laboratoires d'analyses par les opérateurs ou les autorités de contrôle pour une meilleure connaissance des contaminations rencontrées sur le terrain. Les laboratoires partenaires, accrédités pour la recherche de *Salmonella*, transmettent généralement leurs récapitulatifs à l'Anses. Lorsque les laboratoires se trouvent face à une difficulté technique ponctuelle, ils envoient les souches au LSAI pour sérotypage.

Les données centralisées à l'Anses incluent ainsi les résultats de sérotypage de souches reçues et analysées au LSAI, et ceux transmis directement par les laboratoires adhérents (récapitulatifs). Les laboratoires partenaires sont engagés, via la charte du réseau, à transmettre leurs récapitulatifs à l'Anses sur une base trimestrielle. Pour les récapitulatifs, les données sont transmises le plus souvent par l'intermédiaire d'un fichier Excel ou d'une extraction LIMS (Système de Gestion de l'Information du Laboratoire), mais parfois aussi sous forme manuscrite.

Dans les deux cas, ces résultats sont accompagnés de données qui caractérisent le prélèvement dont a été isolée la souche (métadonnées) :

- le secteur : SA, AH, AA, ES,
- le contexte : autocontrôle, contrôle officiel, diagnostic, investigations sanitaires avec ou sans cas humains, etc.,
- la matrice prélevée : l'animal ou le type d'aliment, par exemple,
- le type de prélèvement : chiffonnette, organe, par exemple,
- le pays, le département et si possible la commune où le prélèvement a été réalisé,
- le lieu de prélèvement : exploitation, atelier de transformation, abattoir, etc.
- la date de prélèvement,

² Arrêté du 29 juillet 2013 relatif à la définition des dangers sanitaires de première et deuxième catégorie pour les espèces animales

- le préleveur: vétérinaire, technicien des services vétérinaires, éleveur, industriel,
- éventuellement l'existence de signes cliniques chez l'animal.

Toutes les données sont saisies après vérification dans la base de données ACTEOLab (Application pour la Centralisation et le Transfert de données dédiées à l'Epidémiologie Opérationnelle des Laboratoires). La vérification peut faire l'objet d'un contact téléphonique auprès du laboratoire expéditeur pour apporter d'éventuels compléments d'information. Lorsque le sérotypage est réalisé au sein du LSAI, un rapport d'analyse est envoyé au laboratoire demandeur.

Utilité des données collectées

L'équipe d'animation communique régulièrement sur les sérovars isolés par le réseau (inventaires, publications, journée du réseau *Salmonella*). Ces données sont utiles :

- aux laboratoires partenaires qui disposent ainsi d'un recueil sur la diversité des sérovars de *Salmonella* détectés dans les différents secteurs de la chaîne agro-alimentaire. Les laboratoires peuvent également interroger l'équipe animatrice du réseau pour toute précision sur les sérovars susceptibles d'être rencontrés dans une matrice ou un environnement donné,
- aux organismes en charge de la surveillance sanitaire du territoire (administrations de contrôle, Santé publique France, Laboratoire et Centre National de Référence des *Salmonella*, réseaux de surveillance spécifiques de filière) qui disposent ainsi d'informations sur la présence de sérovars réglementés ou non, et sur la détection inhabituelle de certaines souches dont le suivi est assuré par des analyses de séries temporelles (Danan et al., 2010, Vignaud et al., 2021),
- au LNR ou aux autorités sanitaires, qui sollicitent le réseau en cas d'investigations sanitaires (cas groupés humains ou contamination d'une filière de production animale réglementée), afin d'identifier des souches qui présenteraient des liens épidémiologiques avec les souches isolées des « cas positifs » (malades humains, animaux ou produits contaminés). Ainsi, en 2019, le réseau *Salmonella* a été sollicité une quinzaine de fois et le LSAI a réalisé des analyses par séquençage du génome pour quatre investigations sanitaires,
- au CNR à qui sont envoyées les souches dont le sérovar n'a jamais été répertorié dans le recueil des formules antigéniques (Grimont et al., 2007) et qui, ainsi, complète la liste et la caractérisation de sérovars nouveaux,
- aux équipes scientifiques développant des travaux de recherche et de référence, et pour lesquelles la

collection de souches représente un patrimoine biologique d'intérêt scientifique. Ces travaux sont engagés dans le respect de la confidentialité des données privées,

- aux évaluateurs du risque : le réseau peut être sollicité pour fournir un appui scientifique et technique aux comités d'experts spécialisés de l'Anses (exemples : saisines « *Salmonella* spp. en alimentation animale » (Saisine 2016-SA-0029, 2018) et « évaluation des protocoles d'échantillonnage des laits et fromages Morbier et Mont d'Or » (Saisine 2016-SA-0168, 2018).

Techniques d'analyses

La quasi-totalité des souches (95,5 %) reçues à l'Anses a été analysée par la méthode de sérotypage par agglutination sur lame. La caractérisation des variants de *Salmonella* Typhimurium par PCR (Polymerase Chain Reaction) a également été réalisée au LSAI. Ponctuellement, à la demande de certains laboratoires partenaires, des méthodes de typage moléculaire de type MLVA (Multi Locus VNTR Analysis) et PFGE (Pulse Field Gel Electrophoresis) ont été mises en œuvre. Elles permettent de caractériser plus finement les souches et d'évaluer leur lien potentiel. En octobre 2019, la PFGE et le MLVA ont été remplacés par le séquençage complet du génome (WGS-Whole Genome Sequencing), plus discriminante que les autres méthodes dans le suivi des salmonelles isolées au sein d'une exploitation / atelier ou dans le contexte d'investigation d'alertes sanitaires.

Résultats obtenus

Les chiffres présentés dans cette synthèse portent uniquement sur les résultats de sérotypage centralisés entre le 1^{er} janvier et le 31 décembre 2019. Sur cette période, 13 556 résultats de sérotypage ont été collectés (2 972 souches caractérisées au LSAI et 10 584 résultats de sérotypage transmis par les laboratoires partenaires). Le nombre de données recensées était stable par rapport aux années précédentes. Pour les années 2017 et 2018, 14 397 et 13 171 données avaient été respectivement collectées.

Le nombre médian de souches et récapitulatifs envoyés par laboratoire était égal à 15 (min : 1 – max : 2 390). En moyenne, 48 souches ont été réceptionnées chaque semaine par le LSAI pour confirmation du sérovar (min : 1 - max : 154).

Répartition des données en fonction du contexte

Les données collectées par le réseau étaient issues d'origines très diverses : des animaux malades ou porteurs sains, l'environnement d'élevage, les abattoirs, les ateliers de transformation ou les aliments destinés à la consommation humaine ou animale.

Un peu plus de la moitié d'entre eux (54,3 %) provenaient d'autocontrôles. Dans 35,6 % des cas, le contexte n'était pas spécifié (**Tableau 1**).

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

Le bilan présentait une majorité de données pour le secteur SA, suivi des secteurs AH, AA et ES : 9 108 résultats (67,2 %) ont été recensés pour le secteur SA, 3 456 (25,5 %) en AH, 803 (5,9 %) en AA et 189 (1,4 %) en ES.

• Santé et production animales

Au total, 9 108 résultats ont été répertoriés dans ce secteur. Pour 98 d'entre eux, la matrice n'était pas précisée (1,1 %).

La filière *Gallus gallus* était majoritaire avec 4 847 données (53,2 %) (1 136 données en filière chair, 587 en filière ponte, 398 en filière reproducteur, 8 pour la filière chapon et 2 718 pour lesquelles le type de production n'était pas précisé). Venaient ensuite la filière canards (1 746 données), la filière bovine (838 données) puis la filière dindes (614 données). Ces 4 filières représentaient 88,3 % des données. Les 11,7 % restants concernaient 30 autres filières animales.

• Alimentation humaine

Au total, 3 456 données ont été recensées dans ce secteur, principalement issues de la catégorie « produits carnés » (2 399 données soit 69,4 %) et de

la catégorie « produits laitiers » (673 données soit 19,5 %). Les catégories de produits (œufs et ovo-produits, produits de la mer et fruits et légumes,) représentaient quant à elles, moins de 1,5 % des données.

Parmi les produits carnés, les viandes de porc (1 194 données), de poulet (381 données) et de bovin (252 données) représentaient 52,9 % des données collectées en alimentation humaine. Les viandes dont l'espèce n'est pas précisée, de dinde, de mouton, et de canard représentaient respectivement 7,6, 2,6, 1,5 et 1,4 % des résultats. L'ensemble des autres viandes cumulées (cerf, cheval, chèvre, sanglier, oie, gibier, lapin, etc.) représentait 3,5 % des données.

Les laits et fromages issus de bovins (326 et 109 données) et d'ovins (38 et 54 données) représentaient 78,3 % des données isolées de produits laitiers.

L'origine précise de la matrice n'était pas connue pour 15 % des données : 219 concernaient la viande, 74, les produits laitiers et 224, les denrées alimentaires sans autre précision.

• Alimentation animale

Dans ce secteur, 803 données ont été répertoriées. Pour 322 (40,1 %) d'entre elles, l'aliment n'était pas précisé. La majorité des données collectées dans ce secteur provenait d'aliments destinés aux animaux de compagnie (235 données soit 29,3 %). Venaient ensuite les données isolées de matières premières d'origine oléagineuse avec 88 résultats (11 %), d'aliments composés pour dindes avec 38 résultats (4,7 %), d'aliments composés pour volailles avec 33 résultats (4,1 %). Les autres données étaient issues d'aliments composés pour bétail, porcs, matières premières d'origine céréalière, etc.

Tableau 1. Importance relative des contextes de prélèvement associés aux souches ou récapitulatifs transmis au réseau *Salmonella*.

Contexte	Sérotypage Anses	Sérotypage hors Anses	Total	Proportion relative %
Alerte Produit	134	2	136	1,0
Autocontrôles	2 328	5 035	7 363	54,3
Contrôle autorité	111	649	760	5,6
Epidémie/Alerte	24	14	38	0,3
Etudes cliniques	214	50	264	2,0
Non spécifié	5	4 827	4 832	35,6
Programmes de contrôle et d'éradication	156	7	163	1,2
Total	2 972	10 584	13 556	100

- **Ecosystème naturel**

Un total de 189 données a été répertorié dans ce secteur. Elles ont été majoritairement isolées d'eaux de rivière (75 résultats soit 39,7 %). Venaient ensuite les eaux de rejets côtiers (31 résultats soit 16,4 %) puis les boues de stations d'épuration (30 résultats soit 15,9 %). Les autres données étaient issues de digestats, eaux usées ou résiduaires, etc.

Principaux sérovars recensés par le réseau *Salmonella*

Au total, 251 sérovars ont été identifiés. 84 souches, non agglutinables, ont été recensées. Les *Salmonella* non agglutinables sont des souches qui ne peuvent pas être caractérisées par la méthode d'agglutination en raison de mutations affectant leurs antigènes de paroi. Ces bactéries sont aussi appelées « Rough ». Près de 30 % de celles-ci ont été retrouvées dans la viande porcine.

Le **tableau 2** présente, pour chacun des 4 secteurs d'activité, la proportion relative des quinze principaux sérovars recensés en 2019.

Si certains sérovars apparaissent plus spécifiques d'un secteur (*S. Senftenberg* en SA - filière avicole, variant monophasique de *Typhimurium* en AH en particulier dans la viande porcine), d'autres se retrouvent dans tous les secteurs, sans tendance apparente. *S. Dublin* est présent dans toute la filière bovine que ce soit en SA ou en AH (viande bovine, lait et fromages au lait de vache, il en est de même dans la filière ovine pour *S. IIIb 61:k:1,5,7* présent en SA et AH. En revanche, les principaux sérovars retrouvés en SA dans la filière *Gallus gallus* chair ne sont pas retrouvés en AH (œufs et viande de poulet).

- **Santé et production animales**

180 sérovars ont été identifiés sur les 9 108 données recensées.

Le **tableau 3** représente les cinq sérovars majoritaires pour chacune des quatre principales filières les plus importantes du secteur SA (88,3 % des données de ce secteur).

La répartition des sérovars dans la filière *Gallus gallus* présentait une grande diversité en fonction de la filière de production :

- poulets de chair (n=1136) : 101 sérovars ont été identifiés, dont les plus fréquents étaient *S. Montevideo* (8,6 %), *S. Enteritidis* (8,2 %) et *S. Napoli* (8,1 %).

- poules pondeuses (n=587) : 92 sérovars ont été identifiés, dont les majoritaires étaient *S. Enteritidis* (14,3 %), *S. Typhimurium* (11,9 %) et *S. Senftenberg* (9,4 %).

- poules reproducteurs : (n=398) : La diversité des sérovars était moindre que dans les 2 autres filières de production avec seulement 43 sérovars différents. *S. Senftenberg* était le sérovar majoritaire (60,8 %), suivi par *S. Typhimurium* (4,8 %) et *S. Napoli* (3,5 %).

- poulets, filière de production non précisée (n=2 718) : 49 sérovars ont été identifiés. *S. Senftenberg* était très largement majoritaire avec 1 557 données (57,3 %), suivi de *S. Livingstone* (12,7 %) et *S. Montevideo* (9 %).

- **Alimentation humaine**

Dans ce secteur, 123 sérovars ont été identifiés sur les 3 456 données recensées.

Le **tableau 4** représente la répartition des trois sérovars majoritaires pour les principales filières de ce secteur.

Toutes filières confondues, les 5 sérovars les plus fréquemment identifiés étaient le variant monophasique de *Typhimurium*, *S. Dublin*, *S. Derby*, *S. Infantis* et *S. Typhimurium*. Si le variant monophasique de *Typhimurium* était identifié dans la plupart des filières, il représentait 40,8 % de la contamination des viandes porcines.

Dans la catégorie œufs et ovoproduits, le sérovar le plus souvent retrouvé était *S. Enteritidis* (42,4 %) mais le nombre de résultats était faible dans cette catégorie (n=33). Au total, 13 sérovars ont été recensés.

Les produits de la mer et les fruits et légumes sont des catégories pour lesquelles on retrouvait un nombre élevé de sérovars pour un petit nombre de données collectées, respectivement 24 et 22 sérovars pour 38 et 32 données.

- **Alimentation animale**

110 sérovars ont été identifiés sur les 803 données de ce secteur. Les sérovars les plus fréquents étaient *S. Livingstone* (13,6 %), *S. Liverpool* (9,2 %) et *S. Montevideo* (8,7 %).

- **Ecosystème naturel**

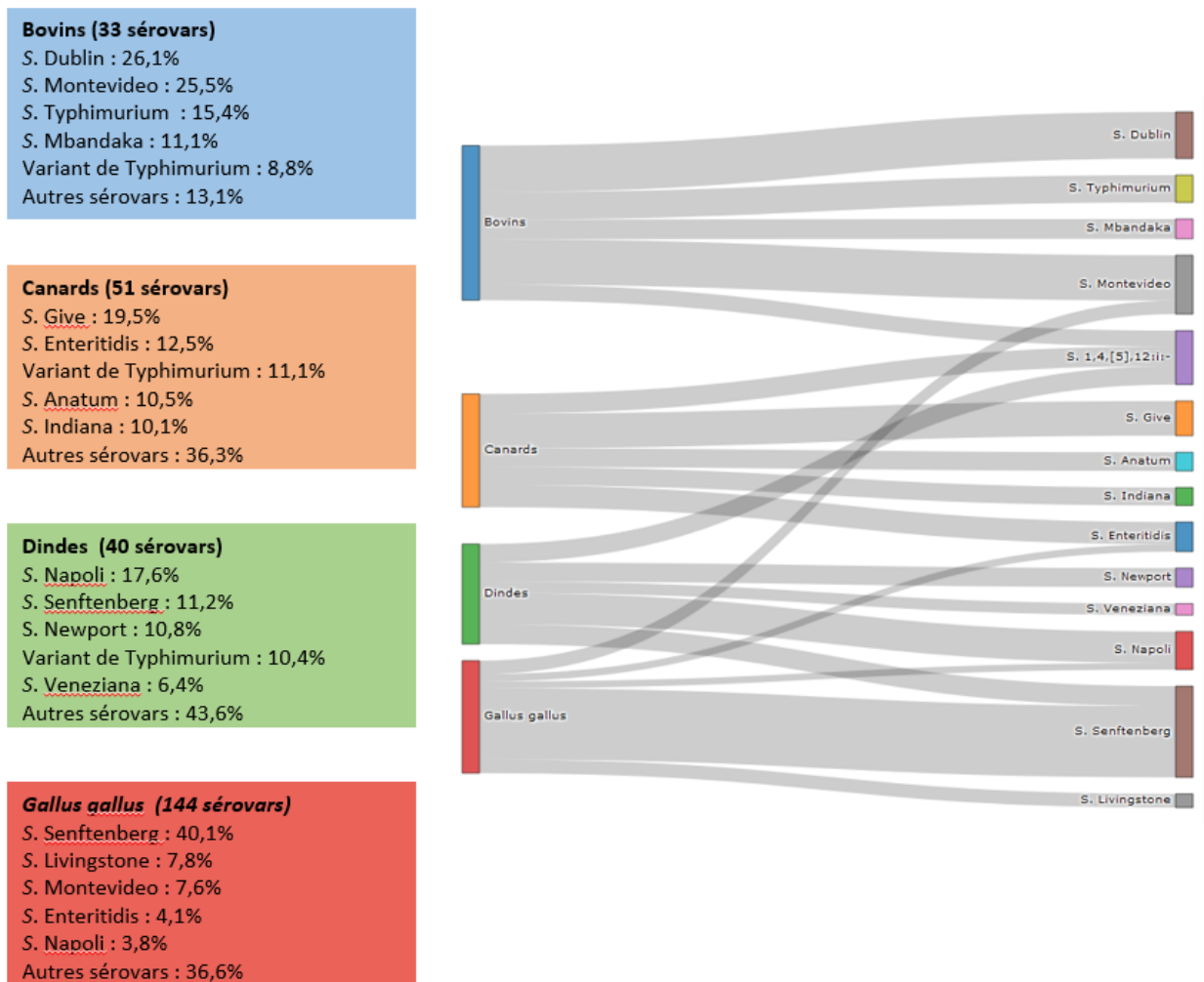
Une grande diversité de sérovars (50) a été observée sur les 189 données collectées. Les 4 sérovars majoritaires identifiés dans ce secteur étaient *S. Veneziana* (13,2 %), *S. Typhimurium* (10 %), le variant monophasique de *Typhimurium* (6,3 %) et *S. Infantis* (6,3 %), représentant 36 % des données.

Tableau 2. Principaux sérovars des données collectées au réseau *Salmonella*, selon le secteur d'activité, en 2019.

	VMT *	<i>S. Livingstone</i>	<i>S. Montevideo</i>	<i>S. Typhimurium</i>	<i>S. Anatum</i>	<i>S. Enteritidis</i>	<i>S. Infantis</i>	<i>S. Mbandaka</i>	<i>S. Venezia</i>	<i>S. Dublin</i>	<i>S. Eboko</i>	<i>S. Rissen</i>	<i>S. Senftenberg</i>	<i>S. 1,3,19:r:27:-</i>	<i>S. 4,12:d:-</i>	<i>S. Ajobabo</i>	<i>S. Albany</i>	<i>S. Braenderup</i>	<i>S. Bredeney</i>	<i>S. Chester</i>	<i>S. Derby</i>	<i>S. GIVE</i>	<i>S. I11b 38:r:z</i>	<i>S. I11b 61:k:1,5,7</i>	<i>S. Indiana</i>	<i>S. Kedougou</i>	<i>S. Kentucky</i>	<i>S. Liverpool</i>	<i>S. Napoli</i>	<i>S. Ohio</i>	<i>S. Putten</i>	<i>S. Saintpaul</i>	<i>S. Stourbridge</i>	<i>S. Tennessee</i>
Santé et production animales	6,2%	4,2%	7,7%	4,2%	2,6%	5,9%		3,3%	2,7%	2,4%			23,5%									4,2%			3,6%				4,4%			2,4%		1,6%
Alimentation humaine	21,6%	2,9%	1,6%	7,4%	1,4%	3,2%	10,1%		1,5%	13,8%		1,9%							1,3%	1,5%	13,4%			2,3%			1,1%							
Alimentation animale	2,0%	14%	8,7%	2,5%	2,1%		3,2%	2,4%			3,1%		1,7%	3,1%	2,2%		3,6%									2,2%		9,2%			3,7%			
Eco-système	6,3%	3,2%	2,6%	10,1%		4,8%	6,3%	4,2%	13,2%		4,8%	4,2%				1,6%	2,6%						2,6%						4,2%				4,2%	

* VMT : variant monophasique de Typhimurium

Tableau 3. Répartition des cinq sérovars majoritaires pour chacune des quatre principales filières du secteur santé et production animales



Discussion et Conclusion

Depuis 1997, 338 000 données de *Salmonella* ont été collectées par l'Anses dans une base de données, recensant 975 sérovars, isolées de la chaîne agro-alimentaire et l'écosystème naturel. La base de données ACTEOLab met ainsi à disposition des laboratoires partenaires et des scientifiques de l'Anses un patrimoine biologique à des fins d'appui scientifique, de recherche et de développement méthodologique pour les travaux des laboratoires de référence. Ces données historiques sont collectées par un réseau stable de laboratoires volontaires publics et privés, piloté par l'Anses, et contribuant à une surveillance événementielle des sérovars d'origine non humaine. En 2019, 135 laboratoires nationaux publics et privés ont participé à cette surveillance via l'envoi volontaire de souches ou de récapitulatifs au réseau *Salmonella*. 13 556 résultats de sérotypage de 251 sérovars ont été centralisés, issus de prélèvements de différents contextes de surveillance d'aliments, d'animaux ou d'environnement, de quatre secteurs : production et santé animales, alimentation humaine, alimentation animale et

écosystème naturel. Plus de la moitié des données (54 %) sont issues d'autocontrôles (tous secteurs confondus) et 67 % de la totalité des données sont isolées du secteur de la santé et production animales.

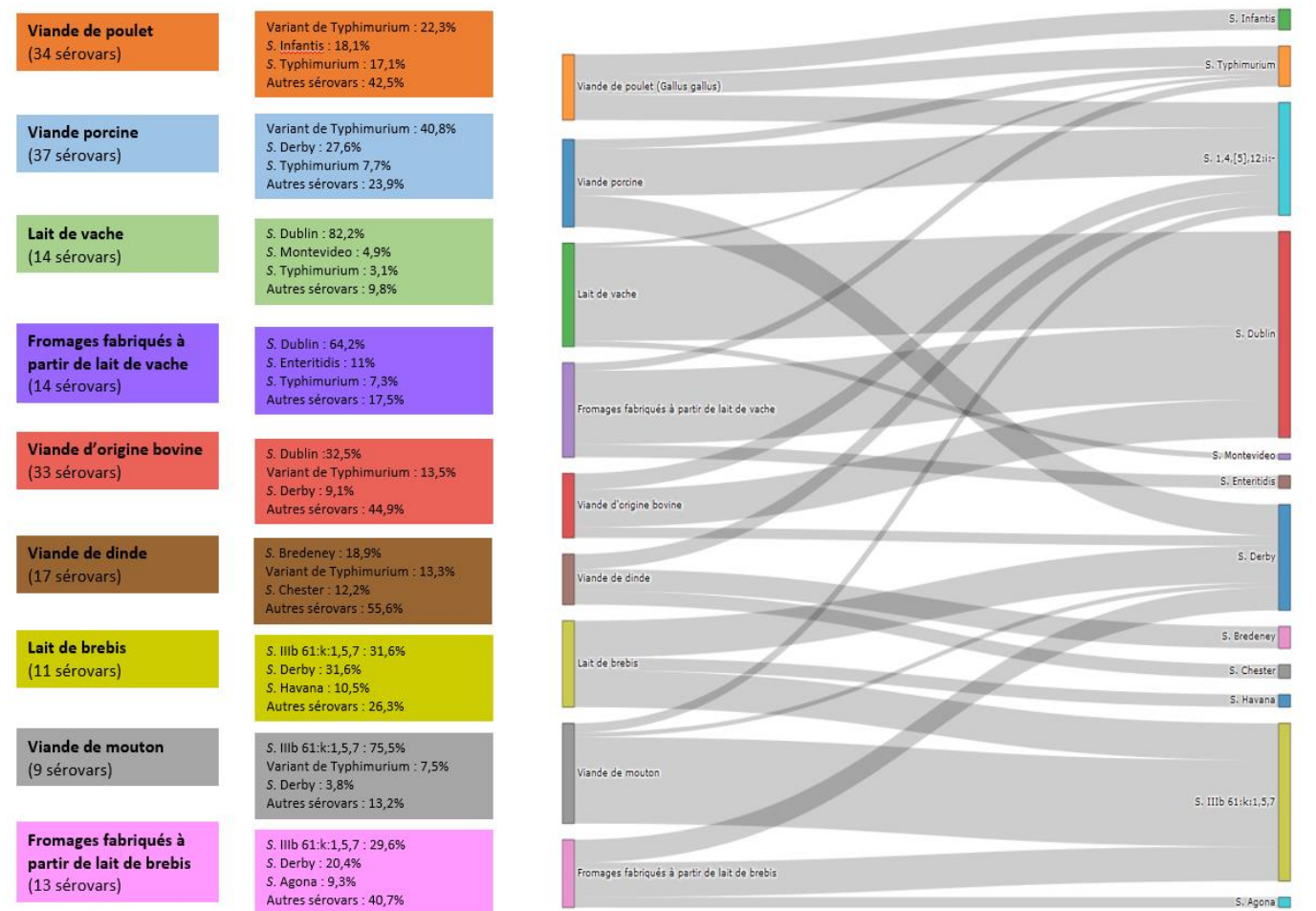
Le réseau *Salmonella* fournit à ses partenaires un appui scientifique et technique qui contribue à une meilleure connaissance des contaminations isolées dans les différents secteurs de la chaîne agro-alimentaire, lors de l'exploitation des plans de maîtrise sanitaire de leurs clients ou en lien avec les exigences de la réglementation. Cette surveillance présente par ailleurs l'intérêt d'une stabilité historique permettant d'explorer des évolutions spatio-temporelles. Cependant, en l'état actuel du fonctionnement du réseau, ces données ne sont pas comparables à celles produites par les dispositifs officiels sectorisés en production agro-alimentaire, dont une partie est publiée annuellement dans le rapport européen de l'EFSA/ECDC sur la surveillance des zoonoses ; elles doivent être considérées comme complémentaires et toute interprétation doit faire l'objet d'une grande précaution compte tenu des biais identifiés pour le

fonctionnement du réseau, tels que (i) la sur-représentativité des filières couvertes par la réglementation, (ii) la mise en place de contrôles renforcés dans un secteur, (iii) la non-exhaustivité des données liée au caractère non obligatoire de la transmission des données vers l'Anses, (iv) les délais de transmission des laboratoires incompatibles avec une visibilité en temps réel de la contamination sur le terrain, etc...

Au-delà des biais de fonctionnement inhérents au dispositif, les interprétations des données dépendent aussi de la qualité des informations collectées. L'optimisation continue de cette qualité, notamment de l'exhaustivité et de la précision des informations accompagnant les données, nécessite une mobilisation continue de tous les partenaires et de l'équipe scientifique et technique gestionnaire du réseau. En 2019, l'information était manquante pour le contexte de prélèvement dans 35 % des cas. En termes de réactivité, on constate une amélioration avec une réduction des délais d'envoi des récapitulatifs (de

l'ordre de 2-3 mois en 2019 pour la plupart des laboratoires, contre un an les années précédentes pour certains laboratoires). Cette évolution favorable est liée d'une part à la mobilisation des laboratoires et d'autre part au développement de l'application ACTEOLab qui permet une intégration plus facile et régulière des résultats des laboratoires. L'évolution du système d'information, et son ouverture à l'ensemble des laboratoires partenaires est une perspective très prometteuse pour le réseau *Salmonella*. Les échanges de données et les consultations de la base seront en effet facilités; ils devraient par conséquent être plus nombreux et plus rapides. Les données exhaustives notamment des contrôles officiels pourraient y être placées en collaboration avec le LNR. Cette ouverture est également indispensable pour le développement d'une activité de vigilance compatible avec une action sur le terrain. Cette activité est limitée aujourd'hui à des observations rétrospectives, compte tenu des délais de transmission des récapitulatifs.

Tableau 4. Répartition des trois sérovars majoritaires pour les principales filières du secteur alimentation humaine



La comparaison des données du réseau avec les données humaines est par ailleurs biaisée par le fait même que les sérovars surveillés sur la chaîne alimentaire ont été choisis pour répondre à des questions de santé publique vis à vis de sérovars fréquemment rencontrés chez l'Homme, au moment de la définition de la réglementation. Ces sérovars pourraient donc être sur-représentés par le réseau *Salmonella* par rapport aux données actuelles de surveillance humaine qui ont pu évoluer. Par ailleurs, par la diversité des contextes de surveillance, un intérêt du réseau *Salmonella* réside dans le fait de collecter des données sur des souches de sérovars moins fréquemment rencontrés chez l'homme.

In fine, c'est l'ensemble du continuum surveillance-préoccupations de l'Anses, qui contribue à l'appréciation des risques sanitaires liés à *Salmonella*. Le réseau est par ailleurs identifié par la plateforme de surveillance de la chaîne alimentaire, parmi les dispositifs de surveillance présentant un intérêt dans des démarches pluri-partenariales collaboratives contribuant à rendre opérationnel le concept « une seule santé »³ (« Optimisation Nationale des Dispositifs d'Epidémiologie-surveillance des *Salmonella* » (GT ONDES).

Remerciements

L'ensemble des laboratoires partenaires du réseau *Salmonella* est remercié pour la participation volontaire à ce dispositif de surveillance.

Références bibliographiques

Collineau, L., Guillon, F., Tribehou, G., Bonifait, L., Dupuy, C., Tapie, I., Le Bouquin, S., Huneau-Salaün, A. (2021). « Bilan d'exécution du programme de lutte contre *Salmonella* dans les troupeaux des espèces *Gallus gallus* et *Melagris gallopavo* en 2015-2018 » Bull. Epid. Santé Anim. Alim. n°94 (1) : 1-9

Danan, C., Barukh, T., Moury F., Jourdan-Da-Silva, N., Brisabois, A., Le Strat, Y. (2010). « Automated early warning system for the surveillance of *Salmonella* isolated in the agro-food chain in France » Epidemiol. Infect. (2011). 139, 736–741. doi: 10.1017/S0950268810001469.

Plateforme de Surveillance de la Chaîne Alimentaire (2019) « Document d'aide méthodologique : surveiller *Salmonella* spp en filière bovine de fabrication de fromages au lait cru » https://docs.google.com/viewerng/viewer?url=http://www.plateforme-sca.fr/sites/default/files/2021-03/DAM_Salmonella.pdf

[//www.plateforme-sca.fr/sites/default/files/2021-03/DAM_Salmonella.pdf](https://www.plateforme-sca.fr/sites/default/files/2021-03/DAM_Salmonella.pdf)

EFSA-ECDC. (2021). European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control « The European Union One Health 2019 Zoonoses Report » EFSA Journal 2021; 19(19):6406. doi : 10.2903/j.efsa.2021.6406.

Grimont, Patrick AD., Weill, F.X. (2007) « Formules antigéniques des sérovars de *Salmonella* » 9ème édition, Centre collaborateur OMS de référence et de recherche sur les *Salmonella*, https://www.pasteur.fr/sites/default/files/veng_0.pdf

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. (2017) « Le réseau *Salmonella*, un dispositif de surveillance des salmonelles sur la chaîne alimentaire : bilan 2015 » Bull. Epid. Santé Anim. Alim. 77 : 75-81

Plate-forme de surveillance de la chaîne alimentaire, <https://www.plateforme-sca.fr/>

Saisine n° 2016-SA-0029, Anses. (2018). *Salmonella* spp en alimentation animale, <https://www.anses.fr/fr/content/avis-et-rapport-de-lanses-relatif-au-danger-Salmonella-spp-en-alimentation-animale>.

Saisine n° 2016-SA-0168, Anses. (2018). Evaluation des protocoles d'échantillonnage des laits et fromages Morbier et Mont d'Or en vue de réduire le risque épidémique de salmonellose. <https://www.anses.fr/fr/content/avis-de-lanses-relatif-C3-A0-I-C3-A9-évaluation-des-protocoles-d-C3-A9-échantillonnage-des-laits-et-fromages>.

Santé Publique France. (2021). <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-infectieuses-d-origine-alimentaire/toxi-infections-alimentaires-collectives/documents/bulletin-national/surveillance-des-toxi-infections-alimentaires-collectives-donnees-de-la-declaration-obligatoire-2019>

Van Cauteren D, Le Strat Y, Sommen C, Bruyand M, Tourdjman M, Jourdan-Da Silva N, et al. Estimation de la morbidité et de la mortalité liées aux infections d'origine alimentaire en France métropolitaine, 2008-2013. Bull. Epidémiol. Hebd.

³ Optimisation Nationale des Dispositifs d'Epidémiologie-surveillance des *Salmonella* » (GT ONDES)

ONDES) <https://www.plateforme-sca.fr/rapport-du-gt-ondes>

2018;(1):2-10. http://invs.santepubliquefrance.fr/beh/2018/1/2018_1_1.html

Van Cauteren, D., Le Strat, Y., Sommen, C., Bruyand, M., Tourdjman, M., Jourdan-Da Silva, N., Couturier, E., Fournet, N., De Valk, H., Desenclos, J.C. (2018). Estimation de la morbidité et de la mortalité liées aux infections d'origine alimentaire en France métropolitaine, 2013-2018, BEH 2017.

Vignaud, M.L., Noël, V., Saussac, M., Amat, J.P., Moury, F., Leclerc, V., Leblanc, J.C., Lailier, R., Danan, C. (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 » Bull. Epid. Santé Anim. Alim 9 (7) : 1-6.

Pour citer cet article :

Véronique Noël, Frédérique Moury, Viviane Morel, Claude Oudart, Patricia NG, Karol Romero, Béatrice Tésolin, Claire Yvon, Jean-Charles Leblanc, Corinne Danan, Vincent Leclerc. 2021. « Le réseau *Salmonella*, un dispositif de surveillance des salmonelles de la fourche à la fourchette : bilan des données de sérotypage 2019 » Bulletin épidémiologique, santé animale et alimentation 93 (8) : 1-11.

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

Directeur de publication : Roger Genet

Directeur associé : Bruno Ferreira

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

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

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

Secrétaire de rédaction : Isabelle Stubljär

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie

94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemi@anses.fr

Dépôt légal : parution/ISSN 1769-7166