

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

Denis Martine¹, Bonifait Laetitia¹, Barbut Frédéric², Houry Baptiste¹, Quesne Ségolène¹, Nagard Bérengère¹,
Bauge Louise¹, Ehmig Muriel², Novi Delphine³, Chemaly Marianne¹, Le Marechal Caroline¹

Auteur correspondant : martine.denis@anses.fr

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

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

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

Résumé

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

Mots-clés

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

Abstract

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

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

Keywords

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

Surveillance officielle des trois pathogènes

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

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

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

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

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

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

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

Matériels et méthodes

Echantillonnage

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Atm. : atmosphère modifiée

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

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

IC 95% : intervalle de confiance à 95%

*Escalope : Escalope et filet de poulets

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

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

Résultats

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

IC 95% : intervalle de confiance à 95%

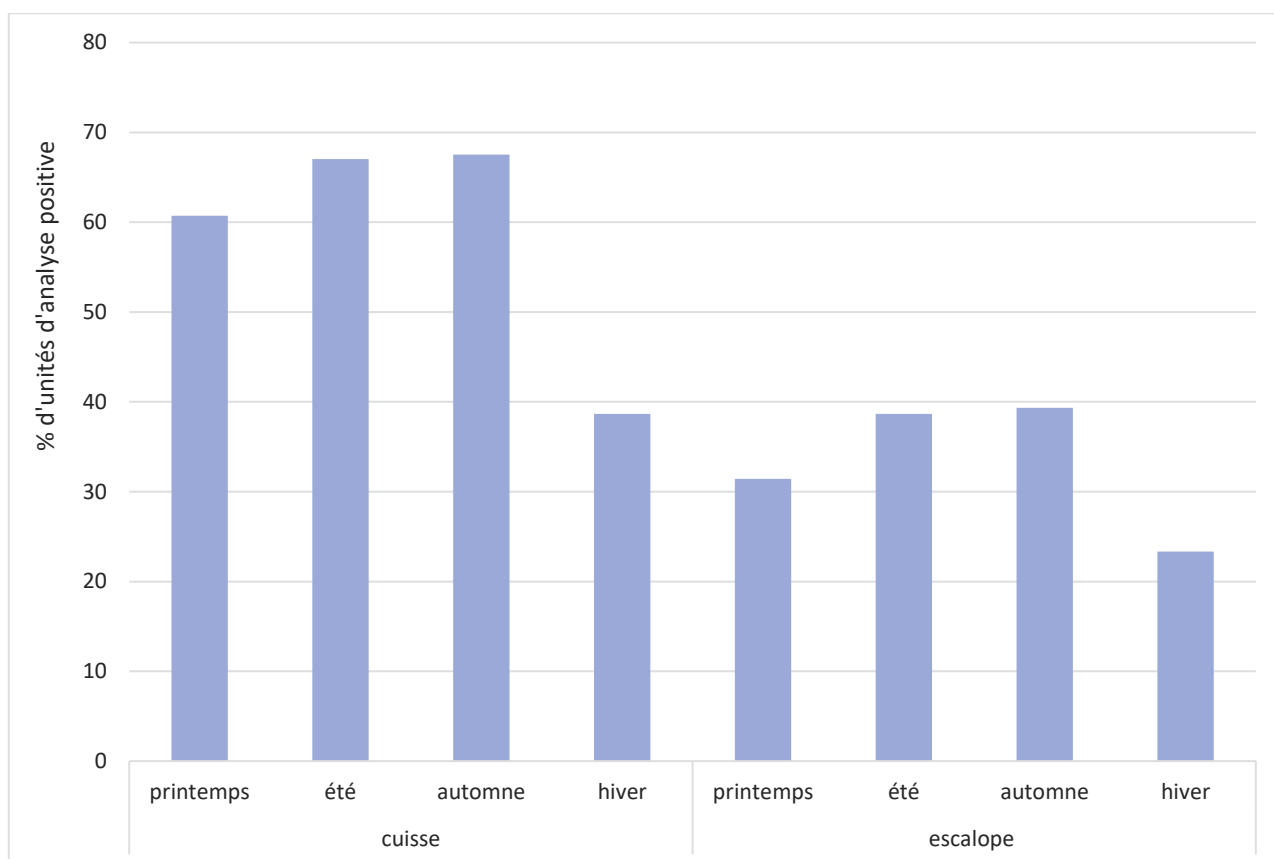


Figure 1 : Pourcentage d'unités d'analyses positives en *Campylobacter* spp. selon la matrice avec peau (cuisse) ou sans peau (escalope) et en fonction des saisons de prélèvement à l'étal.

Dénombrement de *Campylobacter* spp.

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

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

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

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

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

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

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

Discussion

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Conclusion

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

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

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

Remerciements

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

Références bibliographiques

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

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

- Marault M., Youssouf A., Kooch P., Chemaly M., Barbut F., Firmesse O. 2022. «Detection and characterization of *Clostridioides difficile* strains in French broiler farms». *Animal - science proceedings*, vol 13, Issue 5, p.635, ISSN 2772-283X, <https://doi.org/10.1016/j.anscip.2022.05.043>
- Marcos P, Glennon C, Whyte P, Rogers TR, McElroy M, Fanning S, Frias J, Bolton D. The effect of cold storage and cooking on the viability of *Clostridioides difficile* spores in consumer foods. *Food Microbiol.* 2023 Jun;112:104215. doi: 10.1016/j.fm.2023.104215. Epub 2023 Jan 9.
- Ofori, E., D. Ramai, M. Dhawan, F. Mustafa, J. Gasperino, and M. Reddy. 2018. «Community-acquired *Clostridium difficile*: epidemiology, ribotype, risk factors, hospital and intensive care unit outcomes, and current and emerging therapies». *Journal of Hospital Infection* 99 (4):436-442. doi: 10.1016/j.jhin.2018.01.015.
- Rivas L, Dupont PY, Gilpin BJ, Cornelius AJ. 2020. «Isolation and characterization of *Clostridium difficile* from a small survey of wastewater, food and animals in New Zealand». *Letters of Applied Microbiology.* 70(1):29-35. doi: 10.1111/lam.13238.
- Rodriguez Diaz, C., C. Seyboldt, and M. Rupnik. 2018. «Non-human *C. difficile* Reservoirs and Sources: Animals, Food, Environment». *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 1050:227-243. doi: 10.1007/978-3-319-72799-8_13.
- SFP (Santé publique France). 2024. « Surveillance des toxi-infections alimentaires collectives (TIAC). Données de la déclaration obligatoire, 2022». *Bulletin, Édition nationale*, 21 février 2024, p. 6
- Sun T, Liu Y, Qin X, Aspridou Z, Zheng J, Wang X, Li Z, Dong Q. 2021. «The prevalence and epidemiology of *Salmonella* in retail raw poultry meat in China: A Systematic Review and Meta-Analysis». *Foods*, 10(11):2757. doi: 10.3390/foods10112757.
- Thépault A, Rose V, Quesne S, Poezevara T, Béven V, Hirschaud E, Touzain F, Lucas P, Méric G, Mageiros L, Sheppard SK, Chemaly M, Rivoal K. 2018. «Ruminant and chicken: important sources of campylobacteriosis in France despite a variation of source attribution in 2009 and 2015». *Scientific Reports*, 18;8(1):9305. doi: 10.1038/s41598-018-27558-z. PMID: 29915208; PMCID: PMC6006168.
- Thomas KM, de Glanville WA, Barker GC, Benschop J, Buza JJ, Cleaveland S, Davis MA, French NP, Mmbaga BT, Prinsen G, Swai ES, Zadoks RN, Crump JA. 2019. «Prevalence of *Campylobacter* and *Salmonella* in African food animals and meat: A systematic review and meta-analysis». *International Journal of Food Microbiology*, 16;315:108382. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108382.
- Tsai, C. S., Y. P. Hung, J. C. Lee, L. S. Syue, P. R. Hsueh, and W. C. Ko. 2021. «*Clostridioides difficile* infection: an emerging zoonosis?» *Expert Review of Anti-Infective Therapy*, 19 (12):1543-1552. doi: 10.1080/14787210.2021.1967746.

Liens utiles :

Instruction technique :

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

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

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

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

Rapport du Laboratoire associé au CNR

Clostridioides difficile :

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

Pour citer cet article :

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

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

Directeur de publication : Benoît Vallet

Directeur associé : Maud Faipoux

Directrice de rédaction : Emilie Gay

Rédacteur en chef : Julien Cauchard

Rédacteurs adjoints : Jean- Philippe Amat, Diane Cuzzucoli, Céline Dupuy, Viviane Hénaux, Renaud Lailler

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

Secrétaire de rédaction : Virginie Eymard

Responsable d'édition :

Fabrice Coutureau Vicaire

Assistante d'édition :

Flore Mathurin

Anses - www.anses.fr

14 rue Pierre et Marie Curie
94701 Maisons-Alfort Cedex

Courriel : bulletin.epidemiologie@anses.fr

Sous dépôt légal : CC BY-NC-ND

ISSN : 1769-7166