

SALMONELLA A TRAVERS LES FILIERES ANIMALES

***Salmonella* multi-filières**

Bonifait Laetitia¹, Collot Frédéric², Adeline Huneau-Salaün³, Marc Tabouret⁴, Guyard-Nicodème Muriel¹ et Chemaly Marianne¹

¹Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Hygiène Qualité des Produits Avicoles et Porcins, BP53, 22440 Ploufragan, France

²CAVAC, Boulevard Réaumur, 85000 La Roche-sur-Yon

³Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité Épidémiologie, Santé et Bien-Etre, BP53, 22440 Ploufragan, France

⁴Anses, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort, Unité de Pathologie et Bien-Etre des Ruminants, 60 rue Pied de fond, CS 28440, 79024 Niort, France

laetitia.bonifait@anses.fr

RÉSUMÉ

La salmonellose représente la deuxième cause d'infection humaine d'origine alimentaire en Europe. L'infection peut être transmise à l'Homme tout au long de la chaîne alimentaire, mais plus généralement par le biais d'aliments d'origine animale contaminés. Cette synthèse a pour objectif de présenter un état des lieux des principaux sérotypes de *Salmonella* retrouvés chez l'Homme et dans différentes productions animales et de commencer à documenter les contaminations croisées et la circulation de *Salmonella* entre les filières.

ABSTRACT

***Salmonella* through animal productions**

Salmonellosis remains the most frequently reported disease for foodborne outbreaks in Europe. The infection can be transmitted to humans throughout the food chain, and usually through contaminated food of animal origin. This overview aims to present the main *Salmonella* serotypes found in humans and in the different animal productions. It also addresses cross-contaminations and the circulation of *Salmonella* between animal productions.

INTRODUCTION

Les salmonelles sont des bactéries zoonotiques, préoccupantes pour la santé humaine et animale. Ce sont des bactéries à Gram négatifs, anaérobies facultatives qui appartiennent à la famille des Entérobactéries (*Enterobacteriaceae*) et qui sont responsables de 180 millions (soit 9%) des maladies diarrhéiques qui surviennent chaque année dans le monde (Besser 2018). Les salmonelloses représentent la deuxième cause de maladies d'origine alimentaire en Europe (EFSA-ECDC, 2021). Elles se manifestent principalement par une gastro-entérite mais peuvent affecter de façon plus grave certaines populations sensibles (âgées, immunodéprimées).

Salmonella est un pathogène présentant une nomenclature complexe qui évolue continuellement ; à ce jour il est divisé en deux espèces, *Salmonella enterica* et *Salmonella bongori*. L'espèce *S. enterica* est elle-même divisée en huit sous-espèces (*enterica* (I), *salamae* (II), *arizonae* (IIIa), *diarizonae* (IIIb), *houtenae* (IV), *indica* (VI), VII et VIII) (Grimont and Weill 2007, rapport CNR 2020).

Salmonella enterica représente l'espèce la plus pathogène, elle comprend à elle seule plus de 2500 sérotypes et peut coloniser avec succès les humains, les animaux, les plantes et se retrouver dans l'environnement. La sous-espèce *enterica* (I) est généralement attribuée aux animaux d'élevages (volailles, porcs, bovins) alors que la sous espèce *arizonae* (IIIa) est davantage associée aux animaux à sang froid. Parmi, les principaux sérotypes de l'espèce *S. enterica*, *S. Typhimurium* et *S. Enteritidis* sont prédominant dans le monde et souvent associés à des épidémies d'origine alimentaire (consommation de viande insuffisamment cuite, de bœuf haché, de produits laitiers, et d'œufs). La plupart des sérotypes possèdent une large gamme d'hôtes et peuvent ainsi infecter une grande variété d'animaux, notamment des mammifères, des oiseaux, des reptiles, des amphibiens et des insectes (Silva, et al. 2014). Toutefois, certains sérotypes semblent adaptés à un hôte en particulier (ex : *S. Dublin* chez les bovins). Tous conservent la capacité de provoquer des maladies chez des hôtes alternatifs comme l'Homme.

SALMONELLA CHEZ L'HOMME

L'Union Européenne (UE) a mis en place, en 2003, un programme de contrôle étendu des zoonoses (la directive 2003/99/CE). Ainsi, en respect du règlement n°2160/2003 de l'UE et de ses modifications subséquentes, il est réalisé une surveillance de *Salmonella* spp. tout au long de la chaîne alimentaire, à partir du stade des productions primaires (élevage) jusqu'au stade de la distribution (consommateur). Cette préoccupation est de l'ordre de la santé publique, afin d'éviter toute toxi-infection alimentaire à *Salmonella* chez l'Homme car la contamination s'effectue majoritairement lors de la consommation d'aliments contaminés consommés crus ou

insuffisamment cuits. Traditionnellement, les sources alimentaires les plus communément identifiées de salmonelloses humaines sont les œufs, la volaille, et les produits carnés, mais il ne faut pas sous-estimer d'autres denrées telles que les fromages au lait cru et les crudités (tomates)... (Heredia et al. 2018).

Avec 87 923 cas de salmonelloses confirmées chez l'Homme en 2019, *Salmonella* représente le deuxième pathogène responsable d'infections gastro-intestinales humaines d'origine alimentaire en Europe (EFSA-ECDC 2021). En 2019, le Centre National de Référence des *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella* (CNR-ESS) a enregistré 10 305 isolaments de *Salmonella* d'origine humaine (rapport CNR 2020) en France, parmi ces isolaments *S. Enteritidis* est le sérotype prédominant suivi par le variant monophasique de *S. Typhimurium* (1,4,[5],12:i:-) et *S. Typhimurium*. D'autres sérotypes, comme *S. Chester* (filière aviaire au Maroc), *S. Dublin* (filière bovine) et *S. Derby* (filière porcine), ont aussi été mis en évidence et correspondent à une source connue pour laquelle il y a un manque d'exigences réglementaires ou de mesures de biosécurité efficaces.

SALMONELLA DANS LES PRINCIPALES FILIERES ANIMALES

L'omniprésence dans les productions animales et dans l'environnement de *Salmonella* ainsi que leur pouvoir pathogène constituent une préoccupation majeure dans la plupart des filières animales (Corrègé 2001). Les animaux de rente sont destinés à la consommation humaine, par conséquent, leur contamination par *Salmonella* constitue un danger, pour les catégories professionnelles travaillant au contact des animaux pendant les phases d'élevage et de transformation, mais également pour les consommateurs (Ganière, et al., 2001). A l'élevage, les animaux cliniquement malades représentent un risque supplémentaire pour l'homme, car ils sont susceptibles de libérer des concentrations plus importantes en *Salmonella* que des animaux apparemment sains (Hoelzer et al. 2011).

Suite au règlement (CE) n°2160/2003, la France, a mis en application des Programmes Nationaux de Lutte contre *Salmonella* dans la filière avicole, afin de réduire la prévalence des sérotypes de *Salmonella* considérés préoccupants pour la santé publique. Malgré la mise en place de ces mesures de biosécurité, *S. Enteritidis* et *S. Typhimurium* continuent de figurer parmi les principaux sérotypes retrouvés dans la filière avicole avec, de surcroît, une augmentation du variant monophasique de *S. Typhimurium* dans cette filière. Le portage de *Salmonella* chez les volailles et les porcs est principalement asymptomatique, ce qui rend difficile le diagnostic de *Salmonella* dans ces élevages. Dans la filière porcine en France, les sérotypes retrouvés par ordre d'importance sont *S. Derby*, le variant monophasique de *S. Typhimurium* et *S. Typhimurium*

(Naberhaus et al. 2019). Face aux objectifs fixés par l'Union Européenne, les états membres ont été dans l'obligation de mettre en place des dispositifs de surveillance et de prendre des mesures efficaces pour contrôler l'infection et la contamination par *Salmonella* également dans la filière porcine (De Busser et al. 2013). Il a ainsi été décidé par la direction générale de l'Alimentation (DGAI) de mettre en place un système de collecte et de centralisation des résultats des autocontrôles réalisés en application du règlement (CE) N°2073/2005 dans tous les abattoirs de porcs (prévalence estimée à environ 5% sur les carcasses de porcs, (EFSA-ECDC, 2021). Présente naturellement dans l'environnement, *Salmonella* spp. peut contaminer le tractus digestif des bovins, y séjourner sous forme asymptomatique ou s'y développer et provoquer des symptômes. En France, une étude à l'abattoir, a montré une prévalence de 3 % chez les bovins (Bonifait et al., 2021). *S. Dublin*, *S. Montevideo* et *S. Typhimurium*, font partie des sérotypes les plus retrouvés chez les bovins (Gutema et al. 2019).

CONTAMINATIONS CROISEES ENTRE LES FILIERES

Les mesures de prévention du Programme National de Lutte contre les salmonelles ont montré, dès leur application des effets bénéfiques sur la réduction du nombre de cas de salmonelloses humaines et sur la diminution de la prévalence de *Salmonella* dans la filière avicole. Cependant, depuis les 5 dernières années cette tendance s'est stabilisée, et semble même s'inverser avec une augmentation des cas de contamination à *Salmonella* en particulier chez les poules pondeuses et pour le sérotype *S. Enteritidis* (EFSA-ECDC, 2021).

Cette augmentation ne s'explique pas encore mais, ces données conduisent à s'interroger sur la présence et la circulation de *Salmonella* au sein des filières animales. En effet, des retours terrains suggèrent l'implication d'autres filières dans l'augmentation des cas de *Salmonella* en filière avicole. La présence de plusieurs exploitations voisines (parcelles en limite de propriété, différents ateliers à proximité, zones de circulation communes, etc.) sur un même territoire (même environnement), avec des activités d'élevage variées (volailles, bovins, porcins, etc.) pourrait être un risque. Par ailleurs, on constate aujourd'hui, une modification des pratiques d'élevages qui s'adaptent aux évolutions de la société (nouveaux équipements, nouveaux bâtiments, accès à l'extérieur, etc.) afin de prendre davantage en compte le bien-être animal et la préservation de l'environnement. Ainsi, la co-existence dans la même exploitation de plusieurs ateliers de productions animales (ex : bovins-volailles, bovins-porcins), toutes susceptibles à l'infection salmonellique, pourrait être un facteur de risque de

contamination, d'autant plus marqué que les animaux comme les volailles et les porcs tendent à avoir plus souvent accès à l'extérieur. L'implication de ces autres filières animales dans les contaminations par *Salmonella* pourrait être d'autant plus importante dans les régions concentrées en forte densité d'élevages comme la région « Grand Ouest : Bretagne, Pays de la Loire » qui totalise à elle seule environ 75 % de la production nationale de porcs, 60 % de la production nationale de « volailles », et 43 % de la production bovine (Deroin et al., 2015).

Il y a en France, à notre connaissance, peu de données dans la littérature permettant de documenter les contaminations croisées et la circulation de *Salmonella* entre les filières. Le projet SACACIR, réalisé à l'Anses de Ploufragan-Plouzané-Niort entre 2020 et 2021 avait pour but d'apporter de nouvelles informations en réalisant un état des lieux des pratiques d'élevages et du portage asymptomatique de *Salmonella* dans ces environnements. Dans ce but, une collecte de données épidémiologiques et de prélèvements dans plusieurs poly-élevages volailles (plein air) – bovins de la région Nouvelle Aquitaine, a été réalisée afin d'étudier la circulation et les potentiels liens phylogénétiques par séquençage du génome entier (WGS) entre les isolats associés à différentes origines.

Les premiers résultats ont montré la présence de *Salmonella* à divers endroits dans certains de ces poly-élevages : au niveau des deux ateliers (volailles, bovins) des pâturages, des voies de circulation communes et/ou dans les fumiers et lisiers. Plus précisément, dans un poly-élevage, des isolats d'un même sérotype de *Salmonella* ont été isolés à l'abord du bâtiment volaille, dans des fèces de vaches, et sur un matériel (commun aux deux ateliers). Après séquençage, ces isolats ont été regroupés au sein d'un même HC5|cluster, ce qui signifie que ces souches présentent au maximum 5 variations alléliques entre elles sur un des 3002 gènes comparés dans le schéma de cgMLST d'Enterobase (<http://enterobase.warwick.ac.uk/>). Selon les critères établis par le Centre National de Référence et le Laboratoire de Référence de l'Union Européenne pour *Salmonella*, une variation de 5 allèles (ou moins) entre des souches (HC5|cluster) indique un potentiel lien épidémiologique entre elles. Ainsi, il a été montré une circulation des souches de *Salmonella* au sein d'un même élevage. Cependant, lors de ce projet, un seul point de prélèvement (en été), a été réalisé et par conséquent les résultats ne reflètent qu'un instantané de la situation de la contamination.

MISE EN EVIDENCE DES CONTAMINATIONS A SALMONELLA

D'un point de vue « terrain », il est fréquent de réaliser une étude environnementale, en élevage de chair (poulet ou dinde) lors d'une contamination par

S. Enteritidis ou *S. Typhimurium*, de façon à mettre en évidence l'importance de cette contamination et essayer d'en identifier sa source. Ainsi, il a pu être mis en avant dans différents élevages de la région Pays-de-la-Loire plusieurs cas où la contamination n'était pas limitée aux bâtiments avicoles et à cette filière.

La contamination par *Salmonella* est souvent présente aux abords des bâtiments ainsi que dans les ateliers voisins. Pour exemple, à la suite de la détection de *S. Enteritidis*, dans un lot de dindes, une enquête épidémiologique a été réalisée et a permis la détection de ce pathogène dans la basse-cour, établie dans une ancienne souille a cochons, tenue par le père de l'éleveur. La contamination du bâtiment volaille s'est faite *via* un non-respect des procédures de biosécurité au niveau du sas (pas de changement de tenue, ni de chaussures) lors des visites du week-end. Par ailleurs, les chiens de chasse, abrités dans la souille voisine de la basse-cour et nourris avec les cadavres de poules, se sont révélés être porteurs sains.

Un autre exemple de lot de dindes infectées par *S. Enteritidis*, a permis de montrer la présence de cette salmonelle dans une stabulation bovine située à proximité, et ceci en l'absence de signe clinique. Suite au nettoyage désinfection du bâtiment, il a été montré la présence de *S. Enteritidis* sur un extracteur d'air. Par conséquent, le bâtiment a subi une nouvelle étape de nettoyage-désinfection en parallèle, la stabulation a été vidée, nettoyée et désinfectée. Bien que les contrôles aient été négatifs, l'année suivante l'élevage de volaille s'est révélé de nouveau positif pour *S. Enteritidis* et a ensuite été arrêté.

En 2020, un lot de poules pondeuses bio s'est révélé positif à *S. Enteritidis* sur un prélèvement de contrôle sur chiffonnettes d'environnement à 53 semaines. Il s'agit d'un élevage multi-productions : poules pondeuses bio, porcs bio et bovins d'un bon niveau de biosécurité. Lors d'une enquête approfondie un seul prélèvement sur le parcours volaille est revenu positif à *S. Mbandaka*. Les prélèvements dans la stabulation bovine ont tous été négatifs. Par contre, il a été montré la présence du variant monophasique de *S. Typhimurium* sur l'élevage de porcs. Cette salmonelle a ensuite été retrouvée au niveau de l'élevage naisseur. Un vide sanitaire avec nettoyage désinfection a été effectué et une vaccination a été mise en place sur les porcelets. Aucune nouvelle mise en évidence de *Salmonella* sur les porcelets n'a été

notée ainsi qu'une absence de contamination sur les lots successifs de poules pondeuses.

Sur un site 4 bâtiments de dindes anciens avec une forte présence de bois, il a été démontré une récurrence de la contamination à *S. Saint-Paul* chez des dindes due à un portage de *Salmonella* par les ténébriions. De surcroît, si l'éleveur respectait bien les sas, il utilisait les mêmes récipients en plastique pour transporter les volailles mortes et de la recharge de litière neuve.

La persistance d'une contamination d'un lot sur l'autre est souvent liée à un mauvais respect des règles de biosécurité (en particulier à la bonne conception du sas sanitaire volailles et de son nettoyage et désinfection pendant le lot, ainsi qu'au nettoyage et à la désinfection du matériel introduisant de la litière propre dans le poulailler en élevage mixte), à la vétusté des bâtiments difficilement désinfectables ou à l'infection par des insectes.

CONCLUSION

Il est important de respecter les mesures d'hygiène et de biosécurité à tous les stades de la chaîne alimentaire, des productions primaires jusqu'au consommateur, par conséquent l'amélioration des connaissances sur la prévalence de *Salmonella* dans les filières animales, en particulier dans ces poly-élevages est importante. Les études terrains réalisées par les vétérinaires ainsi que le projet SACACIR ont permis de mettre en évidence une possible circulation de *Salmonella* au sein d'un élevage. Il serait désormais intéressant de caractériser les flux de ce pathogène à l'échelle de son territoire (en prenant en compte les exploitations voisines s'il y en a et les différents acteurs intervenant sur l'élevage) ainsi que d'évaluer la mise en place de mesures de biosécurité sur des pratiques considérées à risque dans ces élevages.

REMERCIEMENTS

Cette étude a été réalisée par l'Agence Nationale de sécurité sanitaire alimentation, environnement, travail (Anses), site de Ploufragan - Plouzané - Niort en collaboration avec FRGDS Nouvelle-Aquitaine.

Nous remercions également tous les éleveurs ayant accepté de participer au projet de recherche SACACIR.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bonifait L., 2021, Microorganisms, (4), 872
Corrége I., 2001. Techni Porc, (24), 25-31
De Busser, E. V., 2013. Vet J, (196), 20-27
Deroin V., 2015. INSEE Analyses Pays de la Loire, (24)
EFSA Journal, 2021. 19(2) : 6406
Ganière J.P., 2001. Med Maladies Infectieuses, (31), 143-158
Grimont, P. A. D. and F. X. Weill, 2007. WHO Collaborating Center for Reference and Research on *Salmonella*
Institut Pasteur
Gutema, F. D., 2019. Front Vet Sci, (6), 102
Heredia N., 2018. Anim Nutr, (4), 250-255
Hoelzer, K., 2011. Vet Res, (42), 34
Naberhaus, S. A., 2019. Front Vet Sci, (6), 502
Rapport d'activité, 2019, 2020. CNR ESS <https://www.pasteur.fr/fr/file/40811/>
Silva C., 2014. Microbiol Spectr, 2(1):OH-0020-2013. DOI:10.1128/microbiolspec.OH-0020-2013