

Epidémiologie descriptive de *Campylobacter* spp chez le porc : portage et typologie des souches isolées en élevage et dans les viandes

Catherine BELLOC (1), Catherine MAGRAS (2), Christine FOURICHON (1), Michel FEDERIGHI (2) et Henri SEEGER (1)

(1) UMR ENVN-INRA Gestion de la Santé Animale,

(2) UMR ENVN-INRA SECurité des ALIMents, Ecole Nationale Vétérinaire de Nantes, BP 40706, 44307 Nantes cedex 3.

Epidémiologie descriptive de *Campylobacter* spp chez le porc : portage et typologie des souches isolées en élevage et dans les viandes

Le portage intestinal fréquent de *Campylobacter* (*Campylobacter coli* le plus souvent) chez les porcs constitue un risque de contamination des denrées alimentaires par ces bactéries responsables de toxi-infections alimentaires chez l'homme. L'épidémiologie de cette infection est mal connue chez le porc. La capacité de décrire les souches bactériennes est importante afin de déterminer les sources et les modes de transmission de ces bactéries. Les méthodes de caractérisation des souches sont décrites, les informations qu'elles apportent ainsi que leurs limites sont présentées. Les connaissances épidémiologiques concernant *Campylobacter* en abattoir et en élevage porcin sont envisagées : la prévalence d'animaux porteurs en élevage et à l'arrivée à l'abattoir sont élevées mais les taux de contamination des carcasses sont beaucoup plus faibles en fin de process d'abattage. Le portage est mis en évidence chez le porcelet dès les premiers jours de vie. Les souches isolées en élevage présentent une variabilité élevée. Des études complémentaires s'avèrent nécessaires afin de mieux comprendre les modalités de contamination et donc d'espérer réduire le portage chez les porcs charcutiers.

***Campylobacter* in pigs : contamination and typing of bacterial strains in herds and at slaughter**

Pigs are frequently contaminated with *Campylobacter coli* and consequently food of porcine origin can be a cause of food-borne infection in human. Few studies have described *Campylobacter* infection in pigs and characterization of bacterial isolates is necessary in order to investigate transmission of these pathogens. In this review, methods available for description of bacterial strains are presented and their usefulness as epidemiologic tools is evaluated. Pigs become infected very early in life and percentage of positive animals is high until slaughtering. After processing the percentage of contaminated carcasses decreases dramatically. When genotyped, *Campylobacter* strains exhibit a great variability and epidemiological links are difficult to establish. Further studies are needed for a better knowledge of epidemiology in order to try to decrease infectious pressure in fattening pigs

INTRODUCTION

Les *Campylobacter* sont actuellement considérés comme la première cause de toxi-infections alimentaires bactériennes chez l'homme dans les pays développés. De plus, l'incidence des campylobactérioses a eu tendance à augmenter au cours des dernières années. Quatre espèces bactériennes différentes appartenant à ce genre sont décrites comme étant responsables de ces épisodes : *C. jejuni*, *C. coli* (respectivement impliqués dans environ 91 % et 9 % des cas) et de façon très peu fréquente *C. lari* et *C. upsaliensis* (ANONYME, BEH n°08/2003). Les animaux d'élevage et en premier lieu les volailles constituent des réservoirs de ces bactéries dont ils sont fréquemment porteurs sains.

Le portage intestinal de *Campylobacter* étant également décrit chez le porc, les denrées alimentaires issues de cette filière représentent donc un risque d'exposition à ce danger dont il convient de préciser l'importance. En effet, si le degré de cuisson habituel de la viande fraîche de porc avant consommation permet d'éliminer ces bactéries, la part des charcuteries dans la consommation est en constante progression avec des produits consommés pas ou peu cuits tels que lardons, bacon ou pancetta (DURAND, 1999).

Les porcs constituent surtout un réservoir important de *C. coli* (OOSTEROM et al., 1985 ; WEIJTENS et al., 1993 ; MOORE and MADDEN, 1998), espèce bactérienne qui prédomine parmi les souches de *Campylobacter* isolées du tube digestif des animaux de cette espèce.

Une meilleure connaissance des sources d'infection et des modalités de transmission de *Campylobacter sp* semble indispensable afin d'espérer réduire l'incidence des campylobactérioses chez l'homme. Concernant la filière porcine, l'épidémiologie de l'infection à *Campylobacter* en élevage et à l'abattoir a, pour l'instant, fait l'objet de peu d'investigations. Elle doit en effet être mieux renseignée afin d'évaluer la possibilité de limiter la contamination des viandes ainsi que la dissémination de ces bactéries dans l'environnement via les effluents d'élevage ou d'abattoir.

La capacité de décrire précisément les souches bactériennes rencontrées est indispensable afin de déterminer les sources et les modalités de transmission des *Campylobacter*, à la fois en élevage et à l'abattoir. Il est donc nécessaire de disposer de méthodes de typage validées afin d'évaluer le degré de similitude entre les souches bactériennes.

1. MÉTHODES DE CARACTÉRISATION DES SOUCHES DE CAMPYLOBACTER

Les *Campylobacter* sont des bactéries à coloration de Gram négative, spiralées, à croissance lente et pour la plupart thermotolérantes c'est-à-dire capables de se développer à 42°C. Il s'agit de bactéries faiblement compétitrices dont la culture in vitro est délicate. Certaines méthodes de caractérisation permettent de déterminer le genre et l'espèce bactérienne (l'identification biochimique et les techniques PCR : Polymérase Chain Reaction) ; d'autres discriminent les souches au sein de chaque espèce (méthodes sérologiques ou génotypiques).

1.1. Identification d'espèce par caractérisation biochimique

Des tests biochimiques pratiqués sur des souches dont les caractères morphologiques sont évocateurs du genre *Campylobacter* permettent d'identifier les 4 espèces majeures de *Campylobacter* thermotolérants. Ces tests sont menés en association avec l'évaluation de la sensibilité à deux antibiotiques, l'acide nalidixique et la céphalotine (tableau 1). Ces tests sont préconisés dans la norme ISO 10 272 pour la recherche des *Campylobacter* dans les aliments. Toutefois, l'apparition de souches résistantes à l'acide nalidixique peut poser problème pour l'utilisation de ce critère pour la discrimination entre *C. jejuni* et *C. upsaliensis* d'une part et *C. coli* et *C. lari* d'autre part.

Un kit d'identification des *Campylobacter* est également disponible (API Campy ; API Biomérieux). Cependant, des difficultés d'identification de certaines souches de *C. coli* et *C. lari* ont été rapportées (REINA et al., 1993).

Tableau 1 - Tests biochimiques utilisés pour l'identification des 4 espèces de *Campylobacter* thermotolérants

	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. lari</i>	<i>C. upsaliensis</i>
Culture à 42°C	+	+	+	+
Oxydase	+	+	+	+
Catalase	+	+	+	- ou faible
<i>Hydrolyse de l'hippurate</i>	+	-	-	-
<i>Acide nalidixique (disque à 32 µg)</i>	S	R	R	S
Céphalotine (disque à 32 µg)	R	R	R	S

S= sensible ; R= résistant ; en italique : les deux critères différentiels

1.2. PCR

En raison des difficultés décrites lors de l'utilisation des caractères biochimiques des bactéries pour leur identification, l'amplification du génome bactérien par PCR constitue une alternative ou un complément d'information intéressants.

Différents protocoles de mise en évidence des *Campylobacter* par PCR ont été décrits et concernent des parties du génome relativement conservées telles que le gène codant pour une protéine d'attachement -la flagelline (*flaA*) - ou les gènes codant pour les ARN ribosomiaux (pour revue LUND, 2003). Ils permettent, selon le cas, soit le diagnostic du genre *Campylobacter*, soit l'identification des espèces (*C. jejuni* et *C. coli*). L'utilisation de ces techniques de diagnostic après isolement des souches a généralement montré qu'elles présentent une capacité satisfaisante à détecter la présence de *Campylobacter* et à identifier genre et espèce bactériens. En application directe sur une matrice telle que les matières fécales, une étape préalable d'isolement bactérien ou de purification de l'ADN est nécessaire afin de s'af-

franchir de la présence d'inhibiteurs de la réaction d'amplification génique dans les échantillons. A notre connaissance, les sensibilité et spécificité au sens épidémiologique n'ont pas été évaluées précisément.

1.3. Tests sérologiques

Historiquement, des méthodes reposant sur des antigènes thermolabiles (LIOR et al., 1982) ou thermostables (PENNER et al., 1983) ont permis une caractérisation phénotypique des souches au sein des espèces *C. jejuni* et *C. coli*. Difficiles à mettre en œuvre, elles sont peu utilisées pour la caractérisation des isolats bactériens.

Plusieurs autres tests de diagnostic fondés sur les propriétés antigéniques des souches de *Campylobacter* sont décrits dans la littérature. Leur objectif n'est pas en général une identification précise de l'espèce bactérienne mais ils présentent un intérêt en contexte clinique, pour un diagnostic rapide de campylobactériose. En revanche, ces tests ne sont pas adaptés à l'étude du portage (pour revue, ON, 1996).

1.4. Profils de résistance aux antibiotiques

La détermination de la résistance aux antibiotiques peut constituer un moyen de caractériser les souches bactériennes facile à mettre en œuvre. La technique de l'antibiogramme standard est le plus souvent utilisée et son interprétation est réalisée selon des critères standardisés. Toutefois, l'utilisation de résultats d'antibiorésistance dans un but épidémiologique est discutable. En effet, certains gènes d'antibiorésistance ont pour support génétique des plasmides, éléments génétiques mobiles pouvant faire l'objet de transfert horizontal entre bactéries, phénomène semble-t-il fréquent chez *Campylobacter* (WANG et TAYLOR, 1990).

1.5. Typage moléculaire

Plusieurs méthodes de description du génome appliquées à *Campylobacter* ont été décrites dans la littérature. Elles sont actuellement considérées comme les méthodes susceptibles d'apporter les informations les plus pertinentes à des fins épidémiologiques. Néanmoins, le coût et la complexité de ces techniques de typage réservent encore leur utilisation à des travaux de recherche.

Le but de ces méthodes est schématiquement de décrire la diversité du génome bactérien en classant les souches afin de constituer des groupes en fonction du degré d'identité de leurs génomes.

Trois techniques de typage ont été appliquées aux *Campylobacter* isolés en filière porcine, parfois en association : la RFLP, l'ERIC-PCR et l'électrophorèse en champ pulsé.

- La technique RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) consiste en la comparaison des fragments d'ADN obtenus après digestion par des enzymes de restriction en ciblant cette technique sur un ou plusieurs gènes, généralement assez conservés. Ainsi, les gènes les plus fréquemment choisis sont soit celui codant pour la flagelline (NACHAMKIN et al., 1993) ou ceux codant pour les ARN ribosomiaux (ENGBERG et al., 1998), voire les

deux types de gènes (WEIJTENS et al., 1997 ; MOORE et al., 2002).

- Dans le cas de l'ERIC-PCR (Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus Polymerase Chain Reaction) des séquences répétitives d'ADN présentes sur le génome en position intergénique sont amplifiées par PCR. Les portions d'ADN qui en résultent sont visualisées après électrophorèse et les profils obtenus sont ensuite comparés (WEIJTENS et al., 1997).
- L'électrophorèse en champ pulsé (PFGE : Pulse Field Gel Electrophoresis) est une analyse portant sur la totalité du génome bactérien soumis à l'action d'enzymes de restriction puis à une électrophorèse permettant la séparation de fragments d'ADN de grande taille.

Les résultats des études portant sur la caractérisation génotypique des *Campylobacter* font apparaître une grande variabilité génomique de ces bactéries. Ceci est en accord avec une caractéristique des *Campylobacter* qui présentent une importante capacité à modifier leur matériel génétique via l'intégration d'ADN exogène et des phénomènes de réarrangements au sein de leur propre ADN (WANG et TAYLOR 1990 ; MILLS et al., 1991). Ces données renforcent la nécessité de disposer d'outils de typage génétique performants.

Concernant l'application de ces méthodes à la caractérisation épidémiologique des souches de *Campylobacter*, il apparaît que si elles semblent informatives ponctuellement, chacune d'entre elles caractérise les souches d'une façon spécifique à l'étude ce qui rend impossible la comparaison des résultats obtenus dans différents travaux. De plus, on ne bénéficie actuellement que de peu de recul concernant l'exploitation des données obtenues grâce à ces méthodes puisqu'elles ont été peu utilisées pour la description épidémiologique des souches en élevage porcin et en abattoir. Leur intérêt pour identifier l'origine des contaminations et les modalités de transmission n'est donc pas connu.

Toutefois, la technique actuellement considérée par la communauté scientifique comme la plus performante pour la caractérisation des souches de *Campylobacter* est l'analyse par champ pulsé. L'avantage de cette technique est qu'elle offre actuellement le meilleur compromis entre pouvoir discriminant, faisabilité et coût, même si elle nécessite pour les laboratoires qui la pratiquent un investissement en équipement plus onéreux que les autres méthodes.

2. APPLICATION À L'ÉPIDÉMIOLOGIE DE L'INFECTION DANS LA FILIÈRE PORCINE

Contrairement à la filière avicole dans laquelle la contamination par *Campylobacter* sp a été largement documentée, l'épidémiologie de l'infection par ces bactéries est moins bien connue en ce qui concerne les élevages et les abattoirs de porcs.

2.1. A l'abattoir

La présence de *Campylobacter* a été mise en évidence dans l'intestin de 79 % et 98 % des porcs à leur arrivée à l'abat-

Tableau 2 - Description de la contamination des porcs par *Campylobacter* à l'abattoir

Nature des Prélèvements	Nombre de prélèvements testés	Pourcentage de prélèvements positifs	Espèces identifiées	Référence
Contenu intestin	210	79 %	<i>C. jejuni</i>	OOSTEROM et al., 1985
Carcasses	210	9 %		
Carcasses réfrigérées	210	0 %		
Matières fécales	58	53,4 %	<i>C. jejuni</i>	COLIN, 1985
Matières fécales	200	100 %	<i>C. coli</i> (97 %) et <i>C. jejuni</i> (2 %)	MAFU et al., 1989
Carcasses	200	23,5 %		
Estomac	120	54 %	<i>C. coli</i>	ROSSERO et al., 1999
Contenu intestin	24	100 %	<i>C. coli</i> (89 %) et <i>C. jejuni</i> (3 %)	NESBAKKEN et al., 2003
Amygdales	24	66,7 %		
Carcasses	24	56,7 %		
Carcasses après congélation	24	1,7 %		

toir, respectivement aux Pays Bas (OOSTEROM et al., 1985) et au Canada (MAFU et al., 1989). Une étude française ayant pour objet de décrire le portage gastrique chez les porcs charcutiers a montré que 54 % des animaux testés étaient porteurs (ROSSERO et al., 1999). Plus récemment, une enquête en abattoir réalisée en Norvège a fait état de taux de contaminations des porcs abattus de 100 % dans l'intestin et 66,7 % au niveau des amygdales (NESBAKKEN et al., 2003). Dans les études pré-citées ainsi que dans des travaux complémentaires, les pourcentages de contamination des carcasses varient de 9 à 56,7 % après éviscération et diminuent nettement après ressuyage et refroidissement (le taux maximal rapporté est alors de 3 %). Les principaux résultats de ces différentes études sont présentés dans le tableau 2. La présence de *Campylobacter* a pu être objectivée sur les abats (le foie en particulier) ainsi que dans les produits transformés tels que des saucisses. Au niveau des procédés de transformation du tube digestif, les traitements de lavage et éventuellement de salage permettent de réduire le niveau de contamination de manière significative (COLIN et al., 1985).

La diversité génétique des *Campylobacter* isolés en abattoir de porcs a été évaluée dans une étude irlandaise portant sur 28 souches (11 *C. jejuni* et 17 *C. coli*) par PCR-RFLP, l'origine des isolats bactériens n'étant pas précisée. Une importante variabilité génétique a été mise en évidence et les auteurs ont classé les souches en 4 génotypes principaux au sein desquels des sous-types hypervariables ont pu être distingués (MOORE et al., 2002).

2.2. En élevage

Les études épidémiologiques portant sur *Campylobacter* en élevage porcin rapportées dans la littérature sont peu nombreuses et chacune d'entre elles concerne un faible nombre d'élevages. Elles visent à renseigner la prévalence du portage à différents stades de l'élevage et dans certains cas à déterminer les modalités de contamination des animaux (les principaux résultats obtenus dans ces études sont résumés dans le tableau 3).

Aucun de ces travaux n'a montré que la présence de *Campylobacter* dans le tube digestif était à l'origine de troubles de santé chez les animaux porteurs.

La plupart des travaux conduits en Europe rapportent que *C. coli* est l'espèce largement majoritaire dans le tube digestif des porcs ; toutefois, *C. jejuni* est décrit comme prédominant dans un élevage aux Etats-Unis par YOUNG et al. (2000).

Une étude portant sur 8 élevages dans lesquels 10 porcs sont prélevés à trois moments différents de la période d'engraissement a montré un pourcentage d'animaux positifs élevé et qui tend à diminuer au cours de l'engraissement (de 98 % de prélèvements positifs en début à 85 % en fin d'engraissement). De plus, la quantité de *Campylobacter* présents dans les matières fécales est moindre en fin de période d'engraissement (WEIJTENS et al., 1993). Cette variabilité du nombre de bactéries présentes a été retrouvée dans une autre étude dans laquelle certains animaux présentaient ponctuellement des prélèvements négatifs (WEIJTENS et al., 1999). Ces observations suggèrent une excrétion intermittente de *Campylobacter* ou une succession de phases d'élimination puis de recontamination. D'autre part, le niveau d'excrétion des truies augmente après mise bas (WEIJTENS et al., 1997). Néanmoins il convient de considérer avec prudence les données quantitatives sur le niveau de contamination par *Campylobacter* en raison des difficultés techniques de culture in vitro de la bactérie et par conséquent de son dénombrement.

Dans le cadre de ces travaux, le typage des souches fait apparaître une grande diversité génétique parmi les isolats (WEIJTENS et al., 1997 ; WEIJTENS et al., 1999). Cette variabilité est mise en évidence à la fois au sein d'un prélèvement sur un animal, entre deux prélèvements réalisés à deux moments différents sur le même animal et entre prélèvements provenant d'animaux différents. Par ailleurs, une étude portant sur 3 truies et 17 de leurs porcelets issus d'un même élevage s'est attachée à génotyper 5 souches isolées des matières fécales de chaque animal par analyse en champ pulsé. Les auteurs concluent également à une grande variété des génotypes dans le tube digestif de porcs qui cohabitent au sein d'un même élevage et ne montrent pas de similitude entre les souches isolées des truies et de leurs porcelets (HUME et al., 2002).

En élevage naisseur/engraisseur, les porcelets semblent se contaminer dès les premiers jours de vie et le typage géné-

Tableau 3 - Description de la contamination des porcs par *Campylobacter* en élevage

Nombre d'élevages dans l'étude	Animaux testés	Pourcentage d'animaux porteurs	Résultats de dénombrement (en Log ₁₀ UFC par gramme de fèces)	Espèce identifiée	Technique de typage génétique	Nombre de souches typées / nombre de types identifiés	Référence
8	80 porcs charcutiers (début à fin engraissement)	98 % à 85 % selon l'âge	3,2 à 4,1	<i>C. coli</i>	RFLP	49 / 32	WEIJTENS et al., 1993
2	10 truies 60 porcelets (2 semaines avant à 8 semaines après mise bas)	90 % à 100 % 48 % à 92 %	4,1+/-1,4	<i>C. coli</i>	RFLP ERIC-PCR	59 / 34	WEIJTENS et al., 1997
1	7 truies 8 porcs charcutiers issus des truies (10 à 25 semaines d'âge)	75 % à 87 % 62 %, 48 à 100 %	2,1 à 4,48	<i>C. coli</i>	ERIC-PCR	80 / 28	WEIJTENS et al., 1999
5 (dont un élevage SPF)	20 à 120 selon l'élevage	0 % (SPF) à 100 % (élevage de sélection)	<2,8 à 5,1	-	RFLP ERIC-PCR	45 / 23	WEIJTENS et al., 2000
1	50 cochettes 9 truies gestantes 73 porcelets (1 jour d'âge) 20 porcelets en post sevrage	76 % 100 % 57,8% 100%	-	<i>C. jejuni</i> (80%) <i>C. coli</i>	-	-	YOUNG et al., 2000
1	67 porcelets (de 1 à 20 j d'âge), 43 élevés en nurserie, 24 avec la truie	De 1 j à 20 j : 34 % à 11 % 54 % à 95 %	-	<i>C. jejuni</i> <i>C. coli</i>	-	-	HARVEY et al., 2000
1	3 truies 17 porcelets	-	-	<i>C. coli</i>	PFGE	99 / 32	HUME et al., 2002

- : la donnée n'est pas renseignée dans l'étude

UFC : Unité Formant Colonie

RFLP : Restriction Fragment Length Polymorphism

ERIC-PCR : Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus-Polymerase Chain Reaction

PFGE : Pulse Field Gel Electrophoresis

tique des souches a montré une similitude entre les *Campylobacter* isolés chez les truies et leurs porcelets (WEIJTENS et al., 1997). Les auteurs formulent donc l'hypothèse d'une contamination des porcelets à partir des matières fécales de la truie. De plus, le sevrage précoce diminue le niveau de contamination des porcelets (HARVEY et al., 2000).

Par ailleurs, des travaux portant sur des porcs EOPS ont montré que ceux-ci étaient indemnes de *Campylobacter*. De plus, après introduction de ces animaux dans un élevage de sélection, le pourcentage d'animaux adultes porteurs de *Campylobacter* reste moindre que dans le cas d'élevages peuplés d'animaux conventionnels (WEIJTENS et al., 2000). Une hypothèse envisagée est que les animaux adultes se montreraient plus réfractaires que les porcelets à l'installa-

tion du portage. Les auteurs de cette publication suggèrent qu'il serait possible de diminuer significativement le taux de contamination par *Campylobacter* en élevage porcin en associant introduction de reproducteurs indemnes et mesures d'hygiène strictes.

2.3. Comparaison entre souches d'origines porcine et humaine

La relation entre souches isolées chez les porcs et l'homme est peu documentée. Dans une étude fondée sur la comparaison des profils de résistance aux antibiotiques (en particulier à l'érythromycine) entre souches porcines et humaines, les auteurs concluent à la faible probabilité de contamination humaine à partir du porc (BURCH, 2002). Outre le fait que l'on doive utiliser avec prudence des résultats d'antibiorésis-

tance dans le cadre d'études épidémiologiques, l'origine exacte des souches testées n'est pas précisément renseignée dans cette communication.

2.4. Limites des résultats disponibles

Face à la variabilité génomique rencontrée, il semble opportun de s'interroger sur la représentativité des souches isolées de chaque échantillon de matières fécales en élevage et donc, sur le nombre minimal de souches à isoler d'un animal, en particulier lorsque l'on souhaite établir un lien épidémiologique entre animaux.

Les travaux de Madden et collaborateurs concernent l'aspect méthodologique de la mise en évidence de *Campylobacter* en élevage porcin. Il apparaît ainsi que l'utilisation d'une étape d'enrichissement lors de l'analyse bactériologique est susceptible de défavoriser l'isolement de *C. jejuni* par rapport à *C. coli*. De plus, les souches isolées après cette étape présentent une moindre variabilité antigénique que lors d'un isolement direct (MADDEN et al., 2000).

3. CONCLUSION - PERSPECTIVES

Il apparaît que de nombreuses informations décrivant l'infection des porcs par *Campylobacter* restent à renseigner. La plasticité génétique très importante des *Campylobacter* qui est à l'origine de populations bactériennes très peu clo-

nales, ainsi que le caractère fastidieux de leur culture *in vitro* compliquent les études épidémiologiques. En effet, par comparaison, les bactéries du genre *Salmonella* présentent une moindre variabilité et la stabilité antigénique qui en découle a permis l'utilisation de réactifs sérologiques à des fins épidémiologiques. Dans le cas de *Campylobacter*, les outils à utiliser sont à l'évidence plus complexes et des travaux complémentaires restent à conduire en ce qui concerne l'évaluation des méthodes disponibles pour décrire le portage.

Une autre conséquence de cette grande diversité des souches présentes au même instant sur un prélèvement provenant d'un animal, pose le problème de la représentativité d'un nombre de souches à caractériser par isolat. La même problématique peut être extrapolée aux modalités d'échantillonnage au sein des élevages ou en abattoir.

De plus, il semble important de déterminer si un animal est en premier lieu, contaminé par un faible nombre de souches différentes dont la plasticité génétique conduit à la variabilité observée ou s'il subit des réinfections successives au cours de sa vie. Les conséquences en matière de stratégie de maîtrise de l'infection sont en effet différentes dans les deux cas.

Enfin, il est nécessaire de mieux connaître ces souches en terme de pouvoir pathogène chez l'homme afin d'affiner éventuellement les études épidémiologiques à des souches présentant des caractères de virulence avérés et donc, une plus grande dangerosité en santé publique.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- ANONYME, BEH n°08/2003.
- BURCH D.G.S., 2002, International Conference on Antimicrobial Agents in Veterinary Medicine, Helsinki, Finland.
- COLIN P., 1985, Sciences des Aliments, 5, 127-132.
- DURAND P., 1999, Technologies des produits de charcuterie et des salaisons, Technique & Documentation, Paris, 1-46.
- ENGBERG J., GERNER-SCHMIDT P., SCHEUTZ F., MOLLER NIELSEN E., ON SL., MOLBAK K., 1998, Clin. Microbiol. Infect., 4, 648-656.
- HARVEY R.B., YOUNG C.R., ANDERSON R.C., DROLESKEY R.E., GENOVESE K.J., EGAN L.F., NISBET D.J., 2000, J. Food Protection, 10, 1430-1432.
- HUME M.E., DROLESKEY R.E., SHEFFIELD C.L., HARVEY R.B., 2002, Curr. Microbiol., 45, 128-132.
- LIOR H.D., WOODWARD D.L., EDGAR J.A., LAROCHE J.L., GILL P., 1982, J. Clin. Microbiol., 15, 761-768.
- LUND M., WEDDERKOPP A., WAINO M., NORDENTOFT S., BANG D.D., PEDERSEN K., MADSEN M., 2003, J. Appl. Microbiol., 94, 929-935.
- MADDEN R.H., MORAN L., SCATES P., J. Microbiol. Meth., 2000, 42, 115-119.
- MAFU A.A., HIGGINS R., NADEAU M., COUSINEAU G., 1989, J. of Food Protec., 52, 642-645.
- MILLS S.D., KURJANCZYK L.A., SHAMES B., HENNESSY J.N., PENNER J.L., 1991, J. of Med Microbiol, 35, 168-173.
- MOORE J.E., MADDEN R.H., 1998, J. Food, Prot., 61, 409-413.
- MOORE J.E., LANSER J., HEUZENROEDER M., RATCLIFF R.M., MILLAR B.C., MADDEN R.H., J. Vet. Med., 2002, 49, 388-393.
- NACHAMKIN I., BOHACHICK K., PATTON C.M., 1993, J. Clin. Microbiol., 31, 1531-1536.
- NESBAKKEN T., ECKNER K., HOIDAL H.K., ROTTERUD O.J., 2003, Int. J. Food Microbiol., 80, 231-240.
- ON, S.L.W., 1996, Clin. Microbiol. Rev., 9, 405-422.
- OOSTEROM J., DEKKER R., DE WILDE G.J., VAN KEMPEN DE TROYE F., ENGELS G.B., 1985, Vet. Q., 7, 31-34.
- PENNER J.L., HENNESSY J.N., CONGI R.V., 1983, Eur. J. Clin. Microbiol., 2, 378-383.
- REINA J., MUNOZ C., SERRA A., 1993, Acta Gastroenterol Belg Suppl., 56, 22.
- ROSSERO A., N'G KOFFI, PILET M.F., JUGIAU F., FEDERIGHI M., MAGRAS C., 1999, Journées Rech. Porcine en France, 31, 391-394.
- WANG Y., TAYLOR D.E., 1990, J Bact., 172, 949-955.
- WEIJTENS M.J.B.M., BIJKER P.G.H., VAN DER PLAS J., URLINGS H.A.P., BIESHEUVEL M.H., 1993, Vet. Q., 15, 138-143.
- WEIJTENS M.J.B.M., VAN DER PLAS J., BIJKER P.G.H., URLINGS H.A.P., KOSTER D., VAN LOGTESTIJN J.G., HUIS IN'T VELD J.H.J., 1997, J. Applied Microbiol., 83, 693-698.
- WEIJTENS M.J.B.M., REINDERS R.D., URLINGS H.A.P., VAN DER PLAS J., 1999, J. Applied Microbiol., 86, 63-70.
- WEIJTENS M.J.B.M., URLINGS H.A.P., VAN DER PLAS J., 2000, Letters in Applied Microbiol., 30, 479-484.
- YOUNG C.R., HARVEY R., ANDERSON R., NISBET D., STANKER L.H., 2000, Res. Vet. Science, 68, 75-78.