

Description de la population de Salmonelles à différents stades de la production porcine en France

Martine DENIS, Emmanuelle HOUARD, Aurore FABLET, Sandra ROUXEL, Philippe FRAVALO

AFSSA, Unité HQPAP, BP 53, 22440 Ploufragan

m.denis@ploufragan.afssa.fr

Description of the population of *Salmonella* at various stages of the pig production in France

The objective of this study was to describe the population of *Salmonella* found at various stages in the pig production in France, on the basis of their serovar and their genotype.

660 isolates were considered; 179 and 155 were isolated from the faeces of breeding pigs from breeding farms (BPB) and from farrow-to-finish pig farms (BPF), respectively, 112 from faeces of fattening pigs from farrow-to-finish pig farms (FP) and 214 from lymphatic ganglia of fattening pigs at slaughter-houses (FP). Isolates were typed by RFLP-PFGE using *Xba*1 enzyme.

The 660 isolates were divided into 47 serovars; 21, 25, 30 serovars were found respectively at BPB, BPF and FP stages. S.Derby was the major serovar (40% of the total population); 43.6%, 43.2%, and 36.7% of the isolates at BPB, BPF and FP stages, respectively. It was followed by S.Typhimurium (24.4% of the total population); 12.3%, 4.5%, and 40.2% at the BPB, BPF and FP stages, respectively.

The 660 isolates were divided into 145 genotypes. The 264 S. Derby were divided into 24 genotypes; 14, 6 and 18 at the BPB, BPF and FP stages, respectively, with 5/15 identical between the stages BPB and BPF, and 5/19 identical between the stages BPF and FP. The 161 S.Typhimurium were divided into 45 genotypes; 8, 2 and 42 at the BPB, BPF and FP stages, respectively, with 2/8 identical between the stages BPB and BPF, and 2/42 identical between the stages BPF and FP.

This study showed for the French pig production, that S.Derby and its genotypes are represented at the various stages of the production considered in the study, and that S.Typhimurium and its genotypes are strongly related to the fattening pig stage.

INTRODUCTION

Salmonella Typhimurium et S. Derby sont décrits comme les deux principaux sérovares de salmonelles retrouvés chez le porc en France (Beloil *et al.*, 2004 ; Dubroca *et al.*, 2005). Il apparaît cependant difficile de mettre en évidence un lien épidémiologique entre les différents types d'élevages et entre les différents stades au sein d'un même élevage sur la base uniquement du sérovar (Corrégé *et al.*, 2002). Le typage génétique des salmonelles par PFGE est devenu un outil incontournable pour mieux comprendre l'épidémiologie de cette bactérie chez les porcs à différents stades de la filière (Wonderling *et al.*, 2003). L'objectif de cette étude est donc de décrire la population de Salmonelle retrouvée à différents stades de la production porcine en France sur la base de leur sérovar et de leur génotype.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Matériels

660 isolats ont été considérés; 179 et 155 issus respectivement des matières fécales de porcs reproducteurs d'exploitations de reproduction (SM) et d'élevages naisseurs-engraisseurs (NE), (enquête communautaire 2008), 112 issus de matières fécales de porcs charcutiers à l'élevage (Charcutier) (étude DGAI 2008) et 214 issus de ganglions lymphatiques iléo-caecaux de porcs charcutiers à l'abattoir

(Charcutier) (enquête communautaire 2006-2007). Tous les isolats ont été isolés des échantillons par la même méthode bactériologique, la méthode ISO 6579 annexe D et, présentent par ailleurs une bonne représentativité nationale de par le contexte de leur détection.

1.2. Méthodes

Le typage des isolats a été réalisé par RFLP-PFGE selon le protocole PulseNet (Ribot *et al.*, 2006); un profil *Xba*1 a été obtenu pour tous les isolats.

L'analyse des profils génétiques a été réalisée sous BioNumerics en utilisant le coefficient de Dice pour le calcul de la similarité entre les profils et la méthode Unweight Pair Group Method (UPGMA) pour la construction du dendrogramme (Struelens, 1996). Les génotypes ont été définis sur la base de 90% de similarité génétique.

2. RESULTATS

2.1. Répartition des sérotypes aux différents stades

Les 660 salmonelles se répartissent en 47 sérovares différents; 21, 25, 30 sérovares sont retrouvés respectivement aux stades SM, NE, et Charcutier.

Il y a 9 sérovares communs aux 3 stades considérés ici, 13 sérovares communs entre les stades SM et NE, et 15 entre les stades NE et Charcutier. Sept, 6 et 14 sérovares ne sont retrouvés qu'au stade SM, NE et Charcutier, respectivement.

Le sérovar *S. Derby* est dominant (40% de l'ensemble des isolats) ; il est retrouvé à hauteur de 43,6%, 43,2%, et 36,7% aux stades SM, NE et charcutier, respectivement. Il est suivi du sérovar *S. Typhimurium* (24,4% de l'ensemble des isolats) à raison de 12,3%, 4,5%, et 40,2% aux stades SM, NE et Charcutier, respectivement.

2.2. Répartition des génotypes aux différents stades

Les 660 salmonelles se répartissent en 145 génotypes. Il y a 12 génotypes communs aux 3 stades considérés ici, 17 génotypes communs entre les stades SM et NE ; et 21 entre les stades NE et Charcutier. Vingt-quatre, 13 et 73 génotypes ne sont retrouvés qu'au stade SM, NE et Charcutier, respectivement.

Les 264 isolats *S. Derby* se divisent en 24 génotypes ; 14, 6 et 18 aux stades SM, NE et Charcutier respectivement, avec 5/15 identiques entre les stades SM et NE, et 5/19 identiques entre les stades NE et Charcutier. 78,4% (207/264) des *S. Derby* se partagent les 4 génotypes retrouvés aux trois stades considérés ici. (Figure 1).

Les 161 isolats de *S. Typhimurium* se divisent en 45 génotypes ; 8, 2 et 42 aux stades SM, NE et Charcutier respectivement, avec 2/8 identiques entre les stades SM et NE, et 2/42 identiques entre les stades NE et Charcutier. 26,7% (43/161) des *S. Typhimurium* se partagent les 2 génotypes retrouvés aux trois stades considérés ici. (Figure 1).

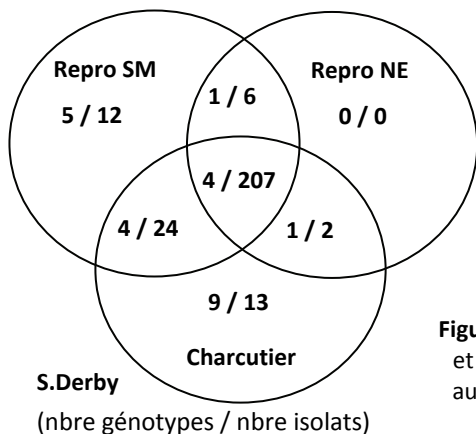
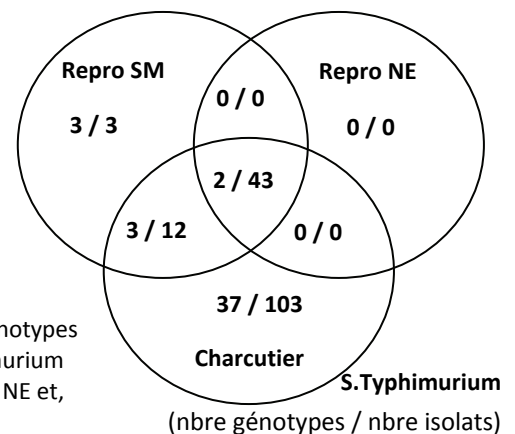


Figure 1 : répartition du nombre de génotypes et d'isolats de *S. Derby* et de *S. Typhimurium* aux niveaux des reproducteurs SM et NE et, des charcutiers.



CONCLUSION

Au travers de cette étude, il apparaît que le génotypage couplé au sérotypage des *Salmonelles* apporte un complément d'information sur la diffusion de cette bactérie dans la filière porcine.

Cette étude montre que *S. Derby* et ses génotypes sont représentés aux trois stades de la filière considérés ici. En effet, le pourcentage d'isolats ayant ce sérovar est environ du même ordre pour les trois stades et, 78,4% des *S. Derby* se partagent les 4 génotypes communs aux trois stades.

Cette étude indique par contre que *S. Typhimurium* et ses génotypes sont fortement liés au stade charcutier ; 40,2% des isolats au stade Charcutier ont ce sérovar et 42 des 45 génotypes de ce sérovar ont été trouvés à ce stade. Cela voudrait dire que les *S. Typhimurium* chez les charcutiers viennent pour une forte part d'une autre source que les parents et/ou que ce sérovar au contact d'animaux sains à l'entrée en engraissement les colonise mieux que d'autres sérovares.

REMERCIEMENTS

Cette étude a été menée sur les isolats obtenus lors des enquêtes communautaires de prévalence de *Salmonella* spp. en production porcine financées par le ministère de l'agriculture et de la pêche (DGAL) et la Communauté européenne.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Beloeil P-A., Fravallo P., Fablet C., Jolly J-P., Eveno E., Hascouet Y., Chauvin C., Salvat G., Madec F., 2004. Risk factors for *Salmonella enterica* subsp. Enterica shedding by market-age pigs in French farrow-to-finish herds. Preventive Veterinary Medicine, 63, 103-120.
- Corrége I., Proux K., Fravallo P., Cornou C., Flého J-Y., 2002. Les salmonelles en élevage porcin : caractérisation et rôle épidémiologique du statut des cochettes. Journées Recherche Porcine, 34, 309-315.
- Dubroca S., Corrége I., Goueset M., Guyomard F., Loiseau D., Salaün Y., Minvielle B., Le Roux A., 2005. Caractérisation du statut "Salmonelles" d'un élevage de porcs : analyse compare de la sérologie et de la bactériologie. Journées Recherche Porcine, 37, 347-352.
- Ribot E.M., Fair M.A., Gautom R., Cameron D.N., Hunter S.B, Swaminathan B., Barret T.J. 2006. Standardization of pulsed-field gel electrophoresis protocols for the subtyping of *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella*, and *Shigella* for PulseNet. Foodborne Pathogene Disease, 3, 59-67.
- Struelens M.J., Members of the European Study Group on Epidemiological Markers (ESGEM), 1996. Consensus guidelines for appropriate use and evaluation of microbial epidemiologic typing systems. Clinical Microbiology and Infection, 2, 2-11.
- Wonderling L., Pearce R., Morgan Wallace F., Call J.E., Feder I., Tamplin M., Luchansky J.B., 2003. Use of pulsed-field gel electrophoresis to characterize the heterogeneity and clonality of *Salmonella* isolates obtained from the carcasses and feces of swine at slaughter. Applied and Environmental Microbiology, 69, 4177-4182.