



Implantation d'une souche de *Salmonella* Typhimurium et d'une souche de *Salmonella* Rissen dans un élevage avec de la salmonellose clinique récurrente

Isabelle CORRÉGÉ et Carole FEURER

IFIP – Institut du Porc, La Motte au Vicomte, 35650 Le Rheu, France

isabelle.correge@ifip.asso.fr

Colonization by strains of *Salmonella* Typhimurium and *Salmonella* Rissen on a pig farm with recurrent clinical salmonellosis

Salmonella is one of the most common bacterial pathogens worldwide in human and animal infections, leading to 52,702 cases of human gastroenteritis in Europe in 2020. Clinical salmonellosis is rare, even though it can occur in pig herds. The aim of this study was to investigate the diversity of *Salmonella* strains isolated in a farrow-to-finish pig herd suffering from recurrent clinical salmonellosis from 2018-2022. Different areas were sampled, such as farrowing, post-weaning and fattening rooms (with animals or after cleaning and disinfecting), feeding systems, corridors, the entry room, and the loading platform. Only three serotypes were identified: *S. Typhimurium*, *S. Rissen* and *S. Livingstone*. Because *S. Livingstone* was identified only at the farrowing level, we performed epidemiological monitoring of only *S. Typhimurium* and *S. Rissen*. DNA profiles were determined for 37 strains of *S. Typhimurium* (N= 18) and *S. Rissen* (N= 19) by pulsotyping. It revealed that the same *Xba*I DNA profile was identified over the five-year period for each serotype followed. We assumed that both strains have colonized the herd through either live species (sows, rodents, humans) or the farm building, dust or equipment. To our knowledge, this is the first time that a molecular epidemiological investigation of *Salmonella* strains has been performed in a pig herd suffering from recurrent clinical salmonellosis.

INTRODUCTION

Les infections à *Salmonella* sont une des principales causes de zoonoses alimentaires dans les pays industrialisés (Efsa, 2021). Dans les filières porcines européennes le portage asymptomatique avec des sérovars ubiquistes est fréquent même s'il est difficile d'avancer des données précises de prévalence, celle-ci étant liée aux méthodes d'analyses et au plan d'échantillonnage (Corrégé et Minvielle, 2013). Des études épidémiologiques ont montré que dans le cas du portage asymptomatique plusieurs sérotypes peuvent être isolés sur un même animal, une même bande, selon le stade physiologique ou dans le temps (Corrégé et al., 2002). Les salmonelloses cliniques provoquées principalement par *Salmonella* Typhimurium sont des phénomènes rares et généralement circonscrits dans le temps (Beloil, 2007). Cependant quelques élevages sont exposés à de la salmonellose clinique récurrente avec atteinte consécutive de plusieurs bandes ou avec apparition régulière d'épisodes cliniques.

L'objectif de cette étude était de suivre et d'identifier dans un élevage naisseur-engraisseur atteint de salmonellose clinique récurrente les sérotypes de *Salmonella* isolés sur les animaux et dans l'environnement des salles d'élevage de 2018 à 2022.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Prélèvements réalisés

Dans un élevage naisseur-engraisseur où le diagnostic préalable de salmonellose clinique récurrente à *Salmonella* Typhimurium

a été réalisé, des recherches de *Salmonella* ont été régulièrement réalisées de 2018 à 2022. Les prélèvements ont été réalisés sur fèces de porcs, chiffonnettes ou pédichiffonnettes dans les salles d'élevages (maternité, verraterie, post-sevrage, engraissement) en présence d'animaux ou après nettoyage-désinfection des salles, dans des couloirs, des systèmes d'alimentation et le sas sanitaire. Trois sérotypes de *Salmonella* ont été identifiés, Typhimurium, Rissen et Livingstone. *S. Livingstone* ayant été identifié seulement en maternité, seuls *S. Typhimurium* et *S. Rissen* ont fait l'objet d'un typage génomique et d'un suivi épidémiologique. L'origine des 37 souches typées est présentée au Tableau 1.

Tableau 1 – Description des *Salmonella* typées

Type de prélèvement	2018 N=7	2019 N=1	2020 N=9	2021 N=10	2022 N=10
Sas sanitaire				1 R*	
Maternité ND*				1 R	
Post-sevrage avec animaux				1T 1R	
Fèces porcs engraissement	1 T*		3 T		
Engraissement					
- avec animaux	2 T 3 R	1 T	3 T 3 R	1 T 2 R	2 T 1 R
- après ND	1 R			2 R	
-système alimentation				1 R	3 T 3 R
Aire de stockage					1 T

* R : Rissen, T : Typhimurium, ND : nettoyé-désinfecté

1.2. Analyses réalisées

La détection et le sérotypage des salmonelles ont été réalisés par un laboratoire de microbiologie prestataire selon les

méthodes d'analyses NF U47-102 et d'agglutination sur lame ANSES SEL LSA-INS-0413 respectivement. Les souches sélectionnées ont été pulsotypées au laboratoire de l'IFIP de Maisons-Alfort avec l'enzyme de restriction *Xba*I selon le protocole standardisé PulseNet (Ribot et al., 2006).

2. RESULTATS

Parmi les salmonelles isolées dans cet élevage sur la période de cinq ans, seuls trois sérovars ont été identifiés : *S. Livingstone* pour 5 % des souches, *S. Typhimurium* pour 38 % des souches et *S. Rissen* pour 47 % des souches. Le dendrogramme en figure 1 indique le pourcentage de similarité entre les profils des souches de *S. Typhimurium* et *S. Rissen*. Il montre que pour chaque sérotype, les profils des souches sont identiques quelques soient l'année et le stade physiologique où elles ont été isolées.

3. DISCUSSION ET CONCLUSION

Ces deux souches de *Salmonella* se sont implantées dans

l'élevage. Même si nos observations ont été réalisées sur un seul élevage, ces résultats peuvent apparaître en contradiction avec des données précédentes. En effet des études épidémiologiques ont montré que plusieurs sérotypes peuvent être isolés sur un même animal (troupeau de truies, rongeurs, homme...) soit inanimés (matériel, lisier, bâtiments, poussières, ...).

Il s'agit à notre connaissance du seul exemple de traçabilité de souches de *Salmonella* dans un élevage sur plusieurs années et dans un contexte de salmonellose clinique récurrente.

REMERCIEMENTS

Le typage des souches de *Salmonella* a été financé par Inaporc.

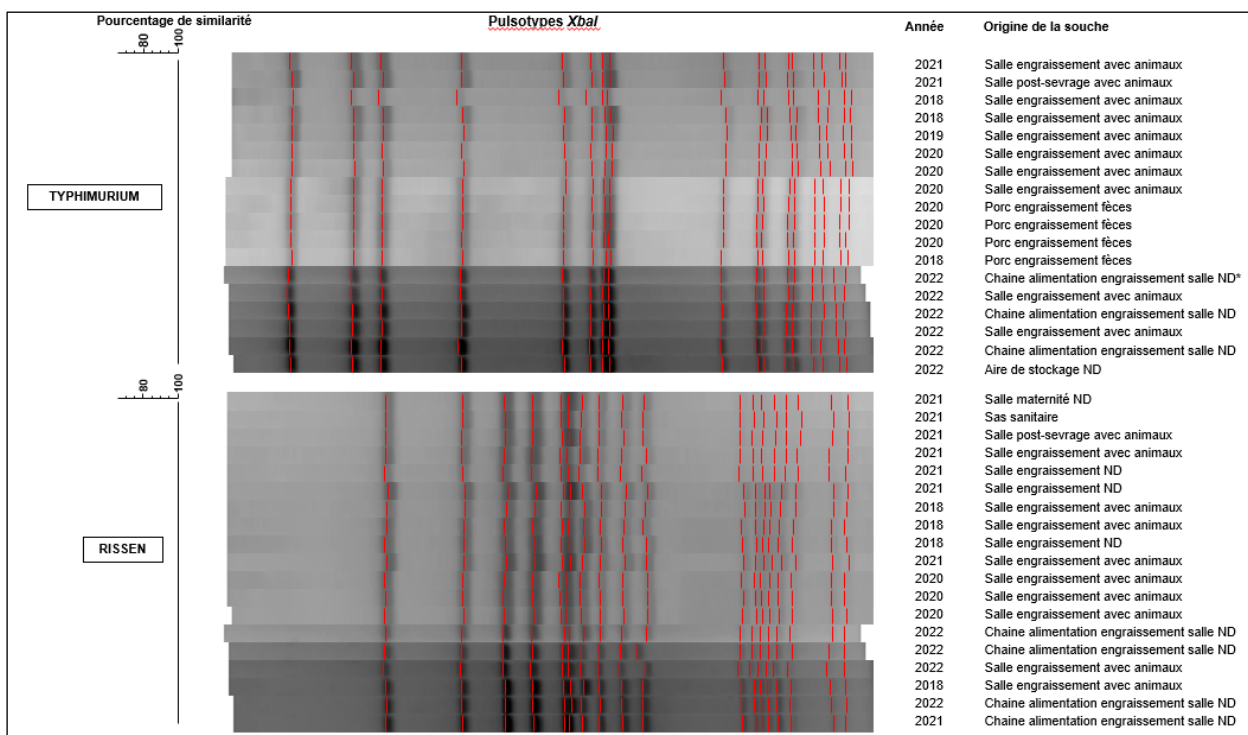


Figure 1 - Diversité des pulsotypes des souches de *S. Typhimurium* et *S. Rissen* (Dendrogramme UPGMA-coefficient de Dice, 1% tolerance limit, 1% optimization)

* ND : nettoyé-désinfecté

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Beloeil P.A., 2007. Épidémiologie analytique de *Salmonella enterica* et *Listeria monocytogenes* en production primaire porcine. Thèse de doctorat. Université de Bordeaux 2, 364 p.
- 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 Rech. Porcine, 34, 309-315.
- Corrége I., Minvielle B., 2013. Enjeux et stratégies de maîtrise de *Salmonella* dans la filière porcine : une analyse prospective. Journées Rech. Porcine, 45, 233-244.
- Davies P.R., Bovee F.G., Funk J.A., Morrow W.E., Jones F.T., Deen J., 1998. Isolation of *Salmonella* serotypes from feces of pigs raised in multiple site production system. J. Am. Vet. Medic. Association, 212, 1925-1929.
- EFSA. The European Union One Health 2020 Zoonoses Report. 2021. EFSA J., 19, 6971.
- Ribot E.M., Fair M.A., Gautom R., Cameron D.N., Hunter S.B., Swaminathan B., Barrett T.J., 2006. Standardization of pulsed-field gel electrophoresis protocols for the subtyping of *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella*, and *Shigella* for PulseNet. Foodborne Pathog. Dis. 3, 59-67.