

Surveillance de la diversité génétique de *Salmonella* spp dans trois élevages naisseurs-engraisseurs au cours du temps



Carole Feurer¹, Julie Crépon-Lavergne², Héloïse Guillou-Mouchet³,
Adélaïde Malignorne³, Isabelle Corrége¹

¹IFIP-Institut du Porc, La Motte au Vicomte, 35 650 Le Rheu, France

²Selas de Surfonds, La Chapelle Saint Aubin, France

³Hyovet, Plestan, France

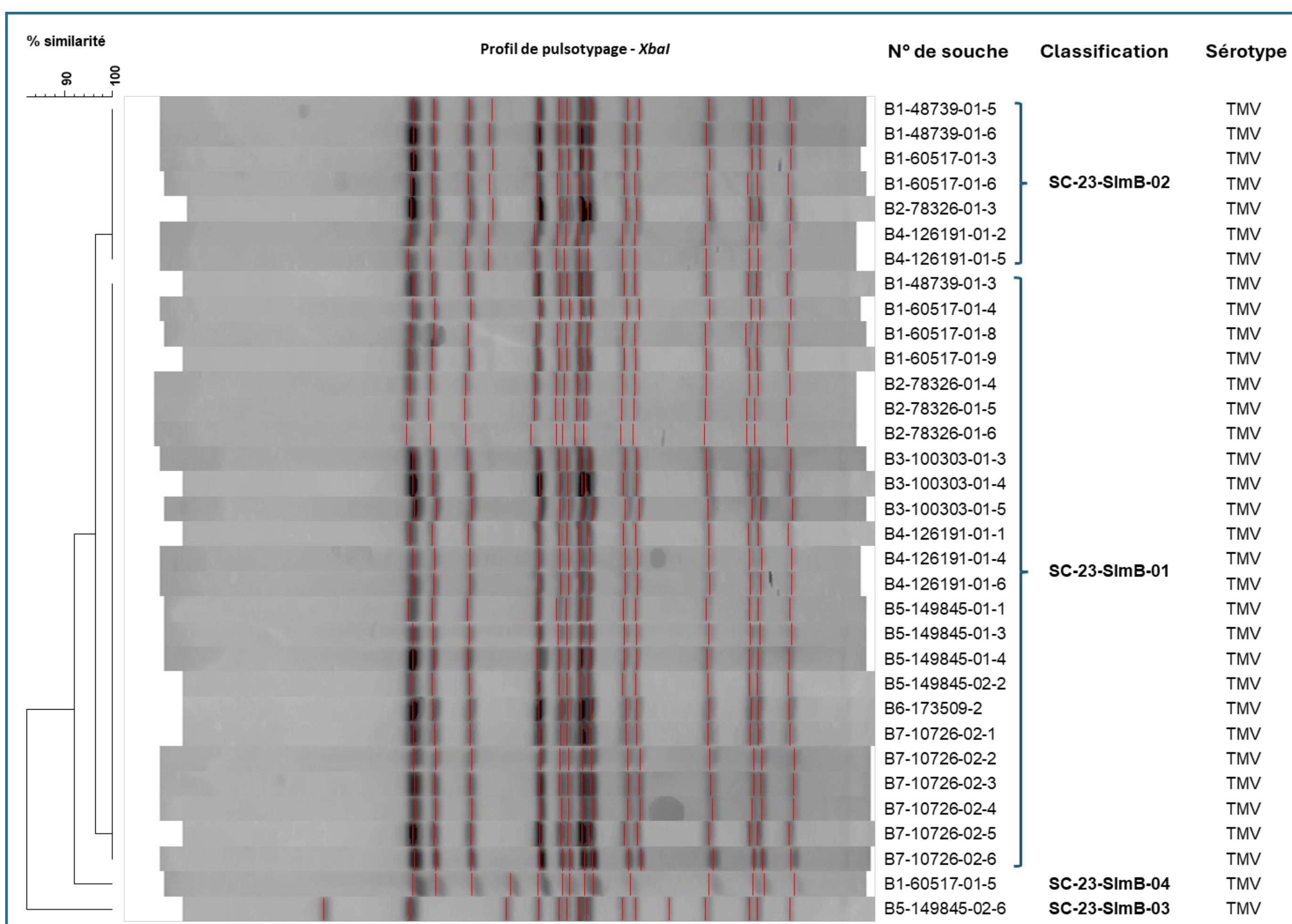
Le portage asymptomatique de *Salmonella* est fréquent en élevage de porcs. En 2023, le plan de surveillance de la DGAI a montré que 56 % des élevages porcins étaient positifs. Les sérotypes les plus fréquents étaient le variant monophasique de *S. Typhimurium* (1,4,[5],12:i:-) (TMV) (40,8 %) et *S. Derby* (29,8 %). L'objectif de ce projet était de suivre trois élevages de porcs présentant des cas de salmonellose clinique et de déterminer la diversité des souches qu'ils portent au cours du temps.

Conclusion

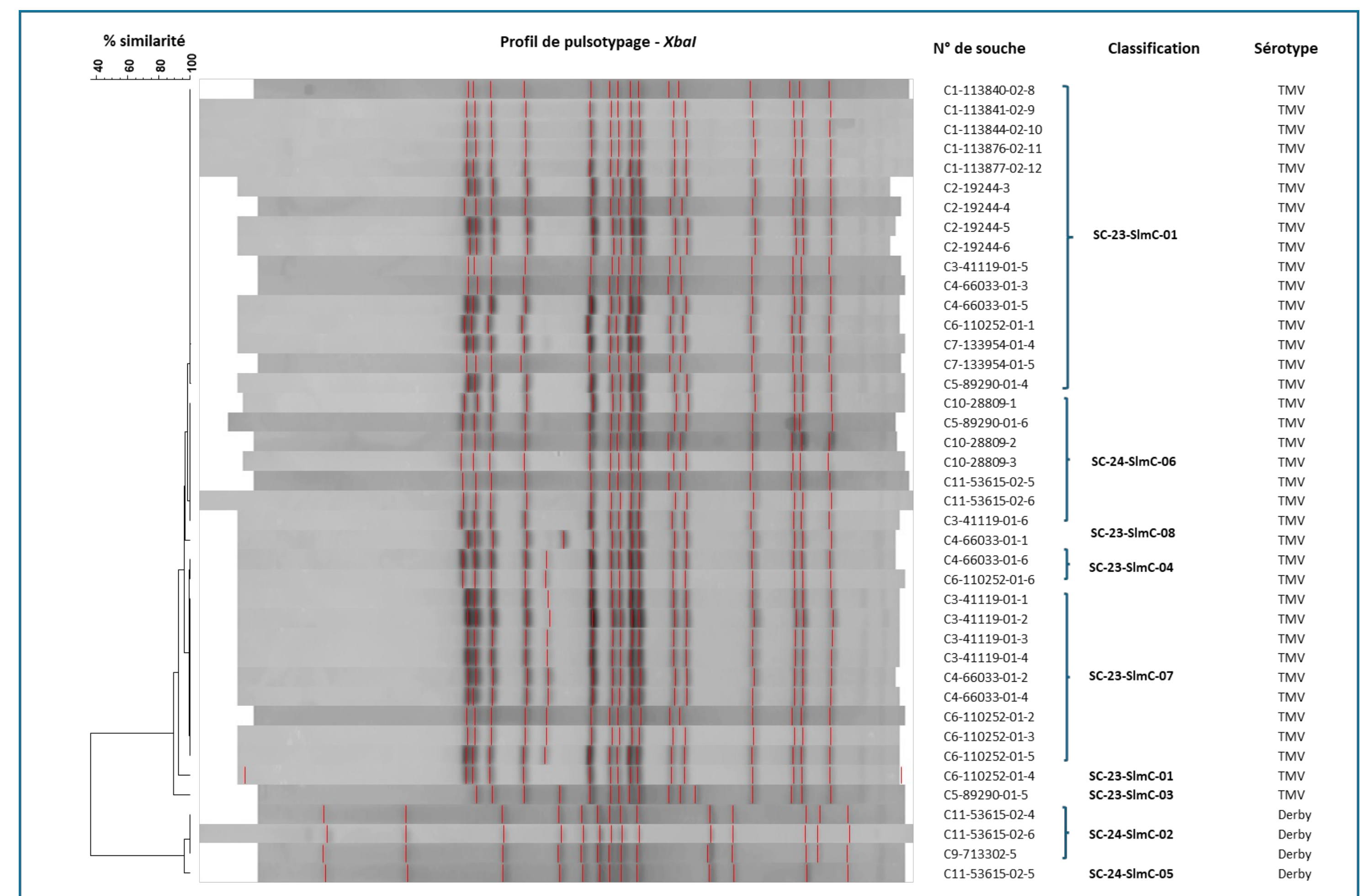
Les élevages peuvent être contaminés par plusieurs souches de différents sérotypes, confirmant ainsi des résultats antérieurs. Dans les élevages B et C, la capacité de certaines souches à coloniser l'élevage sur une longue période est mise en évidence. Enfin, nous avons montré que l'environnement joue un rôle dans la contamination des élevages par *Salmonella*.

Resultats

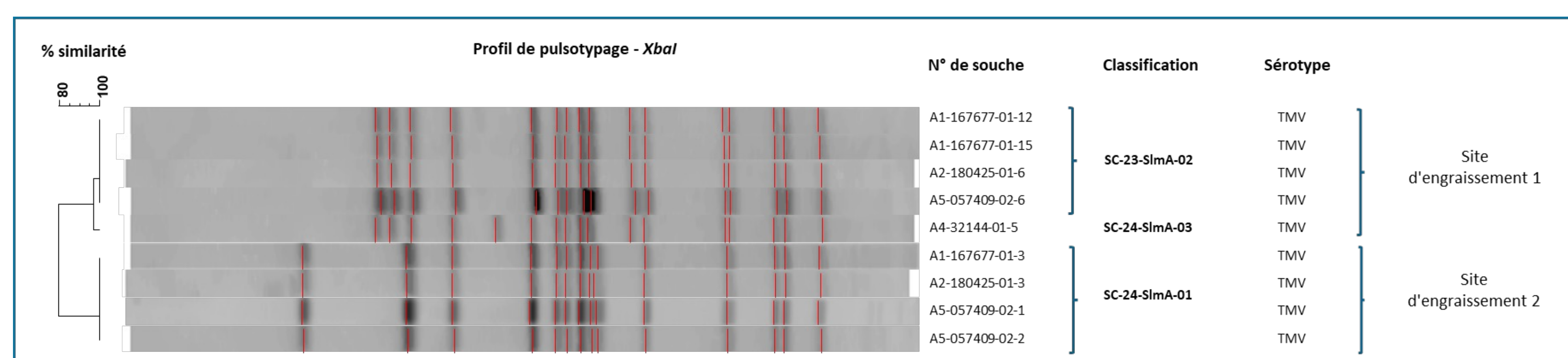
- 97% des 101 souches isolées étaient TMV (88%) et *S. Derby*
- Elevages B et C: le pulsotypage a révélé jusqu'à 6 souches différentes de TMV au cours du temps
- Elevage B: les types SC-23-SlmB-01 et SC-23-SlmB-02 ont été régulièrement identifiés au cours des 10 mois de prélèvements
- Elevage C: les types SC-23-SlmC-01 and SC-24-SlmC-06 ont été régulièrement identifiés au cours des 17 mois de prélèvements
- Elevage A: les types SC-23-SlmA-02 and SC-24-SlmA-01 étaient spécifiques aux sites d'engraissement 1 et 2, respectivement.



Diversité génomique des isolats de *Salmonella* au sein de l'élevage B



Diversité génomique des isolats de *Salmonella* au sein de l'élevage C



Diversité génomique des isolats de *Salmonella* au sein de l'élevage A

Matériels et méthodes

- Trois élevages naisseurs-engraisseurs A, B et C ont été suivis pendant respectivement 6, 10 et 17 mois, entre 2022 et 2024. L'élevage A possède un site de naissance et deux sites d'engraissement
- 5 séries de prélèvement dans l'élevage A (A1 to A5), 7 dans le B (B1 to B7) et 11 dans le C (C1 to C11)
- Prélèvement de fèces dans les cases d'engraissement (10 boulettes de fèces pour un total de 50 g)
- Détection de *Salmonella* (NF U 47-100)
- Sérotypage de *Salmonella* selon le schéma de White-Kauffmann-Le Minor
- Profil génomique déterminé par pulsotypage avec l'enzyme de restriction *XbaI*, selon le protocole standardisé PulseNet.

