

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

Carole FEURER (1), Julie CRÉPON-LAVERGNE (2), Héloïse GUILLOU-MOUCHET (3), Adélaïde MALIGORNE (3), Isabelle CORRÉGÉ (1)

(1) IFIP – Institut du porc, 35 740 Pacé, France

(2) Selas de Surfonds, 72 650 La Chapelle Saint Aubin, France

(3) Hyovet, 22 640, Plestan, France

carole.feurer@ifip.asso.fr

Monitoring the genetic diversity of *Salmonella* spp. on three breeder-fattener farms over time

In 2023, *Salmonella* was the second most commonly reported food-borne gastrointestinal infection in humans in the European Union. On pig farms, asymptomatic carriers are common. Clinical salmonellosis is rare, even though it can occur in pig herds. The aim of this project was to monitor three pig farms with clinical salmonellosis and to determine the diversity of the strains they carried over time. Herds A, B and C were monitored over a 6-, 10- and 17-month period, respectively. The three herds came from breeder-fattener farms, but in herd A, the pigs were born on the same site and fattened on 2 different sites. *Salmonella* was detected from faeces sampled from the pens of fattening rooms. DNA profiles of the strains were determined using the pulsotyping molecular method. In all three herds, 97% of the 101 strains isolated belonged to serotypes S. Typhimurium 1,4,[5],12:i:- and S. Derby; the first serotype being the most common (88%). The remaining strains belonged to serotypes S. Typhimurium, S. Agona and S. Mbandaka. In herds B and C, pulsotyping showed that up to 7 different strains of S. Typhimurium 1,4,[5],12:i:- were identified. In these herds, two strains were regularly identified, which indicates that they persisted in the herd. In herd A, the strains identified differed between the fattening sites, which indicates that the environment influences *Salmonella* contamination of a herd. These results showed that pig herds can be contaminated with several strains of different serotypes.

INTRODUCTION

Les infections à *Salmonella* sont une des principales causes de zoonoses alimentaires dans les pays industrialisés. Dans les filières porcines européennes le portage asymptomatique de *Salmonella* est fréquent même s'il est difficile de préciser les prévalences, celles-ci étant liées aux méthodes et aux plans d'analyses. En France en 2023, le plan de surveillance (DGAI, 2023) a montré que 56 % des élevages de porcs étaient positifs pour *Salmonella*. Le variant monophasique de S. Typhimurium (1,4,[5],12:i:-) (40,8%) et S. Derby (29,8%) étaient les plus isolés. Des études 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 (Beloeil, 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 ce projet était de déterminer, dans trois élevages de porcs atteints de salmonellose clinique, la diversité des souches qu'ils excretent au cours du temps.

1. MATERIEL ET METHODES

Trois élevages naisseurs-engraisseurs (A, B et C) ont été inclus dans l'étude lors du diagnostic de salmonellose clinique puis

suivis pendant une période de 6, 10 et 17 mois respectivement, ces durées étant liées à leur date d'inclusion dans l'étude. Les bandes suivantes n'ont pas fait l'objet d'investigation concernant la persistance de salmonellose clinique. Pour les élevages B et C, tous les stades physiologiques étaient sur le même site d'élevage. Pour l'élevage A, les truies et les post-sevrages étaient sur un site d'élevage et les engrangements sur deux sites différents à quelques kilomètres avec du personnel commun aux trois sites d'élevage. Les élevages A, B et C ont fait l'objet de respectivement cinq, sept et 11 séries de prélèvement entre 2022 et 2024. A chaque série de prélèvement, dans chacune des deux bandes d'engraissement les plus âgées, neuf cases étaient échantillonnées. Par case, 10 boulettes de fèces au sol étaient prélevées pour un total de 50 g. La détection de *Salmonella* a été effectuée conformément à la norme NF U 47-100 sur des pools de trois échantillons par un laboratoire de microbiologie prestataire. Le sérotypage des isolats a été réalisé selon le schéma de White-Kauffmann-Le Minor (Grimond et Weil, 2007) par le même laboratoire. Les souches sélectionnées ont été pulsotypées au laboratoire de l'IFIP avec l'enzyme de restriction *Xba*I selon le protocole standardisé PulseNet (Ribot *et al.*, 2006).

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Dans les trois élevages, parmi les 101 souches isolées 88% appartenait au sérotype S. Typhimurium monophasique 1,4,[5],12:i:- (TMV) et 9% au sérotype S. Derby. Les souches restantes appartenaient aux sérotypes S. Typhimurium, S.