



## Réseaux

### Surveillance des agents zoonotiques en Italie : les réseaux vétérinaires intégrés

Antonia Ricci (aricci@izsvenezie.it) - OIE/Laboratoire national de référence pour les salmonelles  
Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro (PD), Italie

**Mots clés :** réseau, Italie, pathogènes zoonotiques.

Les zoonoses alimentaires sont des infections et des maladies qui peuvent se transmettre naturellement entre les animaux et l'Homme par des produits alimentaires contaminés. Chez l'Homme, la gravité de ces maladies va de l'infection subclinique ou des symptômes légers aux troubles engageant le pronostic vital. Pour prévenir la survenue de ces zoonoses, il est important d'identifier les animaux et les aliments qui constituent les principales sources d'infection. Cela passe par la collecte et l'analyse de données provenant de tous les États membres de l'Union européenne (UE), destinées à protéger la santé humaine. Le système de surveillance et de collecte de données sur les zoonoses de l'UE s'appuie sur la directive 2003/99/CE relative aux zoonoses, qui oblige les États membres de l'UE à collecter des données pertinentes et le cas échéant comparables sur les zoonoses, les agents zoonotiques, la résistance aux antibiotiques et les épidémies d'origine alimentaire. D'après les chiffres présentés dans le dernier rapport de synthèse de l'UE sur les tendances et les sources des zoonoses, des agents zoonotiques et des épidémies d'origine alimentaire, publié par l'Autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA) en 2014, les salmonelles demeurent, en 2012, la cause d'épidémies alimentaires la plus fréquemment signalée dans l'UE (1 533 sur 5 363 épidémies alimentaires, soit 28,6 %).

Le nombre total de cas de salmonellose humaine avérés observés dans l'UE en 2012 s'élève à 91 034. Cela représente une baisse de 4,7 % par rapport à 2011 et de 43 546 cas (32 %) par rapport au nombre de cas signalés en 2008. Le taux de signalement de cas avérés s'élève à 22,2 cas pour 100 000 habitants dans l'UE. Le taux de létalité s'élève à 0,14 %, 61 décès dus à des salmonelloses non typhiques ayant été observés dans l'UE en 2012. Comme les années précédentes, *Salmonella Enteritidis* et *Salmonella Typhimurium* sont les sérovars les plus fréquemment signalés (respectivement 41,3 % et 22,1 %, parmi tous les sérovars connus, signalés dans les cas humains) ; le variant monophasique de *Salmonella Typhimurium* 1,4,[5],12:i:- est le troisième sérovar le plus couramment observé dans l'UE (7,2 %). Le quatrième sérovar le plus fréquent chez l'Homme est *Salmonella* Infantis, dont le nombre d'isolats signalés ne cesse d'augmenter depuis cinq ans (EFSA, 2014).

Connaître les caractéristiques des souches, par le typage des isolats est essentiel pour la recherche des sources de maladie par la comparaison de souches isolées dans différents réservoirs. Le système de sérotypage harmonisé est fondamental pour la description, à tous les niveaux, de l'épidémiologie de *Salmonella*. Dans l'idéal, une grande partie des isolats de *Salmonella* prélevés chez l'Homme, sur les animaux et dans les produits alimentaires – voire tous – doivent être sous-typés pour consolider les connaissances

épidémiologiques et cibler les interventions qui permettront de prévenir les infections par les sources identifiées (Wagenaar *et al.*, 2013). Des informations sur la présence d'agents pathogènes dans l'ensemble des sources d'exposition (par exemple, les aliments, les animaux, les eaux de boisson ou les eaux destinées aux activités récréatives) sont nécessaires (Parmley *et al.*, 2013). Des programmes de surveillance intégrés recueillent et produisent des données à partir de plusieurs composantes au sein d'un système (Galanis *et al.*, 2012).

Le sous-typage microbien est l'une des principales méthodes utilisées pour attribuer les maladies infectieuses d'origine alimentaire à leur source. Le principe de l'attribution aux sources repose sur la comparaison de sous-types d'isolats responsables d'une maladie humaine à la distribution de ces sous-types dans leurs sources putatives (animales, alimentaires ou environnementales, par exemple) (Pires *et al.*, 2009). L'attribution aux sources par sous-typage microbien s'appuie sur des techniques de sous-typage de laboratoire qui permettent d'identifier des caractéristiques communes entre les sous-types identifiés dans les cas de maladies humaines et ceux de leurs sources potentielles (Barco *et al.*, 2013).

Les infections humaines provoquées par des sous-types exclusivement ou quasi exclusivement isolés dans une même source peuvent être attribuées à cette source. *A contrario*, lorsque des infections humaines sont dues à des sous-types isolés dans plusieurs sources, ces infections peuvent être attribuées à ces sources proportionnellement à la fréquence d'observation de ces sous-types dans ces sources (Hald *et al.*, 2004).

En Italie, pour recueillir des données sur les souches de *Salmonella* isolées dans le secteur vétérinaire, le réseau Enter Vet a été créé en 2002 dans le but de recueillir des données au niveau national sur la détection de *Salmonella* spp. dans les échantillons d'origine animale. Ce réseau travaille en étroite collaboration avec le réseau Enter Net, qui gère les données sur les souches d'origine humaine.

Le réseau Enter Vet regroupe les laboratoires des *Istituti Zooprofilattici Sperimentali* (IZS), sous le contrôle du Laboratoire national de référence (LNR) pour les salmonelles. L'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IZSve) a été désigné en 1999 laboratoire national de référence pour les salmonelles par le ministère italien de la santé. En 2007, ce laboratoire a été reconnu laboratoire de référence pour la salmonellose par l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE). Les laboratoires qui participent au réseau Enter Vet envoient au LNR des données sur les souches de *Salmonella* spp. sérotypées, ainsi que des isolats de *Salmonella Enteritidis*, de *Salmonella Typhimurium* et du variant monophasique de



## Réseaux

*Salmonella* Typhimurium à caractériser par lysotypie.

Le sérotypage est réalisé par tous les laboratoires du réseau, conformément au tableau de Kauffman et White, tandis que la lysotypie est effectuée par le LNR, conformément aux tableaux fournis par la *Health Protection Agency* (Colindale, Londres, Royaume-Uni).

Afin de garantir la qualité des données produites par le réseau, le LNR organise chaque année des essais interlaboratoires d'aptitude pour les laboratoires du réseau, assurant ainsi un contrôle qualité externe pour le sérotypage et la détection de *Salmonella*. Le LNR publie un rapport annuel sur les activités du réseau Enter Vet. Ce rapport, qui peut être téléchargé sur le site Internet de l'IZSve ([www.izsvenezie.it](http://www.izsvenezie.it)), donne un aperçu de la distribution des sérotypes et lysotypes de *Salmonella* dans différentes sources animales et alimentaires au niveau

national, fournissant des données utiles pour cibler les études épidémiologiques en cas d'épidémie humaine. De plus, toutes les souches sont conservées dans des conditions appropriées, de même que les données épidémiologiques les concernant, ce qui permet de réaliser un typage plus précis, également par des techniques moléculaires, sur des sous-ensembles de souches qui semblent présenter un intérêt à un moment donné.

En 2012, le réseau a collecté des données sur 3 567 souches de *Salmonella*, dont 58 % ont été isolées sur des animaux au niveau de la production primaire, 30 % dans des matrices alimentaires et 4 % dans des aliments pour animaux et des échantillons environnementaux (principalement dans les exploitations agricoles). Les volailles et les porcs constituent les espèces les plus représentées. Le **tableau 1** indique la distribution des sérotypes dans les différentes sources.

Sérovar	Animaux	Alliments pour animaux	Aliments	Environnement	Inconnu	Eau	Total	%
Var. monophasique de <i>S. Typhimurium</i>	237	266	2	27	3	2	537	15,05
Typhimurium	199	92	3	6	10	5	315	8,83
Derby	95	166	2	5	0	2	270	7,57
Livingstone	144	19	15	8	2	1	189	5,30
Infantis	59	53	1	7	0	0	120	3,36
Rissen	37	71	3	1	0	1	113	3,17
Thompson	90	13	2	5	1	0	111	3,11
Enteritidis	59	11	0	19	2	0	91	2,55
Agona	43	6	32	6	2	1	90	2,52
Mbandaka	57	4	16	3	5	0	85	2,38
Bredeney	51	27	2	2	1	0	83	2,33
Kentucky	71	7	0	5	0	0	83	2,33
Hadar	35	23	0	1	0	4	63	1,77
Veneziana	52	5	0	1	0	5	63	1,77
Muenchen	27	23	0	9	0	1	60	1,68
London	31	23	1	1	2	0	58	1,63
Braenderup	48	3	1	2	2	1	57	1,60
Coeln	52	3	0	2	0	0	57	1,60
Newport	32	19	2	1	0	2	56	1,57
Choleraesuis	45	3	0	0	0	0	48	1,35
Blockley	30	11	1	0	5	0	47	1,32
Saintpaul	16	21	0	1	0	0	38	1,07
Give	10	16	0	3	0	1	30	0,84
Anatum	14	11	3	1	0	0	29	0,81
Autre sérovar	349	143	60	27	14	18	611	17,13
Autre	200	43	9	6	1	4	263	7,37
Total	2083	1082	155	149	50	48	3567	100,00

La surveillance est un outil essentiel du mécanisme d'élaboration des politiques publiques, car elle fournit les preuves nécessaires au ciblage des interventions destinées à améliorer la sécurité sanitaire des eaux et des aliments et, en définitive, réduire le « burden » (ou poids) des maladies. La

surveillance par les laboratoires, dont le réseau Enter Vet est un exemple, n'est qu'une pièce de ce puzzle, dont les chances de réussite en matière d'identification des sources de maladie, et donc, de mise en œuvre de mesures préventives efficaces, dépendent du degré d'intégration au sein du système.



## Réseaux

### Bibliographie

1. Barco, L., Barrucci, F., Olsen, J.E., Ricci, A. 2013. *Salmonella* source attribution based on microbial subtyping. *Int J Food Microbiol*, 163: 193-203.
2. EFSA (European Food Safety Authority) and ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), 2014. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2012. *EFSA Journal*, 12: 3547, 312 pp.
3. Galanis, E., Parmley, J., DeWith, N., British Columbia integrated surveillance of foodborne pathogens working group. 2012. Integrated surveillance of *Salmonella* along the food chain using existing data and resources in British Columbia, Canada. *Food Res Int*, 45:795-801.
4. Hald, T., Vose, D., Wegener, H.C., Koupeev, T. 2004. A Bayesian approach to quantify the contribution of animal-food sources to human salmonellosis. *Risk Anal* 24: 255-269.
5. Wagenaar, J.A., Hendriksen, R.S., Carrique-Mas, J. 2013. Practical considerations of surveillance of *Salmonella* serovars other than Enteritidis and Typhimurium. *Rev Sci Tech OIE*, 32: 509-519.
6. Parmley, E. J., Pintar, K., Majowicz, S., Avery, B., Cook, A., Jokinen, C., Gannon, V., Lapen, D. R., Topp, E., Edge T.A., Gilmour, M., Pollari, F., Reid-Smith, R., and Irwin, R. 2013. A Canadian application of one health: integration of *Salmonella* data from various Canadian surveillance programs (2005–2010). *Foodborne Pathog Dis*, 10: 747-756.
7. Pires, S.M., Evers, E.G., van Pelt, W., Ayers, T., Scallan, E., Angulo, F.J., Havelaar, A., Hald, T. Med-Vet-Net Workpackage 28 Working Group. 2009. Attributing the human disease burden of foodborne infections to specific sources. *Foodborne Pathog Dis*, 6: 417-424.