



## Réseaux

### Constitution d'une base de données européenne pour le typage moléculaire des souches alimentaires, environnementales et vétérinaires de *Listeria monocytogenes*

Benjamin Félix<sup>1</sup> (benjamin.felix@anses.fr), Corinne Danan<sup>1</sup>, Pia Makela<sup>2</sup>, Ivo Van Walle<sup>3</sup>, Renaud Lailler<sup>1</sup>, Thomas Texier<sup>4</sup>, Bertrand Lombard<sup>1</sup>, Anne Brisabois<sup>1</sup>, Sophie Roussel<sup>1</sup>

1. Université Paris-Est, Anses, Laboratoire de sécurité des aliments, laboratoire de référence de l'Union européenne pour *Listeria monocytogenes*, Maisons-Alfort, France.
2. EFSA, Biological Monitoring Unit, Autorité européenne de sécurité des aliments, Parme, Italie.
3. ECDC, Centre européen pour la prévention et le contrôle des maladies, Programme sur les zoonoses et les maladies transmises par l'eau et les aliments, Tomtebodavägen Stockholm, Suède.
4. Université Paris-Est, Anses, Service informatique, Maisons-Alfort, France.

**Mots-clés :** PFGE, harmonisation, base de données de typage, surveillance, chaîne alimentaire.

#### Résumé

Le laboratoire de référence de l'Union européenne (LRUE) pour *Listeria monocytogenes* (*Lm*) collabore avec un réseau de trente-cinq laboratoires nationaux de référence (LNR) en Europe. Ces LNR sont chargés du typage des souches de *Lm* présentes dans les denrées alimentaires, les aliments pour animaux, ainsi qu'au niveau vétérinaire. La mise en commun des compétences des LNR, pour un typage normalisé, a abouti à la création récente d'une base de données moléculaires centralisée. Les données (résultats de typages et données épidémiologiques) sont fournies par chaque LNR et partagées au sein du réseau. Cette base de données, ainsi que d'autres bases de données sur des souches humaines, fera partie intégrante du système européen de surveillance, dans le but d'améliorer la traçabilité des souches de *Lm* en circulation en Europe.

#### Introduction

Dans plusieurs pays européens, après une longue période de diminution du nombre de cas humains, l'incidence de la listériose a augmenté au cours des dix dernières années (EFSA-ECDC, 2012; Goulet *et al*, 2008). La listériose, maladie provoquée par l'ingestion de *Listeria monocytogenes* (*Lm*), a été signalée dans 26 États membres (EM) de l'Union européenne (UE) en 2012 (EFSA-ECDC, 2012).

Le typage moléculaire des bactéries transmises par les aliments constitue un outil essentiel pour l'atteinte de différents objectifs de surveillance, à savoir : (1) le suivi de la dissémination des clones et des souches ; (2) la mise à disposition d'un outil indispensable aux études épidémiologiques et à la détection précoce de foyers disséminés aux niveaux national et international ; et (3) la prédiction du potentiel épidémique. Pour le typage de *Lm*, l'électrophorèse en champ pulsé (*Pulsed-Field Gel Electrophoresis*, PFGE) est actuellement la technique de référence. L'identification d'un profil PFGE compatible avec celui d'une souche humaine, pour une souche isolée dans un aliment, ne signifie pas nécessairement que cet aliment est à l'origine de la contamination. Cela peut simplement indiquer que cette souche est en circulation. Toutefois, la détection d'un profil de souche humaine dans un aliment devrait améliorer la rapidité et la précision avec laquelle les foyers sont détectés. Il convient d'interpréter les profils PFGE au regard des données épidémiologiques pour se prononcer sur l'attribution des cas. Il

s'agit de recueillir le plus de preuves scientifiques possible pour permettre aux décideurs de statuer sur le retrait de la vente ou le rappel d'un produit.

L'intérêt suscité, depuis quelques années, par le développement d'un réseau européen de surveillance pour la listériose a entraîné le renforcement des activités de surveillance dans plusieurs pays et, plus globalement, une sensibilisation au problème de santé publique posé par *Lm*. Le réseau de surveillance PulseNet Europe a cessé ses activités en 2006 en raison d'un manque de financements (Swaminathan *et al*, 2006). Néanmoins, depuis lors, plusieurs réseaux efficaces ont été mis en place et collaborent étroitement pour améliorer l'échange des données et les analyses moléculaires.

Le laboratoire de sécurité des aliments de Maisons-Alfort de l'ANSES a été désigné comme Laboratoire de référence de l'Union européenne (LRUE) pour *Lm* (<http://www.ansespro.fr/eurl-listeria/>) par la Direction générale de la santé et de la protection des consommateurs (DG SANCO) de la Commission européenne (CE). Il coordonne un réseau de trente-cinq laboratoires nationaux de référence (LNR) situés dans vingt-neuf EM et en Norvège. La plupart de ces LNR sont chargés du typage de souches de *Lm* d'origine alimentaire, environnementale ou vétérinaire, isolées au niveau national. Sur trente-cinq LNR, six sont responsables du typage des souches cliniques.

Chaque année, l'Autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA) recueille, auprès des EM, des informations sur les aliments et les animaux ainsi que sur les foyers de contamination d'origine alimentaire. Pour cela, l'EFSA a créé un groupe de travail sur la collecte des informations relatives aux zoonoses, auquel participent des membres de tous les EM, des pays de l'espace économique européen (EEE), de la Suisse, de la DG SANCO et du Centre européen pour la prévention et le contrôle des maladies (ECDC). Pour la collecte de ces données, l'EFSA a développé une application de déclaration en ligne ainsi qu'une structure de collecte de données plus automatisée. L'ECDC coordonne un réseau d'instituts nationaux de veille sanitaire et de laboratoires nationaux de santé publique (LNSP) qui sont notamment chargés du typage de souches de *Lm* isolées dans des cas cliniques nationaux. L'ECDC a également créé la base de données moléculaires de surveillance TESSy (*The European Surveillance System*) (van Walle, 2013), dont l'objectif est de



## Réseaux

permettre le partage instantané de données d'épidémiologie moléculaire et de données de PFGE obtenues à partir de souches isolées dans des cas humains, et l'identification rapide de foyers à l'échelle européenne.

Au niveau européen, hormis TESSy, aucune base de données moléculaires ne permettait de centraliser et de partager les données moléculaires obtenues à partir de souches alimentaires. Pour cette raison le LRUE a récemment créé une base de données pour *Lm* qui intègre les résultats de typage et les données épidémiologiques obtenus à partir de souches isolées dans des échantillons alimentaires, environnementaux ou vétérinaires. Désignée par l'abréviation anglaise « EURL *Lm* DB », cette base de données est partagée par le réseau de LNR. Elle a pour but de compiler des ensembles de données les plus complets possible sur le typage et l'épidémiologie de *Lm* afin de décrire la chaîne alimentaire européenne. Cet article présentera, dans une première partie, les activités de typage du LRUE qui ont conduit à la création de la base de données moléculaires du LRUE *Lm*; dans une deuxième partie, il décrira les différentes étapes nécessaires à la constitution de cette base de données; il présentera enfin un exemple d'utilisation de cette base de données.

### Mise en commun des compétences des LNR pour normaliser le typage de *Lm*

Le LRUE a mis au point des techniques de PFGE et de sérotypage de *Lm* normalisées qui sont partagées par tous les LNR du réseau (Félix *et al*, 2012b). La technique de PFGE du LRUE a récemment été comparée à la méthode utilisée par le réseau PulseNet USA. Les différences observées au niveau des résultats de ces deux techniques se sont révélées presque imperceptibles (Félix, communication personnelle). Le LRUE a élaboré un mode opératoire normalisé (MON) sur l'interprétation des profils PFGE (Félix *et al*, 2012a), qui réduit la subjectivité liée à l'opérateur. Depuis six ans, le LRUE propose aussi des formations régulières sur le typage, des ateliers annuels et a organisé, pour les LNR, trois essais interlaboratoires d'aptitude (EILA) au typage par PFGE (Félix *et al*, 2012b; Félix *et al*, 2013). Le dernier EILA organisé par le LRUE et l'ECDC portait sur la technique de PFGE et l'interprétation des profils selon le MON développé par le LRUE (Félix *et al*, 2012a). Sur vingt-huit laboratoires participants, seize dont dix LNR et six LNSP ont été jugés compétents pour le typage de *Lm* par PFGE. Cet EILA a constitué une occasion intéressante de favoriser et de stimuler les échanges de profils PFGE reproductibles entre laboratoires de référence, pour les souches humaines et alimentaires (Félix *et al*, 2013). Toutes ces activités (1) stimulent les LNR pour le typage, (2) consolident et réunissent les compétences des LNR en matière de typage et (3) harmonisent les techniques de typage de *Lm* en Europe.

### Constitution de la base de données sur *Lm* du LRUE

#### Support technique

La base de données moléculaires du LRUE *Lm* est hébergée par le LRUE. Une plate-forme de gestion de réseau dédiée à l'échange de données sur le typage moléculaire de *Lm* a été mise en place (<https://moleculartyping-db.anses.fr/EUListNet>). La mise en réseau en ligne est gérée par un serveur Web (BioNumerics (BN) Server Web Edition, version 6.1, Applied Maths, Sint-Martens-Latem, Belgique). Le réseau repose sur des communications de machine à machine par

Internet, permettant le partage des bases de données des LNR avec la base de données moléculaires du LRUE *Lm*. La base de données moléculaires du LRUE *Lm* a été élaborée à partir de protocoles et de scripts de communication modifiés de PulseNet USA, avec l'accord du centre américain pour le contrôle et la prévention des maladies (U.S. Center for Disease Control and Prevention, CDC). Parmi les modifications apportées, on retiendra l'utilisation de la dernière version de la Web Edition de BN Server, facilitant l'échange de données par des protocoles utilisant Internet. Les différentes fonctions incluses dans la base de données sont décrites sur la **figure 1**.

#### Organisation

Le comité de pilotage (CoPil) de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* est composé d'un nombre égal de représentants de huit LNR participants ainsi que de l'ECDC, de l'EFSA et du LRUE (administrateur et curateur de la base de données moléculaires du LRUE *Lm*).

Le numéro d'enregistrement de chaque souche est généré de façon aléatoire par le BN Server au moment de l'envoi des données (code d'identification unique constitué de trente-trois caractères alphabétiques) et sert d'identifiant dans la base de données centrale. Les souches sont identifiées par deux autres champs d'informations. Le premier fournit l'identité du laboratoire ayant envoyé les données sous la forme suivante : XXYY. Ce code est constitué de deux caractères (XX) pour l'identité nationale du LNR (par exemple, « IT » est le code ISO 3166 1 alpha 2 utilisé pour l'Italie); les deux caractères suivants (YY) indiquent le numéro national du laboratoire (par exemple, « 01 » est le code du premier laboratoire italien ayant participé au projet de base de données moléculaires du LRUE *Lm*). Le deuxième champ d'informations est le numéro de souche initialement attribué par le laboratoire. Afin de garantir l'anonymat du propriétaire des données, les utilisateurs auront uniquement accès à la clé aléatoire anonyme.

La nomenclature des pulsotypes est établie selon le format de pulsotype de PulseNet USA (Gerner-Smidt *et al*, 2006). Les pulsotypes reçoivent l'étiquette « EU ». Par exemple, pour un profil Ascl « GX6A16.0001.EU », « GX6 » signifie *Lm*, « A16 » fait référence à l'enzyme de restriction Ascl, « 0001 » est le numéro du pulsotype et « EU » l'étiquette européenne. Chaque pulsotype est associé à des informations sur sa fréquence dans l'ensemble de la base de données.

#### Classification épidémiologique

Les données épidémiologiques sont enregistrées selon une classification épidémiologique détaillée (**figure 2**), constituée de plusieurs champs consécutifs associés à des listes de choix prédéfinies dans le logiciel. La structure de cette classification épidémiologique repose sur l'ensemble de données requis par le système de déclaration épidémiologique de l'EFSA (EFSA, 2012). Cependant, pour simplifier le processus de déclaration, les données épidémiologiques contenues dans la base de données moléculaires du LRUE *Lm* se limitent à la classification des aliments généralement utilisée pour l'évaluation des risques liés à *Lm*.

#### Gestion des données

Le LRUE est le conservateur et l'administrateur de la base de données moléculaires du LRUE *Lm*. L'administrateur gère les connexions des participants (identifiants et mots de passe) ainsi que les scripts de communication; il est en outre responsable de la maintenance de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* (**figure 1**).



## Réseaux

Le curateur est quant à lui responsable de la validation de chaque nouveau profil enregistré. Le conservateur peut directement modifier les paramètres de traitement des images de gel ainsi que les profils. Chaque profil est analysé et identifié selon la méthode d'interprétation des profils PFGE du LRUE, au moyen d'un système d'interprétation structuré en groupes d'identification. Les compétences techniques du curateur, en matière d'interprétation des gels PFGE, sont régulièrement mises à jour dans le cadre d'un processus d'évaluation interne qui détermine l'épreuve d'aptitude aux fonctions de curateurs. Après traitement, le conservateur note les profils comme suit : « confirmé » ou « non satisfaisant ».

Toutes les modifications apportées par le curateur sont tracées dans la base de données moléculaires du LRUE *Lm* et visibles pour les utilisateurs. Ces modifications sont automatiquement appliquées dans la base de données locale du LNR. Le processus d'actualisation est automatique et peut être exécuté à tout moment par le LNR. Les fonctions de script permettent à chaque LNR de générer un rapport sur sa propre base de données, dressant la liste de toutes les modifications apportées par le conservateur sur un profil donné.

### Participants

Les critères de participation au projet de base de données moléculaires du LRUE *Lm* sont les suivants : (1) réussite du dernier EILA du LRUE sur la technique de PFGE et l'interprétation des profils PFGE ; et (2) possession d'un logiciel d'analyse de données de PFGE (BioNumerics, version 6.6 ou supérieure) équipé d'un script de communication BN Server spécifique.

Les participants doivent respecter le protocole d'accord qui régit l'utilisation de la base de données moléculaires du LRUE *Lm*. Le premier article de ce protocole stipule qu'en enregistrant des données, tous les participants acceptent la divulgation de ces données aux autres LNR participants ainsi qu'au LRUE. Il précise en outre que les LNR contribuent volontairement à la constitution de la base de données et qu'ils sont responsables du contenu des données qu'ils enregistrent. Les LNR restent propriétaires de leurs propres données et sont libres de publier leurs propres profils PFGE, même lorsque ceux-ci ont été enregistrés dans la base de données moléculaires du LRUE *Lm*. Le protocole d'accord stipule également que la divulgation de données contenues dans la base de données moléculaires du LRUE *Lm*, par les LNR ou par le LRUE, doit faire l'objet d'une convention écrite entre les parties prenantes. Seules sont autorisées dans cette base de données les citations qui ne divulguent aucune donnée spécifique autre que celles détenues par le divulgateur. Le protocole d'accord définit par ailleurs les itinéraires des informations en cas de demande de consultation de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* par la DG SANCO, les EM ou des organismes extérieurs. Enfin, le protocole stipule que les LNR qui respectent le protocole d'accord peuvent consulter la base de données moléculaires du LRUE *Lm* sans aucune restriction.

Les LNR sont formés à l'utilisation de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* au moyen de séances de formation individuelles organisées au LRUE, sur site, par téléphone ou par vidéo. De plus, chaque LNR bénéficie d'une assistance et d'un suivi techniques personnalisés de la part du LRUE.

### Consultation et enregistrement des données (figures 1 et 2)

#### Enregistrement de données dans la base de données centrale

Les données enregistrées sont des profils PFGE, des données relatives au sérotype (moléculaire ou classique) ou des données épidémiologiques (voir figure 2). Pour les données de PFGE, les participants doivent enregistrer les profils *Apal* et *Ascl* en même temps.

#### Consultation de données dans la base de données centrale

Les utilisateurs peuvent consulter la base de données moléculaires du LRUE *Lm* de deux façons différentes : (1) en mettant leur propre profil en correspondance avec des entrées existant dans la base de données centrale ; ou (2) en interrogeant la base à partir de données épidémiologiques ou de données de typage. Dans les deux cas, les profils obtenus en consultant la base de données peuvent être téléchargés de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* vers la base de données locale de l'utilisateur. Les profils ainsi téléchargés sont disponibles dans la base de données locale, pour des analyses statistiques et des comparaisons, jusqu'à la fermeture de la session active du logiciel de consultation.

#### Avantages de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* pour les LNR

Les LNR peuvent utiliser la base de données moléculaires du LRUE *Lm* pour interpréter un profil PFGE présent dans leur propre base de données. Tous les profils PFGE disponibles dans la base de données moléculaires du LRUE *Lm* peuvent être comparés aux profils locaux des LNR. La base de données moléculaires du LRUE *Lm* peut ainsi être considérée comme un outil d'interprétation de leur profils PFGE utilisable en routine par les LNR. L'utilisation de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* favorise l'harmonisation des profils PFGE dans les bases de données locales des LNR.

Pour un profil PFGE donné, le LNR a accès aux informations suivantes dans la base de données moléculaires du LRUE *Lm* : (1) sérotype, (2) matrice alimentaire, (3) date du prélèvement et (4) fréquence d'apparition du profil dans la base de données moléculaires du LRUE *Lm*. L'utilisation de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* permet ainsi aux LNR de recueillir des informations utiles pour mener des études épidémiologiques en cas d'épidémie.

Cette base de données pourrait également contenir des données obtenues par d'autres techniques de typage, comme le typage par séquençage multilocus (*Multi-Locus Sequence Typing*, MLST), l'analyse multilocus du nombre variable de répétitions en tandem (*Multi-Locus Variable Number Tandem Repeats Analysis*, MLVA) ou le séquençage de génomes complets. Une comparaison des données obtenues par ces techniques à celles obtenues par PFGE et par sérotypage permettrait de déterminer leur congruence ainsi que la structure des groupes de profils.

#### Exemple d'utilisation de la base de données moléculaires du LRUE *Lm*

L'EFSA a mis en place un programme de surveillance (enquête de référence) de la prévalence de *Lm* dans certaines catégories d'aliments prêts à manger (décision 2010/678/UE), en 2010 et 2011, au sein des EM de l'UE. Cette enquête devrait permettre de comparer la contamination par *Lm* des aliments prêts à





## Réseaux

consommer, au sein de la Communauté et des EM, et de vérifier les critères de sécurité alimentaire de la Communauté pour *Lm*. L'ECDC et le LR UE pour *Lm* ont lancé, en collaboration avec l'EFSA et avec l'accord de la CE et des EM de l'UE, un projet commun visant à comparer les profils PFGE de souches alimentaires isolées dans le cadre du programme européen de surveillance coordonnée à ceux de souches isolées dans des cas de listériose humaine pendant la même période. À l'ECDC, le projet européen ELITE (European *Listeria* Typing Exercise) concerne le typage par PFGE des souches de *Listeria* humaines qui ont été isolées et conservées par les LNSP en 2010 et 2011. Le LRUE pour *Lm* coordonne quant à lui le typage par PFGE des souches recueillies par les LNR et isolées dans certaines catégories d'aliments prêts à consommer vendus au détail dans les EM de l'UE en 2010 et 2011. Les LNR, qui ont été formés par le LRUE et qui ont démontré leurs compétences en participant aux EILA organisés par le LRUE, typent ces souches isolées au niveau national selon des techniques de sérotypage et de PFGE. Pour sa part, le LRUE type des souches issues d'autres pays. Une comparaison des données de typage des souches humaines et alimentaires permet de mieux évaluer le rôle joué par certains aliments en tant que sources de listériose humaine. Dans le cadre de l'enquête de référence européenne, neuf LNR utilisent actuellement la base de données moléculaires du LRUE *Lm* pour enregistrer et partager les profils PFGE de souches isolées dans certains aliments prêts à manger au niveau national. Le LRUE contribue également à l'enrichissement de la base de données moléculaires du LRUE *Lm*, en y enregistrant les données épidémiologiques et les données de typage relatives aux souches transmises par les LNR de 16 autres pays. L'étroite collaboration qui existe entre l'ECDC et le LRUE devrait favoriser l'échange et la comparaison des données de typage, dans le cadre du projet ELITE de l'ECDC. L'ECDC, le LRUE pour *Lm* et l'EFSA discutent actuellement du MON et de la nomenclature des profils PFGE utilisés dans le cadre du projet ELITE et de l'étude pilote TESSy, en tenant compte de ceux utilisés pour la base de données moléculaires du LRUE *Lm*.

### Conclusions et perspectives

L'utilisation de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* devrait inciter chaque pays à renforcer sa surveillance des infections à *Lm* à l'échelle nationale, en facilitant la mise en œuvre et la généralisation des bases de données de typage nationales. Les fonctions de la base de données moléculaires du LRUE *Lm* liées aux activités de conservation favorisent l'harmonisation des profils PFGE et des données épidémiologiques circulant dans le réseau de bases de données des LNR et du LRUE. La base de données moléculaires du LRUE *Lm* devrait être utilisée conjointement avec des bases de données sur des souches humaines, par des microbiologistes et des épidémiologistes. Alliée à des études épidémiologiques collaboratives, la base de données moléculaires du LRUE *Lm* devrait améliorer la surveillance de *Lm* dans la chaîne alimentaire (1) en renforçant la détection des foyers de contamination au niveau européen, voire au-delà des frontières européennes, (2) en optimisant la détection des souches de *Lm* émergentes potentiellement pathogènes pour les consommateurs, (3) en favorisant la communication entre les LNR, le LRUE, l'EFSA et l'ECDC et (4) en suggérant des liens avec des sources de contamination potentielles.

### Remerciements

Ces travaux ont été menés dans le cadre des activités du laboratoire de référence de l'Union européenne pour *Listeria monocytogenes* et ont été partiellement financés par une bourse de la Direction générale de la santé et de la protection des consommateurs (DG SANCO) de la CE. Nous tenons à remercier l'ECDC et l'EFSA pour leur participation à ce projet. Nous souhaiterions également remercier Peter Gerner-Smidt (CDC) et Eva Moller-Nielsen (*Staten Serum Institut*) d'avoir accepté de nous communiquer des protocoles et des scripts PulseNet personnalisés. Nous remercions enfin le groupe d'étude constitué de membres du comité de pilotage et de tous les LNR européens concernés via la consultation du réseau. Nous tenons également à remercier l'équipe de Peter Gerner-Smidt (CDC) et Brenda Brown pour leurs conseils avisés sur la rédaction de cet article.

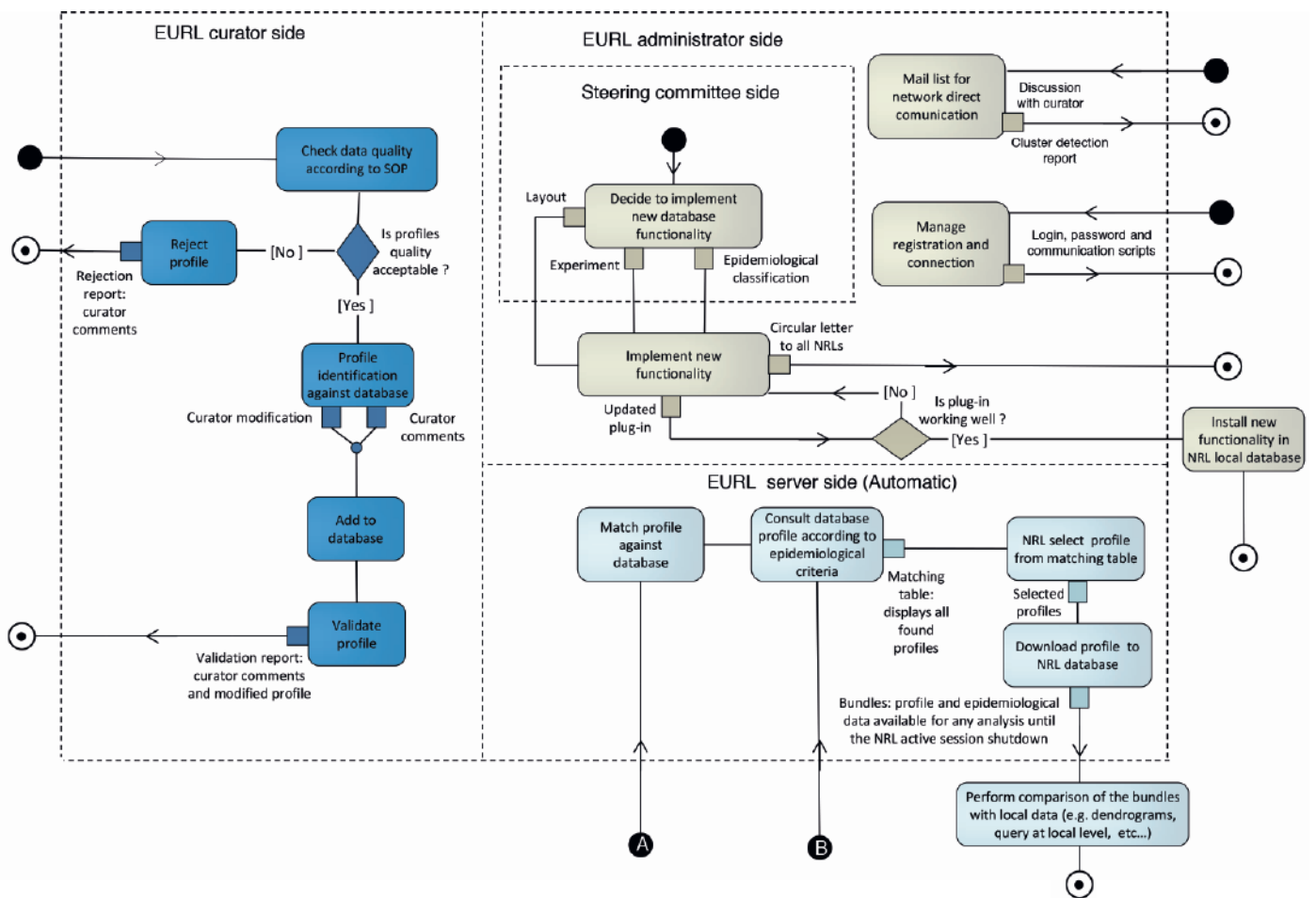
### Bibliographie

- ECDC [http://ecdc.europa.eu/en/activities/surveillance/strategies\\_principles/Pages/case\\_definitions.aspx](http://ecdc.europa.eu/en/activities/surveillance/strategies_principles/Pages/case_definitions.aspx)
- EFSA-ECDC (2010) The Community Summary Report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in the European Union in 2008. *EFSA Journal* 2010 8(1):1496-137-165
- EFSA-ECDC (2012) The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2010. *EFSA Journal* 2012;10(3):2597: 133-160
- EFSA. (2012) Manual for reporting of food-borne outbreaks in accordance with Directive 2003/99/EC from the year 2011.
- Félix B, Brisabois A, Dao TT, Lombard B, Asséré A, Roussel S (2012a) The use of Pulsed Field Gel Electrophoresis in *Listeria monocytogenes* sub-typing : harmonization at the European Union level. In *Gel Electrophoresis : Principles and Basics*, INTECH (ed), Vol. 1, Dr. Sameh Magdeldin edn, 14, pp 241-254. Niigata University, Japan
- Félix B, Dao TT, Grout J, Lombard B, Assere A, Brisabois A, Roussel S (2012b) Pulsed-Field Gel Electrophoresis, Conventional, and Molecular Serotyping of *Listeria monocytogenes* from Food Proficiency Testing Trials Toward an Harmonization of Subtyping at European Level. *Foodborne Pathog Dis* 9: 719-726
- Félix B, Vingadassalon N, Dao TT, Asséré A, Lombard B, Brisabois A, Roussel S (2013) PFGE Proficiency Testing Trials: toward an harmonization of typing of *Listeria monocytogenes* food and clinical strains at European Level. *Foodborne Pathog Dis* In press
- Gerner-Smidt P, Hise K, Kincaid J, Hunter S, Rolando S, Hyytia-Trees E, Ribot EM, Swaminathan B (2006) PulseNet USA: a five-year update. *Foodborne Pathog Dis* 3: 9-19
- Goulet V, Hedberg C, Le Monnier A, de Valk H (2008) Increasing incidence of listeriosis in France and other European countries. *Emerg Infect Dis* 14: 734-740
- Graves LM, Swaminathan B (2001) PulseNet standardized protocol for subtyping *Listeria monocytogenes* by macrorestriction and pulsed-field gel electrophoresis. *Int J Food Microbiol* 65: 55-62
- Swaminathan B, Gerner-Smidt P, Ng LK, Lukinmaa S, Kam KM, Rolando S, Gutierrez EP, Binsztein N (2006) Building PulseNet International: an interconnected system of laboratory networks to facilitate timely public health recognition and response to foodborne disease outbreaks and emerging foodborne diseases. *Foodborne Pathog Dis* 3: 36-50
- van Walle I (2013) ECDC starts pilot phase for collection of molecular typing data. *Euro Surveill* 18 (3)



## Réseaux

Figure 1. Représentation schématique du traitement des données dans la base de données sur *Lm* du LRUE, pour les tâches suivantes : administration (bleu) ; consultation automatique de la base de données (bleu clair) ; et enregistrement de données (bleu foncé). Les ronds noirs symbolisent le début d'un processus ; les ronds contenant un point symbolisent la fin d'un processus. Le rond noir contenant la lettre A représente l'interrogation de la base de données à partir de profils moléculaires ; le rond noir contenant la lettre B représente l'interrogation de la base de données à partir de données épidémiologiques, y compris des données de sérotypage.



Sommaire

Point de vue

Méthodes

Focus

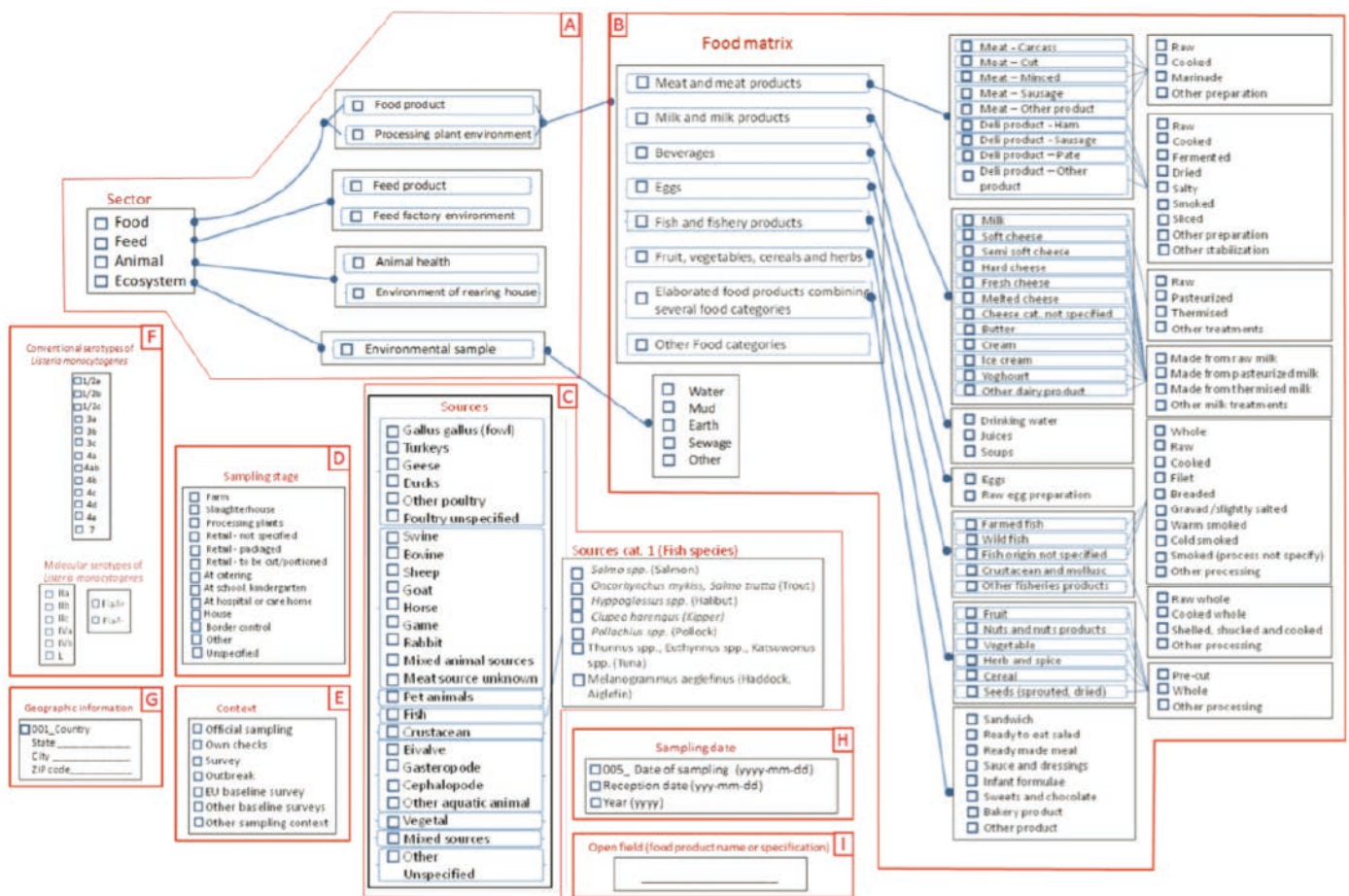
Réseaux

Agenda



## Réseaux

Figure 2. Description des échantillons enregistrés dans la base de données sur *Lm* du LRUE, selon sept blocs d'informations principaux (A, B, C, D, E, F, G, H, I). Le bloc A décrit l'échantillon (produit alimentaire, nourriture pour animaux, animal ou environnement) ; il est subdivisé en différentes sous-catégories qui décrivent le lieu et la technique de prélèvement de l'échantillon. Le bloc B décrit la matrice alimentaire ; il comprend les huit premières grandes catégories de produits alimentaires (viande et produits à base de viande, produits à base de poisson, produits alimentaires élaborés combinant plusieurs catégories d'aliments, autres produits alimentaires, etc.), puis des informations précises décrivant en détail le produit et sa transformation. Le bloc C décrit le type de sources alimentaires qui composent le produit. Le bloc D indique à quel niveau de la chaîne alimentaire l'échantillon a été prélevé (de la production primaire à la vente)



Cahier numéro 12

Été 2014