

# Diversité des *Yersinia enterocolitica* dans les abattoirs de porcs français

Pierre RAYMOND (1), Annie LABBE (1), Marc FONDREVEZ (1), Catherine HOUDAYER (1), Martine DENIS (1), Emilie ESNAULT (1)

Anses, Unité Hygiène et Qualité des Produits Avicoles et Porcins, Université Bretagne Loire, BP 53, 22440 Ploufragan, France

pierre.raymond@anses.fr

## Diversity of *Yersinia enterocolitica* in French slaughterhouses

Yersiniosis is a human disease mainly due to the ingestion of raw or undercooked pork contaminated with *Yersinia* and mostly with the species *Yersinia enterocolitica*. As 74.3% of pig batches at slaughterhouses in France carry *Y. enterocolitica*, it is important to study the diversity of these strains in order to better understand the risk they represent for humans. A survey carried out in 2009 on one slaughterhouse (A1) and in 2010-2011 on 16 slaughterhouses (A1-A16) established a collection of strains of *Y. enterocolitica* representative of the pig strains found in France.

Among these strains, 316 strains isolated in 2009 from slaughterhouse A1 and 64 strains isolated in 2010 from slaughterhouses A1 and A2 were biotyped and genetically characterized for their virulence genes and *Xba*I-PFGE profile. The chromosomal virulence gene coding for an adhesin (*ail*), an enterotoxin (*ystA*) and fimbriae (*myfA*) and the presence of the virulence plasmid (pYV) were detected by PCR. PFGE profiles of the strains were determined with the restriction enzyme *Xba*I.

Biotype 4, responsible for the majority of human clinical cases, represented 89.5% of the strains and biotype 3 only 8.5%. Twelve PFGE profiles were identified with one common to both survey years and to the two slaughterhouses. However, seven new PFGE profiles appeared in 2010 and four observed in 2009 were absent in 2010. Among the 380 strains, 88.1% had all the virulence genes tested. This virulence profile was detected for the two biotypes. Some strains (11.8%) did not have the plasmid.

Our study revealed that the population of *Y. enterocolitica* in pig can change over time and that the strains have the capacity to infect humans.

## INTRODUCTION

En 2014, le nombre de yersiniozes humaines signalées en Europe était de 8 792 cas pour 100 000 habitants, plaçant l'agent zoonotique *Yersinia* à la 3ème place des cas d'entérites humaines, derrière *Campylobacter* et *Salmonella* (EFSA, 2015). *Yersinia enterocolitica* est l'espèce la plus retrouvée dans les cas humains et est isolée dans 93,8% des cas confirmés. Récemment Van Cauteren (2016) a estimé à plus de 26 000 cas le nombre de yersiniozes par an en France. L'espèce est divisée en 6 biotypes : le biotype 1A généralement considéré comme non pathogène, et les biotypes pathogènes, 1B, 2, 3, 4, et 5 (Wauters *et al.*, 1987).

En France et dans d'autres pays, le biotype 4 (BT4) est le plus prévalent chez les humains (69%), suivi du biotype 2 (30%) et du biotype 3 (BT3) (Savin et Carniel, 2008). Les porcs sont reconnus comme réservoir à *Yersinia enterocolitica* ; ils sont porteurs sains et hébergent *Yersinia enterocolitica* dans la cavité bucale, plus particulièrement sur la langue et les amygdales, et ils excrètent les germes dans leurs selles (Nesbakken *et al.*, 2003). Une enquête réalisée dans 16 abattoirs français sur un an entre 2010 et 2011 a révélé que 74,3% des lots de porcs portaient la bactérie au niveau des amygdales.

Pour mieux apprécier le risque que ces souches représentent vis à vis de l'homme, il est très important de caractériser ces souches porcines sur la base de leur biotype, de leurs gènes de virulence et de leur profil PFGE (Pulsed-field gel

electrophoresis). Notre étude se propose de décrire la population de *Y. enterocolitica* isolée sur deux années successives dans un abattoir et de la comparer à celle isolée d'un autre abattoir.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Collections de souches porcines

Toutes les souches (380) ont été isolées après écouvillonnage d'amygdales de porc réalisé à l'abattoir ; 316 souches dans l'abattoir A1 en 2009 (Fondrevez *et al.*, 2010), 33 souches dans le même abattoir A1 sur la période 2010-2011 (Fondrevez *et al.*, 2014) et 31 souches dans l'abattoir A2 sur la période 2010-2011 (Fondrevez *et al.*, 2014).

### 1.2. Caractérisation des souches

La détermination du biotype a été réalisée selon les tests décrits dans la norme ISO 10273. Les souches ont été ensuite génotypées par PFGE en utilisant l'enzyme *Xba*I selon le protocole de Fondrevez *et al.*, (2011). La présence des gènes de virulence chromosomiques *ail*, *myfA*, *ystA* a été recherchée en utilisant les amorces et conditions décrites par Fondrevez *et al.* (2011). La présence du gène plasmidique *virF* a également été étudiée. Les souches ont été considérées comme exemptes du plasmide de virulence (pYV) lorsque les deux gènes plasmidiques *virF* et *yadA* n'ont pu être amplifiés.