



Raymond P. ⁽¹⁾, **Labbé A.**, **Fondrevéz M.**, **Houdayer C.**, **Denis M.**, **Esnault E.** ⁽²⁾

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

(1) pierre.raymond@anses.fr (2) emilie.esnault@anses.fr

INTRODUCTION

Depuis plusieurs années, *Yersinia enterocolitica* est le 3^{ème} agent bactérien responsable d'entérites (EFSA, 2016). Van Cauteren (2016) a estimé à plus de 26 000 cas le nombre de yersiniose par an en France, avec le biotype 4 (BT4) le plus prévalent (69% des souches), suivi du biotype 2 (BT2) (30%) et du biotype 3 (BT3) (Savin and Carniel, 2008). Les porcs sont reconnus comme réservoir à *Yersinia enterocolitica*. Une enquête réalisée dans 16 abattoirs sur un an entre 2010 et 2011 a révélé que 74,3% des lots de porcs en France 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. Notre étude se propose de décrire la population de *Yersinia enterocolitica* isolée sur deux années successives dans un abattoir et de la comparer à celle isolée d'un autre abattoir.

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Collection de souches porcines

Les souches (380) ont été isolées après écouvillonnage d'amygdales de porc réalisé à l'abattoir :

- 316 souches dans l'abattoir A1 en 2009 (Fondrevéz *et al.*, 2010),
- 33 souches dans le même abattoir A1 sur la période 2010-2011 (Fondrevéz *et al.*, 2014)
- et 31 souches dans l'abattoir A2 sur la période 2010-2011 (Fondrevéz *et al.*, 2014).

Caractérisation des souches

Les souches ont été biotypées selon les tests décrits dans la norme ISO 10273 et génotypées par PFGE en utilisant l'enzyme *Xba*I.

La présence des gènes de virulence chromosomiques *ail*, *myfA*, *ystA*, et du gène plasmidique *virF* a été vérifiée en PCR temps réel (kit SyberGreen de Sigma-Aldrich™ ou AccutMelt HRM de Quanta Biosciences) avec les amorces et conditions décrites par Fondrevéz *et al.*, (2011). En absence d'amplification du gène *virF*, l'absence du gène plasmidique *yadA* a été vérifiée.

RESULTATS

Gènes de virulence :

Trois profils de virulence ont été retrouvés (tab.1), avec un profil dominant *ail+* *ystA+* *myfA+* *pYV+* (88,1% des souches). Ce profil est retrouvé chez le BT4 et BT3.

Le plasmide *pYV* est présent chez 88,2% des souches (88,6% en 2009 et 85,9% en 2010).

Une souche n'a pas le gène *ystA*.

Tableau 1 : distribution des souches selon leur profil de virulence . pYV- : absence des 2 gènes *virF* et *yadA*

Biotype	profil de virulence	Abattoir A1 - 2009	Abattoir A1 - 2010	Abattoir A2 - 2010	total
BT4	<i>ail+</i> <i>ystA+</i> <i>myfA+</i> <i>pYV+</i>	240	31	24	295
	<i>ail+</i> <i>ystA+</i> <i>myfA+</i> <i>pYV-</i>	35	2	7	44
	<i>ail+</i> <i>ystA-</i> <i>myfA+</i> <i>pYV-</i>	1	0	0	1
BT3	<i>ail+</i> <i>ystA+</i> <i>myfA+</i> <i>pYV+</i>	40	0	0	40
Total		316	33	31	380

CONCLUSION

Le biotype 4 est le biotype le plus retrouvé en filière porcine comme dans de nombreuses études (Van Damme *et al.*, 2010). La majorité des souches ont le profil *ail+* *ystA+* *myfA+* *pYV+* quel que soit le biotype. Fondrevéz *et al.* (2010) a trouvé que 88,6% des souches de 2009 avaient le plasmide; nous retrouvons ce même pourcentage (85,9%) pour les souches isolées en 2010. Cette absence de plasmide pour certaines souches semble inhérent à la population de *Yersinia enterocolitica* retrouvée chez le porc en France. Nos résultats rejoignent ceux de Kot *et al.* (2010) et révèlent que nos souches ont la capacité à infecter l'homme.

En 2009, La PFGE a révélé un profil identique sur les 2 années et les 2 abattoirs ; ce profil est peut-être fortement associé à la filière porcine française. Notre étude révèle par ailleurs que certains profils PFGE apparaissent et d'autres disparaissent sur les deux années ; la population colonisant le porc semble donc évoluer dans le temps.

Remerciements : Ce travail a été réalisé dans le cadre d'une thèse financée pour la bourse par l'agglomération de Saint-Brieuc et la région Bretagne. Il répond pour une part à un projet financé par FranceAgrimer.

Références : EFSA, (2016). The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2015, EFSA Journal 2016 / Fondrevéz M. *et al.*, (2010) A simplified method for detecting pathogenic *Yersinia enterocolitica* in slaughtered pig tonsils. J Microbiol Methods, 83(2) 244-249 / Fondrevéz, M. *et al.*, (2011) Genetic characterization of *Yersinia enterocolitica* collected from tonsils of slaughtered pigs. Safepork, Maastricht, 19-22 June 2011 / Fondrevéz M., *et al.*, (2014) Prevalence of pathogenic *Yersinia enterocolitica* in slaughter-aged pigs during a one-year survey, 2010-2011. International Journal of Food Microbiology, 174:56-62 / Kot B., *et al.* (2010) Analysis of occurrence of virulence genes among *Yersinia enterocolitica* isolates belonging to different biotypes and serotypes, Pol J Vet Sci, 13(1): 13-19 / Savin C., Carniel E., 2008, Les diarrhées d'origine bactérienne : le cas de *Yersinia enterocolitica*, revue francophone des laboratoires - mars 2008 - n°400 49-58 revue francophone. / Van Damme, I., *et al.* (2010) *Yersinia enterocolitica* in slaughter pig tonsils: enumeration and detection by enrichment versus direct plating culture. Food Microbiol; 27: 158-161. / Van Cauteren D (2016) Estimation de la morbidité des infections d'origine alimentaire en France. Thèse de doctorat en Santé publique – épidémiologie. Ecole doctorale Santé Publique. Paris.

RESULTATS

Biotype :

- 89,5% des souches avec le BT4
- 8,5% des souches avec le BT3

Profil PFGE :

- Au total : 12 profils PFGE pour les 380 souches; avec 5 profils en 2009 (fig. 1) et 8 profils en 2010.
- Profils G9, G11 et G12 commun entre BT4 et BT3
- Profil G2 retrouvé sur les 2 années et les 2 abattoirs (17,1% des souches) (fig. 2).
- Profils G9, G11, G12 et G10 retrouvés uniquement en 2009, avec le profil G11 très représenté (49% des souches 2009).
- Profils G2, G4 et G8 communs entre l'abattoir A1 et A2 en 2010.
- La diversité au sein des abattoirs est très proche (de 0,69 à 0,76).

Fig 1 : les 5 profils PFGE *Xba*I retrouvés en 2009

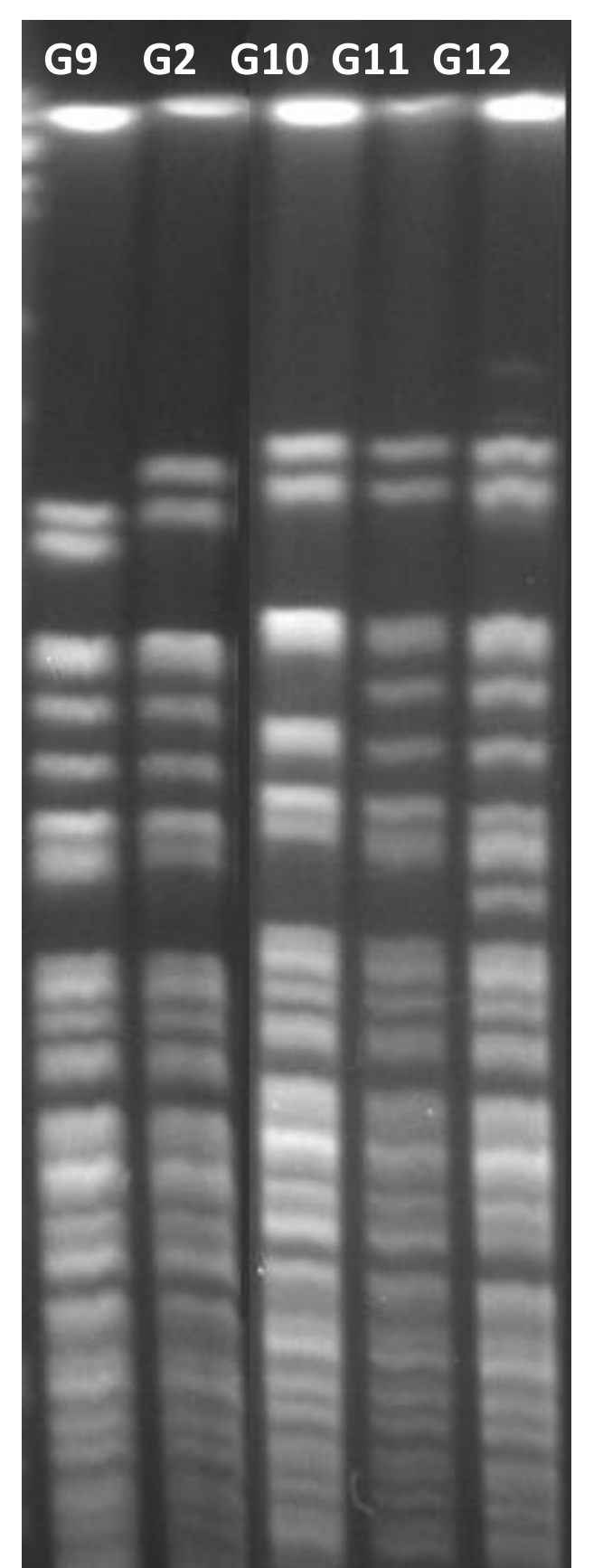


Fig 2 : distribution des profils PFGE sur les 2 années et les 2 abattoirs

