

**La résistance antimicrobienne chez les *E. coli*  
commensaux, *Campylobacter spp.* et *Salmonella spp.*  
isolés des carcasses et de la viande de volaille,  
de bœuf et de porc en 2013**

**Rapport 2013**

Direction opérationnelle  
Maladies transmissibles et infectieuses  
Service scientifique Pathogènes alimentaires

Rue Juliette Wytsman 14  
1050 Bruxelles | Belgique

[www.wiv-isp.be](http://www.wiv-isp.be)



La résistance antimicrobienne chez les *E. coli* commensaux, *Campylobacter spp.* et *Salmonella spp.* isolés des carcasses et de la viande de volaille, de bœuf et de porc. Rapport 2013.

Service Scientifique Pathogènes alimentaires | Octobre 2014 | Bruxelles, Belgique  
Editeur responsable : Dr Johan Peeters, Directeur général | Rue J. Wytsman 14 | 1050 Bruxelles  
N° de référence interne :  
N° de dépôt: D/2014/2505/58

**Auteurs : C. Garcia-Graells, N. Botteldoorn, K. Dierick**



|  |    |
|--|----|
| La résistance antimicrobienne chez les <i>E. coli</i> commensaux, <i>Campylobacter</i> spp. et <i>Salmonella</i> spp. isolés des carcasses et de la viande de volaille, de bœuf et de porc en 2013 ..... | 1  |
| 1. Introduction.....   | 4  |
| 2. Matériel et méthodes .....  | 4  |
| 3. Résultats.....  | 6  |
| 3.1. <i>Campylobacter</i> .....  | 6  |
| 3.1.1. La résistance aux antimicrobiens de <i>Campylobacter</i> isolé de viande de volaille  | 6  |
| 3.1.2. La résistance aux antimicrobiens de <i>Campylobacter</i> isolé de viande de porc ....   | 8  |
| 3.2. <i>Salmonella</i> .....   | 10 |
| 3.2.1. Résistance antimicrobienne chez <i>Salmonella</i> spp. dans la volaille.....  | 11 |
| 3.2.2. Résistance antimicrobienne chez <i>Salmonella</i> spp. dans la viande de porc.....  | 14 |
| 3.2.3. Résistance antimicrobienne chez <i>Salmonella</i> spp. isolées des autres matrices .....  | 17 |
| 3.3. <i>E. coli</i> commensaux producteurs de $\beta$ -lactamases.....   | 17 |
| 3.3.1. Introduction.....   | 17 |
| 3.3.2 <i>E. coli</i> BLSE/AmpC dans la volaille .....  | 17 |
| 3.3.2.1 Dénombrement d' <i>E. coli</i> .....   | 18 |
| 3.3.2.2. Caractérisation génotypique des <i>E. coli</i> producteurs de $\beta$ -lactamase confirmés.....   | 18 |
| 3.3.2.3. Résultats .....   | 18 |
| 3.3.3. <i>E. coli</i> BSLE/AmpC dans la viande bovine et la viande porcine .....   | 20 |
| 3.3.3.1. Détection d' <i>E. coli</i> BLSE dans la viande de porc, la viande de bœuf et la viande de veau.....  | 20 |
| 3.3.3.2. Confirmation d' <i>E. coli</i> BLSE dans la viande de porc, la viande de bœuf et la viande de veau.....   | 21 |
| 4. Références .....  | 22 |
| 5. Liste des tableaux .....  | 22 |
| 6. Liste de figures .....  | 23 |



## 1. Introduction

La résistance aux antimicrobiens (RAM) est la résistance d'un micro-organisme à un médicament antimicrobien auquel il était jusque-là sensible. Il s'agit donc d'une résistance acquise, contrairement à la résistance naturelle de certaines bactéries pour certains agents antimicrobiens.

L'apparition de souches résistantes est un phénomène naturel qui se produit lorsque des micro-organismes se reproduisent de façon erronée ou que des caractéristiques de résistance sont échangées entre certains types de bactéries. L'utilisation des antimicrobiens accélère l'apparition de souches résistantes.

De mauvaises pratiques de traitement des infections, des conditions sanitaires médiocres et des pratiques inappropriées de manipulation des aliments favorisent la propagation de la résistance aux antimicrobiens.

La résistance aux antimicrobiens est un problème grave et croissant dans la médecine humaine et vétérinaire. Elle compromet le traitement efficace d'un nombre croissant d'infections provoquées par des bactéries, des parasites, des virus et des champignons.

Elle donne lieu à l'échec du traitement, augmente la morbidité et la mortalité, à la fois chez les humains et les animaux. Lorsque les infections deviennent résistantes aux médicaments de première intention, des traitements plus coûteux doivent être utilisés. Une plus longue durée de la maladie et du traitement, souvent dans le cadre d'une hospitalisation, accroît également les dépenses de santé et la charge financière pour les familles et la société.

Dans le cadre de son programme mixte FAO/OMS sur les normes alimentaires, il a été souligné que la résistance aux antimicrobiens d'origine alimentaire est une préoccupation majeure pour la santé publique mondiale et la sécurité sanitaire des aliments.

Une bactérie résistante peut se propager par différentes voies. Lorsqu'une résistance aux antimicrobiens apparaît parmi des bactéries zoonotiques présentes chez des animaux ou dans un aliment, elle peut également compromettre le traitement efficace de maladies infectieuses chez l'Homme.

L'UE a fixé les modalités de surveillance concernant la RAM. Les activités de surveillance doivent porter sur les bactéries suivantes : *Salmonella spp.*, *Campylobacter jejuni* et *Campylobacter coli*, *Escherichia coli* commensales indicatrices.

## 2. Matériel et méthodes

L'UE spécifie que la surveillance doit s'assurer à partir d'échantillons biologiques ou d'isolats prélevés dans le cadre de programmes de contrôles nationaux déjà établis. Par conséquent, les isolats de *Salmonella* et *Campylobacter* ont été recueillis dans le cadre de programmes de surveillance et de contrôle conformément à la directive n° 2003/99/CE transposée en droit national par l'AR du 22/5/2005, afin d'évaluer les tendances, degré de résistance, détection de résistance émergente et risque de transmission. Toutes les souches de *Salmonella* et *Campylobacter* isolées au cours des programmes de surveillance de l'Agence fédérale pour la sécurité de la chaîne alimentaire (AFSCA) ont été envoyées au laboratoire national de référence afin de déterminer la sensibilité aux antimicrobiens. Afin de déterminer la résistance aux antibiotiques, la concentration minimale inhibitrice (CMI) a été déterminée selon la méthode de microdilution (ISO 20776-1). Les panels EUMVS2 et EUCAMP de Sensititre® ont été utilisés pour *Salmonella* et *Campylobacter* respectivement. Les antibiotiques utilisés et les seuils d'interprétation sont détaillés dans les **tableaux 1 et 2**.



**Tableau 1 :** *Salmonella* spp.: Panel de substances antimicrobiennes incluses dans la surveillance de la RAM, seuils de résistance selon EUCAST

| Antimicrobien    | Abréviation | ECOFF* (R> mg/l) |
|------------------|-------------|------------------|
| Ampicilline      | Amp         | 8                |
| Cefotaxime       | Fot         | 0.5              |
| Ceftazidime      | Taz         | 2                |
| Nalidixic acid   | Nal         | 16               |
| Ciprofloxacine   | Cip         | 0.064            |
| Tétracycline     | Tet         | 8                |
| Colistine        | Col         | 2                |
| Florfenicol      | Ffn         | 16**             |
| Gentamicine      | Gen         | 2                |
| Kanamycine       | Kan         | 8**              |
| Streptomycine    | Str         | 32**             |
| Triméthoprim     | Tmp         | 2                |
| Sulfaméthoxazole | Smx         | ND***            |
| Chloramphénicol  | Chl         | 16               |

\*EUCAST Epidemiological cut-off values. Following the EU decision 2013/652 of 14.11.2013

\*\* Interpretation was according to CLSI and using epidemiological cut-off values from EUCAST 2012.

\*\*\* ND cut-off R> 256mg/l according to EUCAST 2012

**Tableau 2 :** *Campylobacter*: Panel de substances antimicrobiennes incluses dans la surveillance de la RAM, seuils de résistance selon EUCAST

| Antimicrobien     | Seuils d'interprétation R>(mg/l) |                |
|-------------------|----------------------------------|----------------|
|                   | <i>C. jejuni</i>                 | <i>C. coli</i> |
| Chloramphénicol   | 16                               | 16             |
| Tétracycline      | 1                                | 2              |
| Acide nalidixique | 16                               | 16             |
| Ciprofloxacine    | 0.5                              | 0.5            |
| Erythromycine     | 4                                | 8              |
| Gentamicine       | 2                                | 2              |
| Streptomycine     | 4                                | 4              |

Le contrôle de qualité a été réalisé avec *Escherichia coli* ATCC 25922 et *Campylobacter* ATCC 33560, respectivement. L'interprétation des résultats a été faite selon les normes CLSI, conformément aux seuils d'interprétation.

#### Détermination de la concentration minimal inhibitrice (CMI)

La méthode utilisée est conforme à la norme ISO 20776-1. La CMI est déterminée selon la plus faible concentration d'antibiotique (en mg / l) qui empêche la croissance visible d'un micro-organisme *in vitro* dans des conditions définies et après une incubation définie.

La CMI permet de classer les isolats sensibles ou résistants. Une valeur de CMI supérieure au seuil de résistance permet de classer l'isolat en tant que résistant.



### Définition de multirésistance

Le terme multirésistance fait référence à des isolats dont le phénotype a une résistance acquise à trois ou plusieurs familles d'antibiotiques. Cela implique par exemple que la résistance à la ciprofloxacine et l'acide nalidixique représente la résistance à une seule famille d'antimicrobiens.

## 3. Résultats

### 3.1. *Campylobacter*

Un total de 490 isolats de *Campylobacter* ont été reçus au LNR en 2013. En tout, 343 isolats ont été testés pour leur sensibilité aux antimicrobiens. Un nombre important de souches n'a pas poussé (n=33) et sept souches ne contenaient pas les informations nécessaires (matrice d'origine, fiche technique). Quarante-vingt-six souches n'ont pas pu être identifiées à l'espèce et leur sensibilité aux antimicrobiens n'a pas été testée. Pour un nombre limité de souches, la lecture du CMI n'était pas possible.

Les résultats de 2013 sont indiqués dans le **tableau 3**. La résistance à chaque antimicrobien est détaillée individuellement par matrice et par espèce. On constate que la résistance varie selon les espèces de *Campylobacter* et les matrices. Pour les isolats provenant de viande de volaille, la plus haute résistance détectée chez *C. jejuni* et *C. coli* était à la tétracycline et les quinolones, tandis que pour les *C. coli* isolées à partir de la viande de porc, la plus haute résistance a été détectée pour la tétracycline et la streptomycine suivie par les quinolones. Une description détaillée de la résistance pour chacune des matrices se fait dans les sections suivantes.

**Tableau 3** : Pourcentage des isolats de *Campylobacter* résistants aux antimicrobiens dans les carcasses et la viande de volaille et de porc

| Antimicrobiens    | Volaille         |                | Porc           |
|-------------------|------------------|----------------|----------------|
|                   | <i>C. jejuni</i> | <i>C. coli</i> | <i>C. coli</i> |
|                   | (n=233)          | (n=56)         | (n=54)         |
| Chloramphenicol   | 0.85             | 0              | 1.85           |
| Tétracycline      | <b>39</b>        | <b>71</b>      | <b>82</b>      |
| Ciprofloxacine    | <b>39</b>        | <b>62</b>      | 48             |
| Acide nalidixique | <b>39</b>        | <b>62</b>      | 50             |
| Gentamicine       | 0                | 0              | 0              |
| Erythromycine     | 1.71             | 12             | 16             |
| Streptomycine     | 1.71             | 14             | 60             |

#### 3.1.1. La résistance aux antimicrobiens de *Campylobacter* isolé de viande de volaille

En 2013, 289 souches de *Campylobacter* ont été isolées de la viande et de carcasses de volaille et ont été testées pour la sensibilité aux antimicrobiens. Tout d'abord, l'espèce a été déterminée par PCR selon la méthode décrite auparavant [1]. Ensuite, la CMI a été déterminée. L'évolution de la résistance chez *C. jejuni* et *C. coli* dans la volaille est illustrée dans les **figures 1** et **2** respectivement.

Globalement, la résistance aux antibiotiques était plus élevée chez *C. coli* que chez *C. jejuni* avec seulement 17% (10 sur 56) des souches de *C. coli* sensibles à tous les antibiotiques (**tableau 4**), comme en 2012 et 2011. Le nombre de souches multirésistantes de *C. coli* résistantes à 3 ou plusieurs familles d'antibiotiques a diminué par rapport à 2012 (14.22% en 2013). Une grande résistance a été observée pour la tétracycline (71%), la ciprofloxacine (62%) et l'acide nalidixique (62%), avec une légère diminution pour les quinolones par rapport à 2012 (71%).

En ce qui concerne *C. jejuni*, 43.77 % des souches ont été trouvées sensibles à tous les antibiotiques testés en 2013 et seulement 1.28% des souches étaient multirésistantes (**tableau 5**). Bien que la résistance contre la tétracycline et les quinolones reste élevée, une diminution est relevée en 2013



par rapport à 2012 pour la tétracycline (39% vs 50%), la ciprofloxacine (39% vs 45%) et l'acide nalidixique (39% vs 44%).

**Tableau 4** : La résistance aux antimicrobiens chez *C. coli* dans la viande de volaille

|          | n  | %     |
|----------|----|-------|
| Sensible | 10 | 17.86 |
| 1        | 12 | 21.43 |
| 2        | 26 | 46.43 |
| 3        | 6  | 10.71 |
| 4        | 2  | 3.57  |
| 5        | 0  | 0.00  |

**Tableau 5** : La résistance aux antimicrobiens chez *C. jejuni* dans la viande de volaille

|          | n   | %     |
|----------|-----|-------|
| Sensible | 102 | 43.77 |
| 1        | 72  | 30.90 |
| 2        | 56  | 24.03 |
| 3        | 3   | 1.28  |
| 4        | 0   | 0.00  |
| 5        | 0   | 0.00  |

La résistance et combinaison d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez *C. jejuni* en 2013 sont décrits dans le **tableau 6**. Pour la résistance à un seul antibiotique, la tétracycline prédomine (33/233). Pour la combinaison à deux antibiotiques, les quinolones Cip-Nal (32/233) sont les plus fréquents. La résistance aux trois antibiotiques la plus fréquente est le phénotype Cip-Nal-Tet (52/233). Pour les trois souches affichant une multirésistance, les phénotypes suivants sont détectés : Cip-Nal-Tet-Ery (2/233), Cip-Nal-Str-Tet (1/233)

**Tableau 6** : La résistance et combinaison d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez *C. jejuni*

| phénotypes   | n  | %     |
|--------------|----|-------|
| Tet          | 33 | 14.16 |
| CipNal       | 32 | 13.73 |
| CipNalTet    | 52 | 22.32 |
| CipNalTetEry | 2  | 0.86  |
| CipNalStrTet | 1  | 0.43  |

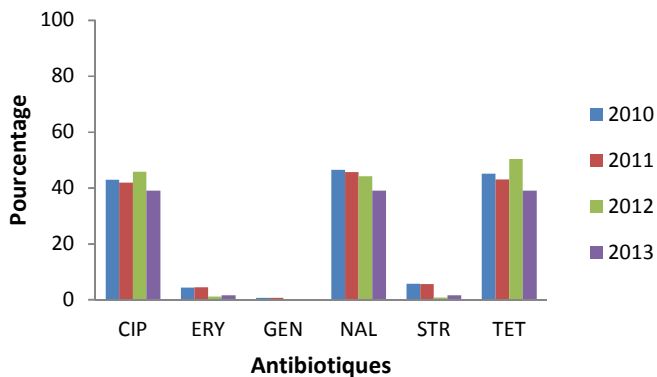
La résistance et combinaison d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez *C. coli* en 2013 sont décrits dans le **tableau 7**. La résistance la plus fréquente rencontrée est à trois antibiotiques Cip-Nal-Tet (23/56). Pour les souches affichant une multirésistance, les phénotypes suivants sont détectés Cip-Ery-Nal-Tet (2/56), Cip-Nal-Str-Tet (2/56) et Cip-Ery-Nal-Str-Tet (2/56).



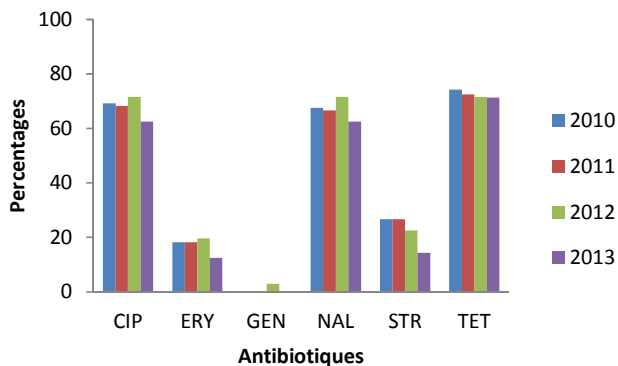
**Tableau 7** : La résistance et combinaison d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez *C. coli*

| phénotypes      | n  | %     |
|-----------------|----|-------|
| Tet             | 6  | 10.71 |
| CipNal          | 6  | 10.71 |
| CipNalTet       | 23 | 41.07 |
| CipEryNalTet    | 2  | 3.57  |
| CipNalStrTet    | 2  | 3.57  |
| CipEryNalStrTet | 2  | 3.57  |

L'évolution de la résistance aux antimicrobiens pour la période 2010-2013 est illustrée dans la **figure** suivante.



**Figure 1.** Evolution de la résistance de *C. jejuni* aux antimicrobiens chez la volaille



**Figure 2.** Evolution de la résistance de *C. coli* aux antimicrobiennes chez la volaille

### 3.1.2. La résistance aux antimicrobiens de *Campylobacter* isolé de viande de porc

En tout, 54 isolats de *Campylobacter* isolés de viande de porc en Belgique ont été analysés en 2013 et ils appartiennent tous à l'espèce *C. coli*. L'évolution de la résistance chez *C. coli* dans la viande de porc est illustrée dans la **figure 3**. Le nombre d'isolats sensibles à tous les antibiotiques est encore très faible, à savoir 5.5 %. Le plus haut niveau de résistance concerne la tétracycline (82%), comme en 2012. La résistance contre la streptomycine a diminué (60%) en 2013 par rapport à la très haute résistance trouvée entre 2010-2012 (91-78%). La résistance aux quinolones, à la ciprofloxacine et à l'acide nalidixique continue à augmenter comme déjà remarqué en 2012 et durant la période 2010-2011. La multirésistance, résistance à trois ou plusieurs familles d'antibiotiques, en 2013 est de 33.34% (**Tableau 8**).





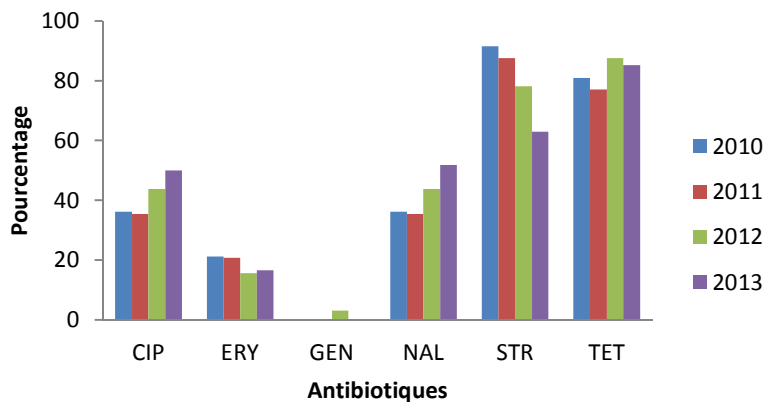
**Tableau 8** : La résistance aux antimicrobiens chez *C. coli* dans le porc

|          | N  | %     |
|----------|----|-------|
| sensible | 3  | 5.56  |
| 1        | 7  | 12.96 |
| 2        | 26 | 48.15 |
| 3        | 14 | 25.93 |
| 4        | 4  | 7.41  |
| 5        | 0  | 0.00  |

Les combinaisons de résistances d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez les *C. coli* isolés de porc en 2013 sont décrits dans le **tableau 9**. La résistance la plus fréquemment rencontrée pour deux antibiotiques est Str-Tet (14/54), suivie du phénotype Cip-Nal-Tet (8/54). Pour les souches affichant une multirésistance, les phénotypes suivants sont détectés : Cip-Nal-Str-Tet (11/54), Cip-Ery-Nal-Str-Tet (3/54), Cip-Ery-Nal- Tet (2/54) et Ery-Nal-Str-Tet (1/54).

**Tableau 9** : Les combinaisons de résistances d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez les *C. coli*

| phénotypes      | n  | %     |
|-----------------|----|-------|
| StrTet          | 14 | 25.93 |
| CipNalTet       | 8  | 14.81 |
| CipNalStr       | 3  | 5.56  |
| CipNalStrTet    | 11 | 20.37 |
| EryNalStrTet    | 1  | 1.85  |
| CipEryNalTet    | 2  | 3.70  |
| CipEryNalStrTet | 3  | 5.56  |



**Figure 3.** Evolution de la résistance aux antimicrobiens chez *C. coli* isolés du porc



### 3.2. *Salmonella*

En 2013, le LNR a testé la résistance aux antimicrobiens de 327 isolats de *Salmonella spp.* Différentes matrices alimentaires ont été échantillonnées, principalement la volaille (poulets de chair, carcasses de poules, découpes de poulet et préparations à base de viande) et le porc (carcasses et préparations de viande). *Salmonella* a aussi été isolée d'autres matrices telles que des repas prêts-à-manger, préparations de viande, cuisses de grenouille, puddings, produits d'œuf liquides, jambon et saucisson sec. Dans ce rapport, seuls les résultats de la volaille et du porc sont rapportés en détail.

Depuis 2011, seuls les sérotypes les plus prévalents ont été testés pour leur résistance antimicrobienne dans les différentes matrices.

En général, le niveau de résistance affiché par les isolats de *Salmonella* à partir de la volaille et du porc diffère selon les classes d'antibiotiques. La résistance est détaillée dans le **tableau 10** pour chaque antibiotique. En général, dans la volaille, la résistance pour l'ampicilline, les céphalosporines, le chloramphénicol, la gentamicine et la tétracycline reste stable (similaire aux années précédentes).

Par contre, on remarque une augmentation accrue pour les quinolones, la streptomycine et le triméthoprime au cours de la période 2012-2013 pour les deux espèces animales. À mentionner aussi, la résistance accrue à la kanamycine, qui a augmenté de 1% à 15% en 2013. En ce qui concerne la résistance pour les isolats de la viande de porc, la plus haute résistance est observée pour le sulfaméthoxazole et l'ampicilline, suivie par la streptomycine, la tétracycline et le triméthoprime. Une description plus détaillée de chaque matrice individuellement suit.

**Tableau 10** : Pourcentage d'isolats des *Salmonella* résistants dans la volaille et dans le porc en 2013

| Antimicrobiens    | Volaille | Porc    |
|-------------------|----------|---------|
|                   | (n=99)   | (n=139) |
| Ampicilline       | 22.2     | 40      |
| Cefotaxime        | 3.0      | 0       |
| ceftazidime       | 3.0      | 0       |
| Chloramphenicol   | 2.0      | 5.0     |
| Ciprofloxacine    | 28.3     | 2.9     |
| Colistine         | 15.1     | 0.7     |
| Florfenicol       | 1.0      | 2.1     |
| Gentamicine       | 0.0      | 0.7     |
| Kanamycine        | 15.1     | 1.4     |
| Acide nalidixique | 28.3     | 2.1     |
| streptomycine     | 22.2     | 33.1    |
| Sulfaméthoxazole  | 30.3     | 44.6    |
| Tétracycline      | 5.0      | 36.0    |
| Triméthoprime     | 40.4     | 25.9    |

La distribution des sérotypes varie en fonction de la matrice. La répartition détaillée est présentée dans le **tableau 11** ci-dessous. *Salmonella* Typhimurium est le sérotype le plus répandu chez le porc (60 sur 139, c'est-à-dire 43,16%). Chez la volaille, *S. Enteritidis* (46 sur 99, c'est-à-dire 46,46%) est le plus prédominant, suivi par *S. paratyphi B var Java* (22 sur 99, c'est-à-dire 22,22%) et par *S. Infantis* (10 sur 99, c'est-à-dire 10,10%).



**Tableau 11** : Rapport en pourcentage des sérotypes de *Salmonella* isolés de la viande de volaille et de porc

| Serotypes                      | Volaille | Porc    |
|--------------------------------|----------|---------|
|                                | (n=99)   | (n=139) |
| Typhimurium*                   | 1        | 60      |
| Derby                          | 1        | 34      |
| Enteritidis                    | 46       | 0       |
| Newport                        | 0        | 0       |
| Infantis                       | 10       | 6       |
| Agona                          | 1        | 1       |
| Brandenburg                    | 1        | 11      |
| Paratyphi B                    | 15       | 0       |
| Paratyphi B var Java           | 22       | 0       |
| Mbandaka                       | 1        | 3       |
| Livingstone                    | 0        | 4       |
| Subspecies I (enterica) I 4:i- | 1        | 8       |
| Subspecies I                   | 0        | 9       |
| others                         | 0        | 3       |

\*\*inclus Typhimurium, Typhimurium 1.4.[5].12:l-, Typhimurium var. O: 5-, Typhimurium var Copenhagen

Le pourcentage de résistance d'isolats de volaille et de porc contre un ou plusieurs antibiotiques est résumé dans le **tableau 12**. En général, la sensibilité à tous les antibiotiques dans la volaille a diminué, passant de 43% en 2012 à 33% en 2013. Dans le porc, une augmentation de 7% de sensibilité à tous les antibiotiques testés est relevée en 2013 par rapport à 2012. La résistance à trois ou plusieurs familles d'antibiotiques chez les volailles était assez élevée en 2013, 38% des isolats étant multirésistants. Chez le porc, 35% des isolats étaient multirésistants. Plus de détails sont fournis dans les sections spécifiques pour la volaille et le porc.

**Tableau 12** : Pourcentage d'isolats de *Salmonella spp.* résistants à une ou plusieurs familles d'antimicrobiens.

|          | Volaille | Porc  |
|----------|----------|-------|
| Sensible | 33.33    | 38.13 |
| 1        | 21.21    | 19.42 |
| 2        | 7.07     | 6.47  |
| ≥3       | 38.38    | 35.97 |

### 3.2.1. Résistance antimicrobienne chez *Salmonella spp.* dans la volaille

En 2013, 99 isolats de *Salmonella* isolés de viande de volaille ont été testés pour leur sensibilité aux antimicrobiens. L'évolution de la résistance chez *Salmonella spp.* dans la volaille est illustrée dans la **figure 4**. Le niveau de sensibilité et de résistance à une ou plusieurs familles d'antibiotiques chez *Salmonella spp.* Isolées de la volaille en 2013 est détaillé dans le **tableau 13**. En 2013, une diminution des souches sensibles à tous les antibiotiques testés (33%) a été remarquée (43% en 2012). Certaines variations ont été observées. Tandis que la résistance à l'ampicilline, à la gentamicine, à la céfotaxime, à la ceftazidime, au chloramphénicol est restée stable depuis 2011, la résistance à la ciprofloxacine, l'acide nalidixique, la colistine et le triméthoprim, qui avait fortement augmenté en 2012, s'est encore plus élevée en 2013, à l'exception de la colistine qui a diminué à 10%. Il est important de mentionner la forte résistance au triméthoprim détectée en 2013 (40%), 16% supérieur à 2012. Une forte augmentation de la résistance est aussi remarquée pour les quinolones, la ciprofloxacine et l'acide nalidixique au cours des deux dernières années (22% et 28% vs 11% en



2011). Un fait important est l'augmentation de la résistance à la kanamycine qui est passée de 1% les années précédentes à 15%. Cette résistance est surtout associée au sérotype Paratyphi, sérotype isolé plus fréquemment en 2013. Des 37 isolats de *S. Paratyphi*, 15 (40,54%) sont résistants à la kanamycine. Aussi, les souches résistantes à la ciprofloxacine isolées appartiennent au sérotype Paratyphi et proviennent principalement des poulets et des produits à base de viande de volaille. Concernant la colistine, en 2013, une diminution est remarquée par rapport à 2012. Ces souches ont été isolées principalement des poules pondeuses et appartiennent au sérotype Enteritidis comme en 2011 et 2012. Vingt-huit pourcent (13/46) des isolats de *S. Enteritidis* montrent une résistance à la colistine seule, les deux autres souches ont une co-résistance combinaison avec le sulfaméthoxazole (1/46) ou les quinolones (1/46).

**Tableau 13** : Le niveau de sensibilité et de résistance chez *Salmonella* spp. dans la volaille en 2013 à une ou plusieurs familles d'antibiotiques.

|          | n  | 2013 (%) |
|----------|----|----------|
| Sensible | 33 | 33.33    |
| 1        | 21 | 21.21    |
| 2        | 7  | 7.07     |
| 3        | 24 | 24.24    |
| 4        | 9  | 9.09     |
| 5        | 4  | 4.04     |
| 6        | 1  | 1.01     |

Les phénotypes multirésistants (n=38) retrouvés chez la volaille (n=99) sont listés dans le **tableau 14**.

**Tableau 14** : Les phénotypes de *Salmonella* spp. multirésistants chez la volaille

| phénotypes            | n  | %     | Sérotypes concernés   |
|-----------------------|----|-------|---|
| AmpSmxTmp             | 3  | 3.03  | Paratyphi B (2) Paratyphi B var Java (1)                                      |
| AmpCipNalTmp          | 8  | 8.08  | Paratyphi B (4), Paratyphi B var Java (3), Subspecies I (enterica) I 4:i- (1) |
| CipNalSmxTet          | 1  | 1.01  | Infantis  |
| KanStrSmxTmp          | 12 | 12.12 | Paratyphi B (7) Paratyphi B var Java (5)                                      |
| AmpCipNalSmxTmp       | 4  | 4.04  | Paratyphi B (4)   |
| AmpCipNalStrTmp       | 1  | 1.01  | Brandenburg   |
| CipNalSmxTmpTet       | 2  | 2.02  | Paratyphi B var Java (2)  |
| CipKanNalStrSmxTmp    | 1  | 1.01  | Paratyphi B var Java  |
| FfnKanStrSmxTmp       | 1  | 1.01  | Paratyphi B var Java  |
| CipNalStrSmxTmpTet    | 1  | 1.01  | Infantis  |
| AmpFotCipNalStrTmp    | 2  | 2.02  | Paratyphi B var Java (2)  |
| AmpFotTazCipNalSmxTmp | 1  | 1.01  | Paratyphi B var Java  |
| CipKanNalStrSmxTmpTet | 1  | 1.01  | Paratyphi B var Java  |

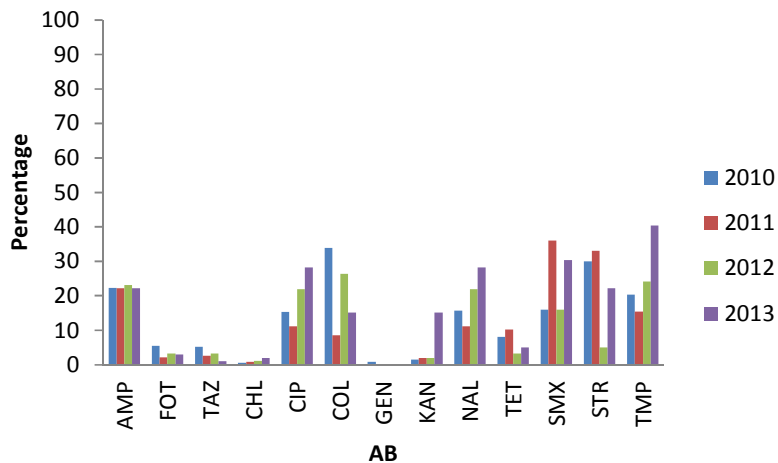


Figure 4. Evolution de la résistance aux antimicrobiens chez *Salmonella spp.* isolés de la volaille

Chez les volailles, trois isolats de *Salmonella Paratyphi B* montrent une co-résistance à au moins une céphalosporine de 3ème génération et la ciprofloxacine.

Il faut remarquer la forte résistance observée chez *Salmonella Paratyphi B*, (Figure 5) avec 92% des souches multirésistantes et avec 100% des souches résistantes au triméthoprim et une co-résistance élevée à la streptomycine et au sulfaméthoxazole.

Tableau 15 : Niveau de sensibilité et de résistance chez *Salmonella Paratyphi* dans la volaille à une ou plusieurs familles d'antibiotiques.

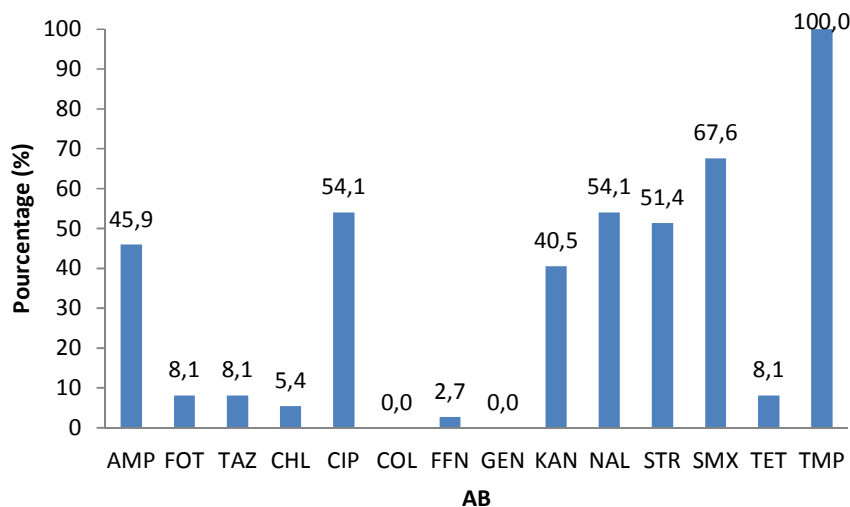
|          | n  | %     |
|----------|----|-------|
| sensible | 0  | 0     |
| 1        | 0  | 0     |
| 2        | 3  | 8.11  |
| 3        | 3  | 8.11  |
| 4        | 21 | 56.76 |
| 5        | 7  | 18.92 |
| 6        | 3  | 8.11  |



Les phénotypes multirésistants (n=34) retrouvés chez *S. Paratyphi B* (n=37) sont listés dans le **tableau 16**.

**Tableau 16** : Les phénotypes multirésistants retrouvés chez *S. Paratyphi B* :

| phénotypes            | N  | %     |
|-----------------------|----|-------|
| AmpSmxTmp             | 3  | 8.10  |
| KanStrSmxTmp          | 12 | 32.43 |
| AmpCipNalTmp          | 7  | 18.92 |
| AmpCipNalSmxTmp       | 4  | 10.81 |
| FfnKanStrSmxTmp       | 1  | 2.70  |
| CipKanNalStrSmxTmp    | 1  | 2.70  |
| CipKanNalStrSmxTetTmp | 1  | 2.70  |
| ChlCipNalStrSmxTetTmp | 2  | 5.41  |
| AmpFotCipNalStrTmp    | 2  | 5.41  |
| AmpFotTazCipNalSmxTmp | 1  | 2.70  |



**Figure 5.** Pourcentage de résistance chez *S. Paratyphi B* (n=37) dans la volaille

### 3.2.2. Résistance antimicrobienne chez *Salmonella spp.* dans la viande de porc

139 souches de *Salmonella* ont été collectées en 2013 dans la viande de porc et ont été testées pour leur sensibilité aux antimicrobiens. Ceci inclut les souches provenant de carcasses et de viandes de découpe. L'évolution de la résistance chez *Salmonella spp.* dans la viande de porc est illustrée dans la **figure 6**. Le niveau de sensibilité et de résistance chez *Salmonella spp.* dans le porc en 2013 à une ou plusieurs familles d'antibiotiques est détaillé dans le **tableau 17**. La résistance à la céfotaxime, ceftazidime et à la gentamicine reste en-dessous de 2% depuis 2010. La résistance aux quinolones est comprise entre 2 et 3% et reste stable depuis 2010 sans variation importante mais la résistance à l'ampicilline est passée de 52% en 2011 et 2012 à 40% en 2013. La résistance à la tétracycline, au triméthoprime, au sulfaméthoxazole et à la streptomycine a aussi diminué par rapport à 2012. Le pourcentage de souches sensibles à tous les antibiotiques est de 38%, ce qui signifie une augmentation de 7% par rapport à 2012. Ces chiffres doivent être interprétés avec prudence car la baisse peut être expliquée par la diminution de la proportion des isolats du sérovar Typhimurium par rapport au total des isolats de viande de porc. (de 67% des isolats en 2012 à 43% en 2013).. La résistance des isolats à trois ou plusieurs familles d'antibiotiques est de 36%.



**Tableau 17** : Niveau de sensibilité et de résistance chez *Salmonella* spp. dans le porc à une ou plusieurs familles d'antibiotiques.

|          | n  | %     |
|----------|----|-------|
| Sensible | 53 | 38.13 |
| 1        | 27 | 19.42 |
| 2        | 9  | 6.47  |
| 3        | 12 | 8.63  |
| 4        | 11 | 7.91  |
| 5        | 21 | 15.11 |
| 6        | 6  | 4.32  |

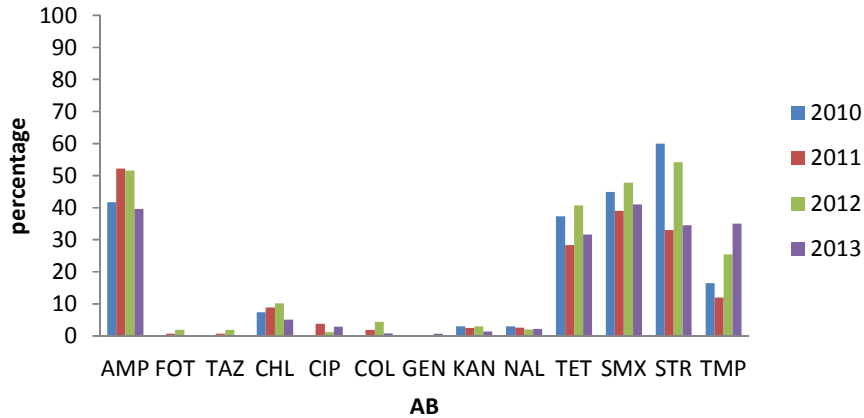
Les phénotypes des *Salmonella* multirésistants isolées du porc (n=139) sont listés dans le **tableau 18**.

**Tableau 18** : Les phénotypes de *Salmonella* multirésistantes isolées du porc

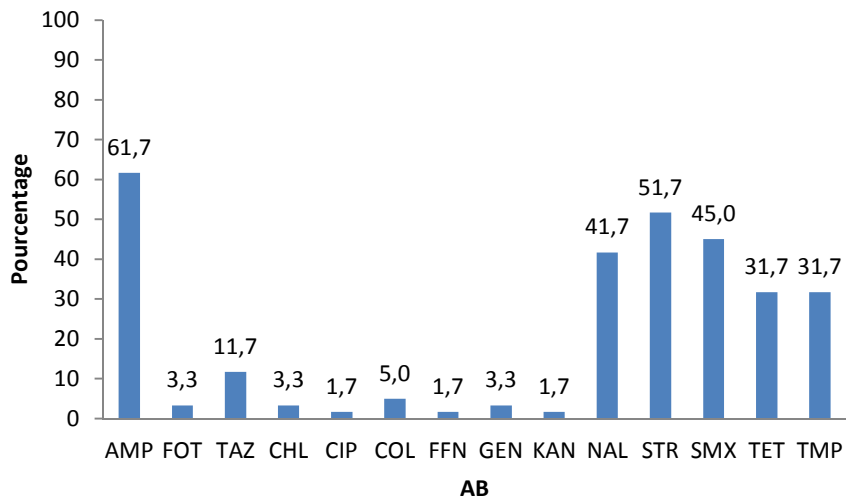
|                          | n  | %     | Sérovars  |
|--------------------------|----|-------|---|
| StrSmxTet                | 2  | 1.44  | Derby (2)   |
| SmxTetTmp                | 1  | 0.72  | Brandenburg   |
| AmpStrSmx                | 9  | 6.47  | Derby(1), Typhimurium (2), Typhimurium 1,4,[5],12:i- (4), Subspecies I (2)  |
| AmpStrSmxTet             | 9  | 6.47  | Derby (1), Typhimurium (4), Typhimurium 1,4,[5],12:i- (2), Typhimurium var O:5- (1), Subspecies I (1)   |
| AmpSmxTetTmp             | 1  | 0.72  | Typhimurium var O:5-  |
| AmpStrSmxTetTmp          | 17 | 12.23 | Brandenburg (1), Typhimurium (2), Typhimurium 1,4,[5],12:i- (1), Typhimurium var O:5- (2), Subspecies I (5), Subspecies I (enterica) I 4:i- (6) |
| AmpChlSmxTetTmp          | 1  | 0.72  | Typhimurium var O:5-  |
| AmpChlFfnSmxTetTmp       | 1  | 0.72  | Typhimurium var O:5-  |
| AmpCipStrSmxTetTmp       | 1  | 0.72  | Typhimurium var O:5-  |
| AmpChlStrSmxTetTmp       | 1  | 0.72  | Typhimurium 1,4,[5],12:i-   |
| AmpCipStrSmxTetTmp       | 1  | 0.72  | Typhimurium var. O:5-   |
| AmpKanStrSmxTetTmp       | 1  | 0.72  | Typhimurium   |
| AmpCipNalStrSmxTetTmp    | 1  | 0.72  | Typhimurium   |
| AmpChlKanSmxTetTmp       | 1  | 0.72  | Typhimurium var O:5-  |
| AmpCipNalStrSmxTetTmp    | 1  | 0.72  | Subspecies I  |
| AmpChlFfnGenStrSmxTetTmp | 1  | 0.72  | Typhimurium var O:5-  |



**Figure 6.** Evolution de la résistance aux antimicrobiens chez *Salmonella* spp. isolés du porc



En tout, 60 *Salmonella* Typhimurium ont été analysées pour leur sensibilité aux antimicrobiens en 2013 (**Figure 7**). La résistance la plus élevée est remarquée pour l'ampicilline, suivie par la streptomycine, le sulfaméthoxazole, l'acide nalidixique et la tétracycline et le triméthoprim. La résistance à l'ampicilline est passée de 73% en 2012 à 62% en 2013. La résistance à la tétracycline a eu quelques fluctuations dans les quatre dernières années et en 2013, elle a diminué (31.7%). Le niveau de résistance au triméthoprim des deux dernières années demeure stable (31%).



**Figure 7.** Pourcentage de résistance aux antimicrobiens chez *S. Typhimurium*





### 3.2.2. Résistance antimicrobienne chez *Salmonella* spp. isolées des autres matrices

| Matrice                     | Sérovar              | n | Profil de résistance              |
|-----------------------------|----------------------|---|-----------------------------------|
| Légumes IV gamme            | Paratyphi B var Java | 1 | CipNalTmp                         |
| Salade de fruits de mer     | Montevideo           | 1 | sensible à tous les antibiotiques |
| Cuisses de grenouilles      | Wandsworth           | 2 | NA                                |
|                             | Stanley              | 1 | NA                                |
|                             | Matopeni             | 2 | NA                                |
|                             | Weltevreden          | 1 | NA                                |
|                             | Paratyphi B var Java | 1 | sensible à tous les antibiotiques |
|                             | Orientalis           | 1 | N                                 |
| Crustacés                   | Weltevreden          | 2 | NA                                |
| Crustacés cuits             | Weltevreden          | 1 | NA                                |
| Oeufs                       | Typhimurium          | 1 | sensible à tous les antibiotiques |
| Mollusques bivalves vivants | Typhimurium          | 1 | sensible à tous les antibiotiques |
| Nutrition animale           | Livingstone          | 1 | sensible à tous les antibiotiques |

NA : non analysés

### 3.3. *E. coli* commensaux producteurs de $\beta$ -lactamases

#### 3.3.1. Introduction

Les  $\beta$ -lactamases sont des enzymes produites par des entérobactéries conférant une résistance à l'ensemble du groupe d'antibiotiques  $\beta$ -lactamines. Les plus courantes sont les enzymes BLSE et AmpC. Les  $\beta$ -lactamases à spectre étendu (BLSE) confèrent une résistance aux céphalosporines de 3<sup>ème</sup> et 4<sup>ème</sup> génération mais pas aux céphamycines (céfoxitine) et aux carbapénèmes. Elles sont inactivées par l'acide clavulanique. Les enzymes AmpC confèrent une résistance aux céphalosporines de troisième génération et céphamycines mais en revanche ne sont pas inhibées par l'acide clavulanique ou d'autres inhibiteurs de  $\beta$ -lactamase. L'augmentation des entérobactéries productrices de BLSE dans les infections humaines est une préoccupation générale. Ce phénomène pourrait être dû à l'acquisition ou au transfert de germes résistants via la manipulation des aliments, par la contamination croisée pendant la préparation ou par la consommation d'aliments crus contaminés. En effet, de nombreuses études ont montré que *E. coli* productrices de BLSE ont été particulièrement isolées dans la volaille et chez les bovins. Les animaux de ferme sont maintenant reconnus comme d'importants vecteurs d'*E. coli* et *Salmonella* porteurs des  $\beta$ -lactamases. La question si les animaux d'élevage jouent un rôle de réservoir de bactéries résistantes aux substances antimicrobiennes et si les denrées alimentaires contaminées sont un véhicule de transmission de bactéries BLSE / AmpC à l'homme est toujours ouverte et mérite une surveillance. En outre, les gènes de résistance aux antimicrobiens présents dans les bactéries commensales des animaux et des denrées alimentaires peuvent être acquis par un transfert horizontal à des bactéries pathogènes pour l'homme, compliquant les infections et compromettant le traitement antimicrobien.

#### 3.3.2 *E. coli* BLSE/AmpC dans la volaille

En 2013, 396 échantillons de viande de volaille ont été analysés pour le dénombrement des *E. coli* productrices de BLSE. Les échantillons ont été prélevés lors du programme de contrôle de l'AFSCA dans différentes matrices : dans le secteur primaire sur des carcasses de poulet de chair, dans le secteur de la transformation sur des viandes de découpe de volaille avec peau et dans le secteur de la distribution sur des viandes de coupes de volaille avec peau et sur des carcasses de volaille. Les isolats des *E. coli* obtenus à partir de ces échantillons ont été testés pour leur sensibilité aux céphalosporines.



### 3.3.2.1 Dénombrement d'*E. coli*

La méthode de dénombrement des *E. coli* est basée sur la norme ISO-16649-2. Deux milieux d'inoculation ont été utilisés ; Tryptone Bile X-glucuronide (TBX) pour le dénombrement d' *E. coli* totaux et TBX supplémenté avec la céfotaxime (CTX, 1 mg / l) pour le dénombrement d' *E. coli* présumés résistants aux céphalosporines de troisième génération. Deux colonies suspectes par échantillon, sauf dans les cas où une seule colonie est présente, sont retenues en tant que producteurs présumés de  $\beta$ -lactamase. Elles sont confirmées par la méthode du double-disque suivant les recommandations du CLSI qui consistent à mesurer les zones d'inhibition de la croissance d'*E. coli* autour du disque de céfotaxime (CTX) et / ou de ceftazidime (CAZ) avec et sans acide clavulanique (CA). Les isolats sont identifiés comme producteurs de BLSE ou AmpC selon les définitions du CLSI.

### 3.3.2.2. Caractérisation génotypique des *E. coli* producteurs de $\beta$ -lactamase confirmés

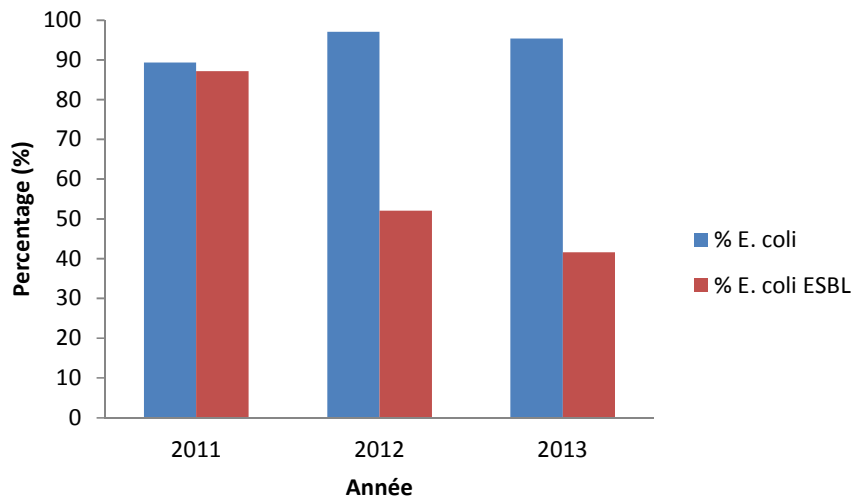
Une sélection des *E. coli* confirmés producteurs de BLSE / AmpC a été testée pour la présence de gènes de résistance CTX-M, TEM, SHV, OXA, CMY et de l'ACC selon la méthode décrite par l'EURL-AR. Par la suite, le séquençage a été réalisé avec le logiciel SeqManPro [DNASTAR® Lasergene®. Version 7.2, Madison, WI 53705 USA]. Les séquences nucléotidiques ont été obtenues par rapport à des séquences obtenues précédemment décrites dans la base de données GenBank BLAST (Basic Local Alignment Search Tool <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). L'Alignment Search Tool base (BLAST) constate une similarité locale entre régions de différentes séquences. Le programme compare les séquences de nucléotides ou de protéines à des bases de données de séquence et calcule la signification statistique des résultats. BLAST peut être utilisé pour déduire les relations fonctionnelles et évolutives entre les séquences ainsi que pour aider à identifier les membres des familles de gènes.

### 3.3.2.3. Résultats

Parmi les 396 échantillons analysés, *E. coli* a été retrouvé dans 94,2% des cas (374/396). Au cours du premier dépistage phénotypique, les *E. coli* résistantes au céfotaxime (énumérées et isolées sur TBX complété avec 1 mg / l de CTX) ont été identifiées sur 42% (156/374) des carcasses de volaille positives pour *E. coli*. Les résultats obtenus par matrice et par secteur, PRI (primaire, poulet de chair), TRA (transformation, viandes de découpe de volaille avec peau), DIS (distribution, viande de découpe de volaille avec peau et carcasses de volailles) sont détaillés dans le **tableau 19**. Les isolats d' *E. coli* isolés sur TBX+CTX sont considérés comme producteurs présumés de BLSE. Une comparaison de la proportion d' *E. coli* BLSE par rapport à l'ensemble des *E. coli* trouvés sur les carcasses de volaille est représentée dans la **figure 8** pour la période de contrôle 2011-2013.

**Tableau 19** : Comparaison des proportions d'*E. coli* présumées ESBL / *E. coli* totaux trouvés par matrice

|   | PRI (n) | TRA (n) | DIS (n) |
|---|---------|---------|---------|
| <i>E. coli</i> totaux (TBX)                           | 66      | 200     | 106     |
| <i>E. coli</i> (TBX+CTX)                              | 37      | 76      | 42      |
| Proportion <i>E. coli</i> ESBL/ <i>E. coli</i> totaux | 56.06   | 38      | 39.62   |



**Figure 8.** Proportion de *E. coli* BLSE par rapport à l'ensemble des *E. coli* trouvés sur les carcasses de volaille entre 2011-2013.

Un isolat de phénotype BLSE ou AmpC par échantillon a été génotypé. Tout d'abord, la détection du gène a été réalisée par PCR pour détecter la famille de gènes responsable et ensuite le séquençage a été effectué afin de détecter la variante du gène au sein d'une famille de gènes.

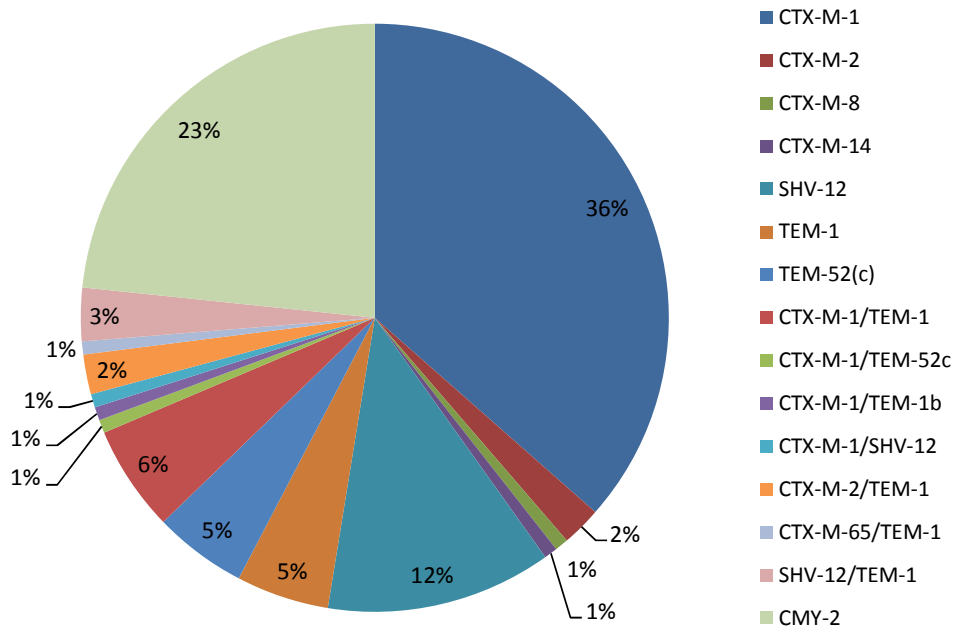
Une sélection de 136 isolats a été choisie pour la caractérisation génotypique. La distribution génotypique des différentes familles est représentée dans la **figure 9**. 77.20% des isolats génotypés (105/136) portent des gènes spécifiques du type BLSE. Une proportion beaucoup plus faible d'isolats (22,6%) (31/136) portent des gènes spécifiques du type AmpC. Dans le **tableau 20**, les gènes spécifiques pour chaque famille chez *E. coli* commensal avec un phénotype BLSE sont détaillés. La famille prédominante retrouvée est la famille CTX -M. Une grande majorité (52.38%) (55/105) des isolats portent des gènes appartenant à la famille CTX -M seule ou en combinaison avec d'autres gènes tels que TEM ou SHV (14.28%) (15/105).

**Tableau 20** : Pourcentage des souches d'*E. coli* avec le génotype BLSE (n=105)

| Famille  | n  | %     |
|----------|----|-------|
| CTX-M    | 55 | 52.38 |
| TEM      | 14 | 13.33 |
| SHV      | 17 | 16.19 |
| CTXM/TEM | 14 | 13.33 |
| CTXM/SHV | 1  | 0.95  |
| SHV/TEM  | 4  | 3.81  |

Les autres isolats de phénotype BLSE sont porteurs de gènes de type TEM 13.3% (14/105) et SHV 16.20% (17/105) et 3.8% portent une combinaison des deux gènes (4/105).

Pour les isolats avec un phénotype AmpC confirmé, le gène CMY-2 a été trouvé dans chacun d'eux. Il a été observé que pour un faible nombre d'échantillons de volailles (n=8), un isolat avec un phénotype BLSE et un isolat avec un phénotype AmpC ont été confirmés par génotypage.



**Figure 9.** Distribution génotypique des *E. coli* producteurs de BLSE/AmpC (n=136)

### 3.3.3. *E. coli* BSLE/AmpC dans la viande bovine et la viande porcine

#### 3.3.3.1. Détection d'*E. coli* BLSE dans la viande de porc, la viande de bœuf et la viande de veau

Une méthode pour la détection de *E. coli* BLSE/AmpC isolés à partir de la viande bovine, de veau et la viande porcine (3.3.4.1) a été développée et validée. Par cette méthode, 311 échantillons de viande/préparation de viande ont été testés. (tableau 21). Par cette méthode, 49 isolats d'*E. coli* présumés ESBL ont été détectés (tableau 21 (3.3.4.1))

**Tableau 21** : Résultats de la détection d'*E. coli* ESBL dans la viande de veau, de bœuf et de porc

| Nature de l'échantillon                   | n   | n ESBL positif | % ESBL positif |
|---|-----|----------------|----------------|
| Viande/préparation de viande de veau      | 11  | 7              | 63.6           |
| Viande/préparation de viande de bœuf      | 135 | 14             | 10.3           |
| Viande/préparation de viande de porc      | 130 | 24             | 18.5           |
| Viande/préparation de viande non spécifié | 35  | 4              | 11.4           |
| total                                     | 311 | 49             | 15.7           |



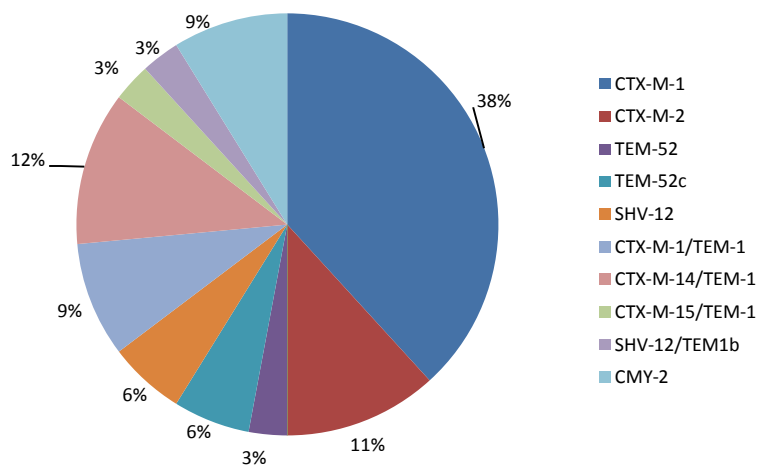
### 3.3.3.2. Confirmation d'*E. coli* BLSE dans la viande de porc, la viande de bœuf et la viande de veau

Un total de 44 isolats d' *E. coli* présumés BLSE, isolés à partir de viande de porc, viande de bœuf et viande de veau ont été confirmés. Une confirmation phénotypique a été réalisée par la méthode de double disque (cfr 3.3.2.1, SOP11/VM/15N). Les résultats par matrice sont détaillés dans le **tableau 22**. Trente-sept des 44 (84%) isolats ont été identifiés comme phénotype BLSE, 6 des 44 (18%) comme phénotype AmpC et 1 des 44 (2%) n'était ni un BLSE ni un AmpC.

**Tableau 22.** Description de la répartition de *E. coli* BLSE et AmpC isolées dans la viande de porc, bœuf et veau

| Fiche technique | Description                                    | ESBL n | AmpC n |
|-----------------|--|--------|--------|
| TRA 303         | Viande hachée porc                             | 6      | 2      |
| TRA 305         | Viande de bœuf découpée                        | 2      | 0      |
| TRA 306         | Découpes viande porc                           | 2      | 0      |
| TRA 312         | Préparation de viande porc, bœuf, veau         | 1      | 0      |
| DIS 815         | Filet américain préparé                        | 3      | 0      |
| DIS 823         | RTE, Viande hachée seule, porc, bœuf, veau     | 6      | 2      |
| DIS 874         | RTE, filet américain préparé, porc, bœuf, veau | 3      | 1      |
| DIS 888         | NRTE, viande hachée seule, porc, bœuf, veau    | 14     | 1      |

Une sélection de 34 isolats ont été choisis pour la caractérisation génotypique. La distribution génotypique des différentes familles est représentée dans la **figure 10**.



**Figure 10.** Distribution génotypique des *E. coli* producteurs de BLSE/AmpC à partir de la viande de bœuf, porc et veau (n=34)



## 4. Références

Denis, M., Soumet, C., Rivoal, K., Ermel, G., Blivet, D., Salvat, G. & Colin, P. (1999). Development of a m-PCR assay for simultaneous identification of *Campylobacter jejuni* and *C. coli*. *Lett Appl Microbiol* **29**, 406-410.

ISO20776-1. Clinical laboratory testing and in vitro diagnostic test systems -- Susceptibility testing of infectious agents and evaluation of performance of antimicrobial susceptibility test devices -- Part 1: Reference method for testing the in vitro activity of antimicrobial agents against rapidly growing aerobic bacteria involved in infectious diseases

The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST; <http://www.eucast.org/>)

CLSI Performance standards for Antimicrobial susceptibility testing: twenty-second Informational supplement. M100-S22. Vol.32 No.3.

Decision 2013/652/EU on the monitoring and reporting of antimicrobial resistance in zoonotic and commensal bacteria (). Official Journal of the European Union 14.11.2013

EURL-AR. List of primers for detection of antimicrobial resistance genes. <http://www.crl-ar.eu/201-resources.htm#micd>

## 5. Liste des tableaux

**Tableau 1** : *Salmonella* spp.: Panel de substances antimicrobiennes incluses dans la surveillance de la RAM, seuils de résistance selon EUCAST

**Tableau 2** : *Campylobacter*: Panel de substances antimicrobiennes incluses dans la surveillance de la RAM, seuils de résistance selon EUCAST

**Tableau 3** : Pourcentage des isolats de *Campylobacter* résistants aux antimicrobiens dans les carcasses et la viande de volaille et de porc

**Tableau 4** : La résistance aux antimicrobiens chez *C. coli* dans la viande de volaille

**Tableau 5** : La résistance aux antimicrobiens chez *C. jejuni* dans la viande de volaille

**Tableau 6** : La résistance et combinaison d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez *C. jejuni*

**Tableau 7** : La résistance et combinaison d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez *C. coli*

**Tableau 8** : La résistance aux antimicrobiens chez *C. coli* dans le porc

**Tableau 9** : Les combinaisons de résistances d'antibiotiques les plus fréquents rencontrés chez les *C. coli*

**Tableau 10** : Pourcentage d'isolats résistants aux antimicrobiens de *Salmonella* chez la volaille et chez le porc en 2013

**Tableau 11** : Pourcentage des sérotypes chez *Salmonella* isolés de la viande de volaille et de porc

**Tableau 12** : Pourcentage d'isolats de *Salmonella* spp. résistants à une ou plusieurs familles d'antimicrobiens

**Tableau 13** : Le niveau de sensibilité et de résistance chez *Salmonella* spp dans la volaille en 2013 à une ou plusieurs familles d'antibiotiques



**Tableau 14** : Les phénotypes de *Salmonella* spp. multirésistants dans la volaille

**Tableau 15** : Niveau de sensibilité et de résistance chez *Salmonella* Paratyphi dans la volaille à une ou plusieurs familles d'antibiotiques

**Tableau 16** : Les phénotypes multirésistants retrouvés chez *S. Paratyphi* B

**Tableau 17** : Niveau de sensibilité et de résistance chez *Salmonella* spp. dans le porc à une ou plusieurs familles d'antibiotiques

**Tableau 18** : Les phénotypes de *Salmonella* multirésistants isolées du porc

**Tableau 19** : Comparaison des proportions d'*E. coli* présumées ESBL/ *E. coli* totaux trouvés par matrice

**Tableau 20** : Pourcentage des souches d'*E. coli* avec le génotype BLSE (n=105)

**Tableau 21** : Détection d' *E. coli* BLSE dans la viande après enrichissement dans 4 milieux différents (mTSB et EPT avec ou sans céfotaxime et TBX avec ou sans cefotaxime)

**Tableau 22** : Description de la répartition de *E. coli* BLSE et AmpC isolées dans la viande de porc, bœuf et veau

## 6. Liste de figures

**Figure 1.** Evolution de la résistance de *C. jejuni* aux antimicrobiens dans la volaille

**Figure 2.** Evolution de la résistance de *C. coli* aux antimicrobiennes dans la volaille

**Figure 3.** Evolution de la résistance aux antimicrobiens chez *C. coli* isolés du porc

**Figure 4.** Evolution de la résistance aux antimicrobiens chez *Salmonella* spp. isolés de la volaille

**Figure 5.** Pourcentage de résistance chez *S. Paratyphi* B (n=37) dans la volaille

**Figure 6.** Evolution de la résistance aux antimicrobiens chez *Salmonella* spp. isolés du porc

**Figure 7.** Pourcentage de résistance aux antimicrobiens chez *S. Typhimurium*

**Figure 8.** Proportion de *E. coli* BLSE par rapport à l'ensemble des *E. coli* trouvés sur les carcasses de volaille entre 2011-2013

**Figure 9.** Distribution génotypique des *E. coli* producteurs de BLSE/AmpC à partir de la volaille (n=136)

**Figure 10.** Distribution génotypique des *E. coli* producteurs de BLSE/AmpC à partir de la viande de bœuf, porc et veau (n=34)

## Remerciements

**Cette étude a été financé par l'Agence fédérale de sécurité de la chaîne alimentaire**