

Université de Montréal

**Étude de la distribution de *Salmonella* comme un descripteur des enjeux de biosécurité
dans un réseau de production: élevages et abattoir de porcs.**

par

Alexandra-Elayiz Henry

Département de Pathologie et de Microbiologie

Faculté de Médecine Vétérinaire

Mémoire présenté à la Faculté de Médecine Vétérinaire
en vue de l'obtention du grade de Maitre ès Sciences (M.Sc.)
en sciences vétérinaires
option hygiène vétérinaire et innocuité des aliments

Avril 2014

© Alexandra-Elayiz Henry, 2014

Université de Montréal
Faculté de médecine vétérinaire

Ce mémoire intitulé

ÉTUDE DE LA DISTRIBUTION DE *SALMONELLA* COMME UN DESCRIPTEUR DES
ENJEUX DE BIOSÉCURITÉ DANS UN RÉSEAU DE PRODUCTION: ÉLEVAGES ET
ABATTOIR DE PORCS.

présenté par

ALEXANDRA ELAYIZ HENRY

a été évalué par un jury composé des personnes suivantes

Martine Boulianne, présidente-rapporteuse

Philippe Fravalo, directeur de recherche

Sylvette Laurent-Lewandowsky et Ann Letellier, codirectrices

Marianne Chemaly, membre du jury

Résumé

La production porcine a fait l'objet de plusieurs études visant à réduire la prévalence de *Salmonella* sur les carcasses à l'abattoir. Ces études ont ciblé l'élevage comme une source de la contamination observée. Malgré la multitude de facteurs de risques identifiés dans les travaux antérieurs, des étapes restent à investiguer dans le réseau de production primaire porcin. L'objectif de ce projet était de décrire la contamination à l'interface du réseau de production porcin: entre la ferme et l'abattoir. Pour ce faire, un réseau composé de dix fermes et un abattoir a été choisi incluant les transporteurs. Trente visites de fermes, 36 suivis de camions lors du chargement - livraison et 18 investigations de la cour arrière de l'abattoir ont été réalisés au cours des 13 mois de la phase terrain du projet. De ces 738 échantillons, les résultats ont démontré des profils spécifiques de fermes cumulant 9 sérovars de *Salmonella* et 4 lysotypes différents de *S. Typhimurium*. Le quai de chargement à la ferme présentait 34,21% d'échantillons positifs. Des isolats non différenciables de *S. Derby* contaminaient ce site pour quatre fermes distinctes. Dans la cour d'abattoir, *Salmonella* a été retrouvée abondamment sur tous les trajets de circulation des camions (67% n=144). L'existence d'un lien dynamique de contamination par le camion de livraison des porcs lors des opérations de livraison à l'interface élevage- abattoir a été documentée. Cette interface représente un réservoir de *Salmonella* et donc un risque permanent de contamination croisée du réseau de production vers l'abattoir mais aussi de retour vers l'élevage.

Mots clés : *Salmonella*, porc, réseau, cour d'abattoir, camion de transport, ferme.

Summary

Swine production has been the subject of numerous studies targeting *Salmonella* prevalence reduction on carcass at slaughter. These studies focused on the farm as a major source of contamination. Despite the numerous risk factors identified by these studies, some steps remains to be investigated in the pig primary production network. In this context, the objective of this project was to describe *Salmonella* presence at a pig production network interface i.e., between the farm and the slaughterhouse.

For this purpose, ten farms and a slaughterhouse, all part of a network (including carriers) were selected. Thirty visits of farms, 36 truck surveys (loading and delivering) and eighteen investigations on backyard of the slaughterhouse were done during thirteen months duration of the field phases of the project. Based on the total of 738 samples, the results showed farm specific profiles with a total of 9 serotypes of *Salmonella* and 4 different lysotypes of *S. Typhimurium*. The loading dock at the farm presented 34,21% of the positive samples. Indistinguishable isolates of serotype Derby have contaminated this particular sampling site for 4 distinct farms. On the slaughterhouse backyard, *Salmonella* was abundantly found on all trucks pathways (67% of contamination, n=144). The existence of circumstances favorable to contamination at farm slaughterhouse interface, related to pig's delivery, is documented. This

interface represents a *Salmonella* reservoir hence a permanent risk of cross-contamination of the production to the slaughterhouse, but also back to the farm.

Key words: *Salmonella*, pig, network, slaughterhouse yard, delivery-truck, farm.

Table des matières

Résumé	ii
Summary	iii
Liste des figures et des tables	vii
Liste des abréviations et acronymes	ix
Dédicace	xii
Remerciements.....	xiii
Avant Propos	xiv
Introduction	1
Recension de littérature	7
1. <i>Salmonella</i>	8
i. Découverte et historique de <i>Salmonella</i>	8
ii. Taxonomie du genre <i>Salmonella</i>	9
iii. Détection et discrimination des salmonelle	13
Survie de <i>Salmonella</i> dans l'environnement	20
iv. Modes de transmission de <i>Salmonella</i> chez les mammifères ..	24
v. Mécanisme d'infection/ colonisation de l'hôte par <i>Salmonella</i>	26
2. Les Toxi-infections causées par <i>Salmonella</i> dans le monde	32
i. Part des salmonelles non typhiques liées au porc	35
3. Présentation de l'industrie porcine au Québec	38
4. Maitrise et surveillance de <i>Salmonella</i> dans la filière porcine au Québec	41
i. Facteur de risque dans les structures principales du réseau ...	42
a. En élevage	43
b. Biosécurité	44

c. Entré des porcelets.....	46
d. Alimentation.....	47
e. Influence du transport vers l'abattoir	49
f. Processus d'abattage	51
Hypothèse	53
Objectifs	53
Méthodologie	54
Résultats	59
Article I <i>Salmonella</i> contamination related to farm and pig delivery truck activities	60
Abstract	60
Résumé	61
1. Introduction	63
2. Material and methods	64
3. Results	67
4. Discussion	74
5. Conclusion	77
Article II Slaughterhouse yard, a potential source of <i>Salmonella</i> in pig network interface	82
Abstract	83
Résumé	91
1. Introduction	85
2. Material and methods	86
3. Results	88
4. Discussion	91
5. Conclusion	93

Discussion générale	97
Conclusion	102
Bibliographies	105
Annexes	140

Liste des figures et des tables

Figure 1 Le mécanisme du zipper et du Trigger	28
Figure 2 Recensement de fermes actives par province © 2012.....	38
Figure 3 Densité de porc par ferme © 2010.....	38
Figure 4 Contamination on farm sites	68
Figure 5 PFGE of <i>Salmonella</i> Derby in slaughterhouse yard	72
Figure 6 PFGE analysis <i>S.</i> Derby collected on farm landing stages with 2 enzymes of restriction	73
Figure 7 Illustration of slaughterhouse yard pathways	86
Tableau 1 Îlots de pathogénicité de <i>Salmonella</i>	12
Tableau 2 Formulation de sérovars	15
Tableau 3 Taux de détection des isolats de <i>Salmonella</i> chez le porc à l'abattoir (PICRA, 2002-2009)	36
Tableau 4 Contamination on delivery truck mudguard's entering the slaughterhouse yard	70
Tableau 5 Frequency and diversity of <i>Salmonella</i> on the main circulating areas on slaughterhouse yard	89
Tableau 6 <i>Salmonella</i> serotypes and Typhimurium lysotypes among 3 main pathways	89

Liste des abréviations et acronymes

ACIA	: Agence canadienne d'inspection des aliments
ADN	: Acide désoxyribonucléique
AQC ^{MD}	: Assurance Qualité Canadienne
Afssa	: Agence française de sécurité sanitaire des aliments
AIAO	: All-in all-out, (tout-plein tout-vide)
ASPC	: Agence de santé publique du Canada
BGS	: Brilliant Green Sulfa (agar)
CDC	: Centre de contrôle et de prévention des maladies
CMH	: Complexe majeur d'histocompatibilité
CPQA	: Conseil des productions animales du Québec
CRAAQ	: Le centre de référence en agriculture et agroalimentaire du Québec
CRSV	: Chaire de recherche en salubrité des viandes
CSSP	: Programme canadien pour la sûreté et la sécurité
EFSA	: Autorité européenne de sécurité des aliments
FPPQ	: Fédération des producteurs de porcs du Québec
FSI	: « Food Safety initiative »
ISO	: Organisation internationale de normalisation
MAPAQ	: Ministère de l'Agriculture et des Pêcheries et de

l'Alimentation du Québec

MLST	: Multilocus sequence typing (Typage génomique multilocus)
MLVA	: Multiple loci VNTR Analysis (analyse de plusieurs locus VNTR)
MMWR	: Morbidity and mortality weekly report (rapport hebdomadaire de morbidité et de mortalité)
MSRV	: Milieu semi-solide de Rappaport - Vassiliadis
PNSME	: Programme national de surveillance des maladies entériques
OIE	: Organisation mondiale des Epizooties
OMS	: Organisation mondiale de la santé
PCR	: Réaction en chaîne de la polymérase
PFGE	: Électrophorèse en champs pulsé
PICRA	: Programme intégré canadien de surveillance de la résistance aux antimicrobiens
RFLP	: Polymorphisme de longueur de fragment de restriction
SPI	: Îlot de pathogénicité de <i>Salmonella</i>
TIAC	: Toxi-infection alimentaire collective
UE	: Union Européenne

- VNTR : Variable number of tandem repeats (répétition en tandem polymorphe)
- XLD : Xylose-Lysine-Désoxycholate
- LIA : Lysine fer (gélose)
- TSI : Triple sugar iron (triple sucre et fer)

Dédicace d'ordre sentimental

À Jean Pierre Richard et Jamiel Richard pour votre
amour

À Papi Vernet et Manmy Lou
pour votre patience

À David et Melinda
pour le soutien inestimable

Remerciements

La réalisation de ce mémoire a été possible grâce au soutien de plusieurs membres du corps professoral et des ressources de centres de recherches mises à ma disposition à la Faculté de Médecine Vétérinaire de L'Université de Montréal.

À la titulaire de la chaire en salubrité des viandes Ann Letellier et sa collaboratrice Sylvette L. Lewandowski parce qu'elles ont osé me confier un volet d'un projet innovateur audacieux. Merci pour la confiance!

À mon directeur de recherche Philippe Fravalo pour la disponibilité, la patience, l'accompagnement et l'encouragement, j'exprime ma reconnaissance.

Une pensée spéciale à l'égard de : Nadia Bergeron, Bénédicte Bouchet, Virginie Lachapelle, Gabriel Desmarais et Karine Giguère pour l'amitié, les conseils et la grande collaboration au déroulement et à la logistique du projet de recherche.

Une profonde gratitude aux membres des différents groupes: CRSV, GREMIP, GRESA , GREZOPS et CRIPA pour la disponibilité, l'accompagnement et la gentillesse.

Et enfin, aux membres de mon jury: Martine Boulianne, Philippe Fravalo Sylvette Laurent-Lewandowsky, Ann Letellier et Mariane Chemaly pour m'avoir fait l'honneur d'examiner ce mémoire.

Avant-propos

Salmonella est présente dans la filière porcine mondialement. Si certains pays ont réussi à maintenir un statut négatif au sein de leurs troupeaux c'est grâce à des années de surveillance et d'application drastique de bonnes pratiques d'hygiène tout au long de leurs chaînes de production. Encore aujourd'hui, dans la plupart des pays, l'éradication de *Salmonella* chez le porc semble utopique, les sources de contamination associées aux diverses étapes de la production ont été investiguées, les reproducteurs, la maternité, l'engraissement, le transport et l'abattage. Pourtant un certain nombre de carcasses contaminées en abattoir existe et *Salmonella* persiste malgré les nombreuses recommandations.

La production porcine est un travail d'équipe avec des partenaires indépendants dont les obligations et les objectifs ne convergent pas nécessairement. Une approche globale systémique est le meilleur moyen d'étudier l'interdépendance et l'implication de chaque secteur dans la chaîne de contamination existante. Dans notre projet, les acteurs et les zones d'activités réduites qui sont considérés comme moins importants aux interfaces entre la ferme et l'abattoir ont également été considérés. Cette étude se propose de décrire la contamination par *Salmonella* dans l'interface du réseau de production de porc entre des fermes et un abattoir.

Introduction

Les toxi-infections alimentaires collectives (TIACs) restent un enjeu de santé publique préoccupant au niveau mondial et notamment pour les pays industrialisés où les infections à *Salmonella* occupent une place particulièrement importante dans ces maladies d'origine bactérienne. ([Wegener, Hald et al. 2003](#), [BIOHAZ 2012](#), [CDC 2013](#), [Son et al. 2013](#))

L'Europe s'est très tôt préoccupée de la présence de *Salmonella* dans les filières de production d'œufs puis de viandes. Et depuis l'adoption dans l'Union Européenne (UE) du règlement CE No 2160/2003 pour la lutte contre les maladies zoonotiques d'origine alimentaire, *Salmonella* est devenu un pathogène prioritaire à contrôler, avec la mise en place de programmes de surveillance et de maîtrise de la bactérie dès l'élevage, chez les volailles et les porcs plus spécifiquement. Ces mesures ont contribué à une nette diminution des cas de salmonelloses liés à la consommation d'œufs contaminés ([Westrell, Ciampa et al. 2009](#), [Lahuerta, Westrell et al. 2011](#), [O'Brien 2013](#)). Par contre, la prévalence chez les porcs charcutiers n'a que très peu diminué ([EFSA 2008](#), [EFSA 2011](#)), vraisemblablement parce que la mise en place de programmes de maîtrise de *Salmonella* en filière porcine est restée une initiative individuelle des états membres. En Amérique du nord, une approche pragmatique d'intervention en 1996 a fixé le taux maximum de contamination des carcasses (Sofos & Smith, 1998; FSIS 1996 ; FSI 1997) considéré acceptable à 8,7% et la réglementation autorise les traitements de décontamination des carcasses notamment avec l'usage du chlore (Clayton, 2002) pour atteindre l'objectif fixé.

Si les prévalences de *Salmonella* sur les carcasses diminuent avec le temps, les niveaux de contamination des animaux entrant à l'abattoir et la présence de *Salmonella* sur les carcasses demeurent encore aujourd'hui une préoccupation de

santé publique et soutiennent la nécessité de mettre en place des mesures de contrôle plus en amont de l'abattoir (Schmidt et al. 2012).

Au Québec tout particulièrement, un plan de surveillance et de contrôle de *Salmonella* en filière porcine a été créé depuis 2003. L'objectif était de déterminer la séroprévalence au niveau de la ferme et d'agir sur les élevages fortement contaminés par *Salmonella*. Ces derniers faisaient l'objet rétroactivement de mesures de maîtrise corrective comme: la formation de l'exploitant, l'identification des facteurs de risque spécifiques à la ferme, la vérification de l'efficacité du protocole de lavage et désinfection de la ferme et la gestion de l'abattage des animaux considérée à risque plus élevé ([Letellier 2006](#)). Toutefois la collaboration de tous les participants du réseau est nécessaire pour assurer la diminution de cette contamination des carcasses en abattoir (Alban & Stark 2005 ; EFSA 2010 ; FSIS 2013).

Au-delà, des analyses sérologiques du programme de surveillance provincial dont les résultats ne sont pas diffusés de façon publique, des analyses bactériologiques par le programme intégré canadien de surveillance de la résistance aux antimicrobiens (PICRA) dans le réseau porcin permettent d'accéder à l'évolution de la contamination en production primaire.

Ainsi, les données enregistrées de 2002 à 2009 par le PICRA montrent une augmentation de 27% à 45% de la contamination par *Salmonella* des contenus caecaux de porcs prélevés dans les abattoirs ([Pintar, Parmley et al. 2010](#)).

Le niveau de contamination caecale est en effet le reflet des étapes de production précédant l'abattage, c'est-à-dire, la contamination en élevage, augmentée éventuellement de celle acquise lors du transport et pendant l'attente. L'augmentation de la prévalence dans le cheptel porcin observée justifie une

meilleure prise en compte de ce secteur pour limiter l'entrée de *Salmonella* dans l'abattoir.

Etant donné les diverses méthodes de détermination de la prévalence utilisées et le manque de données qualitatives et quantitatives sur les cas de salmonelloses humaines enregistrés, les experts canadiens n'arrivent que difficilement à attribuer une production animale à l'origine de ces gastro-entérites ([Ravel et al. 2010](#)). Toutefois, l'UE estime que 10 et 20 % de cas humains sont en lien direct avec la consommation et le contact avec les porcs (Dubroca et al. 2005). Plus récemment une étude a affirmé que les liens entre la viande porcine et les cas humains seraient maintenant de 56,8% (95% CI 48,2-65,8) ([EFSA 2011](#)). Les succès enregistrés dans la maîtrise de *Salmonella* dans la filière avicole ont pour conséquence l'apparence de plus en plus importante de la part du secteur porcin dans l'origine de ces TIACs.

Au Québec, la modernisation particulièrement technologique des installations d'abattoir, prédispose à un meilleur contrôle des risques de contamination en abattoir (FPPQ, 2009). Parallèlement les producteurs et le service du transport se sont regroupés autour d'un plan conjoint pour améliorer le service de gestion de la production, dans sa mise en marché.

Le volet " biosécurité " cependant, n'a que très peu été pris en compte. Si la structure du réseau de production porcine au Québec est favorable au contrôle de biosécurité par son organisation de façon sectorielle et régionale, la prise en charge de la contamination de *Salmonella* reste à y être appliquée.

En général, un réseau de production est composé de divers acteurs: la meunerie, la maternité (saillie, gestation, mise-bas), les pouponnières, l'engraissement, le transport et l'abattoir. Et plusieurs études ont ainsi analysé en détail mais

majoritairement de manière ponctuelle et unidirectionnelle, le processus de contamination dans ces divers segments du réseau ([Borch et al. 1996](#), [Bandeira et al. 2007](#), [Duggan et al. 2010](#)). Les résultats de ces recherches montrent très souvent, un lien de transmission de la production vers l'abattoir. C'est un regard unidirectionnel, dans le même sens de la production, c'est-à-dire depuis la maternité jusqu'à l'abattoir. La contamination transversale du réseau est peu investiguée. À titre d'illustration, s'il est bien décrit que la contamination à la pouponnière influence la prévalence à l'abattoir, on ne dispose pas d'informations sur la situation en sens inverse: de l'abattoir sur le secteur pouponnière.

Tenant compte des interconnexions qui existent au sein d'un réseau établi, entre les fermes, les transporteurs et l'abattoir, la problématique de *Salmonella* semble être plus complexe, multi-niveaux et surtout multidirectionnelle.

L'hypothèse de ce travail était que la présence de *Salmonella* aux interfaces d'un réseau dynamique de production contribue à la contamination de ce réseau de façon multidirectionnelle.

Les objectifs de la présente étude pour vérifier cette hypothèse ont été les suivants:

1. Établir un réseau de production dynamique composé de 10 fermes non expérimentales desservant un abattoir commun.
2. Décrire la contamination par *Salmonella* aux interfaces du réseau au cours de son fonctionnement en continu sur une période d'un an:
 - en rapport avec la ferme et le transport lors du chargement.
 - lors de la livraison à l'abattoir.

RECENSION DE LA LITTÉRATURE

1. *Salmonella*

i. Découverte et historique de *Salmonella*

Le genre *Salmonella* a été découvert pour la première fois par Théobald Smith (1859-1934). La bactérie a par la suite été ainsi nommée après que Daniel Elmer Salmon en 1900, l'ait isolée pour la première fois dans une investigation sur la problématique de l'époque: la peste porcine en 1886.

La taxonomie de *Salmonella* a été très controversée au cours de l'histoire (Brenner F. W. et al. 2000). Les différentes propositions de nomenclatures ne tenaient d'abord pas compte des considérations de la classification du genre bactérien. On rapporte, en effet que certains bactériologistes publiaient avec un code bactériologique donné, alors que les microbiologistes eux-mêmes moins familiers avec ce code utilisaient la taxonomie proposée par Le Minor en lien avec les différenciations phénotypiques. Il n'existait aucun consensus précis entre les deux parties (Old DC. 1992, Euzéby 1999, Brenner et al. 2000). La confusion dans la nomenclature des salmonelles s'installa rapidement. Néanmoins, elle semblait se résoudre avec la première publication d'une ligne directrice.

Cette ligne directrice proposait, du point de vue taxonomique, l'existence d'un lien génomique entre souches avec plus de 70% d'hybridation ADN-ADN avec une différence de température inférieure à 5°C ([Wayne et al. 1987](#)) pour définir l'appartenance à une espèce. Selon ce principe, toutes les *Salmonella* appartiendraient donc à deux espèces.

ii. Taxonomie du genre *Salmonella*

Le genre *Salmonella* est un membre de la famille des Enterobacteriaceae, il comprend deux espèces: *S. bongori* et *S. enterica*.

- *S. bongori* est élevée au rang d'espèce. Elle ne possède que 23 sérovars connus, soit un nombre inférieur à la diversité observée pour les autres sous-espèces et ne semble pas importante dans les infections humaines ([Martin & Moss 2008](#), [Fookes et al. 2011](#)).

- *S. enterica* regroupe plus de 2500 sérovars, très importants du point de vue santé publique avec des sérovars potentiellement pathogènes.

Salmonella bongori présente une sous-espèce et *Salmonella enterica* se divise en 6 sous-espèces: *S. enterica* subsp. *enterica*, *S. enterica* subsp. *salamae*, *S. enterica* subsp. *arizonae*, *S. enterica* subsp. *diarizonae*, *S. enterica* subsp. *houtenae* et *S. enterica* subsp. *indica*.

Nous nous attarderons sur *Salmonella enterica* subsp *enterica* qui est la sous-espèce impliquée dans 98% des cas de gastroentérites humaines causées par *Salmonella* ([CDC 2011](#), Weil 2011). Les salmonelles se divisent en multiples sérovars selon le schéma de "White-Kauffman-Le Minor" et le nombre continue d'augmenter avec le temps. Par conséquent, pour limiter les erreurs et éviter toute confusion seul le Centre Collaborateur de l'OMS de Référence et de Recherche sur les *Salmonella* a le mandat de valider les nouveaux sérovars ([Grimont & Weill 2007](#)).

a. Propriétés phénotypiques d'intérêt

Salmonella, est un bacille Gram négatif, la paroi externe présente une structure complexe et le microorganisme est non sporulant avec des flagelles péritriches. Sa composition de base d'ADN est de 50-52 mol% (G+C), similaire à celle d'*Escherichia coli*, de *Shigella*, et de *Citrobacter*.

Les *Salmonella* possèdent deux principales structures antigéniques qui permettent l'identification des bactéries. Ces structures sont les antigènes somatiques représentés par l'antigène O et les antigènes flagellaires représentés par l'antigène H (Sanger, 2011).

L'antigène O est un élément de la chaîne lipopolysaccharidique (LPS) relié à la membrane externe de la bactérie. Il se retrouve sur la partie latérale de la chaîne après le lipide A et le core qui sont les premiers segments du LPS. L'antigène O est une fraction polysaccharidique de cette structure et il est déterminant pour l'identification du sérovar.

Le flagelle est constitué majoritairement de flagelline. Cette dernière définit l'antigénicité H. Les flagellines présentent deux formes antigéniques qu'on divise en phase I dite spécifique codée par le gène *FliC* et la phase II dite non spécifique, codée par *FljB*. Lorsque l'analyse porte sur une cellule bactérienne en particulier, on ne voit qu'une seule phase exprimée. Mais dans une culture bactérienne, les bactéries expriment l'une ou l'autre des phases dans des proportions variables, l'identification des deux phases est possible, parfois après avoir forcé la représentation de la phase minoritaire (technique d'inversion de phase). La non-expression (mutation, délétion, défaut de traduction) de l'un ou l'autre des gènes *FliC* ou *FljB* donne lieu parfois à une *Salmonella* monophasique ou non mobile ([Madajczak 2012](#)). Certains serovars sont toujours

monophasiques (*S. Enteritidis*), d'autres sont constitutivement non flagellés (*S. Gallinarum* entre autre) donc immobiles et ne présentant pas d'antigénicité flagellaire.

Techniquement ces deux antigènes sont détectés pour l'identification d'un sérovar à l'aide d'anticorps polyclonaux spécifiques de groupes, et ensuite à l'aide d'antisérums monovalents pour l'identification du sérovar définitif ([Meyer et al. 2004](#)).

Indépendamment de la notion de sérovar, la caractérisation des isolats de *Salmonella* implique l'analyse de l'expression de facteurs de virulence dont les systèmes de sécrétion, qui conditionnent le niveau de pathogénicité de la bactérie. Ces systèmes ont la capacité d'injecter des molécules toxiques à la cellule cible et sont associés directement à la virulence. Les îlots de pathogénicité (SPIs) sont des regroupements de gènes qui codent pour ces différents facteurs de virulence.

Les facteurs de virulence les plus importants de *Salmonella* sont regroupés dans environ 12 îlots de pathogénicité spécifiques (SPIs) de la bactérie, ([Siriken 2013](#)). Parmi ceux-ci on retrouve dix SPIs, un îlot de haute pathogénicité (HP) et un îlot génomique de pathogénicité (GPI-1). Tous ces îlots de pathogénicité sont retrouvés chez la sous-espèce *S. enterica* subsp. *enterica* à l'exception de l'îlot de haute pathogénicité qui paradoxalement et selon une étude réalisé par [Oelschlaeger et al. \(2003\)](#) n'est pas retrouvé dans les sérovats pouvant affecter l'homme.

Nous discuterons en détails des îlots de pathogénicité, et particulièrement des rôles de SPI-1 et SPI-2 étant donné qu'ils sont déterminants dans l'invasion et la colonisation des sites systémiques comme le foie et la rate ([Rychlik et al. 2009](#)).

Les SPI-6 et SPI-7 sont retrouvés chez le sérotype *S.Typhi* ([Jacobsen et al. 2011](#)), mais les SPI-8 et SPI-9 non spécifiques d'un sérovar, sont complémentaires, interdépendants et renforcent la virulence de la bactérie. Le tableau ci-dessous présente le rôle des SPIs de 1 à 5 répertoriés.

Îlots de pathogénicité de *Salmonella*

Îlots de pathogénicité	Système de secretion utilisé	Fonctions
SPI-1	SST3	Adhésion, invasion
SPI-2	SST3	Internalisation Multiplication intra-cellulaire Infection systémique
SPI-3 / SPI-4	Mg ²⁺ uptake / SST1	Survie intra-cellulaire
SPI-5	SST3	Sécrétion des fluides, infection systémique, apoptose

Tableau 1 Présentation et rôle des îlots de pathogénicité répertoriés chez *Salmonella* (non typhique)

Il est rapporté qu'au sein d'un même sérovar une diversité existe parmi les isolats suivant le niveau d'expression des facteurs de virulence ([Switt et al. 2009](#), [Bergeron et al. 2010](#)). Il est aussi fréquent qu'un même isolat soit capable d'induire des effets différents sur des lignées cellulaires issues de tissus différents ([Boyen et al. 2006](#)).

Cette variabilité au sein des souches et l'émergence de nouveaux sérovares ou variants dans les épidémies de toxi-infections alimentaires (Gossner CM et al. 2012) rend difficile l'énumération des sérovares plus «dangereux». Même s'il existe des spécificités de pathogénicité pour quelques sérovares transmis à

l'animal, on peut citer *S. Pullorum*, *S. Gallinarum* chez les oiseaux; *S. Abortus equi* chez les équidés; *S. Abortus ovis* chez les ovins, caprins; *S. Choleraesuis* chez les suidées qui induisent fréquemment une salmonellose clinique chez les espèces correspondantes. On peut noter également *S. Typhi* et *S. Paratyphi* pour l'Homme. D'où la décision commune de considérer l'ensemble des sérovars, comme potentiellement pathogènes pour l'Homme.

iii. Détection et discrimination des salmonelles

Il existe deux principales approches pour la détection de *Salmonella* dans l'environnement et les fèces de porc, soit une approche bactériologique ou une approche moléculaire.

1. Les méthodes bactériologiques ont un protocole de base commun impliquant diverses étapes comme le pré-enrichissement qui apporte des nutriments pour la croissance non sélective des bactéries, l'enrichissement sélectif qui inhibe les bactéries compétitives, l'isolement sur des milieux gélosés sélectifs qui vont permettre l'isolement de colonies typiques. Les isolats seront confirmés biochimiquement. La batterie de tests utilisés n'est pas strictement définie et dépend de l'expérience du laboratoire. L'identification en tant que *Salmonella* est confirmée par la séro-agglutination. Tous les protocoles de détection de *Salmonella* ne suivent pas nécessairement des étapes identiques, cela dépend de la matrice à analyser et le niveau de sensibilité recherché.

Dans cette optique, l'étude de [Love et Rostagno \(2008\)](#) illustre bien par la comparaison de 5 méthodes de détection, toutes non normalisées, l'importance du choix d'un protocole pour le type de substrat à analyser. L'utilisation de milieux d'enrichissements différents pour la première étape, suivie d'ensemencements sur des géloses sélectives différentes pour la détection de

Salmonella, montrent une excellente spécificité pour toutes les options. Cependant, une combinaison de 2 méthodes est nécessaire pour obtenir une sensibilité maximale à partir d'échantillons des fèces.

Depuis 2002, la méthode ISO 6579 annexe D normalisée pour la détection de *Salmonella* dans l'environnement renferme toutes les étapes d'un protocole de détection suivi d'une double confirmation biochimique et sérologique des souches. Elle est la méthode de référence montrant une sensibilité et une spécificité excellentes dans des études de comparaisons inter-laboratoire de références (Kuijpers AFA et Mooijman KA 2012).

2. Les méthodes moléculaires sont toutes basées sur l'amplification de l'ADN de la bactérie. Elles sont très souvent combinées à une approche bactériologique. Ainsi, dans un souci de sensibilité, un enrichissement est nécessaire avant l'application de la méthode de réaction en chaîne par polymérase (PCR) choisie (Kuijpers AFA et Mooijman KA 2012).

Il existe en effet, une grande variabilité de protocole PCR pour la détection rapide de *Salmonella* ([Wilkins et al. 2010](#)), par contre aucune d'entre elles n'est normalisée. À noter que quelques pays comme le Danemark, qui sont à l'avant-garde du contrôle de *Salmonella*, semblent adopter d'un commun accord une méthode universelle de PCR en temps réel pour la détection rapide en abattoir ou en usine de transformation ([Lofstrom et al. 2009](#)). Cependant, pour des échantillons de fèces la sensibilité la meilleure reste observée avec le protocole classique de culture bactérienne ([Jensen et al. 2013](#), Pires et al. 2013). L'avantage de l'approche moléculaire réside dans l'économie de temps soit celui nécessaire pour confirmer la présence de *Salmonella* dans un échantillon (Stone et al. 1995, Techathuvanan et al. 2010, Löfström 2012).

Au-delà de la détection, la variabilité de *Salmonella* nécessite, pour la précision des informations (notamment la traçabilité des souches en santé publique et en

salubrité des viandes) une discrimination précise jusqu'à un niveau inférieur à la sous-espèce.

Trois méthodes phénotypiques sont couramment utilisées: le sérotypage, le lysotypage et l'antibiotypage

- Le sérotypage est le moyen utilisé pour identifier un sérovar du genre *Salmonella*. La technique a été particulièrement bien détaillée par le schéma de sérotypage de "Kauffmann et White - Le Minor 1987" servant de référence jusqu'à ce jour. Le tableau suivant illustre la subtilité des formules antigéniques complètes nécessaires pour identifier 3 types de groupe O:4 (B) fréquent en milieu porcine.

Formulation de sérovars

Sérovars	Antigène O	Antigène H	
		Phase I	Phase II
Derby	1,4,[5],12	f,g	[1,2]
Typhimurium	1,4,[5],12	I	1,2
Brandenburg	4,[5],12	l,v	e,n,z15

Tableau 2 Formules antigéniques selon Kauffmann et white Le Minor 1987 de 3 sérovars fréquemment isolés en filière porcine

L'information sur l'identité de différents sérovars dans un réseau ou un espace donné est le premier élément déterminant sur la diversité de la contamination existante ([Hauser et al. 2011](#), [Visscher et al. 2011](#)).

Après le sérotypage, d'autres niveaux de discrimination peuvent être établis pour un même sérovar. C'est ainsi que pour certains sérovars d'intérêt comme *S. Typhimurium* et *S. Enteritidis*, le sous-typage appelé lysotypage a été développé. Il est basé sur la sensibilité de la bactérie face à une collection de phages. Pour les autres sérovars, c'est l'antibiotypage qui est largement utilisé.

•Le lysotypage est une méthode basée sur la sensibilité de la souche isolée à certains bactériophages. Les protéines de surface du phage se lient aux récepteurs spécifiques à la surface de la bactérie, il s'en suit une lyse cellulaire bactérienne qui traduit une sensibilité au phage spécifique (Anderson et Williams, 1956; Prescott et al. 1995). La performance de cette technique dépend de la collection de phages disponible. Le sérovar est considéré comme atypique si le profil de sensibilité résultant n'est pas répertorié et comme non typable si la souche ne réagit avec aucun des phages testés. Ainsi, un nombre variable de nouveaux lysotypes peuvent être en circulation, mais tous les pays dotés d'un système de surveillance n'ont pas nécessairement l'obligation de les rapporter ([Peters et al. 2010](#)). Cette méthode employée pour le lysotypage de *S. Typhimurium* est celle présentée par [Callow \(1959\)](#) et [Anderson et al. \(1977\)](#).

•L'antibiotypage est une méthode basée sur la sensibilité aux antibiotiques. Il consiste à réaliser l'antibiogramme d'une souche bactérienne. La concentration minimale inhibitrice (CMI) de la croissance d'une bactérie est mesurée pour chaque antibiotique.

Elle est utilisée pour la surveillance de pathogènes spécifiques afin de disposer d'une banque de références actualisées sur l'évolution du profil d'antibiorésistance circulant sur un territoire. Au Canada les antibiotiques utilisés dans la surveillance d'antibiorésistance chez l'homme et les animaux de consommation sont les suivants : amikacine, ampicilline, amoxicilline (acide clavulanique), céfoxitine, ceftiofur, ceftriaxone, chloramphénicol, ciprofloxacine, gentamicine, kanamycine, acide nalidixique, streptomycine, sulfisoxazole, tétracycline, triméthoprim (sulfaméthoxazole) ([Anonymous 2007](#)).

D'autre part, l'utilisation d'outils moléculaires pour le sous typage de *Salmonella* est très répandue. On peut citer: l'analyse de plusieurs loci de gènes de ménage (MLST), l'analyse de multiple locus de séquences localisées répétées en tandem (MLVA), l'électrophorèse en champs pulsé (PFGE). Ces approches moléculaires sont parmi les plus utilisées ([Leekitcharoenphon et al. 2012](#)). Le choix de la méthode dépend ensuite du niveau de discrimination convoité. ([Brisabois 2001](#))

Une brève description des différentes méthodes de sous typage est nécessaire pour valider le choix.

- Le MLST est basé sur le séquençage de gènes de ménage ou de virulence choisis au préalable. Ensuite, une analyse de la variabilité alléliques de ces gènes ou fragments de gènes est réalisée. Le MLST est souvent comparé au PFGE et il est considéré comme très discriminant ([Harbottle et al. 2006](#)) ([Foley et al. 2006](#)).

Plus récemment deux loci de « clustered regulary interspaced short palindromic repeats » (CRISPRs) ont été identifiés chez *Salmonella* ([Touchon et Rocha 2010](#), [Liu et al. 2011](#)). Ces auteurs les ont introduits dans un protocole de MLST en utilisant 4 marqueurs classiques *fimH*, *sseL* et les deux CRISPRs. Le résultat de ce sous-typage a été le précurseur de la nouvelle méthode: CRISPOL.

- le CRISPOL est une méthode de sous-typage à haut débit, basée sur l'analyse de polymorphisme des CRISPRs. Il permet une grande capacité de typage et de sous-typage des *Salmonella* en une étape. C'est une alternative intéressante car il permet un sous-typage précis au sein de souches de même formule antigénique ([Fabre et al. 2012](#)).

- Le Multilocus VNTR analysis (MLVA) est basé sur l'analyse de locus de VNTR ([Lindstedt 2005](#)). De courtes séquences répétées (SSRs) sont présentes dans le génome des bactéries et le nombre des copies de ces séquences répétées en tandem est variable (VNTR). Cette variabilité met en évidence le polymorphisme bactérien, qui se traduit par un profil MLVA. Il suffit alors de le comparer à ceux déjà existants dans des banques de profils. Ces banques sont toutefois limitées et concernent un nombre précis de sérovars. Pour *S. Enteritidis* par exemple, des isolats de différents lysotypes peuvent partager le même profil MLVA ([Hopkins et al. 2011](#)). Par ailleurs, les auteurs soulignent l'urgence de standardiser cette méthode (notamment en arrêtant une liste de loci ciblés pour les analyses). En l'absence de cette standardisation, son application est suggérée en complément avec une autre méthode de choix comme le lysotypage ([Cho et al. 2010](#)). Elle est souvent comparée au PFGE pour la discrimination de souches impliquées dans les épidémies ([Dewaele et al. 2012](#), [Sintchenko et al. 2012](#))

- Le PFGE est basé sur la comparaison de fragments d'ADN. Il a été inventé par Schwartz et Cantor en 1984. Son principe est basé sur le clivage du génome bactérien par des enzymes de restriction comme XbaI, BnlI ou SpeI, ayant de rares sites de clivage et donc qui génèrent un petit nombre de longs fragments d'ADN de plus de 50 kb. Un champ électrique alterné permet la migration des fragments sur un gel. Des profils de références servent de contrôle positif. C'est la méthode de référence pour le typage de *Salmonella* ([Hunter et al. 2005](#)).

En effet, le PFGE est l'une des techniques moléculaires développées les plus fiables, discriminantes et reproductibles, il est souvent utilisé dans la détection

de sources de contamination par des agents pathogènes (Vernile et al. 2009) afin d'établir des liens épidémiologiques pour des études de dissémination de la contamination à travers un réseau de production (Hauser et al. 2011).

Le choix de la méthode PFGE normalisée par le CDC (Hunter et al. 2005, Gomes-Neves et al. 2012) est basé sur sa capacité à distinguer des souches génétiquement proches et a été utilisée avec succès pour des études comparatives de plusieurs sérovars en production porcine (Gaul et al. 2007, Zou et al. 2010).

iv. Survie de *Salmonella* dans l'environnement

Salmonella est une bactérie ubiquitaire et la niche écologique principale de cette bactérie zoonotique est l'intestin de l'homme et des animaux à sang chaud. Dans la filière de production de porcs particulièrement, on trouve un grand nombre de *Salmonella* (USDA, 2009). Plus de 22 sérovars peuvent être répertoriés à partir d'échantillons de fermes (Rajic et al. 2005; Delcam et al. 2013; Fashae et Hendriksen 2013). Les salmonelles sont sécrétées et excrétées par intermittence dans l'environnement via les déjections animales.

Salmonella se retrouve dans les eaux d'épuration et bien souvent dans les eaux de surface en milieu urbain ou rural ([Mehrabian et al. 1977](#), [Thomas et al. 2012](#)). Ainsi l'utilisation d'eaux de puits contaminées pour l'arrosage et pour l'abreuvement des porcs, contribuerait à une grande dissémination de la bactérie. *Salmonella* survit dans le lisier de porc plus de 110 jours ([Nicholson et al. 2005](#), [Arrus et al. 2006](#), [Drogoul et Germain, 1998](#)). Autrefois, en condition de production, la présence de *Salmonella* était à craindre dans les élevages où la litière était très peu utilisée, obligeant les porcs à reposer dans les zones humides et souillées des parcs. Cependant, dans les conditions actuelles on cherche surtout à limiter le contact direct avec les fèces par l'utilisation de caillebotis, la litière est peu ou pas utilisée représentant environ 1% du cheptel québécois (Pouliot et al. 2006, Pouliot 2007). Si *Salmonella* survit près de 6 mois dans la litière, sa survie dans le lisier est plus limitée (Robinault et al. 2006; Turpin et al. 1993).

En conditions d'élevage, la résistance de *Salmonella* dans l'environnement dépend de plusieurs facteurs tels que: la température, les radiations solaires, la déshydratation, le pH, l'absence ou la présence d'oxygène.

Salmonella s'adapte aux principaux facteurs environnementaux, et cette aptitude lui confère une capacité de survie remarquable. Nous en rapportons quelques-uns ici:

- la température : [Mackey et Derrick \(1986\)](#) ont prouvé que les souches de *Salmonella* pouvaient développer une résistance à la chaleur au-delà de 48°C lorsqu'elles étaient préalablement exposées à de hautes températures et même au-delà de 55°C avec une corrélation positive entre une montée progressive de température et l'augmentation de cette résistance. Par ailleurs, des températures entre 0°C et -10°C seraient plus à craindre pour *Salmonella* que celles comprises entre -17°C et -20°C selon le « Scientific Committee on Veterinary Measures Relating to Public Health (2000) ». En effet, les températures de congélation environnementales rencontrées en hiver au Québec donnent aussi bien lieu à une protection naturelle (0°C et -10°C) qu'à un processus de conservation (-17°C et -20°C), par arrêt du métabolisme sans dommage à la bactérie. *Salmonella* exprime une extrême capacité de survie à de longues périodes de déshydratation ou de congélation ([Muller et al. 2012](#)). Le métabolisme et l'activité de multiplication bactérienne se rétablissent lorsque les conditions adéquates sont réunies comme démontré par [Garcia et al. \(2010\)](#).

- Les radiations solaires ont un effet létal sur la bactérie en surface du sol. Mais elles sont facilement arrêtées par un obstacle physique. Ainsi, en sous-sol à 0,45m de profondeur, *Salmonella* peut survivre facilement durant 3 semaines ([Palacios et al. 2001](#), [Fernandez-Vera et al. 2007](#)).

- Le pH: La résistance en milieu acide est une condition importante pour l'expression de l'effet pathogène chez les mammifères. Selon [Foster et Hall \(1991\)](#), *Salmonella* conserve une certaine capacité de croissance à un pH de 4,3. Même dans des conditions plus extrêmes étudiées, *Salmonella* est capable de s'adapter aux expositions d'acide potentiellement mortelles grâce aux mécanismes de résistance au stress appelé ATR (Acid Tolerance Response) ([Lee et al. 1994](#)). Il s'agit d'une réponse induite directement à partir du stress de l'environnement acide ([Foster et Spector 1995](#)) ([Lin, Lee et al 1995](#)). Le mécanisme est très complexe et est régulé par des gènes de synthèse de l'ARNm comme RpoS, PhoP, et Fur qui permettent aux salmonelles d'échapper à l'effet létal de l'acide chlorhydrique présent dans le contenu gastrique des porcs ([Foster et Spector 1995](#)). Il lui permet de survivre dans des conditions adverses allant jusqu'à un pH de 3.0 et même à un pH basique supérieur à 8.0
- Le manque d'oxygène ne limite pas *Salmonella*, c'est une bactérie anaérobie facultative ([Singh et al. 2000](#)). Ce phénomène s'explique par l'utilisation d'un autre accepteur d'électron, le tétrathionate, pour la respiration cellulaire ([Winter et al. 2010](#)).

On rencontrera donc facilement *Salmonella* sur les surfaces inertes souillées en élevage. Et cela représente alors un risque de contamination direct des porcs non infectés (Hurd et al. 2001, Hernández et al. 2013, Pires et al. 2013). C'est également le cas lors du transport où le camion de chargement des porcs présentant une surface d'aluminium se révèle souvent contaminée par des entérobactéries dont *Salmonella*. On observe cela surtout après une livraison de porcs et aussi après un nettoyage de la remorque où *Salmonella* semble persister parfois. ([Rossel et al. 2002](#), [Dorr et al. 2009](#)).

Aussi au niveau des parcs de stabulation en ferme et à l'abattoir, les murs et le sol des enclos sont souvent contaminés à cause de la présence de fèces et du mouvement constant des animaux contaminés ([Zewde et al. 2009](#)).

À l'abattoir précisément, *Salmonella* présente une certaine adhérence aux matériaux constituant les convoyeurs qu'ils soient en acier inoxydable ou en plastique (Speranza et al. 2011, [Veluz et al. 2012](#)). Si le processus de nettoyage n'arrive pas à déloger les bactéries de la surface, une «agglomération» de bactéries appelée biofilm peut se former et donner lieu à la contamination des viandes en chaîne de production.

Ce biofilm représente une fine couche de bactéries fixée à une surface caractérisée par la sécrétion d'une matrice adhésive et protectrice. Il se développe sur tous les types de surfaces et cette matrice les protège contre l'action des antimicrobiens ou des détergents par exemple ([Costerton et al. 1999](#)). On voit donc que *Salmonella* est adaptée à la survie dans les milieux divers, loin de son hôte primaire. Ainsi la présence de *Salmonella* doit être maîtrisée en fermes, en abattoirs et en usines de transformation. Pour les éleveurs, cette maîtrise est primordiale sinon, la succession des cycles de contamination et de recontamination des cheptels continueront d'alimenter la production de viande en *Salmonella* spp. (Magistrali et al. 2008, Dorr et al. 2009).

v. Modes de transmission de *Salmonella* chez les mammifères

Salmonella est retrouvée chez tous les animaux. Cependant, les animaux de rente, principalement ceux des espèces aviaire, bovine et porcine, sont considérés comme hôtes et vecteurs de cet agent zoonotique (OMS, 1998). La principale voie de transmission de *Salmonella* commune à tous les animaux est la voie horizontale.

Elle s'oppose à la transmission verticale dont nous ne dirons que quelques mots. En effet, le terme de transmission verticale est parfois utilisé dans des situations impliquant une transmission des parents aux descendants. Dans la problématique aviaire par exemple, on observe une contamination de la poule directement à l'œuf. Cette transmission est permise par une contamination de la grappe ovarienne, organes de reproduction des oiseaux ([Gantois et al. 2009](#)). Au-delà de cette observation, la désignation de transmission verticale peut-être controversée puisqu'il reste toujours à démontrer que la contamination de l'œuf soit compatible avec le développement embryonnaire jusqu'à la naissance d'un poussin ([Berchieri et al. 2001](#)). Malgré cette ambiguïté au niveau du troupeau de volaille, la contamination horizontale ne laisse aucune équivoque.

La contamination horizontale d'un groupe d'animaux se fait par succession de contact féco-oral. Ce mode de transmission d'un animal à l'autre représente le dogme mais on observe aussi l'ingestion d'aliments et d'eaux contaminés, la contamination croisée à partir de l'environnement qui sont autant de voies pour initier la transmission horizontale. Elle est entretenue ensuite par le contact direct avec les animaux infectés. (Nollet et al. 2005, CDC 2012)

Cette transmission est un risque permanent en élevage porcin où le comportement naturel du porc est de fouiller de son groin, le sol et les parois de

son enclos éventuellement souillés avec des fèces. Certains auteurs, ([Proux et al. 2001](#)) indiquent même une transmission possible de nez à nez entre porcs confinés dans un espace défini.

La participation de la transmission aéroportée a également été rapportée dans la contamination du troupeau. Elle serait facilitée, par le transport des aérosols (Mcdermid et lever 1996) comme les sécrétions oral-pharyngales ([Straw 1999](#)) ou tout simplement par la transmission aérienne de poussières ou de particules qui sont autant de supports à la dissémination de *Salmonella* entre les enclos ([Hurd et al. 2001](#), [Proux et al. 2001](#), [Harbaugh et al. 2006](#), Oliveira et al. 2006).

En effet, ce mode dynamique de contamination observé en ferme peut être difficile à reproduire de façon exacte expérimentalement ([Straw et al. 2006](#)) en raison de l'existence d'une relation dynamique entre la bactérie, ses multiples hôtes comme les mouches, les vermines ou autres insectes non investigués et l'environnement immédiat incluant les équipements mécaniques comme les brouettes, pelles, panneaux et gants.

vi. Mécanisme d'infection/colonisation de l'hôte par *Salmonella*

La dose infectieuse de *Salmonella* pour un mammifère est faible, de l'ordre de quelques dizaines de cellules pour l'Homme ([Varnam et M.G. 1991](#); Teunis PF et al. 2010), sans doute un peu plus élevée chez le porc (Fravallo P et al. 2003). Comme présenté ci-dessus, la contamination se fait le plus souvent par la voie orale, le système digestif représente ainsi la zone d'interaction naturelle de cette bactérie avec son hôte.

Une fois ingérée, *Salmonella* est confrontée à une importante ligne de défense de l'hôte, l'acidité gastrique.

Cependant, le stress induit par l'acidité, active chez *Salmonella* la synthèse de protéines spécifiques appelées ASPs (acid shock proteins) pour réguler l'homéostasie du pH cytoplasmique bactérien ([Riesenberg-Wilmes et al. 1996](#), [Bearson et al. 1998](#)). Cette réponse d'adaptation déclenchée par l'acidité est connue sous le nom de système ATR (Acid Tolerance Response). Il existe deux phases d'ATR, la première à partir d'un pH de 5,8 et la seconde à partir d'un pH inférieur à 4,8 qui active au moins 43 ASPs ([Foster 1993](#)). Chaque niveau d'acidité provoque la synthèse d'un groupe déterminé de protéines pour réguler le niveau du pH ou pour réparer les dommages causés à la bactérie. Ainsi, *Salmonella* réunit presque toutes les aptitudes pour vaincre l'acidité de l'estomac.

Le mucus qui recouvre les cellules épithéliales intestinales protège les entérocytes contre les pathogènes et représente une barrière physique contre les microorganismes présents dans la lumière intestinale. Les mucines contenues dans ce gel lui confèrent ces propriétés protectrices spécifiques ([Gouyer et al. 2011](#)). Physiquement le mucus lubrifie la zone et facilite l'évacuation du contenu

intestinal par le péristaltisme et limite l'accès de *Salmonella* à la surface apicale des entérocytes.

Les salmonelles qui accèdent à la surface de la muqueuse intestinale sont capables d'agir sur cette surface formée de cellules liées entre elles par les jonctions serrées. Les fimbriae, comme le type 1 FimH, de cette bactérie participent à l'adhésion aux cellules épithéliales de l'intestin initiant la colonisation (Grzymajlo et al. 2013).

Une dizaine d'adhésines fimbriaires a été répertoriée chez *S. enterica* de types différents et elles ont la capacité fonctionnelle d'interagir avec d'autres déterminants de la virulence pour permettre l'internalisation des salmonelles dans la cellule hôte. (Wagner C et Hensel M. 2011). Une expérience faite sur des souris de laboratoire montre qu'au moins 6 unités fonctionnelles appelées opérons fimbriaires seraient nécessaires pour donner lieu au statut de portage asymptomatique de *S. Enterica* (Weening et al. 2005).

Au-delà de la notion de portage asymptomatique, la suite du processus infectieux, initié par l'adhésion, est l'internalisation.

Salmonella libère des effecteurs suite à l'expression du SPI-I qui fragilisent la muqueuse intestinale en induisant la synthèse de la protéine claudine-2. Cette protéine transmembranaire, jouant un rôle dans l'étanchéité des tissus épithéliaux, régule inversement la perméabilité de la structure et fragilise la barrière épithéliale (Boyle et al. 2006, Raffatellu et al. 2005, [Zahraoui 2004](#), [Zhang et al. 2013](#)).

Plus spécifiquement, les mécanismes qui permettent à *Salmonella* d'envahir la muqueuse sont nommés «trigger et zipper» ([Swanson et Baer 1995](#)). Le principe est illustré dans la figure 1. *Salmonella* est capable d'utiliser ces deux mécanismes simultanément pour le faire. (Rosselin et al. 2010, Velge et al. 2012).

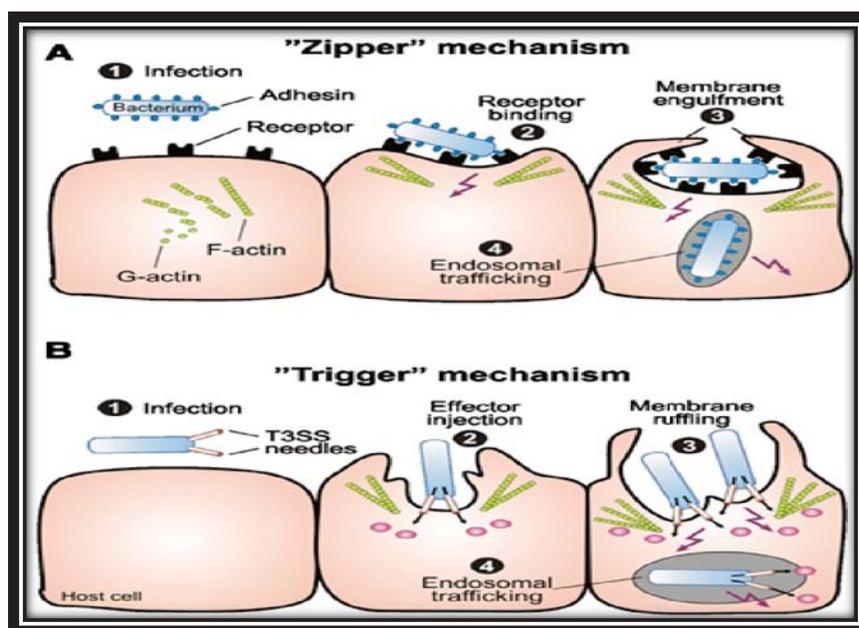


Figure 1 Le mécanisme du « Zipper » et du « Trigger »

Tirée de: Ó Cróinín T and Backert S (2012) Host epithelial cell invasion by *Campylobacter jejuni*: trigger or zipper mechanism? *Front. Cell. Inf. Microbio.* 2:25. doi: 10.3389 Copyright: © 2012 Ó Cróinín and Backert

Le mécanisme du « zipper » se met en place par interaction directe avec une « outer membrane protein » (OMP) et un récepteur de la cellule hôte. Cette molécule réceptrice (OMP) est très représentée sur les cellules M de l'épithélium intestinal (Salyers et [whitt, 2002](#), [Sansonetti 2002](#), [Lim et al. 2009](#), [Velge et al. 2012](#)). Ces cellules M se situent au niveau des plaques de Peyer qui sont largement distribuées dans la partie terminale de l'iléon des porcs.

L'autre mécanisme est le « trigger », activé par des protéines bactériennes qui sont directement injectées dans la cellule hôte via le système de sécrétion de type III (STT3), codé sur l'îlot SPI-I présenté dans la table 1 du premier chapitre.

Le mécanisme d'internalisation de type « Trigger » traduit l'action effectrice introduite dans la cellule hôte. *Salmonella* injecte au moyen du SST3 des protéines effectrices qui interfèrent avec l'activité cellulaire en induisant un

changement important dans la morphologie de la membrane. Les prolongements cellulaires induits donnent lieu au processus d'invagination, avec internalisation au sein d'une vacuole. Une fois isolée dans une vacuole, la bactérie libère d'autres effecteurs pour le réarrangement du cytosquelette de la membrane ([Schleker et al. 2012](#)). Ainsi, au moyen d'un autre SST3, codé par le SPI-2 cette fois, encore d'autres protéines effectrices aident les *Salmonella* intracellulaires à modifier les fonctions des cellules hôtes et échapper au système immunitaire de l'hôte (Hensel 2000). Les nombreuses interactions entre protéines de l'hôte et de la bactérie rendent possibles l'invasion et la multiplication intra-cellulaire.

Une fois la barrière intestinale traversée, certaines souches vont réprimer l'activation du complexe majeur d'histocompatibilité de type I ([Van Parys, et al. 2012](#)) tandis que d'autres vont, par un signal d'alerte, induire l'expression de molécules pro-inflammatoires ([Bruno, Hannemann et al. 2009](#)) à travers l'activation des facteurs de transcription des cytokines comme l'interleukine (IL) régulée par SPI et SPII ([Hapfelmeier et al. 2005](#), [van de Wetering et al. 2009](#)). Une réponse immunitaire spécifique est induite. Les lymphocytes B et les lymphocytes T, CD4 et CD8 ([Ravindran et Mc Sorley 2005](#)) et les cytokines produites par le système immunitaire comme IL-1 α , TNF α , IFN- γ , IL-12, IL-18 et IL-15 jouent un rôle protecteur pour l'hôte.

La persistance et la multiplication de *Salmonella* induisent une modulation du processus inflammatoire. Cette interaction avec l'immunité n'empêche pas l'expression de la virulence de la bactérie, qui est essentiellement dépendante de la souche ([Van Parys et al 2012](#)).

a. Pathologie observée

Chez l'Homme, *Salmonella* produit des gastro-entérites assez graves, de la fièvre, des maux de tête, une apparition soudaine de crampes abdominales suivies de diarrhée parfois accompagnée de vomissements ([Anonymous 2011](#)).

La durée de l'incubation est courte entre 10 à 48 heures, mais dépend surtout de l'état de santé de la personne et de la dose ingérée. Chez des adultes de condition physique normale, la gastro-entérite disparaît sans traitement après 3 à 5 jours en moyenne. Cependant chez les personnes immunodéprimées et les jeunes enfants, l'infection peut être plus sévère, voire mortelle et une antibiothérapie s'avère nécessaire ([Anonymous 2011](#)).

Chez le porc, les conséquences de cette infection sont rarement graves et passent le plus souvent inaperçues et les animaux sont dits: « porteurs asymptomatiques ». Cependant la situation est différente avec *S. Choleraesuis* et certaines souches virulentes du sérovar Typhimurium pour lesquels des épisodes cliniques sont rapportés ([Bergeron et al. 2010](#)).

Si la majorité des salmonelles n'entraînent pas de maladie chez le porc, l'infection se traduit par l'observation de porcs infectés non excréteurs et de porcs infectés excréteurs par intermittence (Davis et al. 2012). C'est ainsi qu'une analyse bactériologique de fèces peut se révéler négative simplement parce que les porcs étaient dans une phase de non excrétion. D'autres auteurs précisent que cette excrétion déclinerait avec le temps en raison de l'interaction défavorable de *Salmonella* avec le microbionte intestinal des porcs infectés (Bearson et al. 2013). Ce phénomène d'intermittence doit être pris en considération dans la surveillance de l'excrétion en élevage. En présence de porcs porteurs asymptomatiques la détection de la contamination des animaux dans cette perspective de surveillance de *Salmonella* est difficile en se basant uniquement

sur l'analyse unique de fèces au niveau individuel. La recherche d'anticorps permet alors d'estimer la prévalence cependant le délai de séroconversion qui dépend de la dose et du sérotype varie entre 16 et 39 jours ([Ivanek et al. 2012](#), Watson et Holden 2010).

La présence de *Salmonella* passe inaperçu dans les troupeaux, étant donné le peu de signe clinique en élevage. Toutefois, la contamination est très dynamique le long de la chaîne de production. Si les conséquences sont relativement peu alarmantes chez les porcs, il en va différemment en santé publique, où elles peuvent conduire à des conditions sévères ou jusqu'au décès des individus infectés.

2. Les toxi-infections causées par *Salmonella* dans le monde

Il existe aux États-Unis un système de surveillance, le « Foodborne Disease Active Surveillance Network (FoodNet) qui, depuis sa mise en place en 1996 suit activement l'évolution des infections transmises par le biais des aliments et propose des approches de préventions utiles. L'objectif principal de ce réseau est d'évaluer et de surveiller l'incidence de pathogènes alimentaires dans la population humaine, considérant uniquement les cas confirmés au laboratoire. L'un de ces pathogènes alimentaires importants suivis depuis plus d'une décennie est *Samonella*. Et selon un rapport publié en 2011, le système de surveillance « Foodnet » confirme *Salmonella* comme la cause la plus commune de toxi-infections alimentaires avec 7813 infections pour un taux de 16.45/100.000 habitants avec 2200 hospitalisations et 29 morts annuellement ([CDC, 2012](#)). Une rétrospective des rapports publiés antérieurement nous montre que l'incidence de *Salmonella* en 2010 n'est pas significativement différente de celle comprise entre 1996-1998 au début de la surveillance ou entre 2006-2008 avec un système de surveillance bien établi.

En Union européenne, la surveillance des TIACs à *Salmonella* est confiée à chaque état membre et la mise en commun de celle-ci est récente et date de 2005 (Sprenger, 2005). Des différences importantes entre les états membres de l'Europe sont décrites. La Suède, par exemple, a un programme de surveillance et de maîtrise des salmonelles en élevage mis sur pied depuis 1961 ([Osterberg et al. 2006](#)). Son approche, tolérance zéro (élimination de troupeaux infectés) est très efficace et on constate que ce pays présente la plus basse incidence de salmonelloses humaines.

Récemment, un effort visant à diminuer les cas de salmonellose a été mis sur pied. Avec la collaboration des pays membres, l'autorité européenne de sécurité des aliments (EFSA), a souligné une baisse de 17% en 2009 des cas de salmonelloses humaines grâce à la mise en œuvre de programmes de maîtrise dans la production primaire en aviculture (règlement CE 2160/03). Pourtant, le nombre de cas est encore élevé et estimé à plus de 108 000 par an en 2009, (EFSA, 2011) à travers l'Union européenne. *Salmonella* représente à elle seule 31% des foyers de toxi-infections alimentaires enregistrés en UE soit 1660 foyers ([EFSA 2011](#)).

De façon générale, les rapports entre 2009 et 2011 confirment que l'Europe et les États Nord- Américains ont enregistré des milliers de cas de salmonelloses et les coûts économiques liés à cette bactérie se situent encore autour de 3 milliards d'unités monétaires pour les États-Unis (\$) et l'Union Européenne (€). (EFSA 2011, USDA 2011)

Les pays en développement présentent certainement des toxi-infections dues à *Salmonella* mais comme ils ne disposent pas de système de surveillance il n'est pas possible de connaître l'évolution des maladies ou d'établir des comparaisons.

Au Canada, le programme national de surveillance des entérites (NESP, 2009) signale 14262 cas d'entérites associés à *Salmonella*. Tous ces cas ne résultent pas nécessairement de toxi-infections alimentaires cependant le taux d'infections reste assez considérable avec plus de 18 cas pour 100.000 habitants en 2009 et en 2011 *Salmonella* reste la cause la plus souvent signalée avec une hausse d'incidence à 19,68 pour 100.000 habitants (NESP, 2011).

Salmonella non-typhi est la première cause de cas groupés de gastroentérites. Elle suscite mondialement un intérêt particulier, à cause de ses retombées sur la santé publique. Étant donné que divers sérovars de *Salmonella* fréquemment isolés comme *S. Derby* ou *S. Typhimurium* par exemple se retrouvent aussi bien chez le porc que chez l'homme (Hauser et al. 2011, PICRA 2009) il est important d'estimer leur part de responsabilité dans les salmonelloses non typhiques.

Dans l'industrie porcine au Québec, les résultats de prévalence de *Salmonella* dans les fermes porcines peuvent prêter à confusion, en effet ils sont difficilement comparables puisque les méthodologies utilisées pour les fournir sont différentes (Sanchez et al. 2007).

Dans les élevages de l'Ouest canadien, une étude de la prévalence de *Salmonella* révèle 43%, 29%, et 28% d'échantillons positifs chez les truies, en pouponnières et dans les élevages d'engraissement respectivement. En Ontario, une étude rétrospective a trouvé 46% (n=80) de fermes finisseurs contaminés par *Salmonella* (Farzan et al. 2008, Wilkins et al. 2010). Au Québec, mis à part une donnée publiée en 1999 qui révélait moins de 20% d'élevages contaminés (Letellier et al. 1999) on ne retrouve pas de prévalence publiée.

Grâce à la surveillance nationale du PICRA, qui englobe un volet de la surveillance de *Salmonella*, des échantillons de contenus caeaux et de viandes au détail sont pris en charge systématiquement en fermes et en abattoirs. Ils sont analysés par bactériologie pour vérifier la présence de *Salmonella*. Comme l'activité suit la même procédure annuellement, elle nous permet d'avoir une idée réelle sur la fréquence de salmonelles en filière porcine. Les prélèvements

positifs de contenus caecaux au moment de l'abattage étaient de 43% en 2011 pour le Canada.

i. Part des salmonelloses non typhiques liées au porc.

Le processus d'attribution de sources est très complexe. Il suit une démarche se basant sur des données de surveillance quand elles sont disponibles ou par une approche systémique avec l'analyse d'études cas-témoins par exemple.

Peu d'auteurs se sont livrés à l'exercice de déterminer la part du porc dans les salmonelloses humaines puisque la salmonellose via la volaille et les œufs semblait plus importante. Cependant en analysant la situation de contamination présente chez les porcs, quelques travaux ont essayé de répertorier la part du porc dans les salmonelloses humaines. C'est ainsi qu'en général cette responsabilité oscillerait entre 1 et 30% de cas d'infection. (Bryan, 1988; Bean et Griffin, 1992; Nastasi et al. 1993; Berends et al. 1998; Murase et al. 2000; Antunes et al. 2004; David et al. 2009).

Au Canada, en observant les données de surveillance active du phénomène d'antibiorésistance par le biais du PICRA, on constate que le porc apparaît comme un réservoir important de *Salmonella*. Les taux de détection d'isolats de *Salmonella* en abattoir suggèrent une tendance à la hausse de contamination des porcs. Et en ferme ce taux probablement aurait tendance à suivre cette même ligne. La table 3 nous illustre le taux de détection de *Salmonella* en abattoir.

Taux de détection des isolats de <i>Salmonella</i> chez le porc à l'abattoir (PICRA, 2002-2009).		
Année	(%) d'isolats détectés	Le nombre d'isolats détectés/nombre d'échantillons soumis
2002	27%	103/385
2003	28%	395/1393
2004	38%	270/703
2005	42%	212/486
2006	40%	145/359
2007	36%	105/296
2008	44%	151/340
2009	45%	147/327

Tableau 3 Taux de détection des isolats de Salmonella chez le porc (surveillance en abattoir) tirée du rapport annuel du PICRA 2009, Taux de détection des isolats bactériens, observés dans le cadre des diverses composantes de la surveillance du secteur agroalimentaire du PICRA, 2002-2009

Une étude réalisée par Julie David en 2009, a en effet montré qu'il était possible dans le cadre d'un modèle bayésien d'appliquer un modèle d'attribution de sources danois à d'autres pays. Ce modèle suggérait une formule pour estimer le nombre de cas de salmonelloses humaines attribuables à différentes sources. L'auteur insistait sur le fait que la fiabilité des résultats dépendra toujours de la qualité des données disponibles. Les données sont peu nombreuses et peu représentatives au Canada pour l'application de ces modèles et l'obtention d'une estimation réaliste du nombre de cas de salmonelloses attribuables aux porcs.

Aux États-Unis, dans le contexte de surveillance aussi peu exhaustif, le dernier rapport présenté par le CDC 2009-2010 concernant les attributions de sources des épidémies de salmonelloses enregistrées, le porc et ses dérivés ne sont pas parmi les premières sources de contamination. Mais il est à signaler que parmi les trois cas de mortalité enregistrés, la viande de porc était l'une des sources responsables.

En Union européenne, le constat est différent. Grâce au contrôle de *Salmonella* chez les poulets, une diminution drastique des cas liés à cette source a été remarquée. Cependant, comme le nombre de cas enregistré était encore important, l'EFSA a mené une étude pour mesurer l'attribution de sources de différents élevages excluant les bovins par manque de données exploitables. C'est ainsi que le système de modélisation de données utilisé a suggéré le porc comme responsable de 56,8% des cas enregistrés (EFSA, 2013). Ce sont des données qui précisent le rôle de la viande de porc dans les causes de salmonellose.

Un rapport du système de surveillance en Europe confirme également l'émergence en santé humaine, d'un variant mono-flagellé de *S. Typhimurium* dont la source la plus probable est en production porcine (EFSA, 2012).

En général, les liens directs de cause à effet ne sont pas toujours établis avec le porc. Mais l'omniprésence de cette bactérie dans ce secteur important de l'alimentation empêche d'ignorer sa contribution dans la chaîne de contamination des produits alimentaires. Une connaissance des facteurs de risques existants, permettra de comprendre et d'expliquer la problématique pour réduire les cas reliés aux produits carnés.

3. Présentation de l'industrie porcine au Québec

Il y a trente ans, la production de porc se faisait en élevage multi espèces dans les fermes familiales. Aujourd'hui, elle s'est modernisée et regroupée en réseau pour faire place à une industrie porcine plus organisée. Les chiffres de recensement de Statistique Canada montrent une diminution des nombres de fermes actives de 1996 à 2012. Ceci est dû à l'augmentation de la capacité d'accueil des fermes d'engraissement qui oscille entre 1000 et 3600 porcs par élevage. Actuellement, les provinces de l'Ouest qui n'avaient pas un rendement compétitif, s'améliorent rapidement en termes de productivité et de densité de porc par ferme.

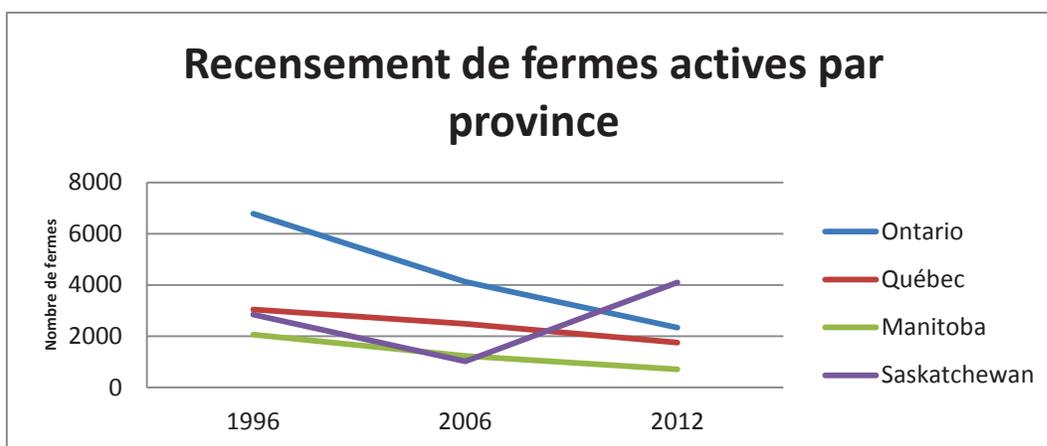


Figure 2 Recensement de fermes actives par province © 2012

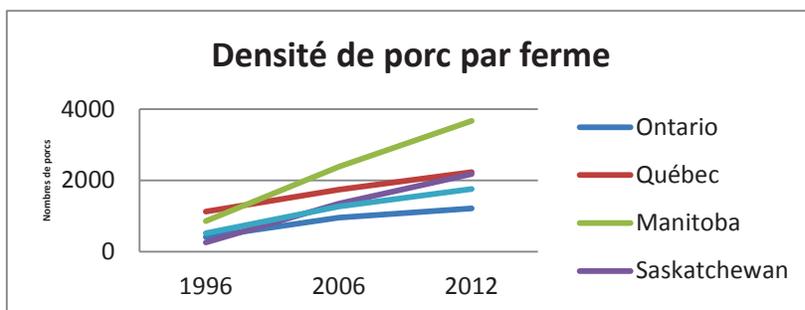


Figure 3 Densité de porc par ferme © 2012

Au Québec l'industrie est organisée autour des éleveurs de porcs du Québec EPQ et la Régie des marchés agricoles et alimentaires du Québec (RMAAQ).

L'EPQ est une association agricole constituée en vertu de la Loi sur les syndicats professionnels. Elle est aussi affiliée à l'[Union des producteurs agricoles](#) et au [Conseil canadien du porc](#).

La Régie des marchés agricoles et alimentaires du Québec est un organisme de régulation économique. Sa mission consiste à favoriser une mise en marché efficace et ordonnée des produits agricoles et alimentaires.

La production porcine elle-même est constituée en chaîne de production. On y retrouve les fermes de reproducteurs spécialisés en conservation des lignées génétiques pures, les fermes naisseurs-finisseries, les fermes dites "naisseurs" qui sont des maternités spécialisées en production de porcelets pour l'engraissement et les fermes d'engraissement qui sont les fermes de porcs destinés à l'abattoir.

On distingue également 2 types de structures d'élevages, les éleveurs indépendants et ceux qui sont associés à des intégrateurs.

Chez les éleveurs intégrés, la coordination de cette activité de production nécessite un gestionnaire pour la logistique entre les différentes parties prenantes du réseau. Ce rôle est assuré par les intégrateurs ou les coopératives agricoles régionales qui coordonnent les activités attenantes à la ferme.

Parmi ces activités, on retrouve l'approvisionnement des principaux intrants comme les porcelets et la moulée. L'intégrateur assure ces livraisons dans toutes les fermes d'engraissement en respectant les délais d'entrées et de sorties de lots. La moulée distribuée est produite dans des meuneries connues et certifiée dans le

domaine, pour assurer une meilleure performance zootechnique des porcs du réseau.

Un groupe de zootechniciens et de vétérinaires sont aussi affiliés à l'intégrateur pour le service santé et nutrition de la région. Les abattoirs coordonnent directement avec l'intégrateur selon leur capacité d'accueil (en porcs) pour la semaine. Elle décide alors du lieu de livraison. Un service de transport est aussi à la disposition de l'intégrateur pour les activités de livraison. Ce service est spécialisé pour une espèce, mais il arrive parfois qu'on fasse appel à des transporteurs multi-espèces pour maintenir un bon flux de livraison. D'autres services sont connus, mais non gérés par l'intégrateur comme l'équarrissage et le contrôle de la vermine bien qu'en général, une même compagnie dessert toute la région.

L'intégrateur est une unité régionale responsable de la mise en marché des porcs charcutiers. Les parties prenantes peuvent être des entrepreneurs indépendants comme les éleveurs ou les transporteurs, ils sont tous intégrés dans un système de production inter-relié c'est-à-dire un réseau. (MAPAQ 2010, Statistique Canada 2012)

4. Maitrise et surveillance de *Salmonella* dans la filière porcine au Québec

De 2004 à 2011, un programme de surveillance de *Salmonella* en filière porcine était actif au Québec. Le programme prévoyait 3 volets :

- 1- Un contrôle des élevages avec signes cliniques de salmonellose.
- 2- Un contrôle des élevages positifs sans signes cliniques.
- 3- Un contrôle sérologique en abattoir pour la détection d'anticorps dans l'élevage. (Letellier, 2004)

Au Québec cette surveillance était mise en place dans chacun des abattoirs avec un système rétroactif vers les fermes identifiées via le service de mise en marché et les vétérinaires de la ferme concernée.

La mise en application de la surveillance se faisait en cours d'abattage, des échantillons de sang étaient prélevés afin d'estimer la séroconversion spécifique à *Salmonella*. Si le lot présentait 50% d'échantillons positifs ou plus, le vétérinaire et l'éleveur étaient avisés afin de mettre en place un plan d'action. Le contrôle bactériologique du processus de lavage et désinfection des bâtiments après la livraison de porc en fin de journée. Cette dernière était importante pour éviter une contamination de la chaîne d'abattage et limiter la contamination des parcs d'attente à l'abattoir (CSRV 2004).

i. Facteur de risque dans les structures principales du réseau.

Un facteur de risque est défini comme étant tout attribut, caractéristique ou exposition qui augmente la probabilité de développer une maladie (WHO 2012).

Le danger relié à la production porcine étant *Salmonella*, tous les facteurs responsables de son entrée et de sa persistance constituent des risques à maîtriser dans le réseau de production. On peut citer parmi ces facteurs: l'introduction des porcelets, l'alimentation, le personnel et les visiteurs, les moyens mis en place pour gérer l'hygiène du bâtiment par le lavage et désinfection réguliers et d'une façon générale le programme de biosécurité en place. Ils ont été identifiés il y a déjà quelques années (Broes 2002).

En élevage, il est bien établi que le porc est l'une des principales sources de contamination de *Salmonella*. Les actions mises en œuvre à la ferme visent à protéger le porc lui-même en limitant la propagation de *Salmonella* à l'intérieur de la ferme et en éliminant les sources d'introduction. Parmi ces facteurs externes on peut citer: les visiteurs, que ce soient les techniciens, les vétérinaires, les travailleurs de la ferme, les animaux sauvages ou en libre circulation, l'aliment qui leur est destiné, les facteurs intrinsèques liés à l'hygiène du bâtiment et du matériel lié aux activités de la ferme comme : pelle, botte, râteau, balance, couloirs et parcs.

En effet, il suffit d'un seul porcelet contaminé et d'une mauvaise gestion de l'hygiène environnementale pour disséminer la bactérie au sein du cheptel par le biais de vecteurs mécaniques ou de matières inertes.

L'entrée de *Salmonella* par les camions de transport, les porcelets entrants et même au niveau des visiteurs ponctuels, doit être évitée dans les fermes. Cette gestion révèle du programme de biosécurité préétabli afin d'éviter la propagation de ce microbe.

Nous présenterons ci-après quelques-unes des mesures clé répertoriées qui dans la pratique permettent une gestion de *Salmonella*.

a. En élevage

En effet, il existe plusieurs facteurs de risques connus ayant un impact sur la survie de *Salmonella* et la plupart se situent en ferme ([Rostagno et Callaway 2012](#), Méroc et al. 2012, Gotter et al. 2012).

- Les imperfections de la structure même du bâtiment (planchers, murs) peuvent favoriser la présence de *Salmonella*, par rapport aux entraves ou crevasses présentes aux surfaces les rendant difficilement atteignable avec le nettoyage mécanique ou chimique (Hurds et al. 2001, Hernández et al. 2013, Pires et al. 2013).

- Un bâtiment avec plusieurs portes d'entrées entrave la biosécurité interne (Corrégé et al. 2012) et le respect d'un zonage établi. La zone propre et la zone sale ne doivent pas être confondues. Autrement dit la règle sur les limites (CSSP 2013) est peut être difficilement respectée puisque qu'il n'y a pas toujours une démarcation notable.

- Un manque de respect du protocole de biosécurité par les visiteurs. En effet, il devrait avoir des protocoles différents pour chaque type de visiteurs, les

professionnels de la santé et les techniciens connus de la ferme et les visiteurs curieux autorisés à entrer sur le site (Levis 2011, Corrége et al. 2012, Simon-Grifé et al. 2013). Des tenues spécifiques pour les visiteurs, identifiées par des codes couleurs (Muihead 2014), des changements réguliers de la tenue de travail. L'épisode récente de la diarrhée épidémique porcine suggère même la nécessité du nettoyage et de désinfection sur place des tenues de travail (Muihead 2014). Enfin, les bonnes pratiques d'hygiène comme le lavage des mains et des bottes peuvent éviter la dissémination de bactéries externes à la ferme.

- La qualité hygiénique du matériel utilisé durant la période de production, ainsi qu'un protocole de lavage et une désinfection inefficients après chaque sortie de lot.

b. Biosécurité

L'hygiène à l'intérieur du bâtiment de l'élevage est la première préoccupation au point de vue de la biosécurité. Pour y parvenir, le système tout plein tout vide (AIAO) est suggéré pour les avantages qu'il offre face au nettoyage et à la décontamination des lieux en comparaison au système en continu ([Scheidt et al. 1995](#), [Lurette et al. 2011](#)). Pourtant certains ont démontré qu'avec *Salmonella*, il était très difficile effectivement de maîtriser cette contamination dans les deux systèmes d'exploitation ([Davies et al. 1997](#)). En effet, qu'il s'agisse d'un système AIAO ou d'un système en continu, le maintien d'un statut libre, exempt de *Salmonella*, malgré les efforts est difficile car *Salmonella* peut se retrouver facilement partout dans l'environnement rendant le contrôle permanent de

Salmonella inatteignable ([Oosterom et al. 1981](#), [Funk et al. 2001](#)). Le manque d'hygiène et l'application de mesures non normalisées de nettoyage semblent rester une réalité pour bon nombre de sites de production ([Fosse et al. 2011](#), Simon-Grifé et al. 2013).

Salmonella, peut également se retrouver chez les insectes, comme les mouches qui semblent jouer un rôle particulier dans la contamination du milieu ambiant. Plusieurs études rapportent de telles contaminations chez les mouches ([Wang et al. 2011](#); Holt et al. 2007) supposant une possibilité de contamination dynamique entre fermes d'une certaine distance.

Cette difficulté observée par rapport au manque d'hygiène et à la négligence des mesures simples comme le zonage des bâtiments ou le lavage des mains est liée aussi bien à des enjeux peu considérés comme: l'impact économique, la perception de biosécurité de l'éleveur (Simon-Grifé et al. 2013) mais aussi au déficit de sensibilisation soutenue des acteurs. Il existe encore un manque d'assimilation de l'impact réel du non-respect des mesures de base de biosécurité en élevage sur la santé des consommateurs ([Casal et al. 2007](#)) et sur la performance de la production. Autant, le manque d'intégration des parties prenantes, le manque de considération et d'encouragement du travail ardu des éleveurs ainsi qu'une législation appuyant un respect ponctuel des règles de biosécurité, représentent des obstacles dans le maintien nécessaire de cette biosécurité.

Dans les pays organisés, on observe un accompagnement des éleveurs et l'éducation systématique qui leur est apportée est très utile ([Young et al. 2010](#)). Cependant en absence d'incitation ou de contravention, l'application des mesures de biosécurité dépend strictement de la volonté de l'éleveur ([Fraser et](#)

[al. 2010](#)). L'épizootie majeure à savoir, la diarrhée épidémique porcine est un exemple de fait qui incite les éleveurs automatiquement à l'application stricte de leur système de biosécurité.

c. Entrée de porcelets

L'entrée des porcelets en élevage est un risque incontournable de contamination du troupeau, car le porc lui-même représente l'une des premières sources de contamination. En effet dès la maternité, la truie peut contaminer ses porcelets. L'étape du sevrage oblige un mélange stressant entre porcelets de différentes portées favorisant une fois de plus leur contamination par *Salmonella* (Callaway et al. 2006). Il est bien étudié et confirmé que le portage asymptomatique est commun chez les porcelets en post sevrage (Fablet et al. 2003, Wales et al. 2011).

De ce fait l'entrée de *Salmonella* se fait simultanément avec les porcelets arrivant de la pouponnière contaminés vers la ferme d'engraissement ([Korsak et al. 2003](#)).

Pour limiter cette entrée de *Salmonella* par les porcelets, les propositions actuelles visent un fournisseur par ferme (Broes et Boutin 2002) mais très souvent, il arrive qu'il soit nécessaire de compléter la livraison avec un autre fournisseur c'est-à-dire avec des porcelets de maternités différentes et ce

mélange de groupes favorise encore plus la contamination ([Rasschaert et al. 2012](#)). L'idéal serait certainement des maternités libres de *Salmonella* ou une condition hygiénique optimale dans cette étape pour réduire au maximum le contact des porcelets avant le sevrage avec les fèces de la truie, afin de couper le cycle de contamination. (Beloeil et al. 2004)

En définitif, les porcelets sont une source importante d'entrée de *Salmonella* dans le troupeau. Le statut final du troupeau dépend directement du statut des reproducteurs et de l'application des mesures d'hygiène et de biosécurité en ferme.

Par après, différentes méthodes pour limiter l'excrétion durant l'engraissement ont été testées. Parmi les principales, la vaccination est envisagée, mais jusqu'à présent la diversité des sérovars réduit l'efficacité du vaccin qui cible une souche en particulier ([Matiasovic et al. 2012](#)). D'autres mesures sont proposées, notamment les stratégies alimentaires, par action directe ou par transmission de principe actif dans la lumière du tube digestif.

d. Alimentation

L'alimentation est un intrant incontournable de la production. Plusieurs formulations sont livrées au cours d'un même lot de production. Ce renouvellement répétitif représente à chaque fois une occasion nouvelle d'entrée de *Salmonella* à la ferme et elle a été identifiée comme un facteur de risque d'excrétion par les porcs ([Beloeil et al. 2004](#)), par le fait de générer un facteur de stress dû au changement de diète.

En effet, certains auteurs présentent l'alimentation comme l'une des sources d'infection pour les animaux d'élevage ([Sauli et al. 2005](#)), puisque la fabrication de la moulée s'effectue par des meuneries commerciales, qui quelquefois se spécialisent dans la fabrication d'aliment complet par espèce. Ces meuneries doivent respecter les normes de qualité des grains, légumineuses ou autres produits servant à la préparation des formulations au Canada (ACIA, 2012), sans précisément identifier la présence de *Salmonella* comme danger à maîtriser, alors que d'autres pays de l'Europe l'imposent ((CE) n° 2160/2003).

Salmonella peut entrer dans la chaîne de transformation et de fabrication de moulée de porcs par des produits végétaux préalablement contaminés (Crumps et al. 2002). L'importation d'intrants préalablement broyés avec un statut de salubrité méconnu est un risque considérable (Martin Wierup et Per Häggblom, 2009).

Dans une étude en Suisse, les auteurs rapportent à 34% la probabilité que l'aliment soit contaminé si aucun traitement de décontamination n'est appliqué ([Sauli et al. 2005](#)). Cette situation ne semble cependant pas être courante si on s'en tient aux résultats publiés sur ce volet (Binter et al. 2011, Jones 2010). Cependant d'autres auteurs semblent le confirmer comme Molla B et al. (2010) qui suggère l'alimentation comme un vecteur direct de *Salmonella*. Ainsi de faibles valeurs de contaminations apparentes des aliments ne seraient reliées qu'à des difficultés méthodologiques (Cox et al. 2013) liées aussi bien à l'échantillonnage qu'à la détection (Osterberg 2010). La contamination serait ainsi plutôt difficilement détectée selon [Koyuncu & Haggblom \(2009\)](#) et Molla et al. (2010) qui décrivent également une grande variabilité dans les résultats de détection de *Salmonella* dans différentes préparations de moulée.

L'importance des aliments commerciaux comme vecteur potentiel de *Salmonella* est élevée ([Molla et al. 2010](#)) et un grand nombre de formulations n'incluent pas de procédure de décontamination ([Binter et al. 2011](#)).

Plusieurs stratégies ont été étudiées pour pallier à cette contamination en traitant l'aliment physiquement ou en ajoutant des additifs alimentaires divers comme les cultures probiotiques ou les acides organiques ([Berge & Wierup 2012](#)).

Les aliments fermentés seraient protecteurs contre *Salmonella* ([Urlings et al. 1993](#), [Canibe et Jensen 2003](#), [Canibe et al. 2007](#), [Missotten et al. 2010](#)). L'acidification de l'eau a eu également un certain effet protecteur ([Anderson et al. 2004](#)) et plusieurs effets positifs sont reportés sur la diminution de l'excrétion et la contamination des nœuds lymphatiques avec l'utilisation combinée d'acide lactique et formique (Creus et al. 2007). Les propriétés physiques des aliments jouent également un rôle protecteur contre *Salmonella*. Une présentation grossière "coarse" selon Mikkelsen et al. (2004) stimulerait des propriétés physicochimiques et microbiennes qui diminueraient la survie de *Salmonella* au niveau de l'estomac. Avec des aliments non granulés, cette protection serait due à un manque d'adhérence à la muqueuse intestinale (Brunsgaard G. 1998, Heddeman et al. 2005). Il reste encore à prouver les applications de toutes ces stratégies dans le processus de production (O'connor et al. 2008, [De Busser et al. 2009](#)).

e. Influence du transport vers l'abattoir

Le transport se situe à l'interface entre chaque étape de la production porcine et sa présence est un incontournable dans le réseau. Les camions de transport

représentent une étape importante de la maîtrise de *Salmonella* ([Hurd et al. 2002](#)) car de par leur activité hors ferme, ils sont considérés comme des vecteurs potentiels importants dans la propagation des microorganismes et par conséquent, des sources de maladies pour les élevages. (CSSP, 2010). C'est ainsi que la proposition de sanctionner les camions non lavés, avant d'entrée dans une nouvelle enceinte de production a été faite lors de la diarrhée épidémique porcine (CSSP, 2013)

C'est pour cette raison qu'un processus de nettoyage et désinfection de camions est recommandé pour appuyer le maintien de la biosécurité mise en place dans les établissements de production et limiter la propagation de microorganisme ([Mannion et al. 2008](#), Wagner 2013).

Le contrôle de l'efficacité du lavage et désinfection des camions est recommandé à chaque changement de produit nettoyant ou de personnel exécutant le nettoyage. (CCSP, 2011)

Il ne faut pas omettre le rôle des parcs d'attente à l'abattoir dans cette contamination. Il est rapporté que les porcs naïves deviennent porteurs de *Salmonella* après avoir quitté la ferme ([Hurd et al. 2001](#), [Swanenburg et al. 2001](#)), au moment de la stabulation dans les abattoirs ([Warriss 2003](#); [De Busser et al. 2011](#), [Arguello et al. 2013](#)) et ce après un délai d'exposition aussi courte que 30 minutes dans les parcs d'attente (Hurd et al. 2001, Boughton et al. 2007).

Mais cette contamination n'arrive-t-elle pas de la ferme initialement? Avec la capacité des porcs de passer d'un statut de non excréteur à celui d'excréteur dans les périodes de stress comme le transport. C'est enfin un processus de contamination résiduelle continue qui s'enchaîne jour après jour ([Small et al.](#)

[2006](#)) et les résultats de chacune des étapes dépendent de l'application optimale des mesures d'hygiène afin de diminuer les contaminations à chaque étape.

f. Processus d'abattage

Mise à part l'effet de la stabulation sur la contamination croisée en abattoir il y a aussi la technique d'abattage qui renferme des points extrêmement à risque pour la contamination des carcasses.

Cette technique se résume en plusieurs étapes dont : l'étourdissement de l'animal, la saignée, l'échaudage, l'épilage, le flambage, le polissage, le détournage de la rosette, fente, l'éviscération et le parage.

Même avec un plan de contrôle du processus d'abattage, toutes les étapes ne tendent pas nécessairement vers une diminution de la contamination croisée. L'épileuse par exemple peut être une source de contamination de la carcasse selon Boudry (2002) étant dépendant de la propreté initiale des porcs avant la saignée.

Ensuite l'éviscération reste le point de contrôle critique principal pour la contamination de la carcasse (Arguello et al. 2013) car elle dépend de la dextérité du manipulateur pour éviter tout contact du contenu intestinal avec la carcasse. Pour y remédier, une mise à jeun des porcs avant l'abattage est nécessaire pour minimiser les risques d'ouverture d'intestins au cours de l'incision ventrale (Turgeon, et Riendeau, 2009). Cependant même en respectant le temps de mise à jeun recommandé, les changements dans le microbiote

intestinal favorisent l'excrétion de *Salmonella* dans les fèces (Martín-Peláez S et al. 2009)

Tous ceux-ci représentent des points critiques incontournables au contrôle des salmonelles en production porcine. En effet, cette présentation non exhaustive prouve que de la ferme à la réfrigération, les points à risque sont multiples et le contrôle de *Salmonella* devient utopique sans une approche globale ([Alban et Stark 2005](#), EFSA 2010). Nous proposons l'exploration de l'interface d'un réseau en production afin de mieux comprendre la propagation de *Salmonella*.

Hypothèse

Salmonella peut être présente et persister à toutes les étapes de la production. Sa présence aux interfaces d'un réseau dynamique : élevages et abattoir, représente un risque de transmission et de persistance, au cours du fonctionnement multidirectionnel dans un circuit ferme-camion-ferme ou ferme-camion-abattoir-camion-ferme.

Objectifs

- Identifier un réseau fonctionnel de production composé de 10 fermes et d'un abattoir de porcs.
- Décrire la contamination par *Salmonella* existante au sein des composantes du réseau établi et des interfaces (extérieur des bâtiments, cour de l'abattoir), en continu sur une période d'un an.
- En ferme, décrire la contamination intérieure et extérieure du bâtiment.
- Lors du transport, depuis et vers l'élevage : effectuer le suivi des camions en charge du transport de lots de porcs afin d'illustrer leur capacité à véhiculer *Salmonella* au travers du réseau
- En abattoir, décrire la contamination de la cour extérieure sur les trajets empruntés par différents types de camions (transport des porcs, équarrissage et transfert des résidus impropres à la consommation de l'usine) pour documenter la possibilité de contamination et de propagation de *Salmonella*.

Méthodologie

Une sélection de 10 fermes de porcs d'engraissement a été réalisée en se basant sur les critères suivants : livraison de porcs à un même abattoir, membres producteurs d'une même coopérative d'éleveurs de porcs. Parmi les élevages candidats, le choix n'était pas aléatoire puisque les fermes ayant un historique de problème de santé non spécifique étaient listées en priorité, en remontant jusqu'à 15 ans. Les entretiens de recrutement étaient réalisés par téléphone. Au cours de cet échange, la confirmation volontaire de l'engagement des éleveurs étaient obtenue, ainsi que la confirmation que ces fermes avaient en commun un fournisseur de porcelets, d'aliment et de services professionnels et techniques, comme le service d'équarrissage, de zootechniciens, de vétérinaires et de transporteurs.

La période de l'échantillonnage s'est étendue sur un an. Pour chaque ferme, trois visites ont été effectuées au cours de la production de lots successifs. À chaque visite, des échantillons ont été prélevés à l'intérieur des bâtiments. Il s'agissait de: 5 échantillons de fèces au sol (pools de 30g de matières) dans 3 cases, de chiffonnages de l'environnement hors d'atteinte des animaux : 1m de tuyau de canalisation servant au transfert d'aliments, de la poignée de la porte d'entrée de la ferme d'élevage et du chiffonnage d'objets mobiles en contact avec ceux-ci : la balance, une pelle, les panneaux. À l'extérieur du bâtiment: le débarcadère, la base de silos à aliments ainsi que différents trajets parcourus par les camions intervenants sur le site d'élevage (livraison de porcelets, d'aliments et l'équarrissage) ont été prélevés. Pour ces derniers, une surface d'un mètre carré était balayée, privilégiant les empreintes de pneu. Les matières (terre, poussière et gravillons) étaient recueillies dans un sac stérile. Un total de 13 prélèvements a été réalisé par ferme visitée, totalisant 390 échantillons lors des 30 visites de fermes.

Les véhicules des vétérinaires et les techniciens intervenant sur les 10 fermes ont été échantillonnés. Principalement, des chiffonnages de garde-boues et le tapis de sol intérieur du chauffeur ont été effectués.

L'illustration de la contamination des véhicules de transport et de la cour d'abattoir a été réalisée à deux occasions pour chaque ferme, lors de 2 sorties de production vers l'abattoir. À l'arrivée du camion de transport en ferme, des échantillons de la remorque et des garde-boues ont été prélevés. Un total de 18 échantillons associés aux départs a été ainsi prélevé (un des transporteurs ayant refusé l'échantillonnage de ses camions).

L'échantillonnage s'est poursuivi jusqu'à la cour de l'abattoir et la stratégie d'échantillonnage était la suivante: 1) avant l'entrée du camion dans la cour d'abattoir, lors de l'arrêt à la barrière d'accès à la cour, les garde-boues (avant-gauche du camion et arrière-droite de la remorque) étaient échantillonnés, une surface de 100 cm² sur chacun est chiffonnée; 2) une fois la barrière traversée le camion se dirigeait vers la zone de déchargement. À ce moment 1m² était alors prélevés sur son trajet (empreinte de pneus) et un deuxième chiffonnage de garde-boues était fait au niveau du débarcadère de l'abattoir; 3) pendant le déchargement, le quai était échantillonné durant le passage des porcs; 4) Au départ du camion, les empreintes du trajet emprunté étaient encore échantillonnées et 5) une fois sorti de la cour d'abattoir, après la barrière, des échantillons de garde-boues et de surface dans la cabine du chauffeur: pédale et tapis de sol étaient prélevés, avant le départ du camion vers la remise ou la ferme.

Différentes aires de la cour ont aussi été échantillonnées par balayage: 1) trajet des camions d'équarrissage, 2) trajet des camions de transport des produits non

comestibles (1m² de trajet parcouru), 3) et le stationnement d'une unité mobile du site (1m²).

A deux occasions pendant la durée du projet la procédure de nettoyage et désinfection des camions (3/10) a été évaluée. Il s'agissait de chiffonnages de surface de rampe d'accès, de sol de chaque étage de la remorque ainsi que les parois internes de la remorque.

Analyse bactériologique

Tous les échantillons ont été transportés sous le régime du froid, acheminés et traités au laboratoire le jour du prélèvement. La recherche de *Salmonella* a suivi le protocole de la norme ISO 6579 annexe D, dédiée aux prélèvements d'environnements de productions animales. Les échantillons ont été transférés dans un sac muni d'un filtre et suspendus en eau peptonée tamponnée (dilution 1/10 pour les matières fécales, 60ml pour un chiffon et pour les gravillons, la terre ou la ripe une quantité suffisante, assez pour recouvrir l'échantillon). Les échantillons ont été homogénéisés au Stomacher ou manuellement pour les échantillons de surfaces de trajets susceptibles de percer le sac. Après 16 à 18 heures d'incubations à 37°C, 3 gouttes de 33µl ont été déposées sur une gélose sélective, semi-solide de Rappaport Vasiliadis (MSRV), incubée à 41,5°C afin d'effectuer 2 lectures, l'une à 24 heures et l'autre à 48 heures. Une croissance et migration diffuse autour de la goutte formant un halo est une présomption de la présence de *Salmonella*. La confirmation passe par un isolement par épuisement sur deux géloses sélectives: XLD et BGS, incubées respectivement 24 et 48 heures à 37°C. La morphologie des colonies sur ces deux géloses, soit des colonies transparentes circulaires à périphérie lisse avec un centre blanc pour la BGS tandis que sur la XLD un centre noir pour des colonies roses translucides,

présume de la présence de *Salmonella*. Après vérification de la pureté des isolats, des tests biochimiques (TSI, LIA et uréase), éventuellement complétés par une galerie API 20 E (Biomérieux) et la séroagglutination spécifique confirment l'identification de l'isolat. Le sérotypage complet des isolats de *Salmonella* a été confié au MAPAQ. (LEAQ-MAPAQ, St-Hyacinthe). Pour *S. Typhimurium*, la lysotypie a été réalisée par le laboratoire national de microbiologie (LNM) en Ontario.

La méthode de caractérisation moléculaire RFLP-PFGE a été utilisée pour une meilleure discrimination des isolats de *Salmonella* Derby (non lysotypés) isolés dans l'étude. La méthode du pulsenet CDC a été appliquée. Brièvement les souches ont été incluses dans blocs d'agarose seakem gold (SKG) et ont été ensuite immergées dans une solution de lyse 50mM tris /EDTA, pH 8.0 + 1% Sarcosyl et 25 µl de protéinase K, incubée à 55°C pendant 1,5 à 2h. Après lavages la digestion par XbaI ou BnlI, les blocs ont été mis dans 200µl de tampon de restriction (1X) puis un nouveau lavage a été effectué avant une dernière incubation dans 200µl de Master Mix. Les blocs ont été ensuite insérés dans les gels d'agarose (0.66%), la migration a été conduite dans un Chef DR III avec les conditions appropriées : un voltage de 6V et une alternance initiale de 2,2 secondes et une finale de 63,8 secondes avec un temps de migration de 18,5 heures. Le gel est ensuite coloré au bromure d'éthidium et l'image observé au transilluminateur.

Résultats

Article I

***Salmonella* contamination related to farm and pig delivery truck activities**

Alexandra Elayiz Henry ^{1,2}, **Philippe Fravalo** ^{1,2}, **Gabriel Desmarais** ^{1, 2,3}, **Virginie Lachapelle** ^{1,2,4}, **Nadia Bergeron** ^{1,2,3}, **Sylvette L. Lewandowsky** ¹, **Ann Letellier** ^{1,2,3}

(1) Chaire de recherche en salubrité des viandes (CRSV)

(2) Groupe de recherche et d'enseignement en salubrité alimentaire (GRESA)

(3) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses du porc (GREMIP)/ Centre de recherche en infectiologie porcine et aviaire (CRIPA)

(4) Agence Canadienne d'inspection des aliments (ACIA)

Abstract

Salmonella is considered one of the most important foodborne pathogen in industrialized countries. After efforts in poultry meat production in Europe, pork is now regarded as an important vector of *Salmonella*. The *Salmonella* transmission in pork primary production to meat is well described and risk factors on farm have been established. The importance of transport and lairage conditions has been clearly highlighted. But despite the recommendations to increase cross contamination control during this unidirectional movement from farm to slaughter, levels of carcass contamination are still a great concern. Insufficient information is available regarding *Salmonella* presence and transmission at the pig farm / slaughterhouse-interface. To document these events we aimed to describe *Salmonella* presence inside and outside of ten farms selected from a single production network, its presence in their pig delivery trucks, upon arrival at the farm and after pig delivery at slaughterhouse. To do so, 390 outdoor and indoor samples on 10 farms and 108 samples on pig delivery trucks were collected during one year. The results showed different farms profile with 12 types of *Salmonella* involved, despite their functional relationship. The landing

stages on farms represented 34,2% of positive samples and outdoors samples showed a non-negligible presence of *Salmonella* 15,7% at the door of the farm. Great similarity was founded with serovar *S. Derby* contaminating 4 landing stages on farms. These results underline the need to increase the level of biosecurity measures in specific place on the production network. The pig delivery truck contamination evolved from farm to slaughterhouse, highlighting the need of efficient cleaning procedure between each ride of delivery in pig network. In conclusion, this study provides evidences that *Salmonella* contamination is widely distributed at the interface and suggests trucks as dissemination vehicle. Special attention should be taken in cleaning landing structure and biosecurity measures implemented to prevent entry of outdoor microorganism as *Salmonella* in barns.

Résumé

Salmonella est considérée comme l'un des pathogènes alimentaires les plus importants dans les pays industrialisés. Après les efforts réalisés au niveau de la production aviaire en Europe, l'attention est maintenant dirigée vers le porc comme vecteur important de cette bactérie. En production porcine, la transmission de l'élevage à la viande est bien décrite et les facteurs de risques bien établis. Le rôle du transport et de la stabulation dans cette contamination a clairement été démontré. Malgré les recommandations pour contrôler les contaminations croisées durant le mouvement unidirectionnel de la ferme vers l'abattoir, le nombre de carcasses contaminés reste encore assez important. Il y a un manque d'information disponible au niveau de l'interface ferme/abattoir. Pour mieux documenter cet aspect de la production nous avons décrit la contamination par *Salmonella* à l'intérieur et à l'extérieur de dix fermes en réseau ainsi que leur camion de livraison de porcs, au moment du chargement en ferme et du déchargement à l'abattoir. Ce sont 390 échantillons d'environnement extérieur et

d'intérieur des fermes, 108 échantillons de camion de livraison qui ont été recueillis durant une année. Les résultats décrivent des profils de fermes différentes avec 12 types de *Salmonella*. Les débarcadères de ferme représentaient 34,2% d'échantillons positifs et l'extérieur du bâtiment correspondant à 15,7% d'échantillons positifs. Une grande similitude est aussi retrouvée entre les sérotypes *S. Derby* retrouvés sur 4 débarcadères de ferme du réseau. Cette étude fournit des preuves de distribution de la contamination à l'interface du réseau et suggère les camions comme véhicule de dissémination. La contamination évolue entre la ferme et l'abattoir dans les camions. En conclusion, un nettoyage particulier doit être porté au niveau des débarcadères et la nécessité d'application de mesures de biosécurité est nécessaire pour éviter l'entrée de microorganisme externe comme *Salmonella*.

1. Introduction

Salmonellosis is one of the most important foodborne pathogen reported in Canada and other industrialized countries. It is clearly associated to contaminated food of animal origin and has considerable impact on human health. The "farm to fork" approach is frequently proposed by many authors to control *Salmonella* in pork meat production, considering that control of this bacterium is required at all production steps to decrease contamination levels in the final meat product (EFSA 2008). A lot of studies reports have presented control measures for *Salmonella*, allowing the description of risk factors at farm in different production conditions (Funk & Gebreyes 2004; Berends et al. 2010). The description of the evolution of contamination between pre-harvest and slaughter phases is emphasizing the importance of lairage conditions (De Busser et al 2011; Alban et al 2012). Activities at the farm/ slaughterhouse interface, as stakeholder's vehicles crossing different sites in pig network, are a matter of concern and their implication has not been thoroughly investigated. Suspecting that contamination events are complex and multidirectional, there is a need to describe the *Salmonella* presence related to interface activities between farm and slaughterhouse through pig delivery trucks to better understand the dynamic of *Salmonella* contamination. Information about prevalence and serovars distribution on every step of the swine production network is needed (Wendy et al 2010). We hypothesized that environmental contamination and circulating vehicles on the farm-slaughter interface play a role in disseminating *Salmonella* in a swine production network.

The overall objective of this study was to describe the contamination at an interface between farms and slaughter, assuming the circulation patterns of moving vehicles as delivery trucks at moving time to slaughterhouse.

2. Material and methods

1. Pig production network design

Ten finishing pig farms (A to J) were selected based on an area of 100 km radius from an abattoir. Their inclusion was based on their belonging to a single cooperative that shared the following resources: feed, pig's transport, stakeholder (veterinarian and technicians) Final inclusion was based on their willingness to participate actively in the study during twelve months.

2. Sampling plan

Each farm was visited 3 times in one year, consecutive production batches and at the end of the growing period of the second batch. For each barn: 5 pool of approximately 100g of fresh feces, collected from 3 different pens, a single swabs of: door handles and 20cm around it on both side of the entrance door, 100cm of feed transporting pipeline, pooled swabs of shovel, balance, pig board, as well and 900cm² of landing stage were taken. In outdoor, 900cm² surfaces (dust or swab) of platform of silo's pipe, circulating pathways of: animal feed's truck, pig delivery's truck and carcass knacker's truck (carcass disposal truck) were sampled at each visit.

At two occasions during pig transfer to the slaughter, samples were collected in relation with charging operations at farm (the box of truck and the mudguard) and delivering at slaughterhouse. To do so truck arrival at farm and leaving for slaughterhouse, arrival and departure from slaughterhouse especially pathways on the slaughter backyard, truck mudguards and driver's cabin were sampled taking always 900cm² of surface. Ability of the transporter cleaning staff to eliminate the contamination was measured twice by application of a cleaning and disinfecting efficiency (in winter and summer)

based on repeated swabs of 900 cm² of box inside surfaces, mudguards and driver cabin for a total of 25 samples. As part of the interface activities 5 veterinary and technician mudguard's and driver's carpet were sampled with 2 single swabs, 3 times.

All samples were transported on ice and processed the same day at the laboratory.

A total of 553 samples were collected and analyzed for *Salmonella* detection.

3. Isolation of *Salmonella*

Salmonella detection was done according to a procedure based on the ISO 6579, annex D standard methods. Briefly, each sample was diluted in Buffered peptone water (BPW) to yield a 1/10 dilution or 60ml of broth per swab and incubated for 16 ±2 h at 37°C. A 0.15 mL of each pre-enriched culture was inoculated on MSRV agar and incubated for 24 and 48 h at 41.5°C. Characteristic migrations on MSRV was plated-out onto a Brilliant Green Sulfapyridine agar plate (BGS) and Xylose lysine deoxycholate agar (XLD) plate and incubated for 24h at 37°C and further to 48 h for BGS. Typical colonies were biochemically and seroagglutination confirmed as *Salmonella*. All confirmed isolates (3 per sample) were sent to “Laboratoire d'Épidémiologie Animale du Québec” (LEAQ) for serotyping, and lysotyping specifically for *S. Typhimurium* serovars.

4. RFLP-PFGE.

Genotyping was carried on some *S. Derby* strains according to the standardized CDC pulseNet protocol (Hunter SB et al., 2005; Ribot et al., 2006; CDC, 2009) with the restriction enzyme XbaI and BnlI. The DNA

fragments were isolated using 1% agarose gel (seakem gold agarose) in 0.5 TBE buffer. CHEF DR III System was used to perform electrophoresis at 14°C with initial switch time 2.2s, final switch 63.8s, and current 6V/cm and run time 18.5h. Gels were (Sybr® safe Invitrogen) stained and DNA fragments patterns were compared by visual analyses.

3. Result

All ten farms of the network were visited 3 times consecutively which correspond to different batches of fattening pigs in the farm. Of the total 390 samples analyzed, 38 were positives for *Salmonella* (9,7%). On farms where *Salmonella* could be detected, contamination was not homogeneously distributed. Except for 2 farms G and H, at least one positive sample was obtained from inside the building at least at one occasion during the 3 visits. The most frequently positive sampling site was the landing stage (43,3% n=30), and tools such as pig boards, that were commonly used in the loading activity (16.7% n=30) as shown in Table 4. Feces (8.0%, n=150) represented mainly 3 highly shedder batches (10 positive samples out of the 12 positive fecal samples collected during the survey). Outdoors environment allowed detection of *Salmonella* at 6 occasions representing 6,7% of circulating pathways.

At the farm, outdoors samples related to food container, the platform of silo's pipe were negative all over the period.

From these ten functionally related farms, a total of 9 different *Salmonella* serovars and 4 different lysovars of *S. Typhimurium* were present. In most of the case only one or a couple of serovars represents the strains isolated inside the building.

Contamination on farm site

	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3	D1	D2	D3	E1	E2	E3	F1	F2	F3	G1	G2	G3	H1	H2	H3	I1
Inside barn																									
Feces																									
Feces									lys193					Bran											
Feces									lys193					Bran		infa									
Feces									Senftenberg					Derby		infa									
Feces				Derby										Bran		infa									
Mobile Tools										Derby	Derby			Bran		infa									I4,12:i-
Door												Derby													
Landing stage	Derby	Derby		Derby	Derby					Derby	Derby		lys104		infa	infa	lys 193,208				Bran	Derby			I:ROUGH-0.f.
Food pipeline	Derby																								
Outside pathways																									
Silo base																									
Nutrient													Agona												
Landing stage														Bran			infa				Mbandaka				
Carcass knacker			lys 12,208															lys 193,12							

Figure 1 Farm contamination in 30 visits. Group of letters represent: Bran Brandenburg Infa: Infantis Lys+numbers lysotype of Typhimurium

Serovar *S. Derby* was detected inside of 4 farms barns (farm ABDJ) and the heavily shedders batches were mostly founded in 3 farms barns (farm DEF) with respectively *S. Typhimurium*, *S. Brandenburg* and *S. Infantis*.

Concerning the contamination on the pathways, among the outdoors sample on farms, the *Salmonella* types were, for 6 out of 8 detected, different from the one found in the building, with the exception of *S. Brandenburg* and *S. Infantis* detected respectively on delivery pig pathways, perhaps during or after a strong excretion phase in the farm E and F.

As technicians and veterinarians circulate in the pig production network, their vehicles were sampled. A single positive sample (1/30) was found in a mudguard swab, and contained *S. Derby*.

Also, to better represent the network interface activities, we sampled trucks 18 times, when they arrived at the farm and on their way to the slaughterhouse. A total of 108 samples were analyzed. On farm, upon arrival, truck's mudguard swabs did not reveal any presence of *Salmonella* (0/18) but 16,7% of the box of the trucks where the pig were located appeared to be contaminated at 3 occasions out of 18 with, serovars Derby, Agona and Brandenburg.

After transportation, mudguards were sampled at three different check points (Table 5) upon arrival, during pigs delivery, just prior to leaving the slaughterhouse yard. During all these operations, 24,1% (13/54) of mudguards samples were found positive to *Salmonella* (Table 4). A total of 4 trucks mudguards were found contaminated on the entrance point. When considering the origin of the truck, it is important to notice that the serovar was not detected in the originating building nor in farm outdoor environment of truck origin. Surprisingly new or different serovars were found on mudguards at the leaving check point comparing it to his status at the arriving.

Moreover the truck's driver cabin samples were frequently positive to *Salmonella* 66,7% (n=18) when the truck left the slaughterhouse, entering back to farm/slaughterhouse's circuit. Five types of *Salmonella* were found (*S. Infantis*, *S. Brandenburg*, *S. Derby*, *S.Typhimurium*, lysotype 208 or 302) in truck cabin samples.

Contamination on delivery truck mudguard's				
Farm/date	Mudguard In	Mudguard landing	Mudguard Out	Driver's carpet
G 11-09-28				Lys 208 /Derby
B 11-10-05	Lys 104b	Lys 208	Lys104bLys208	
D 11-10-05		Lys 208	Lys 208 /Derby	Lys 208 /Derby
J 11-11-10				Derby
C 11-11-30	lysU302/Heidelberg	Lys 104	Brandenburg	Lys 302/Derby
I 11-12-1	Worthington/Heidelberg	Ohio/Worthington	Worthington	Infantis
H 11-12-20				
A 12-01-11				
G 12-01-11				
E 12-01-19				Brandenburg
B 12-1-26				
D 12-02-06				Derby
C 12-4-18				Brandenburg
J 12-4-24				
I 12-4-24	Derby		Brandenburg	
E 12-05-24				Brandenburg

Tableau 1 Contamination on delivery truck mudguard's entering slaughterhouse yard References: Mudguard In: at the entrance of slaughterhouse yard; Mudguard landing : at the pig landing stage of slaughterhouse ; mudguard out : after crossing the gate in their way out

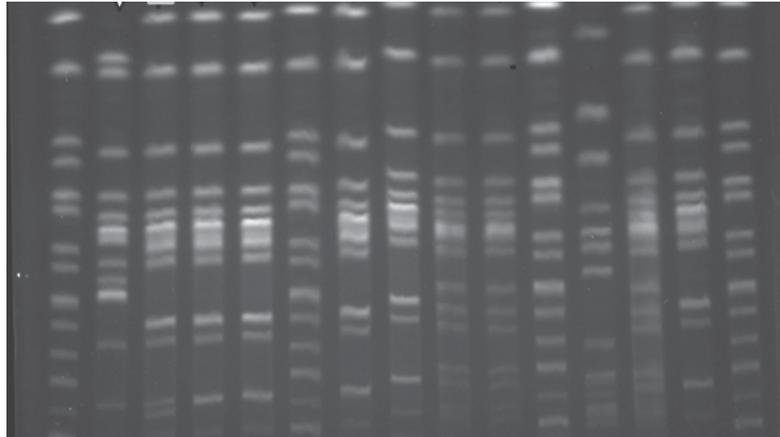
Giving the presence of *Salmonella* on the trucks (mudguards or cabin) at 11 out of 16 occasions, when the trucks were leaving the slaughterhouse yard, a special interest was paid on efficacy of cleaning and disinfection protocol of the transporter to avoid coming back to the farm with new *Salmonella* type. Upon two occasions cleaning and disinfecting operations were assessed. The first time it took place during winter and all samples were negative for *Salmonella*. The second sampling visit took place early in summer time. After cleaning and

disinfecting operations were completed, 3 positive samples were found in two different vehicles. One positive sample was found in the truck box and *S. Brandenburg* was confirmed. Another positive sample was obtained in the truck cabin carpet and was confirmed as *S. Derby* and finally the truck's mudguard was contaminated with *S. Typhimurium*. These serotype found in disinfected trucks are 3 of the most common serotypes isolates in our pig network.

Comparison of *S. Derby* isolates profiles from landing stage at farm

Serovar Derby was widely represented in the positive samples in our study, at farm and from trucks at slaughterhouse. To better describe this particular contamination, the genetic diversity between the *S. Derby* isolates was analyzed by RFLP-PFGE. Eleven isolates coming from slaughterhouse were genotyped. The *S. Derby* strains presented 5 different electrophoretic patterns with the single use of XbaI restricted enzyme (Fig 5). In this context of great diversity in *S. Derby* strain population it is of particular interest to notice that the *S. Derby* isolates from environmental samples of four farms of our network were indistinguishable despite the use of two restriction enzymes, XbaI and BnlI (Figure 6)

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15



1	control	S. Braenderup	control
2	OI 629-1	S. Derby	Mudguard entrance
3	OD 508-1	S. Derby	Mixte pathway
4	OA374-3	S. Derby	Landing stage
5	OC305-1	S. Derby	Landing stage
6	control	S. Braenderup	control
7	OC304-1	S. Derby	Non edible matter
8	OJ274-2	S. Derby	mobile machine
9	OJ270-1	S. Derby	Landing stage
10	OD211-3	S. Derby	Mudguard exit
11	control	S. Braenderup	control
12	OG202-1	S. Derby	Driver's cabine
13	OG195-1	S. Derby	Mixte pathway
14	OA146-3	S. Derby	Mixte pathway
15	control	S. Braenderup	control

Figure 2 PFGE of *Salmonella* Derby in slaughterhouse yard

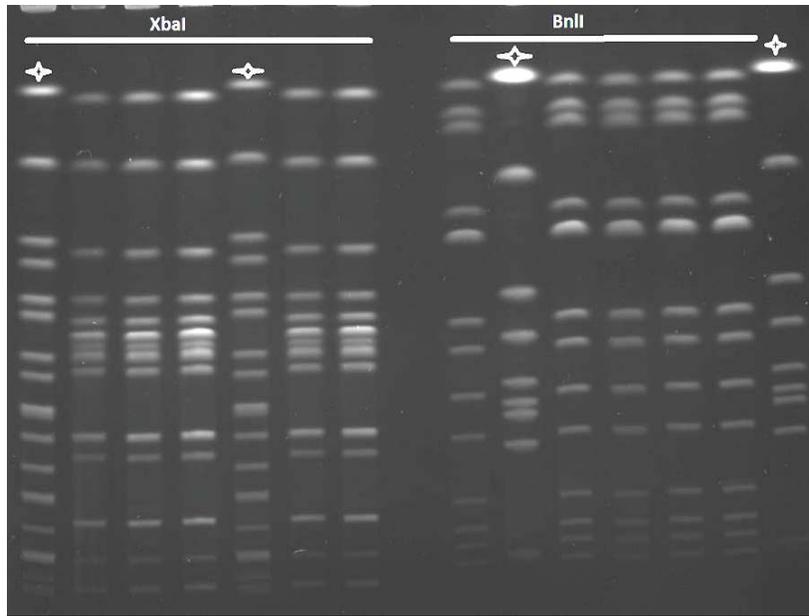


Figure 3 PFGE analysis *S. Derby* collected on 3 farm landing stages with 2 enzymes of restriction

1	control	<i>S. Braenderup</i>	Xbal
2	A18	<i>S. Derby</i>	Xbal
3	A251	<i>S. Derby</i>	Xbal
4	B32	<i>S. Derby</i>	Xbal
5	control	<i>S. Braenderup</i>	Xbal
6	D71	<i>S. Derby</i>	Xbal
7	H238	<i>S. Derby</i>	Xbal
8	Empty		
9	A18	<i>S. Derby</i>	BnlI
10	control	<i>S. Braenderup</i>	BnlI
11	A251	<i>S. Derby</i>	BnlI
12	B32	<i>S. Derby</i>	BnlI
13	D71	<i>S. Derby</i>	BnlI
14	H288	<i>S. Derby</i>	BnlI
15	control	<i>S. Braenderup</i>	BnlI

4. Discussion

These results pointed out contamination in and out the farms, highlighting the interface of a pig production network upon the trucks circulating pathways from the entry in the farm to the exit of the slaughter yard. Many studies described contamination risk on farms (De Busser et al. 2013) and on pig's during transport (Vieira Pinto et al. 2006) but information on *Salmonella* at the outdoor of the farm building and on truck as vector of contamination are scarces (Smith et al. 2013). These studies confirmed that many changes occur between pig's statuses at farm and at slaughter (Gebreyes et al. 2004) and further studies are needed to better describe the circulation of *Salmonella* into a pig production network. According to our results the serovars found outside the farm are often different from the ones presents sometimes recurrently, in pig's feces or on the material in the building. In *Salmonella* controlled production, such a risk at the door of the barns should be addressed.

The contamination of the landing stage should be underlined. It was the most frequently positive sample in our farm collection. This contamination site has seldom been considered in previous studies. Landing stages are considered to be the first contact of pigs when entering the farm at their arrival in fattening barns. This situation has to be seriously considered because naïve pigs in contact with such a contaminated environment could become *Salmonella* positive and shedders (Hurd et al. 2001). As reported by Wayne (2011) this particular delivery day challenge all naïve pig to *Salmonella* exposition due to unsatisfactory cleaned area. Our description of a common contamination by a undistinguishable strains of *Salmonella* Derby on our four farms, particularly in landing stage sample raise the question of a central place of landing stage in introduction or maintenance of

contamination in a farms network. At least it underlined the need to consider this place in the priorities of cleaning and disinfecting operations in the farms.

Moreover as pig transportation between farms and from farms to slaughterhouse is an important link in pig production, it was interesting and important to investigate this interface in a biosecurity perspective.

Vehicles involved in the pig network are suspected to carry various pathogens including *Salmonella* in their mudguards (Hernandez et al. 2013) moreover, circulating truck tires could be considered as vector because it is found generally contaminated by bacteria and that driving along asphalt would not eliminate (Amass et al. 2003). In our network study, the trucks mudguards didn't present *Salmonella* at the entry of the farms, despite the detection of *Salmonella* in pathways used by other activities during production. The contribution of *Salmonella* from circulating pathways appears non-significant despite pathogen that can resist hostile environment and cold weather (Mannion et al. 2007, You et al. 2006).

At slaughterhouse, the yard is constantly opened to delivery pig truck; evolution of the status of trucks could be questioned. That was observed as contamination, or a new type of *Salmonella* appears on mudguard in between the entry and the exit of the slaughter yard. Intensity and diversity of contamination on the yard is to be considerate, but is actually under investigated, efforts in detection are more focused on lairage environment.

When the truck leaves the slaughterhouse, contamination is also frequent in the driver's carpet. This situation was not corrected before the arriving at the farm according to the 16% of positive samples we found at this place.

Our result concerning truck cabin contamination suggest that moving back and forth between truck and landing stage make delivery driver's potential vectors not well controlled by biosecurity measures. It challenges the future steps in the network as cabins was not efficiently cleaned and the sanitary protocol after transportation didn't manage to systematically eliminate *Salmonella* from the cabins, the mudguards and more over from the truck for pig transportation.

5. Conclusion

Our study shows considerable contamination on farm-slaughterhouse interface. As this part of the pig production network is less controlled, *Salmonella* seems to be constantly present at this interface. Particular attention should be paid to the landing stages at farm; they were often contaminated with *Salmonella* and same strains from one farm to another were described. Pig delivery trucks linked with landing stages in farm and slaughterhouse were found carrying *Salmonella* in at least one of their structure. We observe that almost all serotypes involved in the pig farm and slaughterhouse interface can be reveal on trucks. It underlined the need of including the pig delivery's trucks control in new strategies to decrease or eliminate the risk of *Salmonella* ssp. infection or recontamination in a production network.

References

Alban L, Baptista FM, Møgelmoose V, et al. *Salmonella* surveillance and control for finisher pigs and pork in Denmark a case study. *Food Research International* 2012; 45: 656-665.

Amass SF, Schneider JL, Ragland D, et al. Pilot studies to evaluate the efficacy of a truck-mounted tire sanitizer system. *Journal of swine Health Production* 2003;11: 277-283.

Bahnson, P.B., P.J. Fedorka-Cray, S.R. Ladely, and N.E. Mateus-Pinilla.. Herd-level risk factors for *Salmonella enterica* subsp. *enterica* in U.S. market pigs. *Preventive Veterinary Medicine* 2006.; 76: 249-62

Barton Behravesh C, Jones TF, Vugia DJ, et al. Deaths associated with bacterial pathogens transmitted commonly through food: foodborne diseases active surveillance network (FoodNet), 1996-2005. *Journal of Infectious Diseases* 2011;204: 263-267.

Berends BR, Knapen F Van, Mossel DA, Burt SA, Snijders JM. Identification and quantification of risk factors regarding *Salmonella* spp. on pork carcasses. *Int J Food Microbiol.* 1997; 36: 199–206.

Berends B.R., Urlings H.A.P., Snijders J.M.A., Knapen F. Van, Identification and quantification of risk factors in animal management and transport regarding *Salmonella* spp. in pigs, *International Journal of Food Microbiology*,1996,30: 37-53,

Botteldoorn N, Heyndrickx M, Rijpens N, Grijspeerd K, Herman L. *Salmonella* on pig carcasses: positive pigs and cross contamination in the slaughterhouse. *Journal of Applied Microbiology*.2003 95(5): 891-903

CDC 2011 Making food safer to eat June 2011 available from:

<http://www.cdc.gov/vitalsigns/FoodSafety/index.html#Introduction>

Cravens, J. International quality and safety concerns. In: Proceedings of the Pork Quality & Safety Summit, Des Moines, 2000 p.6-11

Davies PR, Bovee FG, Funk JA, et al. Isolation of *Salmonella* serotypes from feces of pigs raised in a multiple-site production system. Journal of American Veterinary Medicine Association 1998; 212: 1925-1929.

De Busser EV, De Zutter L, Dewulf J, Houf K, Maes D. Salmonella control in live pigs and at slaughter. Veterinary Journal 2013; 196(1):20-7

De Busser EV, Maes D, Houf K, et al. Detection and characterization of *Salmonella* in lairage, on pig carcasses and intestines in five slaughterhouses. International Journal of Food Microbiology 2011; 145: 279-286.

De Busser EV, De Zutter L, Dewulf J, Houf K, Maes D.: *Salmonella* control in live pigs and at slaughter. Veterinary Journal 2013; 196(1):20-7.

EFSA: Journées d'Etudes du Groupe du PPE-DE du Parlement Européen, Paris. Discours, 4 juillet 2008 Available from:

<http://www.efsa.europa.eu/fr/press/news/paris080704.htm>

Evans MC, Wegener HC. Antimicrobial growth promoters and *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. in poultry and swine, Denmark. Emerging Infectious Diseases 2003; 9:(4) 489-492

Funk J, Gebreyes W. A. Risk factors associated with *Salmonella* prevalence on swine farms. Journal of swine health and production 2004;12(5): 246–251

Gebreyes WA, Davis PR, Turkson PK, Morrow WE, Funk JA, Altier C. *Salmonella enterica* serovars from pigs on farms and after slaughter and

validity of using bacteriologic data to define herd *Salmonella* status. *Journal of Food Protection* 2004; 67(4): 691-7

Gotter V, Klein G, Koesters S, et al. Main risk factors for *Salmonella*-infections in pigs in north-western Germany. *Preventive Veterinary Medicine* 2012; 106: 301-307.

Hernández M, Gómez-Laguna J, Luque I, Herrera León S, Maldonado A, Reguillo L, Astorga RJ. *Salmonella* prevalence and characterization in a free-range pig processing plant: tracking in trucks, lairage slaughter line and quartering.

Horchner PM, Pointon AM. HACCP-based program for on-farm food safety for pig production in Australia. *Food Control* 2011; 22: 1674-1688.

Hunter SB, Vauterin P, Lambert-Fair MA, Van Duyne MS, Kubota K, Graves L, Wrigley D, Barrett T, Ribot E. Establishment of a universal size standard strain for use with the PulseNet standardized pulsed-field gel electrophoresis protocols: converting the national databases to the new size standard. *Journal of Clinical Microbiology*. 2005; 43(3) 1045-50

Letellier Ann, Guy Beauchamp, Evelyne Guévremont, Sylvie D'allaire, Dan Hurnik, Sylvain Quessy 2009: Risk factors at slaughter associated with presence of *Salmonella* on hog carcasses in Canada, *Journal of Food Protection*, Vol. 72, No. 11, 2009, Pages 2326–2331

Mannion C, Lynch PB, Egan J, et al. Seasonal effects on the survival characteristics of *Salmonella* Typhimurium and *Salmonella* Derby in pig slurry during storage. *Journal of Applied Microbiology* 2007;103:1386-1392.

Ribot Efrain M., Fair M.A., Gautom R., Cameron D.N., Hunter S.B., Swaminathan B., Barrett Timothy J. Foodborne Pathogens and Disease, 2006; 3(1): 59-67.

Smith RP, Cook AJ, Christley RM. Descriptive and social network analysis of pig transport data recorded by quality assured pig farms in the UK. Preventive Veterinary Medicine 2013; 108 (2-3): 167-177.

Vieiria-Pinto M, Tenreiro R, Martins C. Unveiling contamination sources and dissemination routes of *Salmonella* spp in pigs at a portuguese slaughterhouse through macrorestriction profiling by pulsed-field gel electrophoresis.

International journal of food protection 2006, 118 (1):77-84

Wayne Du , - Lairage, a Significant Source of *Salmonella* Contamination in Pork Chain. Pork Quality Assurance Program Lead/Omafra 2011. Available from:

http://www.omafra.gov.on.ca/english/livestock/swine/facts/info_qs_lairage.htm

Wilkins Wendy, Andrijana Rajić, Cheryl Waldner, Margaret McFall, Eva Chow, Anne Muckle, Leigh Rosengren. Distribution of *Salmonella* serovars in breeding, nursery, and grow-to-finish pigs, and risk factors for shedding in ten farrow-to-finish swine farms in Alberta and Saskatchewan, Canadian Journal of Veterinary Research, 2010; 74(2): 81–90.

Youwen You, Shelley C. Rankin, Helen W. Aceto, Charles E. Benson, John D. Toth, Zhengxia Dou. Survival of *Salmonella enterica* Serovar Newport in Manure and Manure-Amended Soils. Applied Environmental Microbiology, 2006; 72(9): 5777–5783

Article II

Slaughterhouse yard, a potential source of *Salmonella* in pig network interface

Alexandra Elayiz Henry^{1,2}, Philippe Fravallo^{1,2,3}, Gabriel Desmarais^{1,2,3}, Virginie Lachapelle^{1,2,4},
Nadia Bergeron^{1,2,3}, Sylvette L. Lewandowsky¹, Ann Letellier^{1,2,3}.

(1) Chaire de recherche en salubrité des viandes (CRSV)

(2) Groupe de recherche et d'enseignement en salubrité alimentaire (GRESA)

(3) Groupe de recherche sur les maladies infectieuses du porc (GREMIP)/Centre de recherche en infectiologie porcine et aviaire (CRIPA)

(4) Agence canadienne d'inspection des aliments (ACIA)

Abstract

Salmonellosis is still a major concern for public health in developed countries. After success raising effort in control in poultry production in Europe, pork production is asked to participate in mitigating the risk for consumers. Over years of surveillance and control in many countries, *Salmonella* still find its way to contaminate pigs and pork products (Jordan et al. 2006, Meyers et al. 2011). The prevalence of *Salmonella* in pig's caecal contents keeps rising at slaughterhouse in Canada (PICRA, 2011). Risk factors for animal contamination at farms have been described and weights of lairage conditions on caecal contamination were established (Wilkins et al. 2010, Mainar-Jaime et al. 2008). In between these two steps, transport was recently recognized as a source of *Salmonella* for pigs but the yard of slaughter, a place that receives all trucks, has not yet been considered particularly as a reservoir of *Salmonella* for dissemination back to the primary production. Therefore the objective of our study was to describe *Salmonella* contamination on truck circulating areas in a slaughterhouse yard, during a 9 months survey at 18 occasions during pig delivering from 9 farms having a known *Salmonella* status. *Salmonella* was recovered on all type of circulation pathways on slaughterhouse yard ground (67% n=144). Detection undergoes a temperature effect, although *Salmonella* was actually detected in winter

conditions. Eighteen different serovars were isolated and seven *S. Typhimurium* phage types were identified. These results promote optimization of biosecurity and controlling program for *Salmonella* including the consideration of farm/slaughter interface.

Key words: *Salmonella*, pig, contamination, slaughterhouse's yard

Résumé

La salmonellose est encore une préoccupation de santé publique dans les pays développés. Après la mobilisation réussie dans le contrôle de *Salmonella* dans la production aviaire en Europe, la production porcine est invitée à réduire le risque de contamination des consommateurs. Après des années de surveillance et de contrôle dans de nombreux pays, *Salmonella* trouve encore le moyen de contaminer les porcs et ses produits dérivés (Jordan et al. 2006, Meyers et al. 2011). La prévalence de *Salmonella* dans le contenu du caecum des porcs prélevés à l'abattoir continue d'augmenter au Canada (Picra 2011). Pourtant, les facteurs de risque de contamination dans l'exploitation porcine ont été décrits et l'effet des conditions de stabulation sur la contamination au niveau du caecum a été établi (Wilkins et al. 2010, Mainar - Jaime et al. 2008). Entre ces deux étapes, le transport est reconnu comme une source de *Salmonella* chez les porcs, mais la cour de l'abattoir, un endroit qui reçoit de nombreux camions, n'a pas encore été examiné en particulier comme un réservoir de *Salmonella* afin de documenter la dissémination des salmonelles à la production primaire. Par conséquent, l'objectif de notre étude était de décrire la contamination par *Salmonella* dans les trajets de circulation des camions dans la cour de l'abattoir, 18 échantillonnages des trajets

de circulations ont été réalisées sur une période de 9 mois à l'occasion de livraison de porcs provenant de 9 fermes ayant un statut de *Salmonella* connu. *Salmonella* a été isolée sur les différents trajets de circulation de la cour d'abattoir (67 % n = 144). Cette détection est influencée par la température, bien que *Salmonella* ait été effectivement isolée dans des conditions hivernales. Dix-huit sérotypes différents ont été isolés et sept types phagiques de *S. Typhimurium* ont été identifiés. Ces résultats encouragent l'optimisation de la biosécurité ainsi que le programme de contrôle des salmonelles en tenant compte de l'interface ferme/abattoir.

Mots clés : *Salmonella*, porc, contamination cour d'abattoir

1. Introduction

Zoonotic agents as *Salmonella* are transmitted by food and still represent a major concern worldwide for meat industry and public health agencies (CDC, 2011, EFSA, 2013). In a context where *Salmonella* control programs in poultry are efficient, an EFSA study identified swine as an important source of salmonellosis from animal food source. Over years of surveillance and control in many countries, *Salmonella* still find his way to contaminate pigs and pork products (Jordan et al. 2006, Meyers et al. 2010). The best ways to mitigate this hazard in pork meat is a combination of contamination reduction in pig at farm level and at slaughter more specifically by controlling factors like: duration in lairage and pig slaughtering processes (Alban & Stark, 2005; Ojha S & Kostrzynska M., 2007, Duggan et al. 2010). In between these two steps, transport was recently recognized as a source of *Salmonella* for pigs but the slaughterhouse yard, a place that receives all trucks, has not been yet considered particularly as a reservoir of *Salmonella* associated to dissemination back to the primary production. To reach this goal, prevalence and serovars distribution of *Salmonella* on this critical steps of the swine production is required (Wendy et al. 2010), particularly on the interface of farm and slaughter (Arguello et al. 2013).

The aim of this study was to describe *Salmonella* presence on major trucks circulating pathways on slaughterhouse yard, during 9 months period including winter conditions seen in Quebec.

2. Material and methods

1. Sampling plan

The study period lasted from July 2011 to May 2012. At 18 occasions, we followed the delivery truck scheduled by the transporter to deliver the pigs of our selected farm to the slaughterhouse. At the same time track soils in slaughterhouse's yard associated to three activities areas were sampled: pig delivery, carcass rendering transport and non-edible matter transport. At each visit, circulating pathways of pig delivery trucks were sampled at 3 different moments each visit (before passing the gate at the slaughterhouse, passing the gate and leaving the slaughterhouse), the carcass rendering and non-edible matter pathways were sampled once each visit.

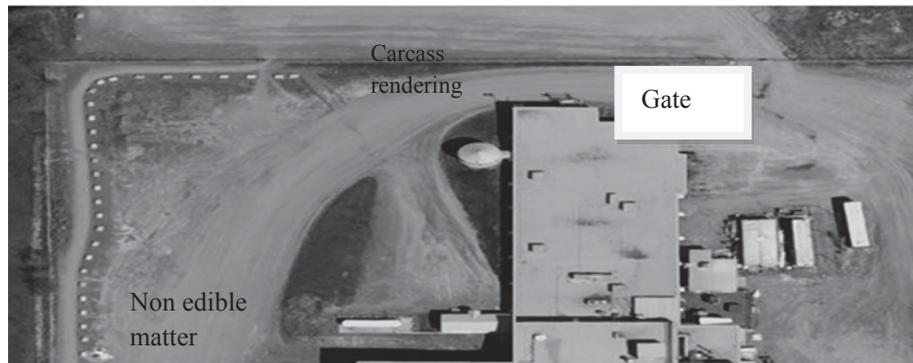


Figure 4 Illustration of Slaughterhouse yard pathways

For each sample, cleaned and disinfected dustpans were used to superficially sweep 1m² of circulating pathways in direct contact with truck tires.

All samples were transported on ice to the laboratory and processed within 5 hours post sampling.

A total of 90 were processed by the procedure derived from ISO 6579, annex D. Briefly, uncommon samples as soil, ground or stone were put into a whirl pack bag with a filter, swamped with BPW (LAB 046) and incubated for 16 ± 2 h at 37°C . A 100 μl aliquot of each pre-enriched culture was inoculated into MSR/V (AES) agar incubated 24 and 48 h at 42°C . Presumptive migration samples were streaked on Brilliant Green Sulphapyridine agar (BGS agar, DifcoTM) and simultaneously onto Xylose lysine deoxycholate agar (XLD agar, LAB 032) and incubated for 24 h at 37°C and further to 48 h for BGS. Three isolates from typical colonies were biochemically tested for urease production with Urea agar base (LAB 130), for typical reaction on Triple sugar iron media (Difco) and Lysine iron agar (LAB 5A) and sero-agglutination with PolyA1Vi serum was required to confirm *Salmonella* isolates. Isolates were sent to “Laboratoire d’Épidémiologie Animale du Québec” (LEAQ) for serotyping, followed by lysotyping for *S. Typhimurium* serovar. *Salmonella* type diversity observed in the different area was expressed by Simpson Index calculation taking in account the richness of samples and abundance of serotypes.

3. Results

A total of 90 samples related to the trucks circulating pathways on slaughterhouse's backyard were analyzed. Among them 53,33 % of samples were positives 48/90. Not less than 14 serovars of *Salmonella* were found in these samples and 8 different phage types were found for *S. Typhimurium* serovar, then at least 22 different strains of *Salmonella* were detected (Table 6). Considering the three principal trafficking areas of slaughterhouse yard used by different trucks: pig delivery, the non-edible matter transport and the carcass rendering, we observed different contamination distributions. While 14,8% (8/54) of the *Salmonella* isolated were *S. Typhimurium*, *S. Derby* represented 5% (3/54) of the total strains detected, for the non-edible matter truck pathway the contamination was present but other than those 2 common serotypes. On the contrary, carcass rendering truck pathways, where leaching water from the slaughter plant is always present, show frequent contamination by *S. Typhimurium* representing 38,8% (7/18) of the sample and *S. Derby* was founded in 11% (2/18) of the sample. As the presence of *Salmonella* in all pathways was described, result suggests that carcass rendering truck pathway is the most contaminated area with a high frequency of detection and a great diversity. The table 5 and 6 below shows the frequency and the diversity among each serotypes isolated from trucks circulating pathways.

Circulating areas	<i>Salmonella</i> detection (% , n samples)	<i>Salmonella</i> diversity (simpson index)
Pig delivery pathways	55%, 54	0,89
Non-edible matter pathways	55%, 18	0,82
Carcass rendering pathways	83%, 18	0,94

Table 2 Frequency and diversity of *Salmonella* on the main circulating areas on slaughterhouse yar

Pathways	Pig delivery truck	Non-edible matter truck	Carcass rendering truck
Date			
1- 11-08-30	Infa/ Bran		Bran
2- 11-09-07	Bran/Derby/I:4,5,12:i:-/lysU302/Infa	Uganda	lys104b/U302
3- 11-09-07	lys 208 /Derby	Bran	lys132/atypique
4- 11-10-05	Give/lysUT5/ lys104b	Infa/ Worthington	lys 104b
5- 11-10-05	lys104b /Infa	Infa/ Worthington	Derby
6- 11-11-30	Bran	Bran	Derby/ Schawington
7- 11-11-30	Infa/Bran/lys104b lys104	Infa/Bran	lys 104/Infa
8- 11-12-1	Worthington	Ohio	Infa
9- 11-12-20			Infa
10- 12-01-11			
11- 12-01-11	Infa		lys104b
12- 12-01-19		Infa	Lys atypique
13- 12-01-26	lys 108/Auto-agglutinant		Alachua
14- 12-02-06	Derby/ Infa		
15- 12-04-18		Uganda	
16- 12-04-24	Infa /Ohio	Infa	Infa
17- 12-04-24	Infa/ Benin		Ohio
18- 12-05-24	Infa /Give /Bran		lys104

Tableau 3 *Salmonella* serotypes and Typhimurium lysotypes among 3 main pathways.

References : Bran:Brandenburg, Infa : Infantis, Lys(number): *S. Typhimurium* lysotype

N.B.: some names are complete because of space availability

As sample collection was done on 9 months duration we assessed the effect of temperature on detection ability. Two seasons: spring-autumn (July 30th to December 1st and April 18th to the end of the project May 30th, day 1 to 8 and 16 to 18) and winter period between (December 2nd to April 18th of, day 9 to 15) were defined and we compared the proportion of *Salmonella* detection at slaughterhouse on pathways. Only samples from pig delivery truck pathways before entering the yard were chosen. The *Salmonella* detection in samples taken during winter period was frequent (37%, n=35) but the proportion of positive samples was significantly higher (78,2% n=55, p<0.001 Fisher exact test) when the temperature was higher.

4. Discussion

To our knowledge, no investigation has been conducted to describe *Salmonella* presence on slaughterhouse yard, despite the fact that many authors are convinced that *Salmonella* contamination in pigs entering the slaughterhouse can be attributed to different sources (Arguello et al. 2013, De Busser et al. 2013). Even if, these pathways are not in direct contact with pigs, trucks can contribute to *Salmonella*'s dissemination and such *Salmonella* presence should be regarded in a biosecurity perspective, when trucks are returning to the farms (Amass et al. 2003)

Interestingly, our results showed that *Salmonella* was highly frequent and associated with a great diversity all over the season. It is in accordance with other studies showing *Salmonella* resistance to multiple variations in environment was well known (Fang et al. 1992, Winfield & Groisman, 2003). Due to successive contaminations described from sampling day to another (Table 6), recurrent deposit of new *Salmonella* serotypes during transportation activities in the yard should be considered (Arguello et al. 2013). Furthermore specific contamination on areas corresponding to specific activities was found. The higher presence of *Salmonella* Typhimurium and *S. Derby* on pathways directly related to pigs (delivery and rendering carcass) is coherent with the representation of these two type in primary production (Fashae & Hendriksen 2014, Rajic et al. 2005, Hurd et al. 2001, Jensen et al. 2004, Mainar-Jaime et al. 2010; Letellier et al. 2009). Some *Salmonella*'s strains maybe persistent in slaughterhouse and farm environment (Declan et al 2013, Jensen et al 2006, Sandvang et al 2000). In this special case the environment may include pathways contamination as Amass et al. (2003) found contamination on circulating truck tires by ground bacteria.

According to detection along the year, we observed during the very low temperature period that *Salmonella* could frequently be detected including on snow or iced surfaces encountered during the rude winter condition in Quebec. Extreme resistance and adaptation of *Salmonella* to adverse temperature should be mentioned (Jeffrey A G et al 1998). At last; slaughterhouse yard represents a great surface of water accumulation and runoff in case of rain. According to our results, water uptake and treatment considerations should be taken to avoid uncontrolled environmental dissemination of this zoonotic bacterium. Implementing biosecurity interventions in the slaughterhouse yard is strongly recommended to limit the dissemination of this pathogen in the production network.

5. Conclusion

This study put emphasis on farm-slaughterhouse interface's contamination as a highly contaminated and less controlled point in the pig network production. As truck trafficking is constant in and from slaughterhouses, it raises a new preoccupation about the contamination of tires and mudguards during truck activities on the slaughterhouse yard and back to the farms.

References

Alban L., Stark K. D. Where should the effort be put to reduce the *Salmonella* prevalence in the slaughtered swine carcass effectively?" Preventive Veterinary Medicine, 2005;68(1): 63-79.

Amass SF, Schneider JL, Ragland D, et al. Pilot studies to evaluate the efficacy of a truck-mounted tire sanitizer system. Journal of swine Health Production 2003;11: 277-283

Arguello H, Alvarez-Ordoñez A, Carvajal A, Rubio P, Prieto M., Role of slaughtering in *Salmonella* spreading and control in pork production. Journal of food protection, 2013; 76(5):899-911

Arguello Héctor, Carvajal Ana, Naharro German, Arcos Mario, Rodicio M. Rosario, Martin M. Cruz, Rubio Pedro,: Sero- and genotyping of *Salmonella* in slaughter pigs, from farm to cutting plant, with a focus on the slaughter process. International Journal of Food Microbiology, 2013;(161): 1: 44-52.

Argüello Héctor, Carvajal Ana, Álvarez-Ordóñez Avelino, Alexander Jaramillo-Torres Hugo, Rubio Pedro. Effect of logistic slaughter on *Salmonella* contamination on pig carcasses, Food Research International, 2014 (55): 77-82.

CDC 2011 Making food safer to eat June 2011 from:

<http://www.cdc.gov/vitalsigns/FoodSafety/index.html#Introduction>

Declan J. Bolton, Claire Ivory, David McDowell A study of *Salmonella* in pigs from birth to carcass: Serotypes, genotypes, antibiotic resistance and virulence profiles. International Journal of Food Microbiology, 2013; 160: 3:298-303.

Duggan SJ, Mannion C, Prendergast DM, Leonard N, Fanning S, Gonzales-Barron U, Egan J, Butler F, Duffy G.: Tracking the *Salmonella* status of pigs and

pork from lairage through the slaughter process in the republic of Ireland. Journal of Food Protection, 2010; 73(12):2148-60.

EFSA, 2013. EFSA journal 11(4) 3129

Fashae K, Hendriksen RS. Diversity and antimicrobial susceptibility of *Salmonella enterica* serovars isolated from pig farms in Ibadan, Nigeria. Folia Microbiologica (Praha). 2014; 59(1): 69-77

Hurd Scott James D. Mc Kean, Irene V. Wesley, Locke a. karriker ,. The effect of lairage on isolation from market swine. Journal of Food Protection, 2001; 64, (7): 939-944

Jeffrey AG, Hak KM, Steffan RJ, Foster JW, Bej AK., 1998. Growth, survival and characterization of *cspA* in *Salmonella enteritidis* following cold shock. Microbiology 36(1):29-35.

Jensen Annette Nygaard, Dalsgaard Anders, Stockmarr Anders, Nielsen Eva Møller, Lau Baggesen Dorte, Survival and transmission of *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium in an Outdoor Organic Pig Farming Environment. Applied and Environmental. Microbiology 2006; (72):3: 1833-1842

Jensen A.N., J. Lodal, D.L. Baggesen, : High diversity of *Salmonella* serotypes found in an experiment with outdoor pigs, NJAS - Wageningen Journal of Life Sciences, 2004; 52, (2): 109-117.

Jordan E, Egan J, Dullea C, Ward J, McGillicuddy K, Murray G, Murphy A, Bradshaw B, Leonard N, Rafter P, et al, 2006: *Salmonella* surveillance in raw and cooked meat and meat products in the republic of Ireland. International Journal of Food Microbiology Oct 15; 112(1):66-70. Epub 2006 Jul 24

Letellier Ann, Guy Beauchamp, Evelyne Guévremont, Sylvie D'allaire, Dan Hurnik, Sylvain Quessy. Risk factors at slaughter associated with presence of *Salmonella* on hog carcasses in Canada, *Journal of Food Protection*, 2009: (72) 11, 2326–2331

Mainar-Jaime RC, Atashparvar N, Chirino-Trejo M, Rahn K. 2008: Survey on *Salmonella* prevalence in slaughter pigs from Saskatchewan. *The Canadian Veterinarian Journal*, 2008; 49(8):793-6

Meyer C, Thiel S, Ullrich U, Stolle A. *Salmonella* in raw meat and by-products from pork and beef?. *Journal of food Production*, 2010:73 (10): 1780-4.

Ojha S, Kostrzynska M. 2007: Approaches for reducing *Salmonella* in pork production. *Journal of Food Protection* 70(11): 2676-94

Sandvang, D., Jensen, L. B., Baggesen, D. L. and Baloda, S. B. 2000, Persistence of a *Salmonella enterica* serotype Typhimurium clone in Danish pig production units and farmhouse environment studied by pulsed field gel electrophoresis (PFGE). *FEMS Microbiology Letters*, 187: 21–25.

Rajic A, Keenlside J, McFall ME, Deckert AE, Muckle AC, O'Connor BP, Manninen K, Dewey CE, McEwen SA. Longitudinal study of *Salmonella* species in 90 Alberta swine finishing farms. *Veterinary Microbiology*, 2005; 105(1):47-56.

Wendy Wilkins, Andrijana Rajić, Cheryl Waldner, Margaret McFall, Eva Chow, Anne Muckle, Leigh Rosengren. Distribution of *Salmonella* serovars in breeding, nursery, and grow-to-finish pigs, and risk factors for shedding in ten farrow-to-finish swine farms in Alberta and Saskatchewan, *Canadian Journal of veterinary Research*. 2010; 74(2): 81–90.

Discussion générale

Nous avons, dans ce projet, essayé d'établir l'implication de la contamination de l'interface d'un réseau de production porcin dans la chaîne dynamique de contamination. Et chaque secteur d'activité analysé, comme les camions, les trajets ou la cour d'abattoir, a révélé la présence du microorganisme servant d'indicateur *Salmonella*. En analysant les données du dépistage de *Salmonella* dans l'interface du réseau il est important de relever que dans 25 sites de prélèvements ciblés entre ferme et abattoir seulement un site, soit la base du silo à l'extérieur de la ferme s'est révélé négatif tout au long de l'année. La base du silo étant un lieu d'accumulation d'aliments et de poussières, il pouvait être contaminé par des nuisibles ou même attirer des animaux ou oiseaux sauvages, eux-mêmes excréteurs de *Salmonella* (Ian Tizard 2004, Horton et al. 2013). En effet, le rôle des oiseaux sauvages a longtemps été suggéré dans les facteurs de risque liés à la contamination des élevages (Barber et al 2002; Nielsen et al. 2004). Cependant les résultats de notre étude ne semblent pas indiquer un rôle majeur des oiseaux dans la contamination de l'environnement extérieur de l'élevage même si plusieurs études ont démontré ce lien ([Hughes](#) et al. 2008; Vico & Mainar-Jaime 2011).

En ferme, la contamination est distribuée de manière régulière tant au niveau intérieur qu'à l'extérieur de la bâtisse avec une prédominance au niveau du débarcadère représentant la limite entre l'intérieur et l'extérieur de la bâtisse. Celui-ci représente le lien entre la ferme et le camion de transport des porcs vers l'abattoir. Ainsi, lorsque des fèces contaminées de porcs excréteurs sont retrouvées sur le débarcadère, celui-ci pourrait être contaminé par ces mêmes souches ramassées dans les parcs d'où les différents profils de fermes retrouvés (profil : Derby, Infantis,

Brandenburg et varié) mais paradoxalement il n'a pas été établi d'association entre la présence d'animaux excréteurs dans les parcs et les débarcadères retrouvés contaminés. Ceci appui Pires et al. (2014) qui confirment une durée d'excrétion dépendante de l'âge d'infection et du sérotype concerné. Il rejoint également la difficulté de Poljak et al. (2008) de retrouver des liens entre les parcs contaminés et les porcs excréteurs dû à l'existence de multiples cofacteurs ignorés.

Par ailleurs, l'analyse des sérotypes présents sur les débarcadères de 4 fermes a montré que *S. Derby* était prédominant au niveau de ce site. Compte tenu de la fréquence élevée de détection de ce sérovar en production porcine (Letellier et al. 2009), le recours à une approche de caractérisation moléculaire s'est avéré nécessaire pour tenter de dresser des liens épidémiologiques entre les isolats de ce sérotype. Les profils électrophorétiques d'ADN d'isolats détectés sur les débarcadères de ces 4 fermes du réseau ne sont pas différenciables avec utilisation de deux enzymes de restriction (protocole complet du CDC). Les souches de *S. Derby* relevées sur les quais des fermes A, B, D, H ne peuvent être différenciées suggérant ainsi un lien entre les fermes. Malheureusement un suivi systématique du transporteur de porcelets dès leur livraison à la ferme n'a pas été réalisé pour pouvoir suggérer une piste de contamination des débarcadères. Toutefois l'approche méthodologique utilisée semble adéquate étant donné que le RFLP-PFGE avec les sérotypes Derby de la cour d'abattoir a démontré une très grande diversité de profils en plus de représenter jusqu'à nos jours la méthode de référence pour la discrimination précise de souches de *Salmonella* (Wen et al. 2010 ; Xi et al. 2008)

Par ailleurs, l'apparition d'un nouveau lysotype de *S. Typhimurium* dans deux fermes différentes, à une période chronologiquement rapprochée a conduit à une suspicion de lien effectif, possible avec le camion de livraison de porcs. La contamination des 4 débarcadères par le même sérotype Derby pourrait en effet être liée au camion de transport de porcs ou de porcelets identifié comme possible vecteur mécanique de contamination. Des études complémentaires de suivi des camions seraient nécessaires pour confirmer cette voie de contamination entre les fermes.

Cette contamination observée entre fermes géographiquement éloignées résulte de l'interconnexion existante dans le réseau par le biais des transporteurs. Bien que la démarche de livraison de porcs exige que le camion de transport soit préalablement lavé et désinfecté, il a été démontré que dans la pratique ce statut est difficilement atteint et conservé (Mannion et al. 2008, Arguello et al. 2011, poljak et al. 2008).

D'autre part, 15% des échantillons positifs de la ferme sont sur les trajets de circulation extérieurs autour de la ferme ; laissant une possibilité d'introduction des salmonelles par des intervenants réguliers ou des visiteurs cheminant simultanément sur la cour et dans la ferme avec une faible observance des mesures de sécurité et d'hygiène. La gestion de *Salmonella* dans les trajets de circulation de l'interface ferme/abattoir et dans les limites physiques de cette interface représentées par les débarcadères est nécessaire à l'éradication de la bactérie dans le réseau.

Précisément à l'abattoir tous les trajets de circulation se sont avérés contaminés avec 62% d'échantillons positifs (89/144). Les trois principaux trajets de la cour d'abattoir étaient contaminés à plus de 50%

et le sérotype Typhimurium était le plus répertorié. Le trajet précis des camions transportant les produits non comestibles n'a révélé aucun des serotypes Derby ou Typhimurium cependant le trajet de l'équarisseur a révélé une prédominance du sérotype Typhimurium, ce sérotype serait-il dominant dans la première étape d'abattage ou seulement dans les conduits d'eaux usées contaminées. Le trajet du milieu par où passe tous les camions de livraison de porcs décrivait des sérotypes multiples sans aucune particularité.

En plus des trajets contaminés nous retrouvons également des gardes boues de camions de livraisons de porcs contaminés (24,07%, 13/54) ainsi que des tapis de sol de l'intérieur des camions contaminés à 66%. Cette observation implique la considération importante de la prise en compte de l'étape de livraison à l'abattoir, au moins dans la perspective de décontamination de camions qui retournent fréquemment en ferme sans avoir été lavés et désinfectés ou lavés avec une procédure de désinfection inefficace. Ceci est supporté par les résultats de notre étude sur la vérification de l'efficacité du lavage et désinfection des camions, démontrant que le protocole de lavage désinfection n'était pas efficace en plus du fait que les inspections étaient avisées.

Le niveau de contamination décrit dans l'interface ferme abattoir suppose un manque de biosécurité et d'hygiène dans le réseau de fonctionnement multidirectionnel étudié notamment dans le circuit ou trajet de: ferme-camion-ferme ou ferme-camion-abattoir-camion-ferme avec le transport et les trajets en tant que disséminateur continu de *Salmonella*.

Conclusions

Ce projet a permis de mettre en évidence de nouvelles données sur la problématique de *Salmonella* dans un réseau porcin. Il a soulevé l'importance clé de certaines zones entre ferme et abattoir dans l'échange multidirectionnel entre les différentes parties prenantes suggérant ainsi une prise en charge de ces zones critiques afin de limiter la dissémination des microbes tels que *Salmonella* dans le réseau.

En effet, en utilisant *Salmonella* comme indicateur microbien, les résultats du projet ont illustré des contaminations régulières et ponctuelles à l'interface du réseau autour de la ferme, par rapport au camion de livraison de porcs et en lien avec les trajets de circulation aussi bien à la ferme que dans la cour d'abattoir. Ceux-ci suggèrent un risque permanent de contamination du réseau qu'il faut considérer dans un programme de contrôle de *Salmonella* et également pour protéger le statut sanitaire des troupeaux.

L'identification de certaines sources de contamination systématique comme le débarcadère en ferme a permis de réaliser que les efforts doivent être mis en place sur ce site afin de diminuer la charge bactérienne et réduire le risque de contamination ou de transmission de *Salmonella* entre lots de porcs entrant et sortant de la ferme. De plus, la désinfection de ce site est aussi importante à considérer lorsque le camionneur et son accompagnateur y mettent les pieds. Ces derniers deviennent alors des vecteurs de dissémination de salmonelles. Ce point est supporté par la présence de *Salmonella* sur le tapis de sol à l'intérieur des camions.

Considérant la capacité de transmission aéroportée de *Salmonella* par la poussière en milieu contaminé, la contamination du quai d'abattoir et de la cour d'abattoir pourrait être soupçonnée de jouer un rôle dans le cycle de contamination d'hôte et d'environnement.

Considérant aussi, le rôle soupçonné de vecteur mécanique qu'ont les véhicules de transports, la décontamination de la cour d'abattoir ou des châssis de véhicules devient nécessaire si on veut éviter d'alimenter cette contamination croisée multidirectionnelle venant de l'abattoir dans le réseau porcin.

Le niveau et la diversité de contamination pouvant être généré au niveau de l'interface, de ces structures et des intervenants sont ainsi rapportés. La biosécurité et le contrôle sanitaire reliés à l'élevage sont encore une fois incontournables au contrôle de *Salmonella*.

Bibliographies

Alban, L. and K. D. Stark (2005). "Where should the effort be put to reduce the Salmonella prevalence in the slaughtered swine carcass effectively?" Preventive Veterinary Medicine **68**(1): 63-79.

Amass SF, Schneider JL, Ragland D, Hill MA.2003. "Pilot studies to evaluate the efficacy of a truck-mounted tire sanitizer system. " Journal of Swine health Production. **11**:277-283.

Amass SF, Schneider JL. (2006). "Evaluation of the efficacy of a truck-mounted tire sanitizer system during winter weather." Journal of swine health production **14**(2):101-104

Anderson, E. S., Williams, R. E. (1956). "Bacteriophage typing of enteric pathogens and staphylococci and its use in epidemiology." Journal of Clinical Pathology **9**(2):94-127.

Anderson, E. S., L. R. Ward, M. J. Saxe and J. D. de Sa (1977). "Bacteriophage-typing designations of Salmonella typhimurium." Journal of Hygiene **78**(2): 297-300.

Anderson, R. C., M. E. Hume, K. J. Genovese, T. R. Callaway, Y. S. Jung, T. S. Edrington, T. L. Poole, R. B. Harvey, K. M. Bischoff and D. J. Nisbet (2004). "Effect of drinking-water administration of experimental chlorate ion preparations on Salmonella enterica serovar Typhimurium colonization in weaned and finished pigs." Veterinary Research Communications **28**(3): 179-189.

Anonymous (2007). Analyse intégrée et rapport des résultats. PICRA, Agence de la santé publique du Canada.

Anonymous (2011). Les salmonelles, Institut Pasteur.

Anonymous (2011). Prévention de la salmonellose. Santé Canada.

Arguello, H., A. Carvajal, G. Naharro, M. Arcos, M. R. Rodicio, M. C. and P. Rubio (2013). "Sero- and genotyping of Salmonella in slaughter pigs, from farm to cutting plant, with a focus on the slaughter process." International Journal of Food Microbiology **161**(1): 44-52.

Arguello H., Rubio P., Jaramillo A., Barios V., Garcia M., Carvajal G. (2011) Evaluation of cleaning and disinfection procedures against Salmonella enterica at swine farms, transport and lairage facilities. SafePork 2011. Infectious Diseases and Epidemiology, Faculty of Veterinary Medicine, University of Leon, Spain. Proceedings posters.

Arrus, K. M., R. A. Holley, K. H. Ominski, M. Tenuta and G. Blank (2006). "Influence of temperature on Salmonella survival in hog manure slurry and seasonal temperature profiles in farm manure storage reservoirs." Livestock Science **102**(3): 226-236.

Antunes, P., Machado, J., Sousa, J. C., Peixe, L. (2004). "Dissemination among humans and food products of animal origin of a *Salmonella* Typhimurium clone expressing an integron-borne OXA-30 beta-lactamase". Journal of Antimicrobial Chemother. **54**(2): 429-34

Bandeira, R., D. d. C. P. Pellegrini and M. Cardoso (2007). "Salmonella sp. occurrence in rump cuts from batches of carrier pigs at slaughter." Acta Scientiae Veterinariae **35**(2): 203-208.

Barber DA, Bahnson PB, Isaacson R, Jones CJ, Weigel RM. (2002) "Distribution of Salmonella in swine production ecosystems." *Journal of Food Protection*. **65**(12):1861-8

Bean, N. H., Grimm, P. M. 1992. *Salmonella* surveillance, annual summary. Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Ga.

Bearson BL, Wilson L, Foster JW.(1998)."A low pH-inducible, PhoPQ-dependent acid tolerance response protects Salmonella Typhimurium against inorganic acid stress." *Journal of Bacteriology* **180**(9):2409-17

Bearson, S. M., H. K. Allen, B. L. Bearson, T. Looft, B. W. Brunelle, J. D. Kich, C. K. Tuggle, D. O. Bayles, D. Alt, U. Y. Levine and T. B. Stanton (2013). "Profiling the gastrointestinal microbiota in response to salmonella: low versus high Salmonella shedding in the natural porcine host." *Infection Genetics and Evolution* **16**: 330-40.

Beloelil, P. A., P. Fravallo, C. Fablet, J. P. Jolly, E. Eveno, Y. Hascoet, C. Chauvin, G. Salvat and F. Madec (2004). "Risk factors for Salmonella enterica subsp. enterica shedding by market-age pigs in French farrow-to-finish herds." *Preventive Veterinary Medicine* **63**(1-2): 103-120.

Berchieri, A., Jr., C. K. Murphy, K. Marston and P. A. Barrow (2001). "Observations on the persistence and vertical transmission of Salmonella enterica serovars Pullorum and Gallinarum in chickens: effect of bacterial and host genetic background." *Avian Pathology* **30**(3): 221-231.

Berge, A. C. and M. Wierup (2012). "Nutritional strategies to combat Salmonella in mono-gastric food animal production." *Animal* **6**(4): 557-564.

Bergeron, N., J. Corriveau, A. Letellier, F. Daigle and S. Quessy (2010). "Characterization of Salmonella Typhimurium isolates associated with septicemia in swine." *Canadian Journal of Veterinary Research* **74**(1): 11-17.

Binter, C., J. M. Straver, P. Haggblom, G. Bruggeman, P. A. Lindqvist, J. Zentek and M. G. Andersson (2011). "Transmission and control of Salmonella in the pig feed chain: a conceptual model." *International Journal of Food Microbiology* **145 Suppl 1**: S7-17.

BIOHAZ (2012). "Scientific Opinion on an estimation of the public health impact of setting a new target for the reduction of Salmonella in turkeys." *EFSA* **10**(4): 2616.

Borch, E., T. Nesbakken and H. Christensen (1996). "Hazard identification in swine slaughter with respect to foodborne bacteria." *International Journal of Food Microbiology* **30**(1/2): 9-25.

Boughton, C., J. Egan, G. Kelly, B. Markey and N. Leonard (2007). "Rapid infection of pigs following exposure to environments contaminated with different levels of Salmonella typhimurium." *Foodborne Pathogens and Disease* **4**(1): 33-40.

Boyen, F., F. Pasmans, F. Van Immerseel, E. Morgan, C. Adriaensen, J. P. Hernalsteens, A. Decostere, R. Ducatelle and F. Haesebrouck (2006). "Salmonella Typhimurium SPI-1 genes promote intestinal but not tonsillar colonization in pigs." *Microbes and Infection* **8**(14-15): 2899-2907.

Boyle EC, Brown NF, Finlay BB (2006). "Salmonella enterica serovar Typhimurium effectors SopB, SopE, SopE2 and SipA disrupt tight junction structure and function." *Cellular Microbiology*. **8**(12):1946-57.

Brenne F. W., Villar R. G., Angulo F. J., Tauxe R., Swaminathan B.(2000). "Salmonella Nomenclature." Journal of. Clinical Microbiology. **38** (7): 2465-2467

Brisabois, A. (2001). "Interêt et limites des techniques de caracterisation des *Salmonella*." epidemiologie et santé animale. (39): 31-42.

Broes A., Boutin R. (2002) "Biosécurité un must pour tout le secteur porcin." Centre de developpement du porc du Québec inc. Disponible sur: <http://www.agrireseau.qc.ca/porc/Documents/BrochureBIOSECURITE1.pdf>

Bruno, V. M., S. Hannemann, M. Lara-Tejero, R. A. Flavell, S. H. Kleinstein and J. E. Galan (2009). "Salmonella Typhimurium type III secretion effectors stimulate innate immune responses in cultured epithelial cells." PLoS Pathogens **5**(8): e1000538.

Brunsgaard G. 1998 "Effects of cereal type and feed particle size on morphological characteristics,epithelial cell proliferation, and lectin binding patterns in the large intestine of pigs" Journal of Animal Science **76**(11): 2787-98.

Bryan, F. L. (1988). Risks associated with vehicules for foodborne pathogens and toxins. Journal of Food Protection **51**: 498-508

Callaway TR, Morrow JL, Edrington TS, Genovese KJ, Dowd S, Carroll J, Dailey JW, Harvey RB, Poole TL, Anderson RC, Nisbet DJ (2006). "Social stress increases fecal shedding of *Salmonella* typhimurium by early weaned piglets". Current Issues in Intestinal Microbiology **7**(2):65-71

Callow, B. R. (1959). "A new phage-typing scheme for *Salmonella* typhimurium." Journal of Hygiene **57**: 346-359.

Canibe, N., O. Hojberg, J. H. Badsberg and B. B. Jensen (2007). "Effect of feeding fermented liquid feed and fermented grain on gastrointestinal ecology and growth performance in piglets." *Journal of Animal Science* **85**(11): 2959-2971.

Canibe, N. and B. B. Jensen (2003). "Fermented and nonfermented liquid feed to growing pigs: effect on aspects of gastrointestinal ecology and growth performance." *Journal of Animal Science* **81**(8): 2019-2031.

Casal, J., A. De Manuel, E. Mateu and M. Martín (2007). "Biosecurity measures on swine farms in Spain: Perceptions by farmers and their relationship to current on-farm measures." *Preventive Veterinary Medicine* **82**(1–2): 138-150.

CDC. (2011). "National Enteric Disease Surveillance: Salmonella Surveillance Overview." Laboratory-based Enteric Disease Surveillance, from http://www.cdc.gov/nationalsurveillance/PDFs/NationalSalmSurveillOverview_508.pdf.

CDC (2012). Incidence of laboratory-confirmed bacterial and parasitic infections, and postdiarrheal hemolytic uremic syndrome (HUS), by year and pathogen, Foodborne Diseases Active Surveillance Network (FoodNet), United States, 1996–2011*. National Center for Emerging and Zoonotic Infections Diseases. Division of Foodborne, Waterborne, and Environmental Disease, Atlanta, GA. USA.

CDC (2012). "Salmonella Infection (salmonellosis) and Animals" disponible: <http://www.cdc.gov/healthypets/diseases/salmonellosis.htm>

CDC (2013). Foodborne Disease Outbreak Surveillance. O. R. Team. disponible:http://www.cdc.gov/outbreaknet/surveillance_data.html#report_s.

CNR (2011). Centre national de référence des *Salmonella*. Rapports d'activité annuel 2011. disponible: <http://www.pasteur.fr/ip/resource/filecenter/document/01s-00004j-03v/ra-cnr-salm-2011.pdf>

Cho, S., T. S. Whittam, D. J. Boxrud, J. M. Bartkus, S. C. Rankin, M. J. Wilkins, P. Somsel, F. P. Downes, K. A. Musser, T. P. Root, L. D. Warnick, M. Wiedmann and A. M. Saeed (2010). "Use of multiple-locus variable number tandem repeat analysis and phage typing for subtyping of *Salmonella* Enteritidis from sporadic human cases in the United States." *Journal of Applied Microbiology* **108**(3): 859-867.

Cirillo, D. M., R. H. Valdivia, D. M. Monack and S. Falkow (1998). "Macrophage-dependent induction of the *Salmonella* pathogenicity island 2 type III secretion system and its role in intracellular survival." *Molecular Microbiology* **30**(1): 175-188.

Clayton C. Nathan (2002): "The efficiency of various *salmonella* intervention methods applied to pork carcasses during slaughter ". Unpublished thesis from U. Kentucky available in : http://uknowledge.uky.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1183&context=gradschool_theses

Cooke, F. J., S. Ginwalla, M. D. Hampton, J. Wain, R. Ross-Russell, A. Lever and M. Farrington (2009). "Report of neonatal meningitis due to *Salmonella* enterica serotype Agona and review of breast milk-associated neonatal *Salmonella* infections." *Journal of Clinical Microbiology* **47**(9): 3045-3049.

Corrègé Isabelle, Fourchon Pascal, Le Brun Thomas, Berthelot Nicolas (2012). "Biosécurité et hygiène en élevage de porcs: état des lieux et impact sur les performances tecnico-économiques." Journée Recherche Porcine,44,101-102

Costerton, J. W., P. S. Stewart and E. P. Greenberg (1999). "Bacterial biofilms: a common cause of persistent infections." *Science* **284**(5418): 1318-1322.

Cox N. A., J. A. Cason, R. J. Buhr, K. E. Richardson, L. J. Richardson, L. L. Rigsby, P. J. Fedorka-Cray (2013). "Variations in preenrichment pH of poultry feed and feed ingredients after incubation periods up to 48 hours" *Journal of Applied Poultry Research* **22**: 190-195

Davies, P., J. Funk and M. Marrow (1999). "Fecal shedding of Salmonella by a cohort of finishing pigs in North Carolina." *Swine Health Production* **7**(5): 231-234.

CSSP Conseil Canadien de Santé Porcine 2013" Norme de biosécurité" disponible sur : <http://biosecurite.santeporcine.ca/guide-de-lutilisateur/4-meilleures-pratiques-de-gestion-de-biosecurite-a-la-ferme-pour-production-porcine/4-2-regles-de-frontieres> Consulter le 10/25/2013

Creus E, Pérez JF, Peralta B, Baucells F, Mateu E,(2007) : " Effect of acidified feed on the prevalence of Salmonella in market-age pigs". *Zoonoses Public Health*.**54**(8):314-9.

Crump, J. A., P. M. Griffin, and F. J. Angulo. (2002). "Bacterial contamination of animal feed and its relationship to human foodborne illness". *Clinical Infectious Diseases*. **35** (7):859–865.

Davies, P. R., W. E. M. Morrow, F. T. Jones, J. DEEN, P. J. FEDORKA-CRAY and I. T. HARRIS (1997). "Prevalence of salmonella in finishing swine raised in different production systems in North Carolina, USA." *Epidemiology and Infection* **119**(02): 237-244.

De Busser, E. V., J. Dewulf, N. Nollet, K. Houf, K. Schwarzer, L. De Sadeleer, L. De Zutter and D. Maes (2009). "Effect of organic acids in drinking water during the last 2 weeks prior to slaughter on Salmonella shedding by slaughter pigs and contamination of carcasses." *Zoonoses Public Health* **56**(3): 129-136.

De Busser, E. V., D. Maes, K. Houf, J. Dewulf, H. Imberechts, S. Bertrand and L. De Zutter (2011). "Detection and characterization of Salmonella in lairage, on pig carcasses and intestines in five slaughterhouses." *International Journal of Food Microbiology* **145**(1): 279-286.

Declan J. Bolton, Claire Ivory, David McDowell (2013). "A study of Salmonella in pigs from birth to carcass: Serotypes, genotypes, antibiotic resistance and virulence profiles." *International Journal of Food Microbiology* **160** (3): 298-303

Dewaele, I., G. Rasschaert, S. Bertrand, C. Wildemauwe, P. Wattiau, H. Imberechts, L. Herman, R. Ducatelle, K. De Reu and M. Heyndrickx (2012). "Molecular characterization of Salmonella Enteritidis: comparison of an optimized multi-locus variable-number of tandem repeat analysis (MLVA) and pulsed-field gel electrophoresis." *Foodborne Pathology Dis* **9**(10): 885-895.

Dorr, P. M., D. A. Tadesse, B. M. Zewde, P. Fry, S. Thakur and W. A. Gebreyes (2009). "Longitudinal Study of Salmonella Dispersion and the Role of Environmental Contamination in Commercial Swine Production Systems." *Applied and Environmental Microbiology* **75**(6): 1478-1486.

Drogoul, C. and H. Germain (1998). Santé animale: bovins, ovins, caprins. Dijon, Fr, Educagri Editions.

Duggan, S. J., C. Mannion, D. M. Prendergast, N. Leonard, S. Fanning, U. Gonzales-Barron, J. Egan, F. Butler and G. Duffy (2010). "Tracking the Salmonella status of pigs and pork from lairage through the slaughter process in the Republic of Ireland." *Journal of Food Protection* **73**(12): 2148-2160.

EFSA (2008). "Analysis of the baseline survey on the prevalence of Salmonella in slaughter pigs, in the EU, 2006-2007." *EFSA Scientific Report* **206**: 1-111.

EFSA (2011). "Analysis of the baseline survey on the prevalence of Salmonella in holdings with breeding pigs, in the EU, 2008 - Part B: factors associated with Salmonella pen positivity " *EFSA* **9**(7): 2329.

Euzéby J P.(1999)." Revised Salmonella nomenclature: designation of *Salmonella enterica* (ex Kauffmann and Edwards 1952) Le Minor and Popoff 1987 sp. nom., nom. rev. as the neotype species of the genus *Salmonella* Lignieres 1900 (approved lists 1980), rejection of the name *Salmonella choleraesuis* (Smith 1894) Weldin 1927 (approved lists 1980), and conservation of the name *Salmonella typhi* (Schroeter 1886) Warren and Scott 1930 (approved lists 1980). Request for an opinion. " *International Journal Systemic Bacteriology*. **49**:927–930.

Fablet Christelle, Beloeil Pierre-Alexandre, Fravallo Philippe, Jolly Jean-Pierre, Eveno Eric, Hascoet Yann, Salvat Gilles, Madec François (2003)." Etude des circonstances associées à l'excrétion de *Salmonella enterica* par les porcs en croissance". *Journées Recherche Porcine*, 35, 401-408. Sur: <http://www.journees-recherche-porcine.com/texte/2003/03txtsante/s0305.pdf> .

Fabre, L., J. Zhang, G. Guigon, S. Le Hello, V. Guibert, M. Accou-Demartin, S. de Romans, C. Lim, C. Roux, V. Passet, L. Diancourt, M. Guibourdenche, S. Issenhuth-Jeanjean, M. Achtman, S. Brisse, C. Sola and F. X. Weill (2012). "CRISPR typing and subtyping for improved laboratory surveillance of Salmonella infections." *PLoS One* **7**(5): e36995.

Farzan, A., R. M. Friendship, C. E. Dewey, A. C. Muckle, J. T. Gray and J. Funk (2008). "Distribution of Salmonella serovars and phage types on 80 Ontario swine farms in 2004." *Canadian Journal of Veterinary Research* **72**(1): 1-6.

Fernandez-Vera, F., P. Lupiola, V. Mendoza, M. P. Palacios and M. T. Tejedor (2007). Salmonella transport and persistence in soil and plant irrigated with artificially inoculated reclaimed water: climatic effects. *Water saving in Mediterranean Agriculture and Future Research Needs [Vol. 2]*. C. Bogliotti, N. Lamaddalena, A. Scardigno and M. Todorovic, Bari : CIHEAM. **56 Vol.II**: 199-205.

Foley, S. L., D. G. White, P. F. McDermott, R. D. Walker, B. Rhodes, P. J. Fedorka-Cray, S. Simjee and S. Zhao (2006). "Comparison of subtyping methods for differentiating Salmonella enterica serovar Typhimurium isolates obtained from food animal sources." *Journal of Clinical Microbiology* **44**(10): 3569-3577.

Fookes, M., G. N. Schroeder, G. C. Langridge, C. J. Blondel, C. Mammina, T. R. Connor, H. Seth-Smith, G. S. Vernikos, K. S. Robinson, M. Sanders, N. K. Petty, R. A. Kingsley, A. J. Bäuml, S.-P. Nuccio, I. Contreras, C. A. Santiviago, D. Maskell, P. Barrow, T. Humphrey, A. Nastasi, M. Roberts, G. Frankel, J. Parkhill, G. Dougan and N. R. Thomson (2011). "Salmonella bongori provides insights into the evolution of the Salmonellae." *PLoS Pathog* **7**(8): e1002191.

Food Safety and Inspection Service (FSIS). 1996. Pathogen Reduction; Hazard Analysis and Critical Control Point (HACCP) Systems: Final Rule. 9CFR Part 304, et al., Federal Register 61:38805-38989

Fosse, J., M. Laroche, N. Oudot, H. Seegers and C. Magras (2011). "On-farm multi-contamination of pigs by food-borne bacterial zoonotic hazards: An exploratory study." *Veterinary Microbiology* **147**(1–2): 209-213.

Foster, J. W. (1993). "The acid tolerance response of *Salmonella typhimurium* involves transient synthesis of key acid shock proteins." *Journal of Bacteriology* **175**(7): 1981-1987.

Foster, J. W. and H. K. Hall (1991). "Inducible pH homeostasis and the acid tolerance response of *Salmonella typhimurium*." *Journal of Bacteriology* **173**(16): 5129–5135.

Foster, J. W. and M. P. Spector (1995). "How *Salmonella* survive against the odds." *Annual Review of Microbiology* **49**: 145-174.

FPPQ (2009) "l'industrie porcine porc du Québec" *Porc Québec* Mai :12

Fraser, R. W., N. T. Williams, L. F. Powell and A. J. Cook (2010). "Reducing *Campylobacter* and *Salmonella* infection: two studies of the economic cost and attitude to adoption of on-farm biosecurity measures." *Zoonoses and Public Health* **57**(7-8): e109-115.

Funk, J. A., P. R. Davies and M. A. Nichols (2001). "Longitudinal study of *Salmonella enterica* in growing pigs reared in multiple-site swine production systems." *Veterinary Microbiology* **83**(1): 45-60.

FSI, Food Safety from Farm to Table (1997): A National Food Safety Initiative report to the president. Food and Drug Administration U.S. Department of Agriculture U.S. Environmental Protection Agency Centers for Disease Control and Prevention May 1997. Disponible sur: <http://www.cdc.gov/ncidod/foodsafe/report.htm#action>

FSIS (2013): Compliance Guide for Controlling Salmonella in Market Hogs. First edition December 2013 disponible sur: <http://www.allfoodlab.com/wp-content/uploads/2014/01/FSIS-Compliance-Guideline-on-Controlling-Salmonella-in-Market-Hogs-FSIS-2014-0002-00011.pdf>

Gantois, I., R. Ducatelle, F. Pasmans, F. Haesebrouck, R. Gast, T. J. Humphrey and F. Van Immerseel (2009). "Mechanisms of egg contamination by *Salmonella* Enteritidis." *FEMS Microbiology Reviews* **33**(4): 718-738.

Garai, P., D. P. Gnanadhas and D. Chakravortty (2012). "*Salmonella* enterica serovars Typhimurium and Typhi as model organisms: revealing paradigm of host-pathogen interactions." *Virulence* **3**(4): 377-388.

Garcia, R., J. Baelum, L. Fredslund, P. Santorum and C. S. Jacobsen (2010). "Influence of temperature and predation on survival of *Salmonella* enterica serovar Typhimurium and expression of *invA* in soil and manure-amended soil." *Applied and Environmental Microbiology* **76**(15): 5025-5031.

Gaul, S. B., S. Wedel, M. M. Erdman, D. L. Harris, I. T. Harris, K. E. Ferris, and L. Hoffman (2007) "Use of pulsed-field gel electrophoresis of conserved *Xba*I fragments for identification of swine *Salmonella* serotypes." *Journal of Clinical Microbiology* **45**(2):472-476.

Gomes-Neves E, Antunes P, Tavares A, Themudo P, Cardoso MF, Gärtner F, Costa JM, Peixe L(2012)" Salmonella cross-contamination in swine abattoirs in Portugal: Carcasses, meat and meat handlers." *International Journal Food Microbiology***15**;157(1):82-7.

Gossner CM, van Cauteren D, Le Hello S, Weill FX, Terrien E, Tessier S, Janin C, Brisabois A, Dusch V, Vaillant V, Jourdan-da Silva N.(2012) " Nationwide outbreak of Salmonella enterica serotype 4,[5],12:i:- infection associated with consumption of dried pork sausage, France, November to December 2011". *Euro Surveillance* Feb **2**;17(5).

Gotter V, Klein G, Koesters S, Kreienbrock L, Blaha T, Campe A (2012)" Main risk factors for Salmonella-infections in pigs in north-western Germany." *Preventive Veterinary Medicine* **106**(3-4):301-7.

Gouyer, V., F. Gottrand and J. L. Desseyn (2011). "The extraordinarily complex but highly structured organization of intestinal mucus-gel unveiled in multicolor images." *PLoS One* **6**(4): e18761.

Grant, A. J., F. J. Morgan, T. J. McKinley, G. L. Foster, D. J. Maskell and P. Mastroeni (2012). "Attenuated Salmonella Typhimurium lacking the pathogenicity island-2 type 3 secretion system grow to high bacterial numbers inside phagocytes in mice." *PLoS Pathog* **8**(12): e1003070.

Grimont, P. A. D. and F.-X. Weill (2007). *Formules antigéniques des serovars de Salmonella*. Paris, Fr, OMS : Institut Pasteur: 166.

Hapfelmeier, S., B. Stecher, M. Barthel, M. Kremer, A. J. Muller, M. Heikenwalder, T. Stallmach, M. Hensel, K. Pfeffer, S. Akira and W. D. Hardt (2005). "The Salmonella pathogenicity island (SPI)-2 and SPI-1 type III secretion systems allow Salmonella serovar typhimurium to

trigger colitis via MyD88-dependent and MyD88-independent mechanisms." *Journal of Immunology* **174**(3): 1675-1685.

Harbaugh, E., D. Trampel, I. Wesley, S. Hoff, R. Griffith and H. S. Hurd (2006). "Rapid aerosol transmission of *Salmonella* among turkeys in a simulated holding-shed environment." *Poultry Science* **85**(10): 1693-1699.

Harbottle, H., D. G. White, P. F. McDermott, R. D. Walker and S. Zhao (2006). "Comparison of multilocus sequence typing, pulsed-field gel electrophoresis, and antimicrobial susceptibility typing for characterization of *Salmonella enterica* serotype Newport isolates." *Journal of Clinical Microbiology* **44**(7): 2449-2457.

Hauser, E., F. Hebner, E. Tietze, R. Helmuth, E. Junker, R. Prager, A. Schroeter, W. Rabsch, A. Fruth and B. Malorny (2011). "Diversity of *Salmonella enterica* serovar Derby isolated from pig, pork and humans in Germany." *International Journal of Food Microbiology* **151**(2): 141-149.

Hedemann MS(1), Mikkelsen LL, Naughton PJ, Jensen BB. (2005). "Effect of feed particle size and feed processing on morphological characteristics in the small and large intestine of pigs and on adhesion of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium DT12 in the ileum in vitro." *Journal of animal science* **83**(7): 1554-62.

Hensel M.(2000)."Salmonella pathogenicity island 2." *Molecular Microbiology*. **36**(5): 1015-23.

Hernández M, Gómez-Laguna J, Luque I, Herrera-León S, Maldonado A, Reguillo L. (2013). "Salmonella prevalence and characterization in a free-range pig processing plant: tracking in trucks, lairage, slaughter line and quartering." *International Journal of Food Microbiology*. **162**(1):48-54.

Holt Peter S., Geden Christopher J., Moore Randle W., Gast Richard K.(2007). " Isolation of Salmonella enterica Serovar Enteritidis from Houseflies (*Musca domestica*) Found in Rooms Containing Salmonella Serovar Enteritidis-Challenged Hens". *Applied and Environmental Microbiology* **73** (19): 6030-6035

Hopkins KL, Peters TM, de Pinna E and W. J. (2011). "Standardisation of multilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA) for subtyping of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis." *Eurosurveillance* **16**(32): 1-11.

Horton R.A., Wu G., Speed K., Kidd S., Davies R., Coldham N.G., Duff J.P., Wild birds carry similar *Salmonella enterica* serovar Typhimurium strains to those found in domestic animals and livestock, *Research in Veterinary Science*, Available online 5 March 2013, ISSN 0034-5288, 10.1016/j.rvsc.2013.02.008.

Hunter, S. B., P. Vauterin, M. A. Lambert-Fair, M. S. Van Duyne, K. Kubota, L. Graves, D. Wrigley, T. Barrett and E. Ribot (2005). "Establishment of a universal size standard strain for use with the PulseNet standardized pulsed-field gel electrophoresis protocols: converting the national databases to the new size standard." *Journal of Clinical Microbiology* **43**(3): 1045-1050.

Hurd, H. S., J. K. Gailey, J. D. McKean and M. H. Rostagno (2001). "Rapid infection in market-weight swine following exposure to a *Salmonella typhimurium*-contaminated environment." *American Journal of Veterinary Research* **62**(8): 1194-1197.

Hurd, H. S., J. D. McKean, R. W. Griffith, I. V. Wesley and M. H. Rostagno (2002). "*Salmonella enterica* infections in market swine with and without transport and holding." *Applied and Environmental Microbiology* **68**(5): 2376-2381.

Ivanek, R., J. Osterberg, R. Gautam and S. Sternberg Lewerin (2012). "Salmonella fecal shedding and immune responses are dose- and serotype- dependent in pigs." PLoS One 7(4): e34660.

Ian Tizard (2004), Salmonellosis in wild birds, Seminars in Avian and Exotic Pet Medicine 13(2): 50-66

Jacobsen, A., R. S. Hendriksen, F. M. Aaresturp, D. W. Ussery and C. Friis (2011). "The Salmonella enterica pan-genome." Microbial Ecology 62(3): 487-504.

Jensen, A. N., L. R. Nielsen and D. L. Baggesen (2013). "Use of real-time PCR on faecal samples for detection of sub-clinical Salmonella infection in cattle did not improve the detection sensitivity compared to conventional bacteriology." Veterinary Microbiology 163(3-4): 373-377.

Jones J.T.(2011). "A review of practical *Salmonella* control measures in animal feed." Journal of Applied Poultry Research 20(1): 102-113

Korsak, N., B. Jacob, B. Groven, G. Etienne, B. China, Y. Ghafir and G. Daube (2003). "Salmonella contamination of pigs and pork in an integrated pig production system." Journal of Food Protection 66(7): 1126-1133.

Koyuncu, S. and P. Haggblom (2009). "A comparative study of cultural methods for the detection of Salmonella in feed and feed ingredients." BMC Vet Res 5: 6.

Kuijpers AFA and Mooijman KA (2012). "EU Interlaboratory comparison study veterinary XV (2012) : Detection of Salmonella in pig faeces." RIVM Report 330604028. public on:2013-04-09
http://www.rivm.nl/en/Documents_and_publications/Scientific/Reports/20

13/april/EU_Interlaboratory_comparison_study_veterinary_XV_2012_Detection_of_Salmonella_in_pig_faeces

Lahuerta, A., T. Westrell, J. Takkinen, F. Boelaert, V. Rizzi, B. Helwich, B. Borck, H. Korsgaard, A. Ammon and P. Makela (2011). "Zoonoses in the European Union: origin, distribution and dynamics - the EFSA-ECDC summary report 2009." *Eurosurveillance* **16**(13): 4.

Lee, I. S., J. L. Slonczewski and J. W. Foster (1994). "A low-pH-inducible, stationary-phase acid tolerance response in *Salmonella typhimurium*." *Journal of Bacteriology* **176**(5): 1422-1426.

Leekitcharoenphon, P., O. Lukjancenکو, C. Friis, F. M. Aarestrup and D. W. Ussery (2012). "Genomic variation in *Salmonella enterica* core genes for epidemiological typing." *BMC Genomics* **13**: 88.

Letellier, A. (2006). "Surveillance et contrôle des Salmonelles. Un atout concurrentiel!" *Porc Quebec* **17**(6): 36-37.

Letellier, A., S. Messier, J. Pare, J. Menard and S. Quessy (1999). "Distribution of *Salmonella* in swine herds in Quebec." *Veterinary Microbiology* **67**(4): 299-306.

Levis dolnard G (2011). "Biosecurity of pig and farm security" University of Nebraska-Lincoln Extension, The board of regents of university of Nebraska©2011 disponible sur:
<http://ianrpubs.unl.edu/live/ec289/build/ec289.pdf>

Lim, J. S., H. S. Na, H. C. Lee, H. E. Choy, S. C. Park, J. M. Han and K. A. Cho (2009). "Caveolae-mediated entry of *Salmonella typhimurium* in a human M-cell model." *Biochemical and Biophysical Research Communications* **390**(4): 1322-1327.

Lin, J., I. S. Lee, J. Frey, J. L. Slonczewski and J. W. Foster (1995). "Comparative analysis of extreme acid survival in *Salmonella typhimurium*, *Shigella flexneri*, and *Escherichia coli*." *Journal of Bacteriology* **177**(14): 4097-4104.

Lindstedt, B. A. (2005). "Multiple-locus variable number tandem repeats analysis for genetic fingerprinting of pathogenic bacteria." *Electrophoresis* **26**(13): 2567-2582.

Liu, F., R. Barrangou, P. Gerner-Smidt, E. M. Ribot, S. J. Knabel and E. G. Dudley (2011). "Novel virulence gene and clustered regularly interspaced short palindromic repeat (CRISPR) multilocus sequence typing scheme for subtyping of the major serovars of *Salmonella enterica* subsp. *enterica*." *Applied and Environmental Microbiology* **77**(6): 1946-1956.

Löfström C, Hansen F, Mansdal S, Hoorfar J.(2012) "Detection of *Salmonella* in meat: comparative and interlaboratory validation of a noncomplex and cost-effective pre-PCR protocol." *Journal of AOAC International*.**95**(1):100-4.

Löfström C., M. Krause, M. H. Josefsen, F. Hansen and J. Hoorfar (2009). "Validation of a same-day real-time PCR method for screening of meat and carcass swabs for *Salmonella*." *BMC Microbiology* **9**: 85.

Love, B. C. and M. H. Rostagno (2008). "Comparison of five culture methods for *Salmonella* isolation from swine fecal samples of known infection status." *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation* **20**(5): 620-624.

Lurette, A., S. Touzeau, P. Ezanno, T. Hoch, H. Seegers, C. Fourichon and C. Belloc (2011). "Within-herd biosecurity and Salmonella seroprevalence in slaughter pigs: a simulation study." *Journal of Animal Science* **89**(7): 2210-2219.

Mackey, B. M. and C. M. Derrick (1986). "Elevation of the heat resistance of *Salmonella typhimurium* by sublethal heat shock." *Journal of Applied Bacteriology* **61**(5): 389-393.

Madajczak, G. (2012). "Salmonella multiphasic flagellar antigen." *Postepy Higieny i Medycyny Doswiadczalnej* **66**(26): 446-451.

Magistrali, C., A. M. Dionisi, P. d. Curtis, L. Cucco, O. Vischi, S. Scuota, A. Zicavo and G. Pezzotti (2008). "Contamination of *Salmonella* spp. in a pig finishing herd, from the arrival of the animals to the slaughterhouse." *Research in Veterinary Science* **85**(2): 204-207.

Mannion, C., J. Egan, B. P. Lynch, S. Fanning and N. Leonard (2008). "An investigation into the efficacy of washing trucks following the transportation of pigs--a salmonella perspective." *Foodborne Pathog Dis* **5**(3): 261-271.

Martín-Peláez S, Peralta B, Creus E, Dalmau A, Velarde A, Pérez JF, Mateu E, Martín-Orúe SM. (2009). "Different feed withdrawal times before slaughter influence caecal fermentation and faecal *Salmonella* shedding in pigs". *Veterinary Journal* **182**(3):469-73.

Martin R Adams and M. O. Moss (2008). *Bacterial agents of food illness. Food Microbiology.* Martin R Adams and M. O. Moss. Cambridge,UK, RSC Publishing: 182-248.

Matiasovic, J., H. Kudlackova, K. Babickova, H. Stepanova, J. Volf, I. Rychlik, V. Babak and M. Faldyna (2012). "Impact of maternally-derived antibodies against *Salmonella enterica* serovar Typhimurium on the bacterial load in suckling piglets." *Veterinary Journal* **196**(1): 114-115.

Mehrabian, S., P. Paternotte, M. Mougnot, P. Hartemann and J. M. Foliguet (1977). "Salmonelles dans les eaux superficielles et usées de la région Lorraine." *Médecine et Maladies Infectieuses* **7**(12): 535-540.

Méroc E, Strubbe M, Vangroenweghe F, Czaplicki G, Vermeersch K, Hooyberghs J, Van der Stede Y.(2012)." Evaluation of the *Salmonella* surveillance program in Belgian pig farms." *Preventive Veterinary Medicine* **105**(4):309-14.

Meyer, A., J. Deina and A. Bernard (2004). *Cours de microbiologie générale : avec problèmes et exercices corrigés*. Rueil-Malmaison, Éditions Doin.

McDermid A.S., M.S. Lever (1996)." Survival of *Salmonella enteritidis* PT4 and *Salm. typhimurium* Swindon in aerosols".*Letters in applied Microbiology* **23**(2):107-109

Mikkelsen LL(1), Naughton PJ, Hedemann MS, Jensen BB (2004). "Effects of physical properties of feed on microbial ecology and survival of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium in the pig gastrointestinal tract." *Applied and Environmental Microbiology* **70**(6):3485-92.

Missotten, J. A., J. Michiels, A. Owyn, S. De Smet and N. A. Dierick (2010). "Fermented liquid feed for pigs." *Arch Anim Nutr* **64**(6): 437-466.

Molla, B., A. Sterman, J. Mathews, V. Artuso-Ponte, M. Abley, W. Farmer, P. Rajala-Schultz, W. E. Morrow and W. A. Gebreyes (2010). "Salmonella enterica in commercial swine feed and subsequent isolation

of phenotypically and genotypically related strains from fecal samples." *Applied and Environmental Microbiology* **76**(21): 7188-7193.

Muller, K., S. Aabo, T. Birk, H. Mordhorst, B. Bjarnadottir and Y. Agero (2012). "Survival and growth of epidemically successful and nonsuccessful *Salmonella enterica* clones after freezing and dehydration." *Journal of Food Protection* **75**(3): 456-464.

Murase, T., Yamada, M., Muto, T., Matsushima, A., Yamai, S. (2000). "Fecal excretion of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium following a foodborne outbreak." *Journal of Clinical Microbiology* **38**(9): 3495-7.

Nastasi, A., Mammina, c., Villafrate, M. R. (1993). "Epidemiology of *Salmonella* Typhimurium: ribosomal DNA analysis of strains from human and animal sources." *Epidemiology Infectiology* **110**(3):553-565.

Nicholson, F. A., S. J. Groves and B. J. Chambers (2005). "Pathogen survival during livestock manure storage and following land application." *Bioresource Technology* **96**(2): 135-143.

Nielsen EM, Skov MN, Madsen JJ, Lodal J, Jespersen JB, Baggesen DL. (2004). "Verocytotoxin-producing *Escherichia coli* in wild birds and rodents in close proximity to farms" *Applied and Environmental Microbiology*. **70**(11):6944-7.

Nollet N, Houf K, Dewulf J, Duchateau L, De Zutter L, De Kruif A, Maes D (2005). " Distribution of salmonella strains in farrow-to-finish pig herds: a longitudinal study." *Journal of Food Protection*..**68**(10):2012-21.

O'Brien, S. J. (2013). "The "decline and fall" of nontyphoidal salmonella in the United kingdom." *Clinical Infectious Diseases* **56**(5): 705-710.

O'Connor AM, Denagamage T, Sargeant JM, Raji A, McKean J (2008) "Feeding management practices and feed characteristics associated with *Salmonella* prevalence in live and slaughtered market-weight finisher swine: a systematic review and summation of evidence from 1950 to 2005." *Preventive Veterinary Medicine* **87**(3-4):213-28.

Old DC. (1992). "Nomenclature of *Salmonella*." *Journal of Medical Microbiologie*. **37**(6):361-3.

Oelschlaeger, T. A., D. Zhang, S. Schubert, E. Carniel, W. Rabsch, H. Karch and J. Hacker (2003). "The high-pathogenicity island is absent in human pathogens of *Salmonella enterica* subspecies I but present in isolates of subspecies III and VI." *Journal of Bacteriology* **185**(3): 1107-1111.

Oliveira CJ, Carvalho LF, Garcia TB (2006). "Experimental airborne transmission of *Salmonella* Agona and *Salmonella* Typhimurium in weaned pigs". *Epidemiology and Infection*. **134**(1):199-209.

OMS (1988). *Lutte contre les salmonelloses: le rôle de l'hygiène appliqué aux animaux et aux produits. Série de rapports techniques 774*. Genève, Organisation Mondiale de la Santé.

Oosterom, J., E. H. van Erne and M. van Schothorst (1981). "Epidemiological studies on *Salmonella* in a particular area ('Walcheren Project'). V. Studies on the possibility of fattening pigs free from *Salmonella* " *Tijdschrift Voor Diergeneeskunde* **106**(12): 599-612.

Osterberg, J.,Lewerin S.S., Wallgren (2010). " Direct and indirect transmission of four Salmonella enterica serotypes in pigs."Acta Veterinaria Scandinavica **52**(1)30

Osterberg, J., I. Vagsholm, S. Boqvist and S. S. Lewerin (2006). "Feed-borne outbreak of Salmonella cubana in Swedish pig farms: risk factors and factors affecting the restriction period in infected farms." Acta Veterinaria Scandinavica **47**: 13-21.

Palacios, M. P., P. Lupiola, M. T. Tejedor, E. Del-Nero, A. Pardo and L. Pita (2001). "Climatic effects on Salmonella survival in plant and soil irrigated with artificially inoculated wastewater: preliminary results." Water science and technology : a journal of the International Association on Water Pollution Research **43**(12): 103-108.

Peters, T., K. L. Hopkins, C. Lane, S. Nair, J. Wain and E. de Pinna (2010). "Emergence and characterization of Salmonella enterica serovar Typhimurium phage type DT191a." Journal of Clinical Microbiology **48**(9): 3375-3377.

Pintar, K., J. Parmley and B. Marshall. (2010). "The Salmonella story by integrated surveillance." Retrieved 10 décembre, 2011, from <http://www.ovc.uoguelph.ca/cphaz/events/documents/CPAHZParmleyPintarFinal3.pdf>.

Pires AF, Funk JA, Bolin C (2014). "Risk factors associated with persistence of Salmonella shedding in finishing pigs " Preventive veterinary Medicine **116**(1-2): 120-8.

Pires AF, Funk JA, Lim A, Bolin SR (2013) "Enumeration of Salmonella in Feces of Naturally Infected Pigs." Foodborne Pathogens and Disease. 2013 Aug 14. [Epub ahead of print]

Poljak Z., Dewey C. E., Friendship R. M., Martin S. W., Christensen J. (2008). "Multilevel analysis of risk factors for Salmonella shedding in Ontario finishing pigs". *Epidemiology and Infection*. 2008 October; **136**(10): 1388–1400.

Pouliot, F. (2007). "L'élevage de porc sur litière au Québec." *Porc Quebec Avril*: 70.

Pouliot, F., N. Plourde, Y. Richard, R. Fillion and C. Klopfenstein (2006). *État actuel des systèmes d'élevage sur litière et leur perspective de développement*. Québec, Qc, CDPQ.

Proux, K., R. Cariolet, P. Fravallo, C. Houdayer, A. Keranflech and F. Madec (2001). "Contamination of pigs by nose-to-nose contact or airborne transmission of Salmonella Typhimurium." *Veterinary Research* **32**(6): 591-600.

Que, F., S. Wu and R. Huang (2013) "Salmonella Pathogenicity Island 1(SPI-1) at Work." *Current Microbiology* DOI: 10.1007/s00284-013-0307-8.

Raffatellu M, Wilson RP, Chessa D, Andrews-Polymenis H, Tran QT, Lawhon S, Khare S, Adams LG, Bäumlér AJ. (2005). "SipA, SopA, SopB, SopD, and SopE2 contribute to Salmonella enterica serotype typhimurium invasion of epithelial cells." *Infection and Immunity*. **73**(1):146-54.

Rasschaert, G., J. Michiels, D. Arijs, C. Wildemauwe, S. De Smet and M. Heyndrickx (2012). "Effect of farm type on within-herd Salmonella prevalence, serovar distribution, and antimicrobial resistance." *Journal of Food Protection* **75**(5): 859-866.

Ravel, A., V. J. Davidson, J. M. Ruzante and A. Fazil (2010). "Foodborne proportion of gastrointestinal illness: estimates from a Canadian expert elicitation survey." *Foodborne Pathog Dis* 7(12): 1463-1472.

Rajic A, Keenlside J, McFall ME, Deckert AE, Muckle AC, O'connor BP, Manninen K, Dewey CE, McEwen SA. (2005). "Longitudinal study of *Salmonella* species in 90 Alberta swine finishing farms. " *Veterinary Microbiology*. 105:47-56.

Ravindran, R. and S. J. McSorley (2005). "Tracking the dynamics of T-cell activation in response to *Salmonella* infection." *Immunology* 114(4): 450-458.

Ribot EM, Fair MA, Gautom R, Cameron DN, Hunter SB, Swaminthan B, Barrett TJ (2006). " Standardization of pulsed-field gel electrophoresis protocols for the subtyping of *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella*, and *Shigella* for pulseNet." *Food-borne pathogens and disease* 3(1):59-67

Riesenberg-Wilmes, M. R., B. Bearson, J. W. Foster and R. Curtis, 3rd (1996). "Role of the acid tolerance response in virulence of *Salmonella typhimurium*." *Infection and Immunity* 64(4): 1085-1092.

Robinault C., Chemaly M., Fablet C., Labbe A., Jolly J.P., Madec F., Fravallo P. (2006). "Influence et interaction de différents paramètres sur la survie de *Salmonella enterica* dans du lisier de porc." *Journées Recherche Porcine*, 38, 387-392.

Rosselin M, Virlogeux-Payant I, Roy C, Bottreau E, Sizaret PY, Mijouin L, Germon P, Caron E, Velge P, Wiedemann A.(2010)." Rck of *Salmonella enterica*, subspecies *enterica* serovar *enteritidis*, mediates zipper-like internalization." *Cell Research* 20(6):647-64.

Rostagno, M. H. and T. R. Callaway (2012). "Pre-harvest risk factors for Salmonella enterica in pork production." *Food Research International* **45**(2): 634-640.

Rossel R., Le. Roux A. Minvielle B. (2002). "Contamination en Salmonelles des camions de transport de porcs charcutiers et des porcheries d'attente à l'abattoir." *Techni porc* **25**(2). Disponible en ligne 7/17/2012 sur :<http://www.ifip.asso.fr/sites/default/files/pdf-documentations/tp2002n2rossel.pdf>

Rychlik, I., D. Karasova, A. Sebkova, J. Volf, F. Sisak, H. Havlickova, V. Kummer, A. Imre, A. Szmolka and B. Nagy (2009). "Virulence potential of five major pathogenicity islands (SPI-1 to SPI-5) of Salmonella enterica serovar Enteritidis for chickens." *BMC Microbiol* **9**: 268.

Salyers A.A. and Whitt D.D.(2002), "Regulation of virulence". *Bacterial Pathogenesis: A molecular approach*, 2nd ed. Awashington,D.C.:ASM Press.

Sanchez, J., I. R. Dohoo, J. Christensen and A. Rajic (2007). "Factors influencing the prevalence of Salmonella spp. in swine farms: A meta-analysis approach." *Preventive Veterinary Medicine* **81**(1-3): 148-177.

Sanger (2011). The Wellcome Trust Sanger Institute disponible sur: <https://www.sanger.ac.uk/resources/downloads/bacteria/salmonella.html>

Sansonetti, P. (2002). "Host-pathogen interactions: the seduction of molecular cross talk." *Gut* **50 Suppl 3**: III2-8.

Sauli, I., J. Danuser, A. H. Geeraerd, J. F. Van Impe, J. Rufenacht, B. Bissig-Choisat, C. Wenk and K. D. Stark (2005). "Estimating the

probability and level of contamination with Salmonella of feed for finishing pigs produced in Switzerland--the impact of the production pathway." *International Journal of Food Microbiology* **100**(1-3): 289-310.

Scheidt, A., T. Cline and L. Clark (1995). "The effect of all-in -all out growing- finishing on the health of pigs." *J Swine Health Prod* **3**(5): 202-205.

Schleker, S., J. Sun, B. Raghavan, M. Srnec, N. Muller, M. Koepfinger, L. Murthy, Z. Zhao and J. Klein-Seetharaman (2012). "The current Salmonella-host interactome." *Proteomics Clin Appl* **6**(1-2): 117-133.

Singh, R. D., M. Khullar and N. K. Ganguly (2000). "Role of anaerobiosis in virulence of *Salmonella typhimurium*." *Molecular and Cellular Biochemistry* **215**(1-2): 39-46.

Sintchenko, V., Q. Wang, P. Howard, C. W. Ha, K. Kardamanidis, J. Musto and G. L. Gilbert (2012). "Improving resolution of public health surveillance for human *Salmonella enterica* serovar Typhimurium infection: 3 years of prospective multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA)." *BMC Infectious Diseases* **12**: 78.

Siriken, B. (2013). "[*Salmonella* pathogenicity islands]." *Mikrobiyoloji Bulteni* **47**(1): 181-188.

Small, A., C. James, S. James, R. Davies, E. Liebana, M. Howell, M. Hutchison and S. Buncic (2006). "Presence of *Salmonella* in the red meat abattoir lairage after routine cleansing and disinfection and on carcasses." *Journal of Food Protection* **69**(10): 2342-2351.

Schmidt JW, Brichta-Harhay DM, Kalchayanand N, Bosilevac JM, Shackelford SD, Wheeler TL, Koohmaraie M. (2012). "Prevalence, enumeration, serotypes, and antimicrobial resistance phenotypes

of salmonella enterica isolates from carcasses at two large United States pork processing plants." *Applied and Environmental Microbiology*. **8**(8):2716-26.

Speranza B, Corbo MR, Sinigaglia M (2011). " Effects of nutritional and environmental conditions on Salmonella sp. biofilm formation." *Journal of Food Science*. **76**(1):M12-6.

Sofos, J. N., Smith G. C. (1998). " Nonacid meat decontamination technologies: Model studies and commercial applications". *International Journal of Food Microbiology*. **44**:171–188

Son, I., J. Zheng, C. E. Keys, S. Zhao, J. Meng and E. W. Brown (2013). "Analysis of Pulsed Field Gel Electrophoresis Profiles Using Multiple Enzymes for Predicting Potential Source Reservoirs for Strains of Salmonella Enteritidis and Salmonella Typhimurium Isolated from Humans." *Infect Genet Evol*.

Stone GG, Oberst RD, Hays MP, McVey S, Chengappa MM (1995). "Combined PCR-oligonucleotide ligation assay for rapid detection of Salmonella serovars." *Journal of Clinical Microbiology*. **33**(11):2888-93.

Statistique Canada.' Une vision agricole de sept recensements, Canada et provinces : années de recensement 1976 à 2006" disponible sur: <http://www.statcan.gc.ca/pub/95-632-x/2007000/t/4129743-fra.htm> Date de modification : 2013-02-07

Straw Barbara E., Zimmerman J. J., D'Allaire Sylvie, Taylor D.J. (2006). *Diseases of swine*. Iowa, Blackwell Publishing.

Straw, B. (1999). Diseases of Swine. Ames, Iowa, Iowa State University Press c1999.

Swanenburg M., Berends B.R., Urlings H.A., Snijders J.M., van Knapen F. (2001) "Epidemiological investigations into the sources of *Salmonella* contamination of pork" Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift **114**(9-10): 356-9

Swanson, J. A. and S. C. Baer (1995). "Phagocytosis by zippers and triggers." Trends in Cell Biology **5**(3): 89-93.

Switt, A. I., Y. Soyer, L. D. Warnick and M. Wiedmann (2009). "Emergence, distribution, and molecular and phenotypic characteristics of *Salmonella enterica* serotype 4,5,12:i." Foodborne Pathog Dis **6**(4): 407-415.

Techathuvanan C, Draughon FA, D'Souza DH. (2010) "Real-time reverse transcriptase PCR for the rapid and sensitive detection of *Salmonella typhimurium* from pork." Journal of Food Protection **73**(3):507-14.

Teunis, P.F., Kasuga, F., Fazil, A., Ogden I.D., Rotariu, O. Strachan, N.J.(2010)."Dose response modeling of *Salmonella* using outbreak data." International journal of food microbiology, **144**(2):243-249.

Thomas, J. L., R. M. Slawson and W. D. Taylor (2012). "Salmonella serotype diversity and seasonality in urban and rural streams." Journal of Applied Microbiology **114**(3): 907-922.

Tindall, B. J., P. A. D. Grimont, G. M. Garrity and J. P. Euzéby (2005). "Nomenclature and taxonomy of the genus *Salmonella*." International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology **55**(1): 521-524.

Touchon, M. and E. P. Rocha (2010). "The small, slow and specialized CRISPR and anti-CRISPR of Escherichia and Salmonella." *PLoS One* **5**(6): e11126.

Turgeon Marie-josée et Riendeau Louise (2009). " Mise à jeu des porcs avant abattage." *Porc Québec* septembre 2009. Disponible 2012/07/23 sur: <http://www.agrireseau.qc.ca/porc/documents/PQ%20Sept%202009%20mise%20%c3%a0%20jeun%20qualit%c3%a9.pdf>

Turpin, P. E., K. A. Maycroft, C. L. Rowlands and E. M. Wellington (1993). "Viable but non-culturable salmonellas in soil." *Journal of Applied Bacteriology* **74**(4): 421-427.

USDA, (2009): "Salmonella on U.S. Swine Sites—Prevalence and Antimicrobial Susceptibility."
http://www.aphis.usda.gov/animal_health/nahms/swine/downloads/swine2006/Swine2006_is_salmonella.pdf

Urlings, H. A., A. J. Mul, A. T. van 't Klooster, P. G. Bijker, J. G. van Logtestijn and L. G. van Gils (1993). "Microbial and nutritional aspects of feeding fermented feed (poultry by-products) to pigs." *Veterinary Quarterly* **15**(4): 146-151.

Van de Wetering, D., R. A. de Paus, J. T. van Dissel and E. van de Vosse (2009). "Salmonella induced IL-23 and IL-1beta allow for IL-12 production by monocytes and Mphi1 through induction of IFN-gamma in CD56 NK/NK-like T cells." *PLoS One* **4**(12): e8396.

Van Parys, A., F. Boyen, E. Verbrugge, B. Leyman, F. Bram, F. Haesebrouck and F. Pasmans (2012). "Salmonella Typhimurium induces SPI-1 and SPI-2 regulated and strain dependent downregulation of MHC II expression on porcine alveolar macrophages." *Veterinary Research* **43**(1): 52.

Varnam, A. H. and Evans. M.G. (1991). Foodborne pathogens : an illustrated text, Wolfe Publishing Ltd.

Velge, P., A. Wiedemann, M. Rosselin, N. Abed, Z. Boumart, A. M. Chausse, O. Grepinet, F. Namdari, S. M. Roche, A. Rossignol and I. Virlogeux-Payant (2012). "Multiplicity of Salmonella entry mechanisms, a new paradigm for Salmonella pathogenesis." *Microbiologyopen* **1**(3): 243-258.

Veluz, G. A., S. Pitchiah and C. Z. Alvarado (2012). "Attachment of Salmonella serovars and Listeria monocytogenes to stainless steel and plastic conveyor belts." *Poultry Science* **91**(8): 2004-2010.

Vernile, A., G. Giammanco and S. Massa (2009). "PFGE: importance in food quality." *Recent Pat Food Nutr Agric* **1**(3): 248-251.

Vico J.P., Mainar-Jaime R.C. (2011) Salmonellosis in wild birds and its relationship with the infection in finishing pigs. Safe pork 2011 the Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria - INIA- of Spain (research grant no. FAU2008-16).

Visscher, C. F., G. Klein, J. Verspohl, M. Beyerbach, J. Stratmann-Selke and J. Kamphues (2011). "Serodiversity and serological as well as cultural distribution of Salmonella on farms and in abattoirs in Lower Saxony, Germany." *International Journal of Food Microbiology* **146**(1): 44-51.

Wang, Y. C., Y. C. Chang, H. L. Chuang, C. C. Chiu, K. S. Yeh, C. C. Chang, S. L. Hsuan, W. H. Lin and T. H. Chen (2011). "Transmission of Salmonella between swine farms by the housefly (*Musca domestica*)." *J Food Prot* **74**(6): 1012-1016.

Wagner C, Hensel M. (2011) "Adhesive mechanisms of Salmonella enterica." *Advances in Experimental Medicine and Biology*. 715:17-34.

Warriss, P. D. (2003). "Optimal lairage times and conditions for slaughter pigs: a review." *Veterinary Record* **153**(6): 170-176.

Watson KG, Holden DW.(2010)." Dynamics of growth and dissemination of Salmonella in vivo." *Cellular Microbiology*. **12**(10):1389-97

Wayne, L. G., D. J. Brenner, R. R. Colwell and o. authors (1987). "International Committee on Systematic Bacteriology. Report of the ad hoc committee on reconciliation of approaches to bacterial systematics." *International Journal of Systematic Bacteriology* **37**: 463 - 464.

Weening EH, Barker JD, Laarakker MC, Humphries AD, Tsolis RM, Bäumlér AJ (2005). "The Salmonella enterica serotype Typhimurium lpf, bcf, stb, stc, std, and sth fimbrial operons are required for intestinal persistence in mice". *Infectiology Immun.* **73**(6): 3358-66.

Wegener, H. C., T. Hald, D. Lo Fo Wong, M. Madsen, H. Korsgaard, F. Bager, P. Gerner-Smidt and K. Molbak (2003). "Salmonella control programs in Denmark." *Emerging Infectious Diseases* **9**(7): 774-780.

Weil (2007) (2009) (2011) Centre National de Référence des Salmonella Rapport d'activité annuel 2011/le 2009 est disponible sur:
<http://www.pasteur.fr/recherche/RAR/RAR2009/Bpe-en.html>

Wen Zou, Wei-Jiun Lin, Steven L. Foley, Chun-Houh Chen, Rajesh Nayak, James J. Chen (2010) " Evaluation of Pulsed-Field Gel

Electrophoresis Profiles for Identification of Salmonella Serotypes"
Journal of Clinical Microbiology; 48(9): 3122–3126.

Westrell, T., N. Ciampa, F. Boelaert, B. Helwich, H. Korsgaard, M. Chriel, A. Ammon and P. Makela (2009). "Zoonotic infections in Europe in 2007: a summary of the EFSA-ECDC annual report." *Eurosurveillance* **14**(3): 19100.

Wilkins, W., A. Rajic, S. Parker, L. Waddell, J. Sanchez, J. Sargeant and C. Waldner (2010). "Examining heterogeneity in the diagnostic accuracy of culture and PCR for *Salmonella* spp. in swine: a systematic review/meta-regression approach." *Zoonoses Public Health* **57 Suppl 1**: 121-134.

Wilkins, W., A. Rajic, C. Waldner, M. McFall, E. Chow, A. Muckle and L. Rosengren (2010). "Distribution of *Salmonella* serovars in breeding, nursery, and grow-to-finish pigs, and risk factors for shedding in ten farrow-to-finish swine farms in Alberta and Saskatchewan." *Canadian Journal of Veterinary Research* **74**(2): 81-90.

Winter, S. E., P. Thiennimitr, M. G. Winter, B. P. Butler, D. L. Huseby, R. W. Crawford, J. M. Russell, C. L. Bevins, L. G. Adams, R. M. Tsois, J. R. Roth and A. J. Baumler (2010). "Gut inflammation provides a respiratory electron acceptor for *Salmonella*." *Nature* **467**(7314): 426-429.

Xi M, Zheng J, Zhao S, Brown EW, Meng J.(2008)."An enhanced discriminatory pulsed-field gel electrophoresis scheme for subtyping *Salmonella* serotypes Heidelberg, Kentucky, SaintPaul, and Hadar". *Journal of Food Protection* **71**(10):2067-72.

Young, I., A. Rajic, A. Letellier, B. Cox, M. Leslie, B. Sanei and S. A. McEwen (2010). "Knowledge and attitudes toward food safety and use of

good production practices among Canadian broiler chicken producers." *Journal of Food Protection* **73**(7): 1278-1287.

Zahraoui, A. (2004). "Les jonctions serrées: plate-forme de régulation de la prolifération et de la polarité cellulaires." *M/S : médecine sciences* **20**(5): 580-585.

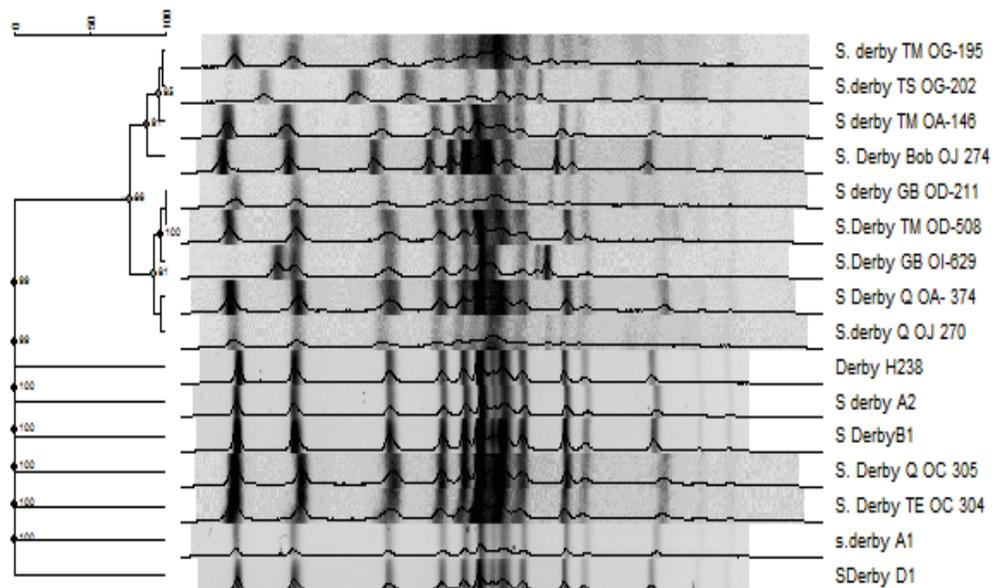
Zewde, B. M., R. Robbins, M. J. Abley, B. House, W. E. Morrow and W. A. Gebreyes (2009). "Comparison of Swiffer wipes and conventional drag swab methods for the recovery of *Salmonella* in swine production systems." *Journal of Food Protection* **72**(1): 142-146.

Zhang, Y. G., S. Wu, Y. Xia and J. Sun (2013). "Salmonella infection upregulates the leaky protein claudin-2 in intestinal epithelial cells." *PLoS One* **8**(3): e58606.

Zou W, Lin WJ, Foley SL, Chen CH, Nayak R, Chen JJ. (2010). "Evaluation of pulsed-field gel electrophoresis profiles for identification of *Salmonella* serotypes." *Journal of Clinical Microbiology* **48**(9): 3122-6.

Annexes

L'analyse des profils génétiques des isolats Derby a été réalisée dans la plateforme universelle d'archivage et d'analyse de tous types de données biologiques BIONUMERICS, après le typage génétique des isolats par PFGE (figures 5 et 6) avec l'enzyme de restriction XbaI. Les paramètres d'analyse sélectionnés pour le groupe a analysé sont le dendrogramme UPGMA (unweighted pair group method) un algorithme destiné à la construction d'arbre phylogénétique, avec une mesure de similarité, le coefficient de Dice, avec 1% de tolérance des bandes concordante dans le dendrogramme.



Photos de débarcadères

Pour faciliter la compréhension de la place des débarcadères dans l'interface du milieu intérieur et extérieur de la ferme ou entre fermes et abattoir 2 photos de débarcadères sont représentées ci- après, elles comportent une partie extérieur qui continue vers l'intérieur:



Un exemple de zones d'échantillonnages dans la cour d'abattoir

