

Bilan de la surveillance des infections à *Campylobacter* en France en 2021

Fanny Chereau¹, Emilie Bessède², Henriette De Valk¹, Philippe Lehours²

¹Santé publique France, Direction des maladies infectieuses, Saint-Maurice

²Centre National de Référence des Campylobacters et Hélicobacters, Laboratoire de Bactériologie, CHU de Bordeaux, Bordeaux

1- Les infections à *Campylobacter* en France

L'infection à *Campylobacter* est la cause la plus fréquente de gastro-entérites bactériennes en Europe. Les symptômes généralement observés sont ceux d'une gastro-entérite aiguë le plus souvent bénigne et spontanément résolutive en moins d'une semaine. Les complications associées à une infection à *Campylobacter* sont rares, de même que les décès (< 0,1 %), et surviennent surtout chez les personnes fragiles (personnes âgées, immunodéprimées).

En France, la surveillance épidémiologique des infections à *Campylobacter* repose sur deux systèmes : le Centre national de référence (CNR) des Campylobacters et Hélicobacters et la déclaration obligatoire des toxi-infections alimentaires collectives (TIAC). Les cas d'infections rapportés par ces systèmes de surveillance ne constituent toutefois qu'une partie des cas réellement survenus. En France, le nombre annuel moyen de cas symptomatiques d'infections à *Campylobacter* a été estimé à 493 000 (intervalle de crédibilité (IC) 90% : 273 000-1 080 000), dont 392 000 cas auraient été infectés par transmission alimentaire. *Campylobacter* serait responsable de 26 % du nombre total estimé des infections d'origine alimentaire et de 31% des hospitalisations associées à ces infections [1].

2- Objectifs et modalités de la surveillance des infections à *Campylobacter*

La surveillance des infections à *Campylobacter* est réalisée par le CNR des Campylobacters et Hélicobacters (www.cnrch.fr) et Santé publique France. Les objectifs de la surveillance sont de décrire les caractéristiques épidémiologiques des infections à *Campylobacter sp* survenant chez l'homme en France, de suivre les évolutions de l'incidence, de décrire les espèces de *Campylobacter* responsables des infections chez l'homme, et de surveiller la résistance aux antibiotiques.

La surveillance des infections à *Campylobacter* repose sur un réseau de laboratoires d'analyse de biologie médicale et de laboratoires hospitaliers volontaires [2]. Les laboratoires participants recherchent systématiquement *Campylobacter* dans toute coproculture et envoient les souches qu'ils isolent au CNR des Campylobacters et Hélicobacters, accompagnées d'une fiche d'informations. Cette fiche recense des informations démographiques et épidémiologiques sur le patient infecté (date de naissance, sexe, notion de voyage à l'étranger dans les 15 jours précédant le début de la maladie et notion de cas groupés, département du laboratoire) et des informations biologiques sur l'origine de la souche isolée (nature de l'échantillon, date d'isolement). Pour chaque souche reçue, le CNR réalise une identification de l'espèce par spectrométrie de masse MALDI-TOF et des tests de sensibilité aux antibiotiques par méthode de diffusion utilisant des disques. Depuis 2013, le CNR a mis en place un circuit de données sécurisé

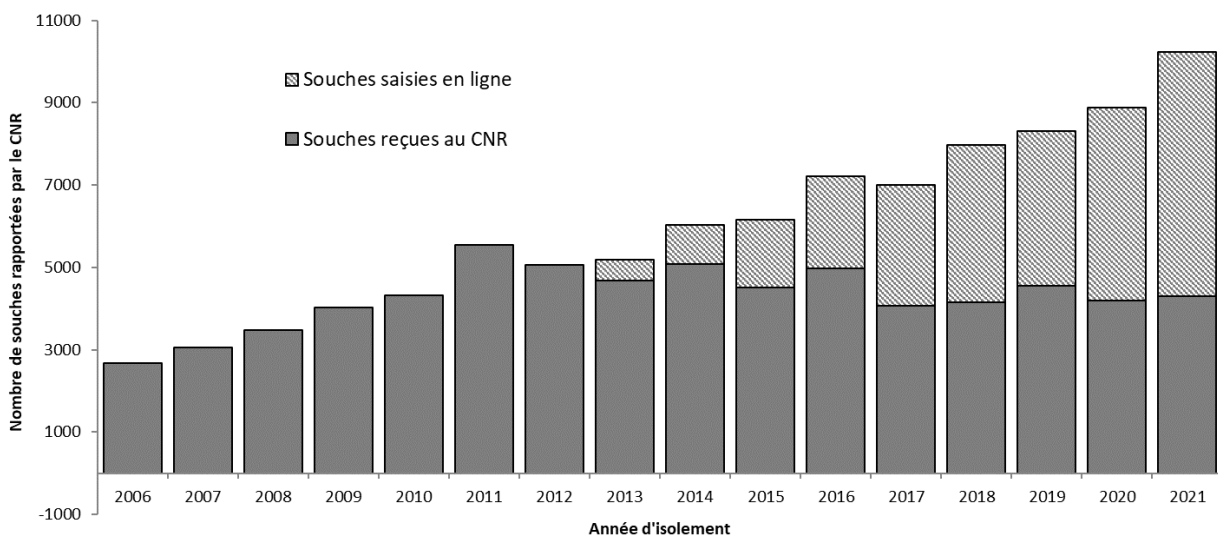
permettant la saisie directe des données en ligne par les laboratoires qui utilisent les mêmes méthodes qu'au CNR, notamment l'identification des espèces par spectrométrie de masse MALDI-TOF. Ces laboratoires (25% des 114 laboratoires du réseau en 2021) envoient 1 souche sur 10 au CNR pour confirmation et suivi qualité de leurs résultats.

La surveillance des TIAC à *Campylobacter* repose sur la déclaration obligatoire des épisodes de TIAC aux autorités de santé [3]. Une TIAC est définie par l'apparition d'au moins 2 cas d'une symptomatologie similaire, en général gastro-intestinale, dont on peut rapporter la cause à une même origine alimentaire. La déclaration contient des informations sur les personnes malades, l'identification du pathogène incriminé et l'identification des aliments suspectés à l'origine de l'infection.

3- Principales caractéristiques des souches de *Campylobacter spp* isolées en 2021 répertoriées par le CNR

Le CNR a répertorié 10 223 souches de *Campylobacter* et bactéries apparentées isolées en 2021 : 4 294 souches reçues au CNR, auxquelles s'ajoutent les 5 929 souches identifiées par les laboratoires du réseau pour lesquelles les informations épidémiologiques et bactériologiques ont été saisies en ligne. La proportion de souches ayant fait l'objet d'une saisie en ligne en 2021 a été de 58% (Figure 1).

Figure 1 : Nombre annuel de souches de *Campylobacter* et bactéries apparentées répertoriées par le CNR France, 2006-2021



Parmi les 10 223 souches répertoriées, 8 875 souches étaient identifiées comme *Campylobacter spp*, 75 comme *Arcobacter spp* (72 *A. butzleri* et 3 *A. cryaerophilus*) et 9 comme *Helicobacter spp* (1 264 souches n'ont pas pu être identifiées).

Parmi les 8 875 souches de *Campylobacter spp*, *C. jejuni* était la souche la plus fréquemment identifiée (n=7 649, soit 86,2%), suivi par *C. coli* (n=1 104, 12,4%) et *C. fetus* (n=80, 0,9%) (Tableau 1).

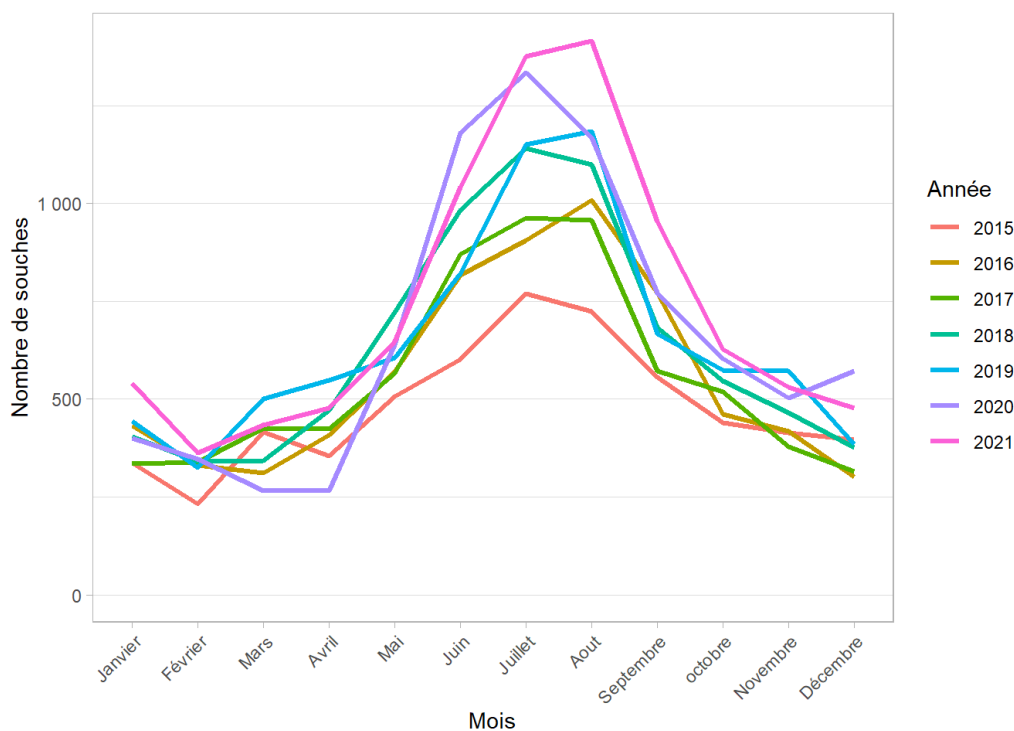
La plupart des souches (n=8709, 98%) ont été isolées dans des selles, et 134 (2%) dans des prélèvements de sang. Les espèces *C. jejuni* et *C. coli* étaient principalement isolées de prélèvements de selles (99% des souches identifiées pour les 2 espèces), tandis que *C. fetus* étaient principalement isolé de prélèvements de sang (64% des souches identifiées).

Tableau 1 : Répartition des espèces de *Campylobacter* répertoriées par le CNR, par type de prélèvement, France, 2021

Espèces	Type de prélèvements			Total	
	Selles	Sang	Autres	N	%
<i>C. jejuni</i>	7 577	63	9	7 649	86,2
<i>C. coli</i>	1 092	12	0	1 104	12,4
<i>C. fetus</i>	20	51	9	80	0,9
<i>C. lari</i>	9	0	1	10	0,1
<i>C. ureolyticus</i>	0	5	5	10	0,1
<i>C. rectus</i>	0	1	4	5	0,1
<i>C. upsaliensis</i>	4	0	0	4	0,0
<i>C. concisus</i>	2	0	1	3	0,0
<i>C. curvus</i>	0	1	2	3	0,0
<i>C. ornithocola</i>	2	0	0	2	0,0
<i>C. showæ</i>	1	0	1	2	0,0
<i>C. gracilis</i>	0	1	0	1	0,0
<i>C. hyointestinalis</i>	1	0	0	1	0,0
<i>C. lanienae</i>	1	0	0	1	0,0
Total	8 709	134	32	8 875	100,0

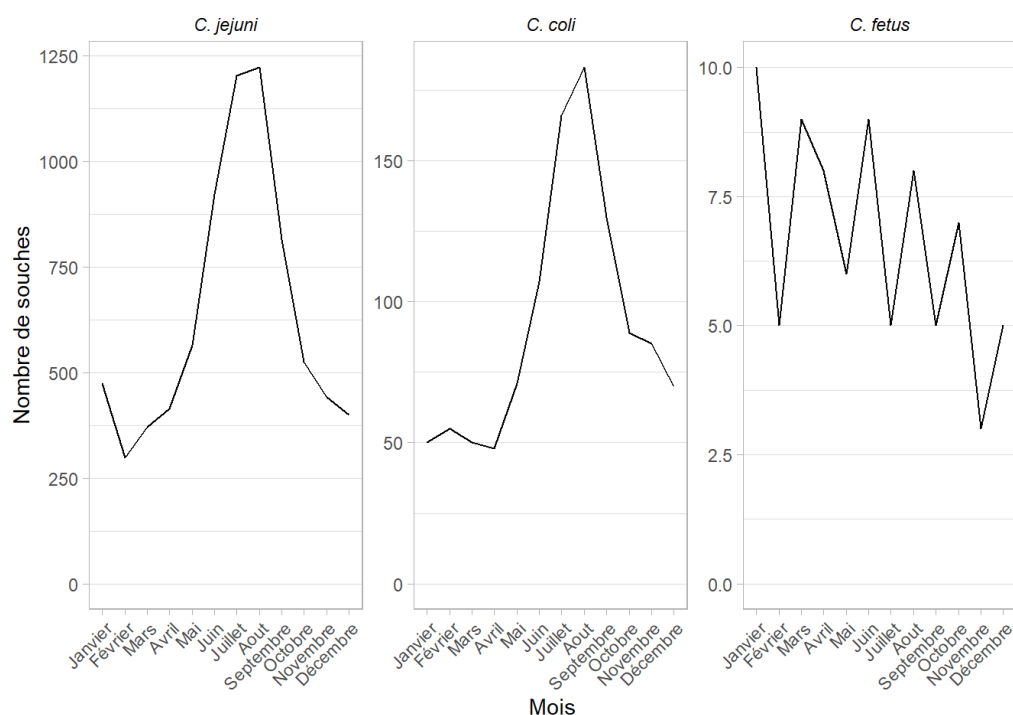
Une recrudescence saisonnière des isoléments était observée pendant la période estivale de 2021 (pic en août), cette saisonnalité estivale était aussi observée les années précédentes (Figure 2).

Figure 2 : Nombre de souches de *Campylobacter spp* répertoriées par le CNR, par mois d'isolement, France, 2015-2021



La saisonnalité estivale (juillet-août) était observée pour les deux espèces majoritaires *C. jejuni* et *C. coli* en 2021 (Figure 3).

Figure 3 : Nombre de souches de *C. jejuni*, *C. coli* et *C. fetus* répertoriées par le CNR, par mois d'isolement, France, 2021



4- Résistance aux antibiotiques des souches rapportées par le CNR

Depuis 2013, le CNR applique les recommandations de l'«European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing» (EUCAST) pour l'érythromycine, la ciprofloxacine et la tétracycline [4]. Les critères du Comité de l'Antibiogramme de la Société Française de Microbiologie (CA-SFM) sont toujours utilisés pour les autres antibiotiques non pris en considération par l'EUCAST (ampicilline, amoxicilline + acide clavulanique (amoxi-clav), gentamicine).

Tableau 2 : Résistance aux antibiotiques des souches de *Campylobacter* répertoriées par le CNR, selon l'espèce, France, 2021

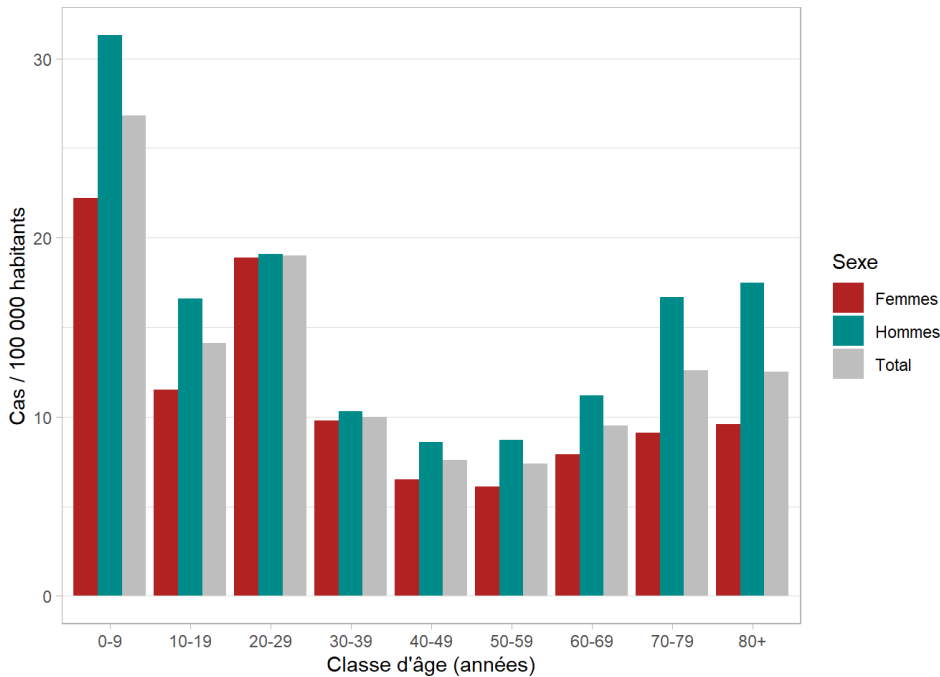
Antibiotique	<i>Campylobacter spp</i>		<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>		<i>C. fetus</i>	
	N testé	% résistance	N testé	% résistance	N testé	% résistance	N testé	% résistance
Ampicilline	7 840	30,9	6 732	32,0	989	26,1	79	5,1
Amoxi-clav	7 918	0,0	6 802	0,0	996	0,1	78	0,0
Ciprofloxacine	7 925	60,4	6 807	60,9	998	60,3	80	23,8
Erythromycine	7 915	1,4	6 797	0,4	997	7,5	80	0,0
Gentamicine	6 857	0,3	5 842	0,3	897	0,6	78	0,0
Tétracycline	7 908	49,8	6 792	46,5	995	76,7	80	20,0

Le taux de résistance à la ciprofloxacine (famille des fluoroquinolones) restait élevé (60% en 2020 et 2021) (Tableau 2). Les taux de résistance à la tétracycline (50% en 2020 et 2021) et à l'ampicilline (31% en 2020 et 2021) restent élevés mais stables depuis plusieurs années [2]. La fréquence de résistance était très faible pour la gentamicine (0,3%) et pour amoxicilline + acide clavulanique (amoxi-clav). Les taux de résistance des souches de *C. coli* à l'érythromycine, à la tétracycline étaient plus élevés que ceux des souches de *C. jejuni* (Tableau 2). Pour la première année le taux de résistance à la ciprofloxacine chez *C. jejuni* dépasse celui retrouvé chez *C. coli* (60,9% vs 60,3%).

5- Principales caractéristiques des patients infectés rapportés par le CNR

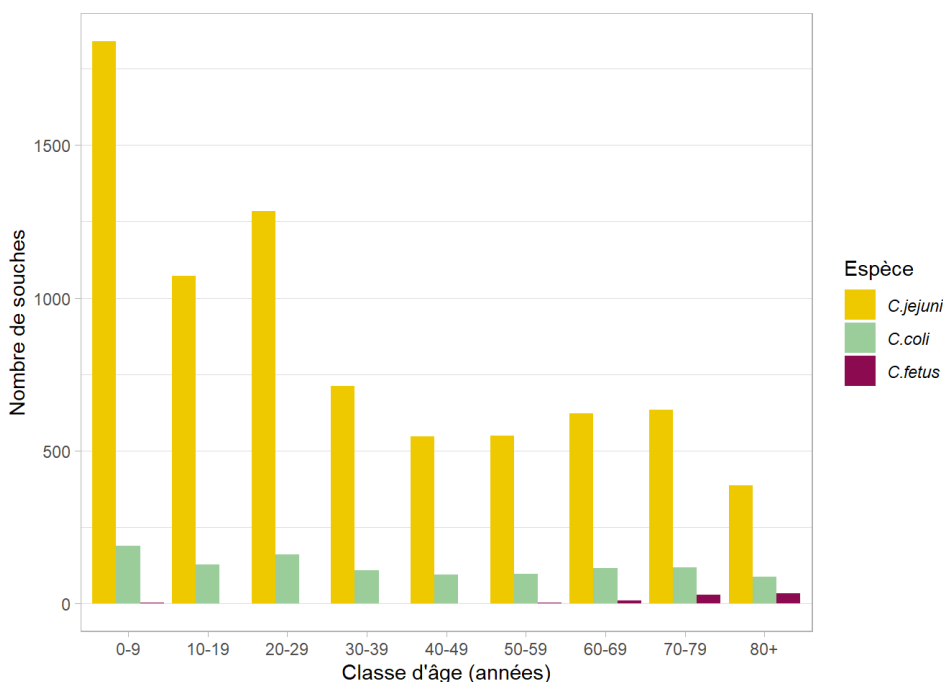
En 2021, l'âge à l'infection variait entre 0 et 102 ans, avec une moyenne à 34 ans et une médiane à 27 ans. L'incidence était maximale pour la classe d'âge 0-9 ans (27 cas/100 000 habitants) (Figure 4).

Figure 4 : Nombre de patients infectés rapportés pour 100 000 habitants par classe d'âge et sexe, France, 2021



Globalement, l'incidence était plus élevée chez les hommes (15 cas/100 000 habitants) que chez les femmes (11 cas/100 000 habitants). Cette tendance était observée dans toutes les classes d'âge, mais moins marquée pour les 20-39 ans.

Figure 5 : Répartition des principales espèces rapportées par classe d'âge des patients infectés, France, 2021



Les infections par *C. fetus* ont été principalement rapportées chez des personnes de 60 ans et plus (89% des infections), tandis que les infections par *C. jejuni* ont été majoritairement rapportées chez des enfants et jeunes adultes de moins de 30 ans (55% des infections) (Figure 5).

La notion de cas groupés ou isolé était indiquée pour 53% des patients infectés, et parmi eux, 96% étaient des cas isolés (sans identification d'autres malades dans l'entourage du cas).

L'information sur l'identification d'un voyage à l'étranger dans les 15 jours précédant le début de la maladie était précisée pour 44% des patients : parmi ceux-ci, 3% étaient notifiés avec un voyage à l'étranger. Toutefois, en absence de données sur les dates exactes de séjour à l'étranger, aucune confirmation sur l'origine importée du cas ne peut être arrêtée.

6- Surveillance des toxi-infections alimentaires collectives dues à *Campylobacter spp*

En 2021, 52 foyers de TIAC dues à *Campylobacter* (avec confirmation biologique) ont été déclarés, comptabilisant un total de 178 malades. Le nombre de foyers confirmés et de malades associés est resté similaire en 2020 et 2021. Pour la moitié des foyers, la consommation de volaille était la source de contamination incriminée ou suspectée (25 foyers).

7- Conclusion de la surveillance 2021

Le nombre de souches de *Campylobacter* répertoriées par le CNR est en augmentation depuis 2013, année de la mise en place de la saisie des données en ligne par les laboratoires du réseau. A titre de comparaison, au niveau Européen, la tendance du nombre de notifications d'infections à *Campylobacter* était restée stable sur la période 2016-2020 [5]. Cette augmentation observée en France pourrait être un reflet d'une réelle augmentation des infections à *Campylobacter*. Toutefois, plusieurs facteurs, comme le regroupement des laboratoires en plateformes techniques et l'utilisation de plus en plus systématique des PCR multiplexes (tests diagnostiques qui permettent de tester en même temps la présence de plusieurs agents pathogènes ciblés à partir d'un même prélèvement), facilitant la détection de *Campylobacter sp*, pourraient avoir contribué à l'augmentation du nombre d'isolements de souches et donc de la notification par les laboratoires du réseau au cours du temps.

En 2021, la surveillance des infections à *Campylobacter* en France a confirmé les tendances épidémiologiques et biologiques déjà observées ces dernières années :

- une prédominance de l'espèce *C. jejuni* ;
- un nombre de cas et une incidence plus élevés chez les enfants ;
- une prédominance des infections chez les hommes ;
- un pic saisonnier pendant la période estivale sauf pour *C. fetus*;
- une résistance élevée aux fluoroquinolones et aux tétracyclines, restée stable ces dernières années ;
- une absence d'augmentation significative des taux de résistances des six antibiotiques testés en routine ;
- la consommation de volaille comme premier aliment (incriminé ou suspecté) source de contamination dans les épisodes de toxi-infections alimentaires collectives.

8- Prévention des infections à *Campylobacter*

Les cas d'infection à *Campylobacter* sp chez les humains sont majoritairement des cas isolés. La colonisation par *Campylobacter* sp du système digestif d'animaux destinés à la consommation humaine est très répandue dans la filière volaille et dans une moindre mesure dans les filières bovine et porcine : cette bactérie n'est toutefois pas présente dans les muscles des animaux. Lors de l'abattage, il faut s'assurer que la procédure d'éviscération soit faite proprement, sans déchirures ou éclaboussures risquant de disséminer ces bactéries sur la viande. En France, des travaux de recherche sur l'attribution des cas humains à différents réservoirs (volailles, ruminants, environnement) ont montré que les réservoirs principaux de contaminations humaines par *C. jejuni* seraient autant les volailles que les ruminants [6,7], tandis que le réservoir principal de contaminations humaines par *C. coli* serait les volailles [8]. En Europe, des campagnes de prélèvements menées sur des animaux d'élevage en 2020 ont montré des taux de positivité élevés à *Campylobacter* chez les dindes, porcs et poulets de chair. Les viandes fraîches les plus contaminées étaient la viande de poulet de chair et de dinde [5].

Au niveau du consommateur, les principaux facteurs de risque de l'infection sont la manipulation de viande fraîche (volaille, porc, bœuf), la contamination croisée d'aliments par des surfaces contaminées en cuisine, et la consommation de viande insuffisamment cuite. La prévention individuelle des infections à *Campylobacter* repose donc sur les bonnes pratiques d'hygiène en cuisine (lavage des mains, nettoyage des surfaces et ustensiles de cuisine après la manipulation de volaille ou viande crue) afin d'éviter la transmission croisée, et la cuisson suffisante de viande de volaille, de bœuf et de porc (cuit à cœur) [9].

Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier tous les laboratoires du réseau ayant contribué à la surveillance des infections à *Campylobacter* et les déclarants de TIAC à *Campylobacter*.

Références

- [1] Van Cauteren D, Le Strat Y, Sommen C, Bruyand M, Tourdjman M, Jourdan-Da Silva N, et al. Estimation de la morbidité et de la mortalité liées aux infections d'origine alimentaire en France métropolitaine, 2008-2013. *Bull Epidemiol Hebd.* 2018;(1):2-10. http://invs.santepubliquefrance.fr/beh/2018/1/2018_1_1.html
- [2] Centre National de Références des *Campylobacters* et des *Hélicobacters*. Rapport annuel d'activité 2021. <https://www.cnrch.fr/wp-content/uploads/2021/08/Rapport-CNRCH-2021.pdf>
- [3] Santé Publique France. Toxi-infections alimentaires collectives. <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-infectieuses-d-origine-alimentaire/toxi-infections-alimentaires-collectives>
- [4] Sifré E, Ben Amor S, Ducournau A, Floch P, Chardon H, Mégraud F, Lehours P. EUCAST recommendations for antimicrobial susceptibility testing applied to the three main *Campylobacter* species isolated in humans. *J Microbiol Methods.* 2015 ;119 :206-13.
- [5] European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control (EFSA and ECDC). The European Union One Health 2020 Zoonoses Report. *EFSA Journal* 2021; 19(12):6971. doi: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6971>
- [6] Thépault A, Rose V, Quesne S, et al. Ruminant and chicken: important sources of campylobacteriosis in France despite a variation of source attribution in 2009 and 2015. *Sci Rep.* 2018;8(1):9305. Published 2018 Jun 18. doi:10.1038/s41598-018-27558-z
- [7] Berthenet E, Thépault A, Chemaly M, et al. Source attribution of *Campylobacter jejuni* shows variable importance of chicken and ruminants reservoirs in non-invasive and invasive French clinical isolates. *Sci Rep.* 2019;9(1):8098. Published 2019 May 30. doi:10.1038/s41598-019-44454-2

[8] Jehanne Q, Pascoe B, Bénéjat L, Ducournau A, Buissonnière A, Mourkas E, Mégraud F, Bessède E, Sheppard SK, Lehours P. Genome-wide identification of host-segregating SNPs for source attribution of clinical *Campylobacter coli* isolates. *Appl Environ Microbiol*. 2020 Oct 9:AEM.01787-20. doi: 10.1128/AEM.01787-20.

[9] Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses). Campylobactériose. <https://www.anses.fr/fr/content/campylobactériose-0>.