

Bilan de la surveillance des infections à *Campylobacter* en France en 2019

Décembre 2020

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 l'une des causes les plus fréquentes de gastro-entérites bactériennes dans l'hémisphère nord. Une grande partie des infections à *Campylobacter* restent asymptomatiques. Pour les cas symptomatiques, 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, patients immunodéprimés).

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 (IC_{90%} : 273 000-1 080 000). *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 volontaires d'analyse de biologie médicale et de laboratoires hospitaliers. En 2019, ce réseau comprenait 97 laboratoires d'analyse de biologie médicale et 70 laboratoires hospitaliers. 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'information. 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, aliments suspects consommés 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

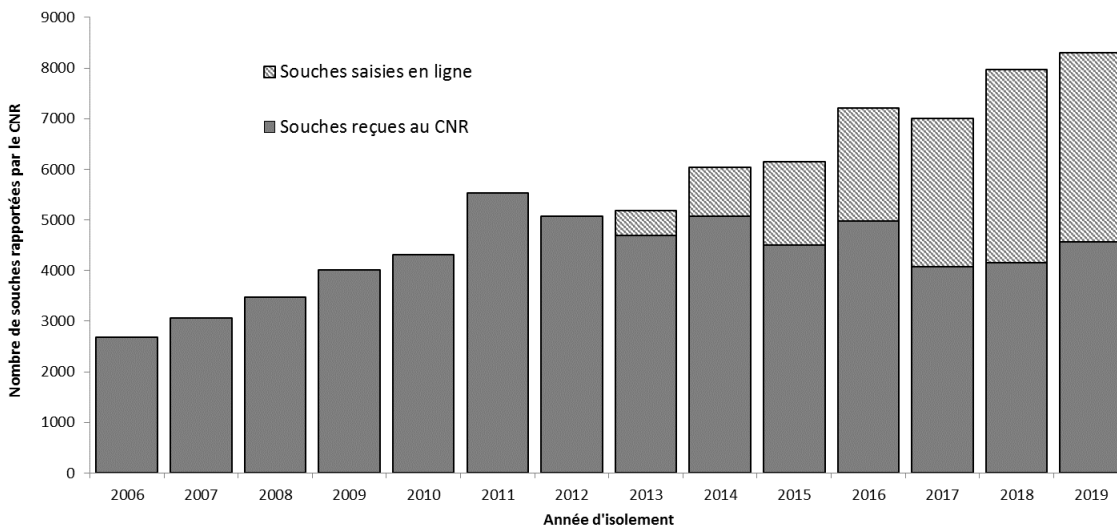
antibiotiques par méthode de diffusion utilisant des disques. Depuis 2013, le CNR a mis en place un circuit de données sécurisé permettant la saisie directe des données en ligne par les laboratoires qui utilisent les mêmes méthodes qu'au CNR, notamment l'identification des espèces par spectrométrie de masse MALDI-TOF. Ces laboratoires 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 des épisodes de TIAC aux autorités de santé [2]. 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* rapportées par le CNR isolées en 2019

Le CNR a rapporté 8 309 souches de *Campylobacter* et bactéries apparentées ayant été isolées en 2019 : 4 560 souches de *Campylobacter* et bactéries apparentées reçues au CNR, auxquelles s'ajoutent les 3 749 souches identifiées par les laboratoires 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 2019 a été de 45% (Figure 1).

Figure 1 : Nombre de souches de *Campylobacter* et bactéries apparentées rapportées par le CNR et son réseau de laboratoires, France, 2006-2019



Parmi les 8 309 souches rapportées, 7 712 souches étaient identifiées comme *Campylobacter spp*, 89 comme *Arcobacter spp* (81 *A. butzleri* et 8 *A. cryaerophilus*) et 5 comme *Helicobacter spp* (503 souches sont arrivées mortes et n'ont pas pu être identifiées).

Parmi les 7 712 souches de *Campylobacter spp* rapportées par le CNR (Tableau 1), *C. jejuni* était la souche la plus fréquemment identifiée (n=6 526, 84,6%), suivi par *C. coli* (n=1 061, 13,8%) et *C. fetus* (n=75, 1,0%).

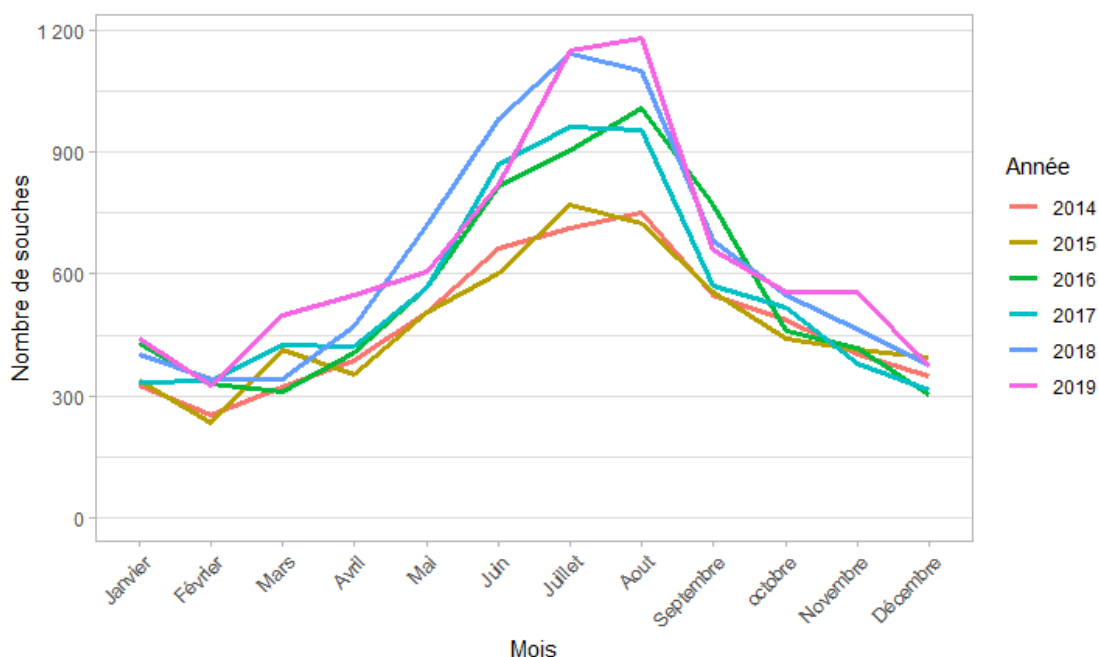
La plupart des souches (n=7 568, 98%) ont été isolées dans des selles, et 122 (2%) dans des prélèvements de sang. Les espèces *C. jejuni* et *C. coli* étaient principalement isolées de prélèvements de selles (99% des souches identifiées pour ces deux espèces), tandis que *C. fetus* était principalement isolé de prélèvements de sang (59% des souches identifiées).

Tableau 1: Répartition des espèces de *Campylobacter* rapportées par type de prélèvement, France, 2019

Espèces	Type de prélèvements			Total	
	Selles	Sang	Autres	N	%
<i>C. jejuni</i>	6 455	64	7	6 526	84,6
<i>C. coli</i>	1 051	9	1	1 061	13,8
<i>C. fetus</i>	23	44	8	75	1,0
<i>C. lari</i>	16	0	0	16	0,2
<i>C. upsaliensis</i>	10	1	0	11	0,1
<i>C. curvus</i>	2	2	1	5	0,1
<i>C. hyointestinalis</i>	4	0	0	4	0,1
<i>C. ureolyticus</i>	0	2	2	4	0,1
<i>C. rectus</i>	1	0	2	3	0,0
<i>C. spp</i>	3	0	0	3	0,0
<i>C. armoricus</i>	1	0	0	1	0,0
<i>C. concisus</i>	1	0	0	1	0,0
<i>C. gracilis</i>	0	0	1	1	0,0
<i>C. ornithocola</i>	1	0	0	1	0,0
Total	7 568	122	22	7 712	100,0

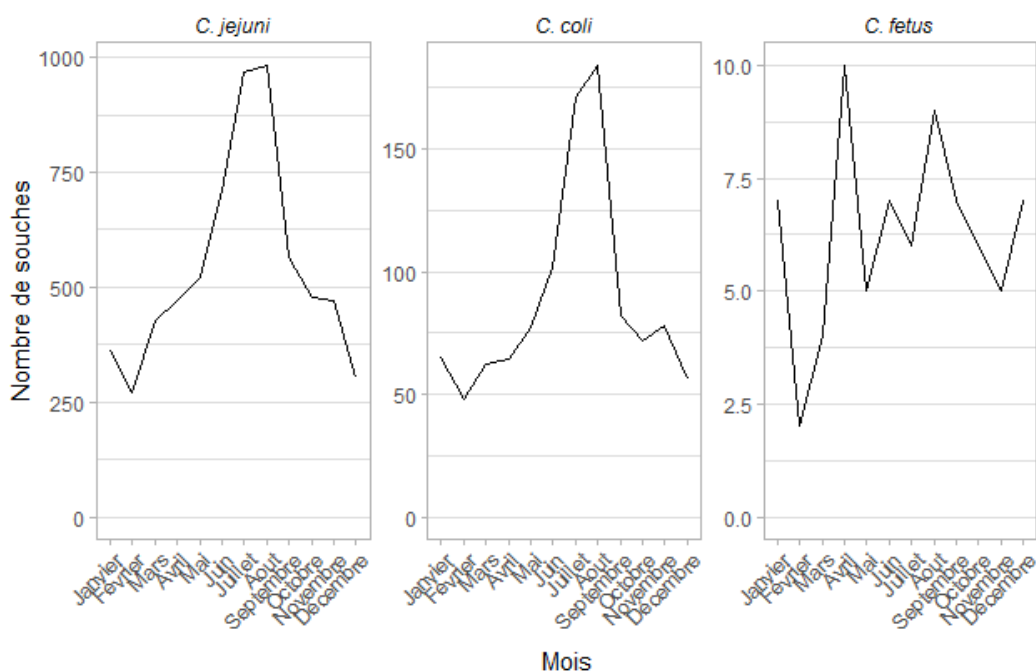
En 2019, une recrudescence saisonnière des isolations de *Campylobacter spp* a été observée pendant la période estivale, avec un pic en août (Figure 2). Cette saisonnalité estivale était aussi observée les années précédentes.

Figure 2: Nombre de souches de *Campylobacter spp* rapportées par mois d'isolement, France, 2014-2019



Cette saisonnalité estivale est observée pour les deux espèces majoritaires *C. jejuni* et *C. coli* en 2019 (Figure 3).

Figure 3: Nombre de souches de *C. jejuni*, *C. coli* et *C. fetus* rapportées par mois d'isolement, France, 2019



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 [3]. 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* rapportées, selon l'espèce, France, 2019

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	7 634	31,3	6 459	32,2	1 052	27,3	74	4,1
Amoxi-clav	7 684	0,0	6 503	0,0	1 058	0,0	75	0,0
Ciprofloxacine	7 703	58,8	6 518	58,8	1 061	61,8	75	26,7
Erythromycine	7 707	1,5	6 522	0,5	1 061	7,2	75	2,7
Gentamicine	6 926	0,5	5 838	0,3	969	1,3	71	0,0
Tétracycline	7 694	49,8	6 510	46,2	1 060	75,8	75	17,3

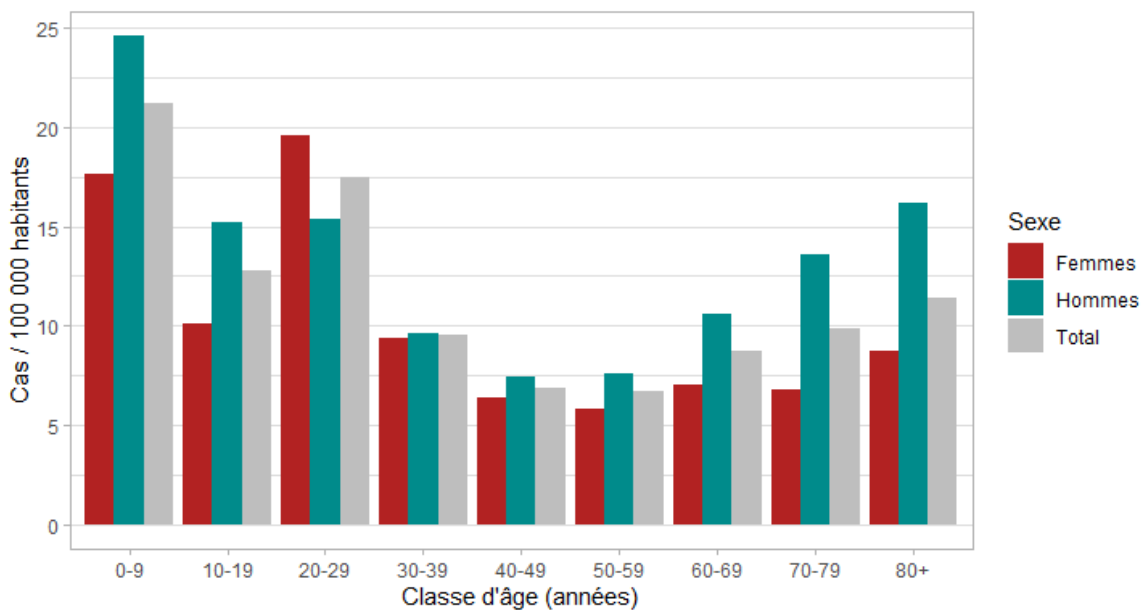
Le taux de résistance à la ciprofloxacine (famille des fluoroquinolones) reste élevé mais stable (59% en 2019 et 56% en 2018). Il en est de même pour les taux de résistance à la tétracycline (50% en 2019 et 49% en 2018) et à l'ampicilline (31% en 2019 et 34% en 2018), et ce depuis plusieurs années [4]. Les taux de résistance des souches de *C. coli* à l'érythromycine, à la tétracycline et à la ciprofloxacine étaient plus élevés que ceux des souches de *C. jejuni*. La fréquence de résistance était très faible pour la gentamicine (0,5%) et nulle pour amoxicilline + acide clavulanique (amoxi-clav) (Tableau 2).

5- Principales caractéristiques des patients infectés rapportés par le CNR

L'âge à l'infection variait entre 0 ans et 100 ans, avec une moyenne à 35 ans et une médiane à 28 ans.

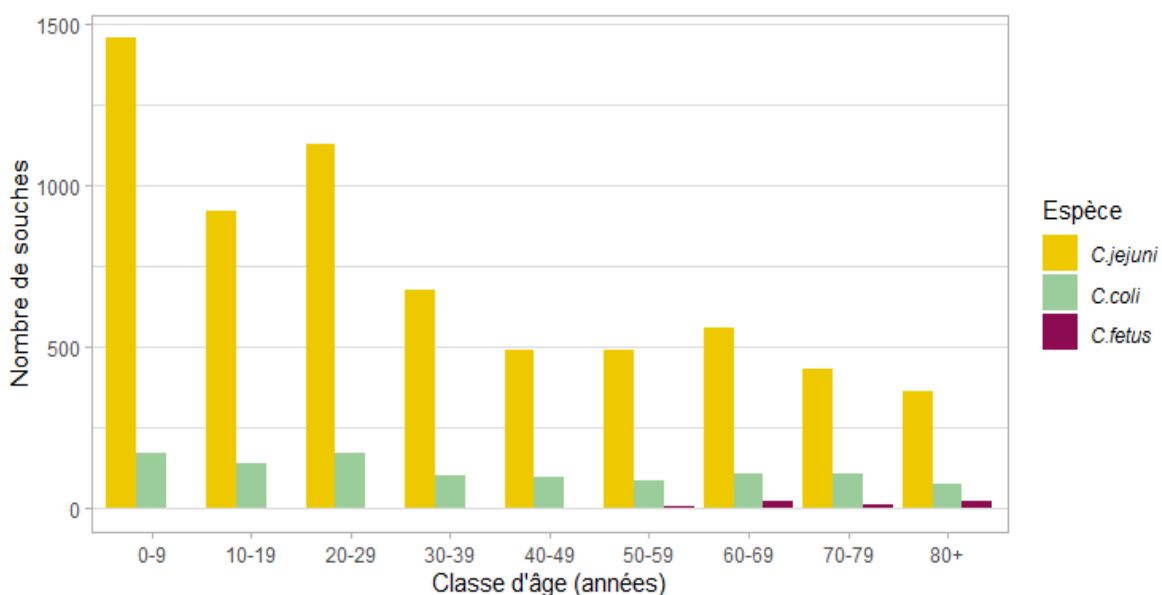
En 2019, l'incidence la plus élevée était rapportée dans la classe d'âge 0-9 ans, avec une incidence de 21 cas pour 100 000 habitants. L'incidence la plus faible était rapportée dans la classe d'âge 40-59 ans (7 cas/100 000 habitants) (Figure 4).

Figure 4 : Nombre de patients infectés rapportés pour 100 000 habitants par classe d'âge et sexe, France, 2019



Globalement, l'incidence était plus élevée chez les hommes (13 cas/100 000 habitants) que chez les femmes (10 cas/100 000 habitants) hormis chez les personnes âgées de 20 à 29 ans.

Figure 5 : Répartition des principales espèces rapportées par classe d'âge des patients infectés, France, 2019



Les infections par *C. fetus* ont été majoritairement rapportées chez des personnes de 50 ans et plus (91% des infections), tandis que les infections par *C. jejuni* ont été principalement rapportées chez des enfants et jeunes adultes de moins de 30 ans (54% des infections) (Figure 5).

L'information sur l'identification d'un voyage à l'étranger dans les 15 jours précédant le début de la maladie était précisée pour 47% des patients infectés : parmi ceux-ci, 10% étaient notifiés avec une notion de voyage à l'étranger. Toutefois, étant donnée la faible complétude de cette information, aucune analyse de l'origine autochtone ou non de la contamination ne peut être conduite. L'analyse des aliments suspectés à l'origine des infections ne peut être conduite pour la même raison (très faible complétude).

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

Les infections à *Campylobacter* peuvent aussi faire l'objet d'une déclaration aux autorités de santé dans le cadre de la déclaration obligatoire des TIAC. En 2019, 55 foyers de TIAC dues à *Campylobacter* (avec confirmation biologique) ont été déclarés, comptabilisant un total de 241 malades. Les aliments incriminés ou suspectés comme source de contamination pour la plupart des foyers déclarés étaient des produits de volaille (40% des foyers, n=22) ou des viandes autres que volaille (22% des foyers, n=12). Le nombre de foyers déclarés en 2019 étant similaire à 2018 mais le nombre de malades déclarés en 2019 était inférieur à 2018 [2].

7- Conclusion de la surveillance 2019

Le nombre de souches de *Campylobacter* rapporté par le CNR est en augmentation depuis 2013, année de la mise en place de la saisie directe des données en ligne par les laboratoires. Cette augmentation pourrait être un reflet d'une augmentation des infections à *Campylobacter* en France. Toutefois, cette augmentation du nombre de souches rapportées doit être considérée dans le cadre des spécificités du système de surveillance. Plusieurs facteurs, comme une augmentation de l'activité des laboratoires du réseau ou des prescriptions de coprocultures, pourraient provoquer une augmentation du nombre d'isollements et de la notification au cours du temps. La mise en place de PCR multiplex dans de nombreux laboratoires a aussi facilité la détection de *Campylobacter sp* dans les prélèvements de selles.

En 2019, la surveillance des infections à *Campylobacter* 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, sauf chez personnes âgées de 20 à 29 ans ;
- un pic saisonnier pendant la période estivale ;
- une résistance élevée aux fluoroquinolones et aux tétracyclines, restée stable ces dernières années ;
- pas d'augmentation notable des taux de résistances des six antibiotiques testés en routine ;
- la consommation de produits 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 infections 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. 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 [5,6], tandis que le réservoir principal de contaminations humaines par *C. coli* serait les volailles [7]. Ainsi, les principaux facteurs de risque de l'infection sont la manipulation de viande fraîche de volaille ou de bœuf, la contamination croisée d'aliments par des surfaces contaminées en cuisine, et la consommation de viande de volaille ou bœuf (et dans une moindre mesure de viande de porc) insuffisamment cuite. La prévention 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) [8].

Remerciements

Les auteurs tiennent à remercier tous les laboratoires ayant contribué à la surveillance des infections 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] Santé Publique France. Toxi-infections alimentaires collectives. <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-infectieuses-d-origine-alimentaire/toxi-infections-alimentaires-collectives>
- [3] 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.
- [4] Centre National de Références des Campylobacters et des Hélicobacters. Rapport annuel d'activité 2020. <https://www.cnrch.fr/wp-content/uploads/2020/07/Rapport-CNRCH-2020-FINAL-allégé.pdf>
- [5] 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
- [6] 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
- [7] 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.
- [8] Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses). Campylobactériose. <https://www.anses.fr/fr/content/campylobactériose-0>.