



**MINISTÈRE
DE L'AGRICULTURE,
DE L'AGRO-ALIMENTAIRE
ET DE LA SOUVERAINETÉ
ALIMENTAIRE**

*Liberté
Égalité
Fraternité*

Ordre de service d'action

Direction générale de l'alimentation Mission des urgences sanitaires 251 rue de Vaugirard 75 732 PARIS CEDEX 15 0149554955	Instruction technique DGAL/MUS/2026-645 22/10/2026
---	---

Date de mise en application : Immédiate

Diffusion : Tout public

Cette instruction n'abroge aucune instruction.

Cette instruction ne modifie aucune instruction.

Nombre d'annexes : 2

Objet : Le séquençage génomique dans le domaine alimentaire

Destinataires d'exécution
DRAAF DAAF DD(CS)PP

Résumé : Le séquençage de génome entier (WGS – Whole Genome Sequencing) est une méthode clé pour surveiller les bactéries pathogènes d'origine alimentaire (notamment *Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, *STEC*, *Campylobacter jejuni/coli*). Il permet une caractérisation fine des propriétés des souches et des comparaisons génomiques, identifiant des clusters et des liens microbiologiques possibles entre souches humaines, alimentaires et environnementales.

Cette méthode est incontournable pour les exploitants, dans certaines circonstances, afin de répondre à des objectifs de surveillance, d'investigation et de maîtrise d'un danger. Elle est aussi appliquée en routine par les autorités sanitaires en contexte de toxi-infections alimentaires collectives (TIAC), de cas humains groupés, d'alertes alimentaires ou de plans de surveillance et de contrôle (PSPC). En contexte de cas humains d'origine alimentaire, le règlement européen 2025/179 impose en outre, depuis le 23/08/2026, le séquençage et le partage des génomes via la plateforme OH-WGS (EFSA/ECDC) pour les 5 pathogènes cités.

L'instruction présente les fondamentaux de cette méthode, et décrit les rôles des différents acteurs impliqués, de l'envoi des souches ou prélèvements aux laboratoires de référence (LNR/CNR), avec des commémoratifs précis, à la transmission des résultats des analyses génomiques des LNR/CNR à la DGAL/MUS, puis en cascade aux DDecPP et aux exploitants, sans divulguer de données protégées.

Textes de référence :

DIRECTIVE 2003/99/CE DU PARLEMENT EUROPÉEN ET DU CONSEIL du 17 novembre 2003 sur la surveillance des zoonoses et des agents zoonotiques, modifiant la décision 90/424/CEE du Conseil et abrogeant la directive 92/117/CEE du Conseil

RÈGLEMENT D'EXÉCUTION (UE) 2025/179 DE LA COMMISSION du 31 janvier 2025 relatif à la collecte et à la transmission de données d'analyses moléculaires dans le cadre des enquêtes épidémiologiques sur les foyers de toxi-infection alimentaire conformément à la directive 2003/99/CE du Parlement européen et du Conseil

Instruction technique DGAL/MUS/2026-55 du 03/02/2026 relative aux investigations de cas humains pour lesquels une cause alimentaire est suspectée

Le séquençage génomique dans le domaine alimentaire

Sommaire détaillé

1. Le séquençage génomique, c'est quoi ?

Cette partie définit le séquençage de génome entier (WGS), une méthode permettant de décrypter l'intégralité de l'ADN d'un micro-organisme, et explique son utilité pour la surveillance des bactéries pathogènes d'origine alimentaire. Elle décrit son processus technique ainsi que ses deux grandes applications : la caractérisation fine des souches et la comparaison génétique entre souches. Enfin, elle aborde les limites et enjeux liés à la comparabilité des résultats selon les outils utilisés, ainsi que les délais d'obtention des analyses.

2. Utilisation du séquençage génomique par les exploitants

Cette section présente les bénéfices du WGS pour les professionnels du secteur alimentaire, détaille les objectifs concrets du séquençage dans un établissement. Elle précise les responsabilités des exploitants (choix des méthodes, des laboratoires et financement des analyses) et évoque les stratégies pour optimiser les coûts.

3. Utilisation du séquençage génomique en contrôle officiel

3.1 Entrée en application d'un nouveau règlement

Cette partie explique le cadre réglementaire européen (règlement 2025-179) imposant, depuis le 23 août 2026, le séquençage et le partage systématique des génomes de cinq pathogènes (*Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, STEC, *Campylobacter jejuni/coli*) via la plateforme OH-WGS (EFSA) en cas de foyer alimentaire.

3.2 Les différents contextes de séquençage en contrôle officiel

Cette partie liste les trois principaux contextes justifiant le recours au WGS en contrôle officiel : les investigations de cas humains (TIAC ou cas humains groupés), les plans de surveillance ou de contrôle et les alertes alimentaires. Elle rappelle l'obligation pour les exploitants de transmettre leurs souches et séquences à la demande des autorités.

3.3 Le transfert des prélèvements ou des souches aux laboratoires de référence

Cette partie détaille les conditions dans lesquelles des séquençages doivent être engagés, et les procédures pour l'envoi des échantillons ou souches aux LNR/CNR, selon le contexte. Elle **précise le rôle des DDecPP** dans la demande de séquençage, la transmission des commémoratifs, et les enregistrements dans Sèves.

-> Tableau 1 : demandes de séquençage en contexte de TIAC (**nouveau dispositif**, en application du règlement 2025-179)

-> Tableau 2 : demandes de séquençage en contexte de cas humains groupés (**maintien du dispositif**)

-> Tableau 3 : demandes de séquençage en contexte d'alerte alimentaire (**généralisation du dispositif**)

3.4 Le séquençage génomique, les comparaisons génomiques, et le dépôt des séquences sur la plateforme OH-WGS

Cette partie explique les étapes post-séquençage : analyse des données, comparaison avec les bases existantes, et dépôt sur OH-WGS (EFSA) selon des règles spécifiques. Elle souligne l'importance des commémoratifs pour interpréter les résultats et mentionne les échanges entre LNR/CNR et la DGAL/MUS pour valider les stratégies de séquençage et de dépôt des séquences.

-> Tableau 4 : conditions de dépôt des séquences sur la plateforme OH-WGS (EFSA)

3.5 Les retours d'information des résultats de séquençage vers les DDecPP et les exploitants

Cette sous-partie décrit les circuits de transmission des résultats :

- Des LNR/CNR vers la DGAL/MUS, qui centralise les informations et les relaie aux DDecPP via Sèves.
- Des DDecPP vers les exploitants, avec des précautions sur le partage des données.

Elle précise aussi les droits des exploitants à obtenir leurs propres séquences et les limites d'interprétation à rappeler (similarité génomique $\neq$ preuve de causalité).

-> Tableau 5 : les retours d'information sur les comparaisons génomiques et clusters identifiés

3.6 Les retours d'information vers les consommateurs directement concernés

Cette dernière sous-partie aborde la communication aux particuliers en cas de prélèvements sur leurs produits (ex. : TIAC). Elle indique que les résultats microbiologiques leur sont transmis, mais que les données génomiques (trop techniques ou couvertes par le secret médical/industriel) ne le sont pas en routine.

Annexes

Annexe 1. L'annexe fournit les coordonnées et procédures d'envoi pour chaque laboratoire de référence.

Annexe 2. L'annexe présente les spécificités des investigations des suspicions de TIAC à *Campylobacter*.

Un diaporama synthétisant les actions à conduire selon les contextes est diffusé en parallèle aux DDecPP et aux DRAAF/SRAL sur l'intranet.

1. Le séquençage génomique, c'est quoi ?

Le séquençage de génome entier, aussi appelé WGS (*Whole Genome Sequencing*), est une méthode de biologie moléculaire qui permet de lire l'ensemble du matériel génétique d'un micro-organisme, et qui a révolutionné notre capacité de discrimination et de caractérisation des micro-organismes, notamment les bactéries. Cet outil est désormais déterminant pour la surveillance et la gestion des bactéries pathogènes d'origine alimentaire.

L'ADN, ou acide désoxyribonucléique, est une molécule composée d'une succession de petites unités appelées nucléotides, représentées par quatre lettres : A, T, C et G. L'ordre dans lequel ces nucléotides sont agencés, ce que l'on appelle une séquence, contient toute l'information nécessaire au fonctionnement de la cellule bactérienne. Cette information est organisée en gènes, qui codent pour des protéines permettant, entre autres, à la bactérie de croître, se reproduire, interagir avec son environnement, avoir un pouvoir pathogène (virulence) chez un hôte ou encore résister à des agents antimicrobiens ou tolérer des biocides, voire former des biofilms. Le séquençage d'ADN consiste alors à déterminer la succession des nucléotides le composant.

Techniquement, le processus de séquençage commence par **l'isolement d'une souche** bactérienne, à partir de diverses matrices, qu'il s'agisse d'échantillons alimentaires, environnementaux (comme des surfaces de travail, des eaux de nettoyage, etc.) ou d'échantillons cliniques. À partir d'une culture pure de la souche isolée, son ADN est extrait en laboratoire.

Selon la technique de séquençage utilisée, le traitement de l'ADN diffère. La méthode de séquençage reposant sur la technologie Illumina, la plus utilisée actuellement, consiste à fragmenter l'ADN en nombreux petits morceaux qui sont ensuite séquencés, c'est-à-dire que leur succession de nucléotides (A, T, C, G) est lue par des machines spécialisées appelées séquenceurs (Figure 1). Ces appareils ne peuvent pas lire l'ADN en une seule fois et analysent donc des centaines de milliers de fragments plus ou moins longs en parallèle. Ils lisent et génèrent ainsi une grande quantité de courtes séquences nucléotidiques, qu'il faut ensuite assembler. Cette étape d'assemblage bio-informatique consiste à remettre bout à bout les fragments en identifiant les zones de recouvrement, afin de reconstituer le génome complet de la souche. Le résultat final est une séquence génomique exploitable et de qualité satisfaisante aux critères attendus, représentant fidèlement le **génom**e de la souche analysée.

Les séquences obtenues peuvent ensuite être exploitées pour deux grands types d'analyses : la caractérisation approfondie des souches étudiées et l'étude de la similarité génétique de plusieurs souches sur la base de leurs génomes.

- 1) **La caractérisation des souches** : à partir de bases de données libres d'accès, alimentées et maintenues par la communauté scientifique, il est possible d'identifier précisément les bactéries tout en étant capable de rechercher une multitude de gènes spécifiques ou de mutations de manière simultanée dans le génome des souches séquencées. Ainsi, là où une succession d'analyses microbiologiques ou moléculaires étaient nécessaires afin de rendre compte des caractéristiques des souches bactériennes en termes de potentiel de virulence, d'antibiorésistance ou encore de tolérance aux biocides, il est désormais possible d'accéder à l'ensemble de ces informations à partir de l'analyse bio-informatique des séquences issues des souches d'intérêt. Le séquençage permet aussi d'obtenir les informations de sérogroupes (ou sérotypes ou sérovars) qui étaient historiquement obtenues par des méthodes immunologiques permettant de détecter des antigènes structuraux des bactéries et de discriminer des groupes antigéniques.

- 2) **La comparaison génétique de plusieurs souches** : l'exploitation des séquences génomiques permet également d'étudier les relations génétiques entre différentes souches.

Deux approches principales sont utilisées : (i) l'analyse des distances génétiques entre souches par approche cgMLST (« core-genome MultiLocus Sequence Typing » = typage de multiples gènes du génome conservé par séquençage), fondée sur la comparaison d'un ensemble prédéfini de plusieurs milliers de gènes hautement conservés, et (ii) l'analyse des variations de nucléotides (A,T,C,G), aussi appelées SNP (prononcer « snip ») pour « single nucleotide polymorphism », sur l'ensemble ou sur une portion spécifique du génome, et.

Dans les deux cas, ces méthodes permettent, après définition d'un seuil validé de similarité (qui varie selon l'agent pathogène considéré), de classer les souches bactériennes similaires au sein d'un même groupe, aussi appelé **cluster génomique**.

Les résultats de ces analyses peuvent être ensuite visualisés sous forme d'un **arbre phylogénétique**, qui rend compte de la parenté entre les souches et dont la longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique entre les souches, ou d'un arbre couvrant de poids minimal (« *minimum spanning tree* »), qui ne reflète pas forcément les liens de parentés entre les souches mais qui fournit un aperçu des distances génétiques entre l'ensemble des souches étudiées (figure 2). Les résultats des analyses cgMLST peuvent être aussi représentés par un LIN Code (« *life identification number* »), identifiant unique caractérisant les variations du génome, des différences majeures (nombres situés à gauche du code, aux différences les plus fines - jusqu'à 0 allèle de différence, pour les nombres situés à droite du code). Pour en savoir plus sur le LIN Code, il est possible de consulter les ressources pédagogiques sur le site du CNR des *Listeria*, <https://bigsdbs.pasteur.fr/listeria/LINcodes/>, ainsi que la vidéo associée, <https://www.youtube.com/watch?v=xRqydUyLcr8>.

L'interprétation des résultats de ces analyses et la comparabilité des résultats entre laboratoires constituent deux points d'attention.

L'analyse cgMLST repose sur des schémas standardisés (pipeline informatique), propres à chaque espèce bactérienne, et s'appuie sur des bases de données entretenues par la communauté scientifique. Cette méthode permet une bonne reproductibilité des résultats entre laboratoires, sous réserve d'utiliser les mêmes outils. En effet, plusieurs schémas cgMLST peuvent exister pour une même espèce bactérienne, et différents outils bio-informatiques peuvent appliquer des algorithmes différents de détermination des allèles et de regroupement des souches en clusters. De ce fait, **les clusters dépendent des outils utilisés par les laboratoires**. Il est important de noter que, dans la majorité des cas, ces résultats ne sont pas inter-comparables s'ils sont produits par des infrastructures différentes. Des solutions permettent toutefois aux laboratoires de référence de comparer leurs séquences génomiques et d'assurer des investigations croisant les données des cas humains et des sources alimentaires ou environnementales, et des solutions peuvent être ouvertes à d'autres laboratoires¹.

¹ Par exemple, le LNR et le CNR *Listeria* mettent à disposition des laboratoires, à titre gratuit ou de façon payante en fonction des prestations, des solutions pour assurer ces comparaisons. Néanmoins, lorsqu'un exploitant a recours à un laboratoire « privé », ou qu'il change de laboratoire, la possibilité de comparer les séquences d'autocontrôles aux séquences officielles, ou les séquences passées aux séquences futures, doit être abordée. Quelle que soit la méthode de typage génomique utilisée par séquençage Illumina™, il convient de détenir les fichiers dits fastq (-R1, -R2) des courtes séquences nucléotidiques générés par le séquenceur pour une souche donnée qui seront transmis au laboratoire réalisant la comparaison génomique des souches si son pipeline d'analyse génomique ou la méthode de typage génomique utilisée n'est pas la sienne.

L'analyse des SNP est plus discriminante dans la mesure où la comparaison des séquences se fait à l'échelle fine des nucléotides plutôt que des gènes. Mais il existe de nombreuses méthodes d'alignement des séquences, de détection des SNP et de construction d'arbres phylogénétiques, et les résultats de ce type d'analyses sont fortement influencés par le choix initial de la séquence de référence. Cette grande variabilité méthodologique rend ainsi encore plus difficile la comparaison des analyses entre différents laboratoires.

Enfin, l'obtention de résultats d'analyses génomiques nécessite un délai notable, pour le séquençage puis pour l'analyse biostatistique. En 2026, pour l'obtention de séquences, les délais des LNR sont de l'ordre de 3 semaines, et ceux du CNR Pasteur (*Listeria monocytogenes*) sont de l'ordre de 9 jours ouvrés, sauf urgence.

Figure 1. Le séquençage génomique

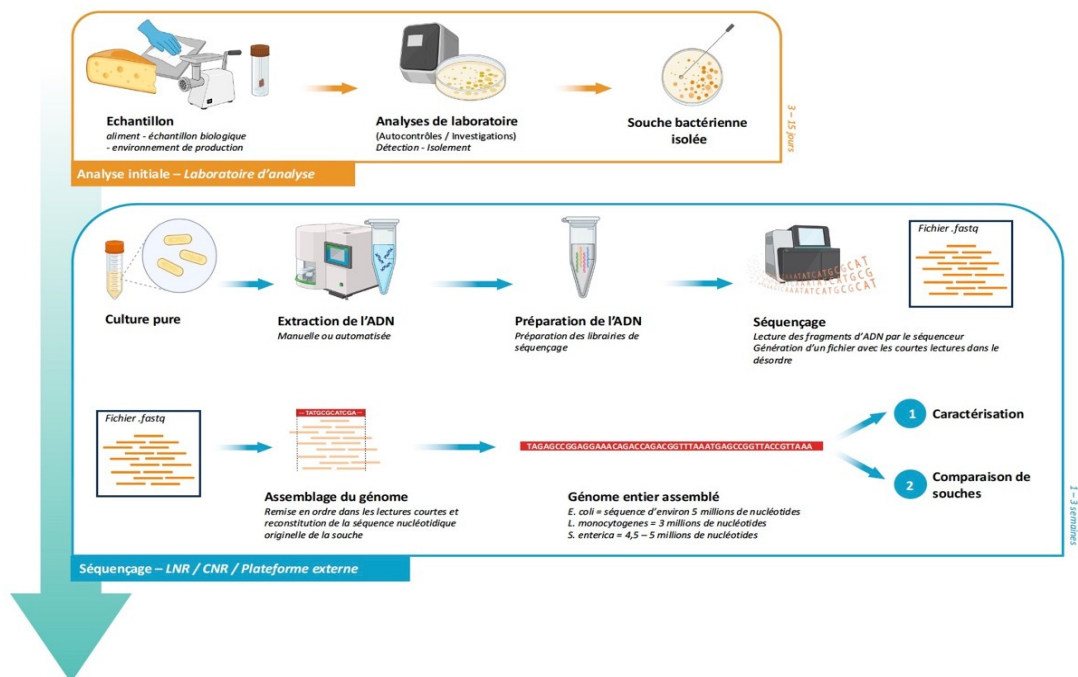
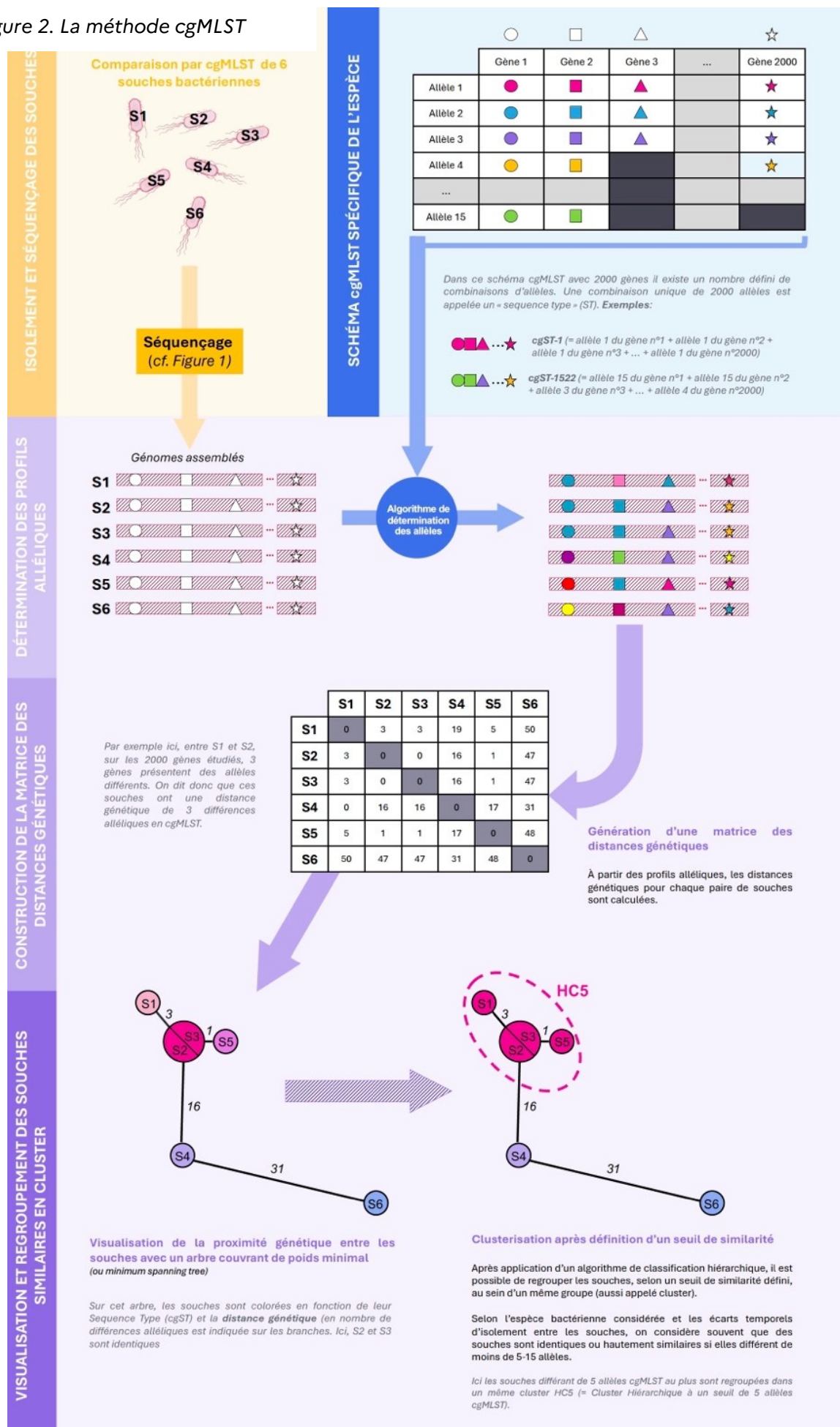


Figure 2. La méthode cgMLST



L'analyse cgMLST est fondée sur l'utilisation d'une base de données, et d'un « schéma cgMLST », composée d'un ensemble de gènes présents chez toutes les souches d'une même espèce bactérienne. Pour chaque souche étudiée et nouvellement séquencée, un programme permet de comparer sa séquence d'ADN à cette base de données pour identifier la version (l'allèle) de chacun des gènes du schéma cgMLST utilisé. Ainsi, un profil unique correspondant à la combinaison des allèles est attribué à la souche. En comptant le nombre de différences alléliques entre les profils des différentes souches, il est possible de construire une matrice de distances génétiques. Cela permet de comparer les souches entre elles et de créer un arbre (« *minimum spanning tree* » ou arbre phylogénétique) pour visualiser ces distances. Enfin, après définition d'un seuil de similarité, il existe différents algorithmes qui permettent de regrouper automatiquement les souches très proches au sein d'un même cluster.

2. Utilisation du séquençage génomique par les exploitants

Bien que le recours au séquençage génomique puisse permettre une maîtrise du danger plus efficace et potentiellement source d'économie pour les exploitants car mieux ciblé, il est encore trop rarement intégré aux plans de maîtrise sanitaire.

Il appartient aux exploitants de définir leur plan de maîtrise sanitaire. Toutefois, **en situation de perte de maîtrise, vous, DDecPP, pouvez imposer, dans le cadre d'une mise en demeure ou dans le cadre d'un arrêté préfectoral, l'intégration du séquençage génomique** aux plans de contrôles analytiques renforcés afin de satisfaire des objectifs de maîtrise du danger qui ne peuvent pas être atteints sans cela.

Le séquençage génomique peut en particulier viser à :

- déterminer si la contamination constatée est le fait d'une souche persistante, ou le résultat d'introductions multiples ;
- établir le lien entre la contamination d'une matière première et d'un produit fini, pour pouvoir prendre des mesures ciblées en matière de référencement de fournisseur ou de contrôle à réception ;
- étudier la circulation des souches au sein de l'établissement, afin de pouvoir prendre des mesures ciblées en matière de sectorisation ;
- dans le cas où une ou plusieurs souches résidentes sont identifiées :
 - o déterminer la sensibilité ou résistance aux biocides utilisés, pour ajuster le plan de nettoyage et désinfection ;
 - o déterminer les locaux, équipements ou matériels qui contribuent au maintien de la contamination, pour les assainir ou les remplacer ;
 - o vérifier que les mesures engagées pour éliminer le risque ont été efficaces, y compris si l'activité de l'entreprise implique un bruit de fond de contamination persistante.

Il appartient à l'exploitant de définir comment il doit parvenir à ces objectifs, par quelles méthodes analytiques, réalisées dans quels laboratoires, et à ses frais.

Les laboratoires de référence peuvent réaliser des prestations payantes de séquençage, mais d'autres laboratoires le peuvent aussi, dont certains laboratoires départementaux d'analyses. Les laboratoires qui isolent les souches des produits ou de l'environnement de production de l'exploitant peuvent aussi participer à des réseaux de surveillance volontaires animés par des laboratoires de référence dans le cadre desquels des séquençages sont effectués.

Les analyses de séquençage sont à l'heure actuelle onéreuses pour les exploitants, toutefois le secteur est rapidement évolutif. Par ailleurs, selon les objectifs recherchés, le séquençage des souches isolées peut être précédé d'analyses de screening rapides et peu onéreuses par des méthodes plus conventionnelles (par ex. des analyses PCR), afin de limiter les coûts analytiques en ne séquençant que les souches qui présentent les caractéristiques ciblées.

3. Utilisation du séquençage génomique en contrôle officiel

3.1 Entrée en application d'un nouveau règlement

Les LNR et les CNR partagent autant que de besoin leurs séquences génomiques de souches d'origine alimentaire, environnementale ou humaine sur des bases données internationales des génomes (Enterobase, BIGSdb-*Listeria*, GenBank, ENA...) à des fins opérationnelles ou de recherche.

Le recours au séquençage génomique est par ailleurs **encouragé au sein de l'Union européenne** qui a mis en place un système afin de favoriser le partage de séquences de souches et de certaines informations de contexte. Les LNR et CNR sont ainsi invités à partager les séquences des microorganismes pathogènes sur les deux plateformes du système **OH-WGS** (« *One Health – Whole Genome Sequencing* »). Le système comporte deux plateformes interconnectées, l'une hébergée par l'EFSA (« *European food safety authority* ») pour le secteur de la chaîne alimentaire et l'autre par l'ECDC (« *European center for disease prevention and control* ») pour le secteur humain. Ces plateformes collectent de manière indépendante les données de séquençage génomique de chaque secteur, puis elles génèrent des profils pour une analyse intersectorielle. Les données de séquençage issues de souches alimentaires y sont déposées dans le respect des règles de fonctionnement de la plateforme, pour la France sous la coordination de l'Anses (qui remplit le rôle de COU – « *Country officer unit* ») par les LNR (qui remplissent les rôles de DPU – « *data provider unit* ») et avec la validation de la DGAL.

Jusqu'à récemment, les partages de séquences sur la plateforme EFSA OH-WGS se sont faites sur une base volontaire, certains pays étant déjà fortement contributeurs, d'autres restant plus en retrait. Toutefois, **à compter du 23/08/2026, le règlement européen 2025/179** est entré en application ; il détermine que les Etats membres sont tenus de collecter, séquencer² et partager les séquences génomiques via le système OH-WGS, des isolats de ***Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, *Escherichia coli* productrices de shigatoxines, ainsi que *Campylobacter jejuni* et de *Campylobacter coli***, obtenus dans la chaîne alimentaire, **lorsque ces agents pathogènes sont associés à un foyer** de toxi-infection alimentaire (au sens européen du terme, c'est à dire TIAC et cas humains groupés selon notre terminologie), sur la base des informations analytiques ou épidémiologiques disponibles.

Ainsi, lorsque les investigations de cas humains (TIAC ou cas groupés) conduisent à isoler des souches bactériennes de ces 5 bactéries dans des aliments ou dans l'environnement alimentaire, et qu'il est conclu que ces souches sont bien reliées aux cas humains (évidence épidémiologique et/ou microbiologique), **les séquences génomiques des souches non humaines devront être déposées dans le système OH-WGS (EFSA)** par les LNR (DPU) concernés.

Il convient de rappeler que pour *Listeria monocytogenes*, le laboratoire de référence en charge des analyses alimentaires en contexte de cas humains, comme en contexte d'alerte alimentaire, est le CNR des *Listeria* de l'Institut Pasteur, alors que le laboratoire de référence en charge du dépôt des souches sur la plateforme en tant que DPU est le LNR des *Listeria* de l'ANSES. Une coordination particulière des deux laboratoires de référence est donc mise en place à cet effet.

² Ce séquençage doit être réalisé sous accréditation ISO 17025 (avec une tolérance jusqu'au 23/08/2028)

3.2 Les différents contextes de séquençage en contrôle officiel

Le recours au séquençage génomique dans le cadre de contrôles conduits par les autorités peut se faire, principalement pour *Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, *Escherichia coli* productrices de shigatoxines et *Campylobacter*, dans les contextes suivants :

- En contexte d'investigation de cas humains (TIAC ou cas humains groupés), afin de comparer les souches alimentaires ou environnementales aux souches humaines. **La proximité génétique entre les souches ne suffit pas à établir la preuve d'un lien de cause à effet** (par exemple, certaines souches sont largement répandues, dans des filières différentes et au cours du temps), ni à écarter un lien (par exemple, l'isolement d'une souche n'exclut pas la présence d'une autre souche, soulignant l'intérêt de faire conserver plusieurs souches par échantillon lorsque les enjeux le justifient). La proximité génomique établit un lien microbiologique, qui doit être complété par un lien épidémiologique (par ex., consommation de l'aliment suspect par les cas humains) pour évoquer une causalité.
- En contexte de plan de surveillance ou de contrôle, afin d'enrichir notre connaissance des souches rencontrées dans les différentes filières et les environnements, et de supporter des travaux scientifiques et d'évaluation de risques.
- En contexte d'alerte alimentaire, dans un objectif complémentaire aux deux précédents, puisque le séquençage des souches d'alerte contribue à la connaissance des souches circulantes et à la détection d'éventuelles correspondances génomiques avec des cas humains.

Pour rappel, les souches alimentaires ou environnementales à séquencer et les résultats de séquençage, exploités en situation d'investigation de cas humains ou d'alerte alimentaire, **peuvent aussi bien être issus de prélèvements officiels que d'autocontrôles. Les exploitants et leurs laboratoires sont tenus de mettre les souches et séquences dont ils disposent à disposition des services officiels**, notamment en application des articles L.201-7 (« afin d'identifier la cause et l'étendue de phénomènes sanitaires émergents »), D.201-10 (« ces échantillons et souches [qui font l'objet d'un signalement au titre du L.201-7] doivent être tenus à la disposition des services auxquels ont été communiqués les résultats d'analyses pendant un mois au moins ») et R.201-11 (dans le cadre de « l'enquête épidémiologique consécutive à une toxi-infection alimentaire, à un cas humain de maladie zoonotique ou à un foyer de maladie réglementée ») du CRPM.

L'instruction technique DGAL/MUS/2026-55 relative aux investigations de cas humains pour lesquels une cause alimentaire est suspectée apporte en outre des précisions utiles sur le recours au séquençage dans le cadre des dispositifs de surveillance et d'investigation.

3.3 Le transfert des prélèvements ou des souches aux laboratoires de référence

En contexte d'investigation de cas humains

En contexte d'investigation de cas humains, les prélèvements pour certains germes doivent être envoyés directement aux laboratoires de références (STEC, *Clostridium botulinum*), mais pour la plupart (*Salmonella*, *Campylobacter*, *Listeria*...) ce sont les souches qui sont adressées par un laboratoire de première intention au laboratoire de référence.

La transmission des prélèvements ou des souches aux laboratoires de référence n'est pas automatique : en contexte de cas humains, la DDecPP doit s'assurer de cette transmission, en indiquant bien le N° Sèves de l'évènement associé. La demande d'envoi des prélèvements ou des souches au laboratoire de référence est en outre enregistrée par la DDecPP dans Sèves (dans la version d'octobre 2026 : au niveau du résultat d'analyse pour une TIAC par le bouton

dédié pour indiquer l'envoi au CNR/LNR, et en texte libre dans le champ « évaluation » du risque pour une Investigation de cas humain).

Les informations pratiques (coordonnées des laboratoires, modalités d'envois etc.) sont précisées dans le **document guide relatif aux prélèvements et analyses par pathogènes maintenu sur l'intranet DGAL** dans la rubrique Alertes et urgences sanitaires / Gestion de cas humains dont TIAC / Documentation générale.

Les envois des prélèvements ou souches sont accompagnés des documents de commémoratif prévus par chaque laboratoire de référence. En cas d'envoi direct des prélèvements au laboratoire de référence, il convient de **préciser au mieux les commémoratifs sur les documents d'accompagnement, tels qu'ils sont aussi enregistrés dans Sèves** : N° Sèves, type d'aliment prélevé (catégorie de produit, numéro de lot...), marque sanitaire le cas échéant (n° agrément du fabricant), lieu du prélèvement, état du prélèvement (environnement/plat ou ingrédient même lot/plat témoin...). En cas d'envoi par l'intermédiaire d'un laboratoire de première intention, il convient de transmettre les mêmes informations, et de demander autant que possible leur bonne transmission au laboratoire de référence. Ces commémoratifs seront ensuite utilisés par le LNR (DPU) pour le dépôt de la séquence dans la base OH-WGS. Bien transmettre les commémoratifs dès le début peut éviter des allers-retours de question-réponse³.

Pour rappel, s'agissant des prélèvements ou souches issues d'auto-contrôles transmises à la demande des autorités, **hormis le coût du séquençage lui-même, les frais afférents (préparation du prélèvement ou de la souche, envoi) sont à la charge de l'exploitant** en application de l'article R. 201-11 CRPM.

Les situations dans lesquelles le séquençage doit être demandé en contexte de TIAC sont précisées dans le **tableau 1**. Les séquençages ne sont demandés **que pour des TIAC retenues**, c'est-à-dire pour lesquelles l'origine alimentaire est considérée comme la plus probable. En outre, pour *Listeria monocytogenes* et STEC, pour lesquels les TIAC sont rares et les bactéries fréquentes dans l'environnement, les séquençages ne sont demandés que lorsque les TIAC sont **confirmées pour *Listeria monocytogenes* et STEC par des analyses médicales**. Dans tous les cas enfin, le séquençage n'est demandé que pour des aliments ou des environnements de production pour lesquels un **lien épidémiologique est établi** avec les malades.

Tableau 1 : Conditions et modalités de transmission aux laboratoires de référence de souches ou de prélèvements alimentaires ou environnementaux pour séquençage, et enregistrements dans Sèves en contexte de TIAC

Conditions	Actions de la DDecPP
<u><i>Listeria monocytogenes</i></u> (TIAC très rares) En cas de TIAC retenue ⁴ pour laquelle une infection par <i>Lm</i> est confirmée (analyse médicale) sur au moins un des malades ET	La DDecPP s'assure de l'envoi au CNR des souches alimentaires ou environnementales isolées dans le cadre de l'investigation, en précisant qu'il s'agit d'une TIAC et en indiquant le N° Sèves (T-...) et les commémoratifs utiles. La DDecPP complète la fiche sur Sèves : *Dans le bloc analyse : caractéristiques du

³ Des solutions informatiques sont à l'étude pour faciliter le transfert des informations et le suivi par les acteurs locaux, centraux et laboratoires de référence, mais ne sont pas disponibles à date.

⁴ Les TIAC suspectées (ou « soupçonnées d'être lié à un foyer d'intoxication alimentaire » selon le Règlement 2025/179) n'apparaissent pas pertinentes pour le dispositif mis en œuvre en France, au regard des définitions retenues, puisque l'on se place dans des situations où l'origine alimentaire est retenue et un agent pathogène est détecté (chez un malade, dans un aliment ou dans un environnement suspecté), avec des informations épidémiologiques concordantes. Ces situations correspondent, par définition, à des TIAC retenues à agent confirmé.

au moins une souche de <i>Lm</i> est isolée d'un aliment ou d'un environnement de production suspecté suite à l'enquête alimentaire (lien épidémiologique)	prélèvement, résultat d'analyse, envoi des souches au CNR *Dans le bloc conclusion : TIAC à agent confirmé à Lm.
<u><i>E. coli</i> producteurs de shigatoxines (TIAC rares)</u> En cas de TIAC retenue pour laquelle une infection par STEC est confirmée (analyse médicale) sur au moins un des malades_ ET un aliment ou un environnement de production suspecté suite à l'enquête alimentaire (lien épidémiologique) a été prélevé	Lorsqu'une TIAC à STEC est investiguée, les prélèvements alimentaires ou environnementaux sont envoyés directement au LNR, en précisant qu'il s'agit d'une TIAC, et en indiquant le N° Sèves (T-...) et les commémoratifs utiles. La DDecPP complète la fiche sur Sèves : *Dans le bloc analyse : caractéristiques du prélèvement, résultat d'analyse, envoi des prélèvements au LNR *Dans le bloc conclusion : TIAC à agent confirmé à STEC.
<u><i>Salmonella</i> (TIAC assez fréquentes)</u> En cas de TIAC retenue pour laquelle une infection par <i>Salmonella</i> est suspectée (hypothèse étiologique) ou confirmée (analyse médicale) ET au moins une souche⁵ de <i>Salmonella</i> est isolée sur un aliment ou un environnement de production suspecté suite à l'enquête alimentaire (lien épidémiologique)	La DDecPP s'assure de l'envoi au LNR des souches alimentaires ou environnementales isolées dans le cadre de l'investigation, en précisant qu'il s'agit d'une TIAC, et en indiquant le N° Sèves (T-...) et les commémoratifs utiles. La DDecPP complète la fiche sur Sèves : *Dans le bloc analyse : caractéristiques du prélèvement, résultat d'analyse (en précisant bien le sérotype), envoi des souches au LNR *Dans le bloc conclusion : TIAC à agent confirmé à <i>Salmonella</i>
<u><i>Campylobacter (jejuni, coli)</i> (TIAC souvent suspectées, mais plus rarement établies)</u> En cas de TIAC retenue pour laquelle une infection par <i>Campylobacter</i> est suspectée (hypothèse étiologique) ou confirmée par PCR sur les malades (mais pas si elle est déjà confirmée par coproculture) ET au moins une souche de <i>Campylobacter</i> est isolée sur un aliment ou un environnement de production suspecté suite à l'enquête alimentaire (lien épidémiologique)	La DDecPP s'assure de l'envoi au LNR des souches alimentaires ou environnementales isolées dans le cadre de l'investigation, en précisant qu'il s'agit d'une TIAC, et en indiquant le N° Sèves (T-...) et les commémoratifs utiles. La DDecPP complète la fiche sur Sèves : *Dans le bloc analyse : caractéristiques du prélèvement, résultat d'analyse (en précisant bien l'espèce), envoi des souches au LNR *Dans le bloc conclusion : TIAC à agent confirmé à <i>Campylobacter</i>

Les investigations de TIAC pour lesquelles une campylobactériose est suspectée présentent quelques difficultés qui expliquent les conditions particulières exposées au tableau 1 (pas d'analyses alimentaires si des coprocultures sont faites). Ces particularités sont présentées en **Annexe 2**.

Les situations dans lesquelles le séquençage doit être demandé en contexte d'investigation de cas humains groupés sont précisées dans le **tableau 2**. Le séquençage est au cœur des

⁵ En fonction des résultats analytiques intermédiaires, l'investigation peut être orientée sur certaines souches de salmonelles (de même sérotype) ou au contraire interrompue avant l'étape de séquençage car ne correspondant pas aux résultats obtenus sur les malades.

investigations, pour venir confirmer un lien microbiologique entre les aliments suspectés et les malades. Il est donc réalisé autant que de besoin sur des aliments ou des environnements de production pour lesquels des évidences épidémiologiques existent grâce aux enquêtes alimentaires et de traçabilité.

Tableau 2 : Conditions et modalités de transmission aux laboratoires de référence de souches alimentaires ou environnementales pour séquençage et enregistrements dans Sèves en contexte d'investigation de cas humains groupés

Contextes	Actions de la DDecPP
Cluster de listériose Cluster de syndrome hémolytique et urémique (SHU) Cluster de salmonellose Cluster de campylobactériose	Dans le cas où une contamination alimentaire ou environnementale est identifiée dans le cadre des investigations, la DDecPP s'assure de l'envoi au laboratoire de référence (C.à.d. CNR pour <i>Listeria</i>) des souches alimentaires et environnementales (ou des prélèvements pour STEC), isolées dans le cadre d'autocontrôles ou en contrôle officiel. Préciser dans les documents d'accompagnement qu'il s'agit d'une investigation de cas groupés, en indiquant le N° Sèves (A-...) et l'établissement concerné avec son numéro d'agrément le cas échéant, ainsi que les autres commémoratifs utiles. L'envoi au laboratoire de référence est précisé dans le champ évaluation du risque dans Sèves, et détaillé dans les échanges du fil de suivi si besoin. En cas de souches nombreuses, la sélection des souches à envoyer est effectuée en relation avec la MUS.

En contexte de PSPC

Hors alertes, les transferts nécessaires sont réalisés par les laboratoires d'analyse **sans intervention particulière de la DDecPP**, autres que celles prévues dans le cadre des instructions relatives aux différents plans de surveillance et de contrôle.

En contexte d'alerte alimentaire locale ou nationale

Les situations dans lesquelles le séquençage doit être demandé en contexte d'alerte alimentaire sont précisées dans **le tableau 3**.

Ce transfert doit être dorénavant systématiquement demandé pour *Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, *Escherichia coli* productrices de shigatoxines et *Campylobacter*, toutefois, sauf demande particulière de la DGAL et avec accord du laboratoire de référence, les nombres de souches séquencées par alerte et par année sont contraints :

- Pour *Salmonella* et *Campylobacter*, l'envoi porte habituellement sur **une seule souche par alerte**, et un volume annuel indicatif de 200 souches d'alerte séquencées est convenu avec les laboratoires de référence.
- Pour *Listeria monocytogenes*, l'envoi porte d'abord sur une souche par alerte, mais il est aussi souhaité **d'explorer la diversité des souches impliquées** en cas de retrait de différentes recettes ou différents lots, ou dans le cadre des investigations environnementales associées. Dès lors que la DDecPP envisage l'envoi de plus de quelques souches dans le cadre d'une même alerte, la stratégie de ciblage retenue et le volume total de souches à séquencer sont discutés avec la DGAL/MUS.

- Pour STEC, l'envoi (envoi de souches et non pas de prélèvements en contexte d'alerte, hors investigation de cas humains) porte habituellement sur **une souche par alerte**. **Néanmoins, si des souches appartenant à plusieurs sérotypes ont été isolées, elles seront envoyées et stockées au LNR**. Un volume annuel indicatif de 200 souches d'alerte est convenu avec le LNR. Si le volume de souches réceptionné était supérieur à 200, la stratégie de ciblage serait discutée avec la DGAL/MUS.

Tableau 3 : Conditions et modalités de transmission aux laboratoires de référence de souches alimentaires ou environnementales pour séquençage et enregistrements dans Sèves en contexte d'alerte alimentaire

Contextes	Actions de la DDecPP
Alerte alimentaire locale ou nationale, y compris suite à PSPC, pour <i>Listeria monocytogenes</i> , STEC, <i>Salmonella</i> , <i>Campylobacter</i>	La DDecPP demande à l'exploitant de demander à son laboratoire d'analyse (situation d'autocontrôle), ou demande au laboratoire d'analyse officiel (situation de prélèvements officiels), la transmission d'une souche au laboratoire de référence, ou parfois de plusieurs souches conformément aux instructions ci-dessus (STEC, <i>Listeria</i>). Préciser dans les documents d'accompagnement qu'il s'agit d'une alerte alimentaire, en indiquant le N° Sèves (A-...) et l'établissement concerné avec son numéro d'agrément le cas échéant, ainsi que les autres commémoratifs utiles. L'envoi au laboratoire de référence est précisé dans le champ évaluation du risque dans Sèves, et détaillé dans les échanges du fil de suivi si besoin.

Dans tous les cas, les séquençages effectués par les laboratoires de références à la demande de la DGAL et de ses services **ne se substituent pas aux obligations des exploitants**. Il est de la responsabilité des exploitants de déterminer la cause des alertes et de vérifier l'efficacité des actions correctives, en ayant recours à leurs frais, si nécessaire, au séquençage génomique des souches impliquées.

Les documents d'accompagnement des prélèvements et des souches, et les coordonnées des laboratoires de référence

Les coordonnées publiques et les documents d'accompagnement des prélèvements ou souches utilisés à la date de publication de l'instruction sont joints en **annexe 1** de la présente instruction. Des coordonnées complémentaires et des modèles mis à jour peuvent être disponibles sur l'intranet DGAL.

3.4 Le séquençage génomique, les comparaisons génomiques, et le dépôt des séquences sur la plateforme OH-WGS

Les laboratoires de référence procèdent au séquençage génomique et à la comparaison des séquences entre elles et au regard des séquences déjà en base, dans le secteur alimentaire. Ils s'assurent aussi, par une coopération étroite entre LNR et CNR, de la comparaison des séquences entre les secteurs alimentaires et humains dans le cadre des TIAC et des investigations de cas humains, ainsi que dans le cadre de leurs activités de surveillance. Enfin, ils tiennent la DGAL/MUS informée des résultats obtenus selon des procédures et fréquences adaptées à chaque pathogène et situation, et les LNR (DPU) déposent la séquence génomique sur la plateforme OH-WGS de l'EFSA lorsque la situation l'impose.

S'agissant de *Listeria monocytogenes* en contexte d'investigation de cas humains ou d'alertes alimentaires, pour lesquelles les séquençages sont assurés par le CNR, la DGAL/MUS sollicite

le LNR autant que de besoin afin que les séquences identifiées soient aussi comparées aux séquences alimentaires disponibles dans ses propres bases de données.

En tant que de besoin, les laboratoires de référence peuvent prendre contact avec la DGAL/MUS pour vérifier la pertinence d'un séquençage au regard de la présente instruction, ou pour en compléter les commémoratifs. Ils peuvent aussi se tourner vers les laboratoires de première intention qui n'auraient pas transmis correctement les commémoratifs dont ils disposaient, ou dialoguer avec les DDecPP dans le cadre d'un évènement en cours. Comme indiqué dans les chapitres précédents, il est préférable que ces éléments aient été bien traités à l'amont, lors de l'envoi du prélèvement ou de la souche au laboratoire de référence.

Le **tableau 4** présente les conditions du dépôt des souches par les LNR sur la plateforme OH-WGS (EFSA) en fonction des contextes d'analyse et des pathogènes.

Tableau 4 : Conditions de dépôt des données de séquençage sur la plateforme OH-WGS (EFSA)

Contexte			Conditions de dépôt
TIAC et cas humains groupés	Les laboratoires de référence (CNR pour <i>Listeria</i>) procèdent au séquençage des souches et à leur analyse. Les séquences des souches humaines et du secteur alimentaire sont comparées entre elles et avec les séquences déjà présentes en base.	<i>Listeria</i> STEC	Les séquences des souches du secteur alimentaire ne sont déposées sur la plateforme que si elles correspondent aux séquences des souches humaines
		<i>Salmonella</i> <i>Campylobacter</i>	Les séquences des souches du secteur alimentaire sont déposées sur la plateforme sans attendre le résultat éventuel d'une comparaison avec les souches humaines
PSPC	Les laboratoires de référence (LNR pour <i>Listeria</i>) procèdent au séquençage des souches et à leur analyse. Ces séquences intègrent les bases de données tenues par les laboratoires.	<i>Listeria</i> STEC <i>Salmonella</i> <i>Campylobacter</i>	Les séquences des souches sont déposées sur la plateforme, à titre de contribution volontaire des autorités françaises .
Alertes locale ou nationale (hors contextes de PSPC et cas humains)	Les laboratoires de référence (CNR pour <i>Listeria</i>) procèdent au séquençage des souches et à leur analyse. Ces séquences intègrent les bases de données tenues par les laboratoires.	<i>Listeria</i> STEC <i>Salmonella</i> <i>Campylobacter</i>	Pas de dépôt des séquences sur la plateforme, en routine. Un dépôt peut être décidé notamment dans la cadre d'une démarche de recherche active de cas humains associés à un produit, ou de recherche active de l'origine d'une alerte alimentaire.

3.5 Les retours d'information des résultats de séquençage vers les DDecPP et les exploitants

Les résultats des analyses et comparaisons génomiques réalisés à la demande des autorités sont activement **transmis par les laboratoires de référence à la DGAL/MUS** (en l'occurrence par le CNR pour *Listeria*) dans les contextes d'investigation de cas humains groupés ou TIAC et d'alerte alimentaire, ainsi que dans les contextes de PSPC pour *Listeria monocytogenes*.

Pour le reste, la DGAL/MUS est informée par les laboratoires de référence ou par Santé publique France seulement lors de l'identification de phénomènes qui pourraient nécessiter des investigations.

La DGAL/MUS informe les DDecPP des informations utiles dont elle dispose. Si besoin, les DDecPP peuvent contacter la DGAL/MUS pour connaître l'avancement des analyses (mais pas directement les LNR ou CNR afin d'éviter des demandes redondantes) ou pour solliciter des explications complémentaires sur les résultats obtenus. Si nécessaire, **la DGAL/MUS peut organiser un point de situation associant les DDecPP et les LNR/CNR, ou mettre les DDecPP en relation avec les LNR/CNR** afin que les laboratoires puissent répondre directement aux questions relatives à leurs analyses et apporter plus largement leur expertise sur les pathogènes impliqués. Des points de situation ou mises en relation peuvent aussi être organisés avec les exploitants concernés, si nécessaire et selon les enjeux.

Lorsqu'ils en sont informés par la DGAL/MUS, les DDecPP informent les exploitants de la similarité génomique des souches de leur établissement entre elles ou des souches de leur établissement avec des souches d'autres origines (humaines, alimentaires...) de façon à ce que l'exploitant soit en capacité d'exercer pleinement ses responsabilités, dans le respect des secrets fondamentaux :

- **S'agissant des souches humaines**, aucune information sensible relative aux cas humains n'est en principe versée dans Sèves. **Il appartient néanmoins aux DDecPP d'être particulièrement vigilantes à ne transmettre aux exploitants aucune donnée personnelle ou médicale** au-delà des notions d'existence de cas, assorties d'information de dates d'exposition possibles et, le cas échéant, de la notion d'une exposition documentée d'un ou plusieurs cas aux produits de l'établissement, avec les informations utiles relatives aux produits consommés concernés (par ex. référence du produit, DLC...).
- **S'agissant des souches du secteur alimentaire qui ne sont pas issues de l'établissement informé**, les DDecPP peuvent informer un exploitant, selon les informations transmises par la DGAL/MUS, de certains **aspects indicatifs parfaitement anonymisés** :
 - o que des séquences similaires ont déjà été trouvées sur des produits et dans des établissements diversifiés en France,
 - o ou qu'au moins une séquence similaire a déjà été trouvée dans un autre établissement sans lien établi à date avec son établissement,
 - o ou qu'aucune séquence similaire n'a pour l'instant été identifiée sur d'autres produits ou d'autres établissements en France, à notre connaissance, dans la base de données du laboratoire de référence.
- Par contre, **les résultats de séquençage obtenus sur des produits ou dans des établissements dont ils ne sont pas responsables ne sont pas transmis aux exploitants.**

Au-delà de ces informations qualitatives, **les exploitants peuvent demander à obtenir les séquences obtenues sur leurs produits ou dans leurs établissements** par les laboratoires de référence en contrôle officiel, aux fins de valorisation par leurs propres laboratoires d'analyse, par exemple dans le cadre d'une recherche des causes ou de suivi de mesures correctives. Selon les contextes, cette transmission peut être faite à titre gratuit ou onéreux.

S'agissant du CNR *Listeria*, les laboratoires de première intention ayant adressé des souches dans le cadre de contrôles officiels ou de demandes de séquençage effectuées par les autorités au titre d'un évènement en cours (hors PSPC) reçoivent directement du CNR un résultat partiel de l'analyse génomique, faisant état du génotypage de la souche. Les résultats de séquençage complet sont néanmoins disponibles et peuvent être obtenus sur demande, comme indiqué ci-dessus.

Les informations descendantes transmises entre les différents acteurs sont présentées de façon synthétique dans le **tableau 5**.

Lors de l'information des exploitants, **des précautions de langage doivent être prises** pour rappeler que l'existence d'une similarité génomique entre les souches humaines et alimentaires ne suffit pas à établir une causalité, ou qu'à l'inverse l'absence de similarité n'exclut pas leur responsabilité puisque plusieurs souches peuvent être effectivement présentes mais ne pas avoir été toutes isolées dans les prélèvements mis en analyse. En cas de similarité génomique entre des souches humaines et alimentaires, il peut néanmoins toujours être souligné que cette information illustre la pathogénicité effective de la souche microbienne isolée. Enfin, lorsque les évidences épidémiologiques et microbiologiques convergent autour de cas humains exposés à des aliments, il peut être indiqué que les informations génomiques sont en faveur d'une relation causale.

Tableau 5 : les retours d'information sur les comparaisons génomiques et clusters identifiés en contexte de contrôle officiel

Pathogène concerné par l'information	Du laboratoire de référence à la DGAL/MUS	De la DGAL/MUS à la DDecPP	De la DDecPP à l'exploitant
Listeria monocytogenes	Informations transmises dans tous les contextes officiels	Des informations sur les caractéristiques des souches et sur les clusters identifiés sont enregistrées dans Sèves, accompagnées de messages d'information ou de demandes d'actions , en contexte : - d'investigation de cas humains ou de TIAC, - d'alerte alimentaire en cours, - de récurrence ou résurgence dans un établissement pour une séquence qui a déjà été associée à des cas humains.	Transmission des informations utiles aux exploitants directement concernés pour leurs établissements et leurs produits, dans le respect des secrets fondamentaux présentés ci-dessus.
		Simple enregistrement dans Sèves, sans demande d'action , dans les autres contextes.	Pas de transmission en routine. Réponse possible à certaines demandes des exploitants après consolidation des informations auprès de la DGAL/MUS.
STEC Salmonella Campylobacter	Informations transmises dans les contextes de : - TIAC et investigation de cas humains groupés - Alertes alimentaires	Quand la DGAL/MUS le juge utile, des informations sur les caractéristiques des souches et sur les clusters identifiés sont enregistrées dans Sèves, accompagnées de messages d'information ou des demandes d'actions .	Le cas échéant, transmission des informations utiles aux exploitants directement concernés pour leurs établissements et leurs produits, dans le respect des secrets fondamentaux présentés ci-dessus.
Tous germes	En complément de ces retours d'information ciblés dans le cadre d'un		

	évènement en cours, les séquences génomiques obtenues à la demande des autorités sont intégrées aux bases de données des laboratoires de référence et exploitées dans le cadre de programmes de surveillance. Ces programmes de surveillance peuvent eux-mêmes conduire à l'identification de nouveaux événements, par exemple la détection de cas humains groupés, qui font alors l'objet d'investigations.
--	---

3.6 Les retours d'information vers les consommateurs directement concernés

En contexte de TIAC ou d'investigation de cas humains, des prélèvements peuvent être effectués sur des produits détenus par des particuliers impactés, sous réserve de leur accord.

Il est de bonne pratique que les résultats des analyses microbiologiques effectuées sur leurs produits leur soient communiqués par les DDecPP, avec les quelques explications factuelles nécessaires pour mieux cerner la portée de ces résultats (aléas d'échantillonnage, produits manipulés ou non, conditions de conservation, résultats dépassant un critère de sécurité ou non...).

Les résultats des séquençages génomiques et des comparaisons génomiques, qui sont obtenus plus tardivement et dont l'interprétation ne se stabilise qu'à la clôture des investigations, au regard d'informations impliquant souvent des entreprises et des patients - informations pouvant être couvertes par divers secrets fondamentaux (secret des affaires, secret médical, secret de l'enquête et de l'instruction...), ne sont pas communiqués en routine par les DDecPP.

Je vous remercie de me faire part de toute difficulté dans l'application de la présente instruction.

La cheffe de la mission des urgences sanitaires

Sophie BELICHON

Annexe 1 - Les documents d'accompagnement des prélèvements et des souches, et les coordonnées des laboratoires de référence

CNR <i>Listeria monocytogenes</i> : pour les souches du secteur alimentaire isolées en contexte de cas humains ou d'alertes alimentaires	
Nom du Laboratoire	CNR/CCOMS <i>Listeria</i>
Adresse complète pour l'envoi des souches	Institut Pasteur 28 Rue du Docteur Roux F-75724- Paris cedex 15
Responsable	Prof. Marc LECUIT
Téléphone	01 40 61 31 12
E-mail	listeria@pasteur.fr
Site Web	www.pasteur.fr/cnr/listeria
Fiche de renseignements pour l'envoi des souches non humaines	https://www.pasteur.fr/sites/default/files/rubrique_pro_sante_publique/les_cnr/listeria/enr_rl00044-02_fiche_de_renseignements_souches_non_humaines_vdweb.pdf
Compléments	Les souches sont à envoyer dès que possible par le laboratoire correspondant même le vendredi ou si jours fériés. Les instructions d'envoi se trouvent sur le site web du CNR à la rubrique envoyer un échantillon. Les éventuels fichiers FASTQ ou FASTA des génomes envoyés au CNR doivent être en format de compression gz avec indication du séquenceur utilisé pour les obtenir.
LNR <i>Listeria monocytogenes</i> : pour les souches isolées en contexte de PSPC, hors alertes, et autres contextes d'activité de surveillance et de recherche du LNR	
Nom du Laboratoire	LNR <i>Listeria monocytogenes</i>
Adresse	AGENCE NATIONALE DE SÉCURITÉ SANITAIRE de l'alimentation, de l'environnement et du travail Laboratoire de sécurité des aliments 14 rue Pierre et Marie Curie 94701 Maisons-Alfort Cedex
Responsable	Corinne DANAN / suppléance : Léna BARRE
Téléphone	01.56.29.56.46 / suppléance : 01.49.77.28.37
E-mail	LNR.Listeria-monocytogenes@anses.fr
Site Web	https://www.anses.fr/fr/content/unite-salmonella-et-listeria-sel-du-laboratoire-de-securite-des-aliments
Fiche de renseignements	Sur demande
Compléments	Suivre les modalités d'envoi des souches décrites dans chaque instruction technique relative aux PSPC
LNR STEC	
Nom du Laboratoire	LNR <i>E. coli</i>
Adresse complète pour l'envoi des prélèvements	Aile 3 Niveau 1/Batiment Galtier Unité de microbiologie alimentaire et prévisionnelle (UMAP) VetAgro Sup Campus Vétérinaire de Lyon 1 Avenue Bourgelat, 69280 Marcy L'Etoile
Responsable	Delphine Sergentet
Téléphone	04 78 87 25 99
E-mail	delphine.sergentet@vetagro-sup.fr ET umap-diagnostic@vetagro-sup.fr
Site Web	

Fiche de renseignements	https://www.vetagro-sup.fr/laboratoires-analyse/lmap/
Compléments	
LNR <i>Salmonella</i>	
Nom du Laboratoire	LNR <i>Salmonella</i>
Adresse	Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort - site de Ploufragan 41 rue de Beaucemaine - BP 53 22440 PLOUFRAGAN
Responsable	Laetitia Bonifait / suppléance : Marianne Chemaly
Téléphone	02.96.01.62.21 / suppléance : 02.96.01.62.27
E-mail	laetitia.bonifait@anses.fr / suppléance : marianne.chemaly@anses.fr
Site Web	
Fiche de renseignements	Sur demande
Compléments	
LNR <i>Campylobacter</i>	
Nom du Laboratoire	LNR <i>Campylobacter</i>
Adresse	Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort - site de Ploufragan 35 rue de Beaucemaine - BP 53 22440 PLOUFRAGAN
Responsable	Martine Denis / suppléance : Amandine Thépault
Téléphone	02.96.01.62.31 / suppléance : 02.96.01.85.32
E-mail	martine.denis@anses.fr / suppléance : amandine.thepault@anses.fr
Site Web	
Fiche de renseignements	Sur demande
Compléments	

Annexe 2 - Les TIAC à *Campylobacter*

- Quand suspecter une TIAC à *Campylobacter* : incubation relativement **longue** (2 à 5 jours [1-10]) - **diarrhées** (parfois sanglantes), **fièvre**, douleurs abdominales, nausées - durée des symptômes : 3-4j ; une suspicion conjointe *Salmonella* – *Campylobacter* est donc généralement émise compte tenu de la similarité des symptômes.
- Quand faire des analyses alimentaires pour la recherche de *Campylobacter* : si des analyses ne sont **pas déjà engagées en coproculture sur les malades** ou si les analyses de selles sont faites uniquement par PCR ou si cette information n'est pas disponible au moment de la décision **ET** si des prélèvements alimentaires pertinents (suspects) sont encore possibles et si ces aliments sont en bon état (**pas de congélation avant analyse**).
En effet, les analyses par coproculture sont la façon la plus efficace de confirmer une TIAC à *Campylobacter* et de disposer d'une souche à caractériser. Les analyses portant sur *Campylobacter* dans les aliments sont contraignantes (moins de laboratoires agréés que pour les salmonelles), et sont rarement fructueuses (qualité médiocre des échantillons disponibles en contexte de TIAC). Par ailleurs, en l'absence de critères de sécurité, les matières premières usuellement apportées de *Campylobacter* au sein d'une cuisine, et pouvant générer des cas humains suite à des défaut d'hygiène (défauts de cuisson, contaminations croisées...), ne font pas l'objet d'alertes alimentaires ; de ce fait, les résultats des analyses dans les aliments ne conduisent pas à des mesures de gestion spécifiques, autres que celles qui seront prises sur la cuisine en conséquence de la TIAC (maîtrise de la cuisson, maîtrise des contaminations croisées...).
Néanmoins, si les analyses pratiquées sur les malades ne sont réalisées que par PCR (sans isolement d'une souche et sans possibilité de pratiquer une analyse génomique), il convient d'envisager de faire des analyses alimentaires pour espérer obtenir une séquence génomique.
- Quelles analyses alimentaires faire pour la recherche de *Campylobacter* : **envoi au laboratoire habituel mobilisé pour les TIAC** pour recherche de *Salmonella* ET *Campylobacter*. Si le laboratoire est agréé pour la détection de *Campylobacter*, il peut faire les analyses de *Salmonella* et *Campylobacter* à partir de 26 g de produit (dilution en eau peptonée et recherche de *Campylobacter* à partir d'un aliquot de 10 ml du bouillon de pré-enrichissement en eau peptonée tamponnée). Sinon, le laboratoire doit envoyer 10 g de produit ou un aliquot de 10 ml de bouillon de pré-enrichissement en eau peptonée tamponnée (issu de la préparation de l'analyse pour recherche de *Salmonella*), pour la recherche de *Campylobacter* en sous-traitance dans un des 7 laboratoires agréés en France pour la détection de *Campylobacter*.
Attention : ne pas congeler, envoi en froid positif strict, dans les meilleurs délais (*Campylobacter* est fragile).