

# Partage intersectoriel des données pour une réponse rapide de la santé publique aux épidémies d'origine alimentaire

Dr. E. (Eelco) Franz  
Chef du département “Epidemiology and Surveillance of Enteric Infections and Zoonoses”, RIVM  
Eelco.franz@rivm.nl



National Institute for Public Health  
and the Environment  
*Ministry of Health, Welfare and Sport*

# Table des matières

**1. Epidémiologie des foyers épidémiques d'origine alimentaire (EOA) aux Pays Bas**

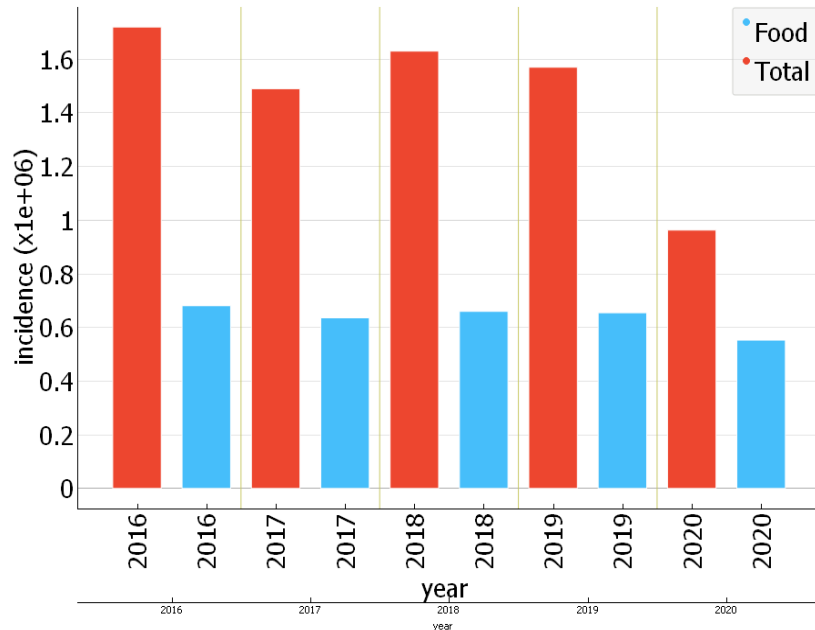
**2. Organisation et typologie de la surveillance des EOA**

**4. Conclusions et perspectives**

**3. Partage intersectoriel des données**



# Incidence et fardeau des maladies



1,6M d'infections liées à des agents pathogènes (n=14) / an  
[≈ 1:10 personnes chaque année]

Transmission par voie alimentaire : 700,000 infections  
[≈ 1:30 personnes chaque année]

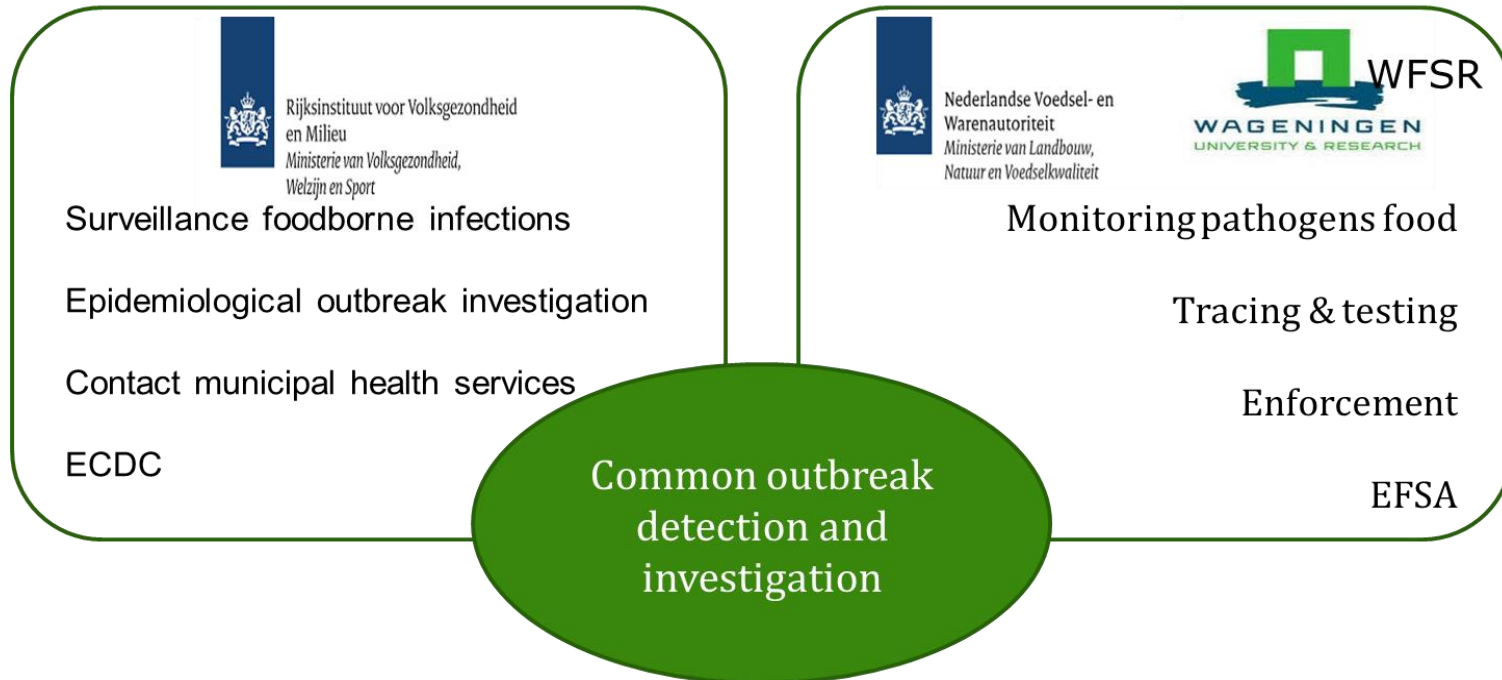
Fardeau : 11,000 DALYs/an  
Coûts: > 400M€/an

Principalement Campylobacter, Salmonella, Norovirus

RIVM report 2021-0188  
Year-report gastro-surveillance (NL)

RIVM report 2020-0117  
Disease burden of food-related pathogens in the Netherlands, 2019

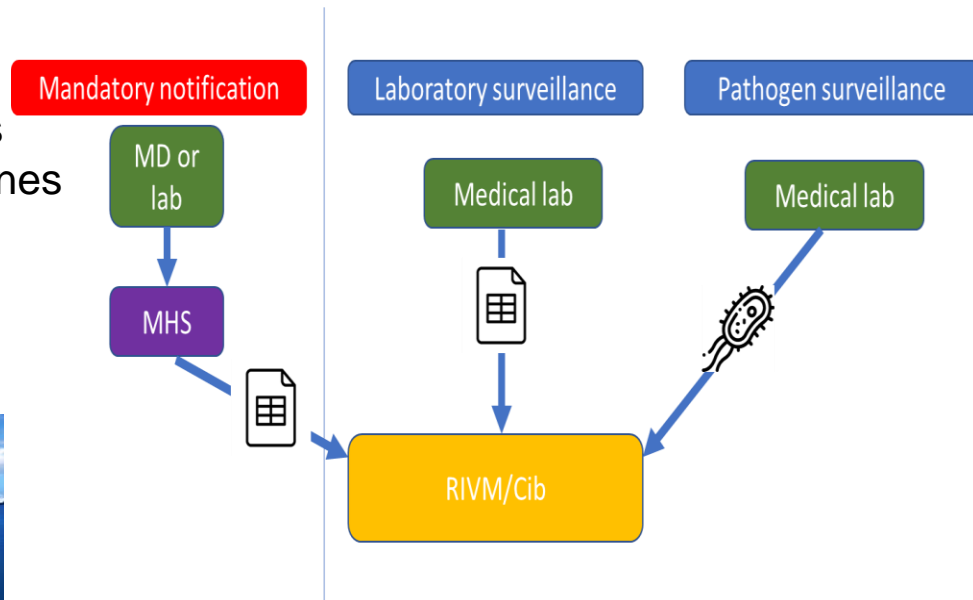
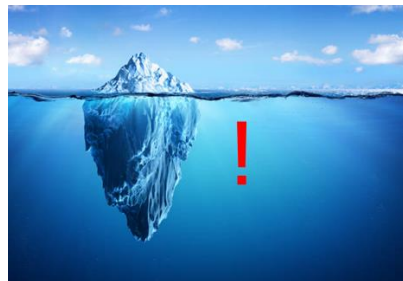
# Organisation santé publique et sécurité des aliments



# Surveillance en santé publique & infections d'origine alimentaire

## Surveiller pour agir:

- Indicateur de niveau de sécurité des aliments
- Regard sur la circulation des agents pathogènes (y compris la résistance antimicrobienne)
- Réduire le fardeau des maladies
  - Réservoirs & voies de transmission
  - Détection et investigation des foyers épidémiques



# Le séquençage du génome entier, WGS: le « Gamechanger »

## Du typage traditionnel vers le typage et la caractérisation complets basés sur le WGS

Figure 1 Conventional genotyping vs. whole genome sequencing

Conventional genotyping



Conventional genotyping looks at one section of the genome: finds five identical samples. Overestimate relatedness.

Whole genome sequencing



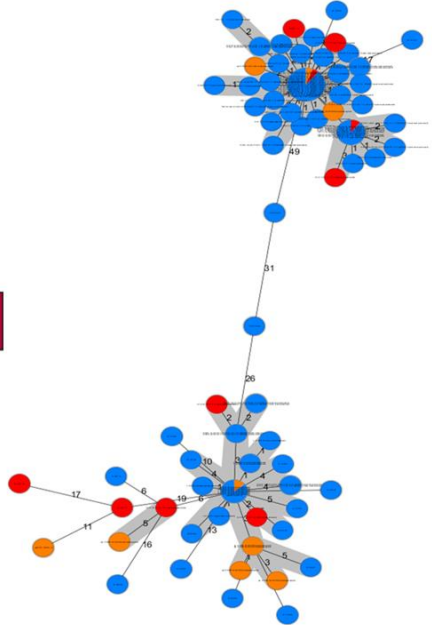
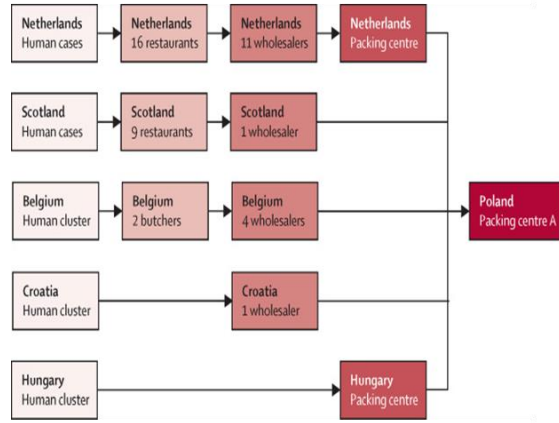
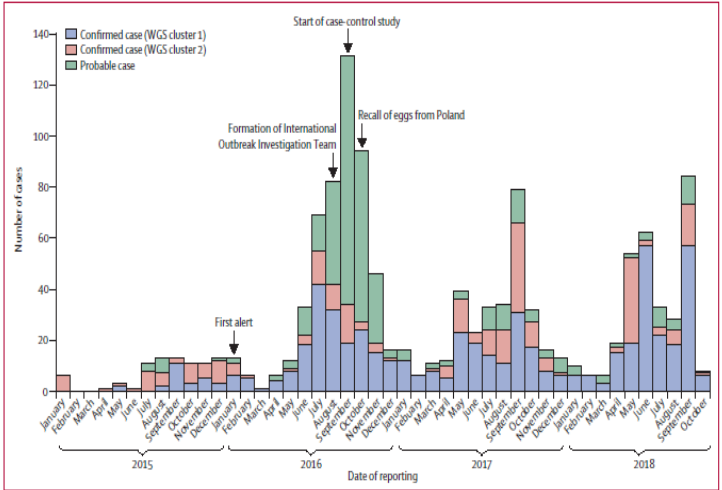
WGS reads the whole sequence. Can track infections more accurately, determine direction of transmission, and which samples are unrelated.

- + Typage et caractérisation 'tout-en-un'
- + Données uniformes et sans ambiguïté
- + Facile à partager
- Période de transition coûteuse
- Nouvelles compétences / nouveaux experts

# La nécessité de partage de données (issues du WGS)

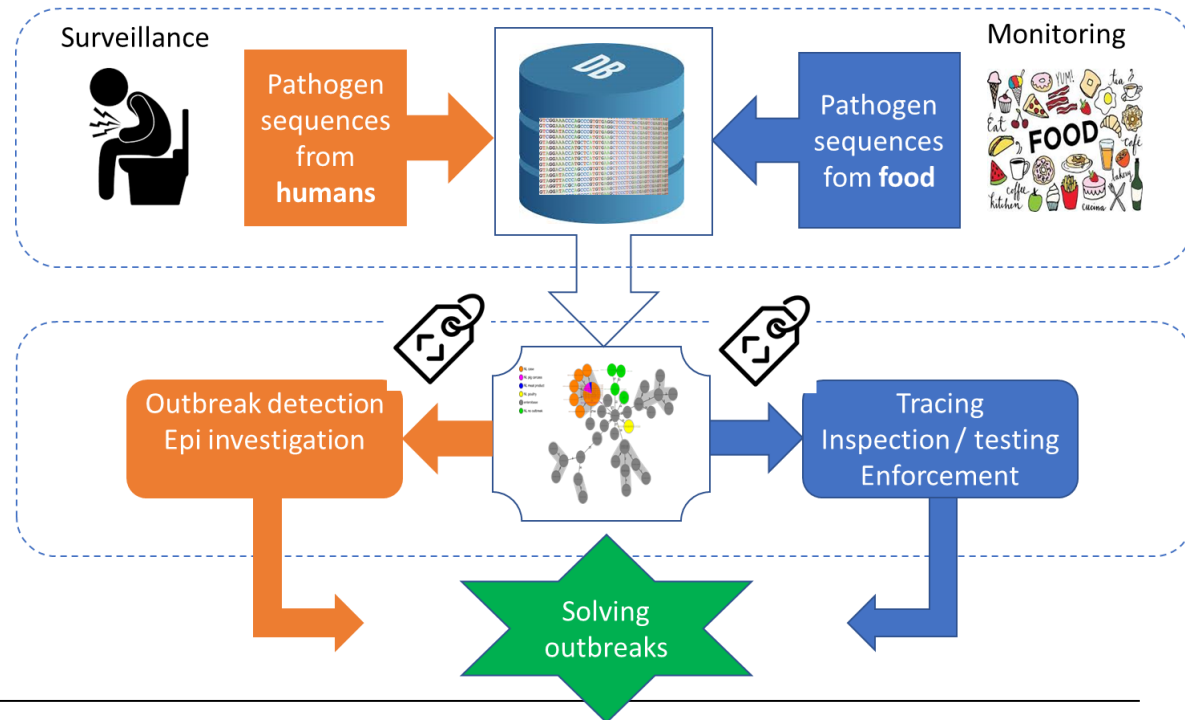
## Foyer - Oeufs polonais 2016-2018

Pijnacker 2019 (Lancet Inf. Dis.)



# Plateforme de partage intersectoriel des données - Pays Bas

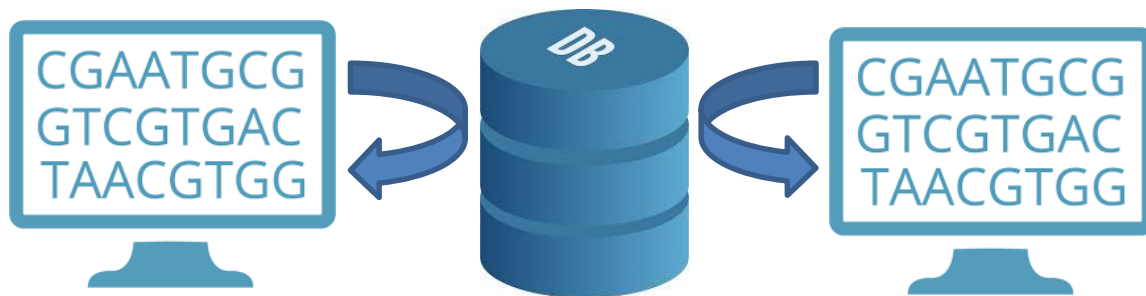
Pour une identification rapide  
des foyers et de leurs sources



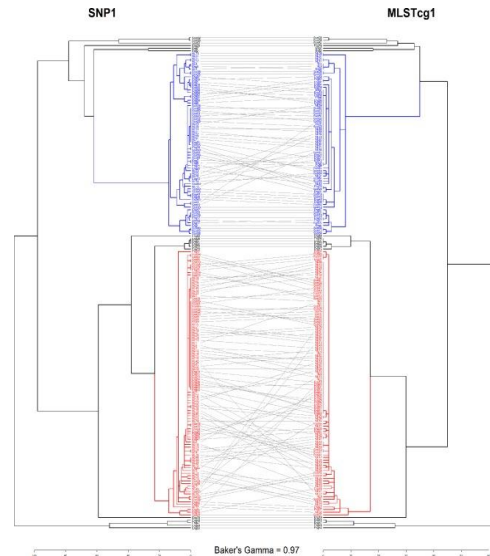


# Analyses parallèles

Première surveillance au RIVM avec une seconde analyse au WFSR/NVWA avec différents pipelines.



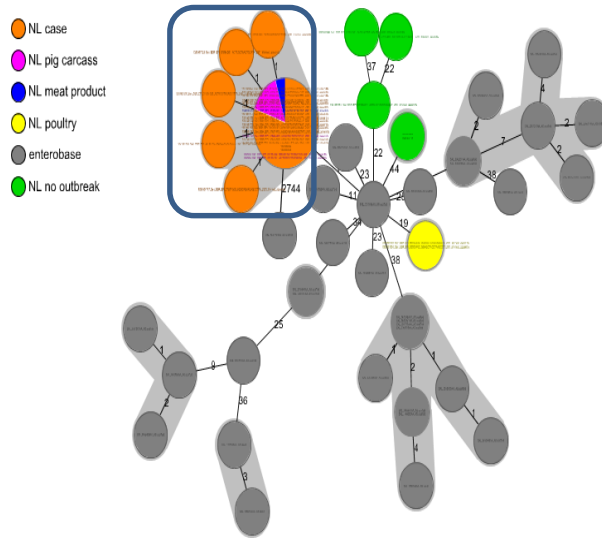
Consensus sur  
épidémie/cluster/correspondance



Niveau de concordance  
très élevé  
(Coipan 2019)

# Epidémie de *Salmonella* Goldcoast

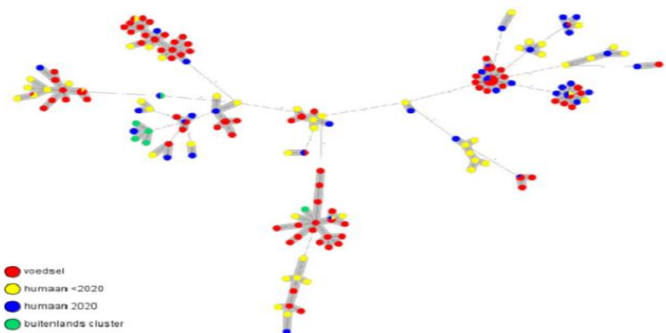
Directement liée à l'aliment et à l'abattoir



# Clusters de *Listeria*

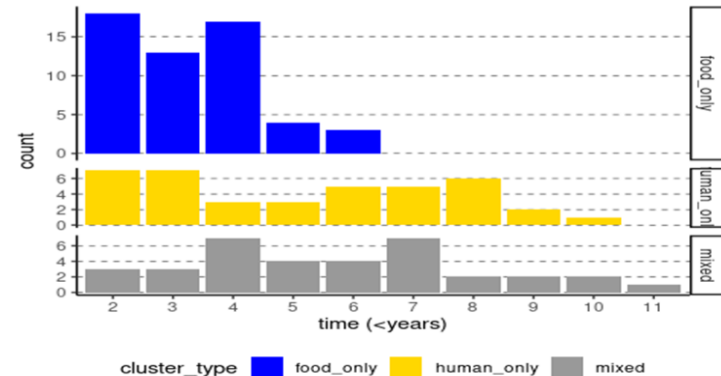
## Survenue fréquente de clusters mixtes humains et alimentaires

2020: 23 groupes de cas;  
15/23 groupés avec séquence alimentaire;  
Les 3 plus important clusters "résolus" :  
fromage de chèvre ; filet de truite ; anguille



## Identification des clusters persistants

- 2010-2020: 60% des clusters sur plusieurs années
- Meilleure attribution de source au niveau de l'usine puis au niveau de l'aliment



## Conclusions et perspectives

- Le partage de données intersectorielles est essentiel pour une enquête rapide et efficace sur les épidémies (*Listeria* !)
- Le WGS fournit des données sans ambiguïté pour le partage
- Les risques liés à la législation sur la protection de la vie privée (RGPD) sont minimisés en ne partageant que les données WGS
- Elargissement aux données vétérinaires et environnementales