

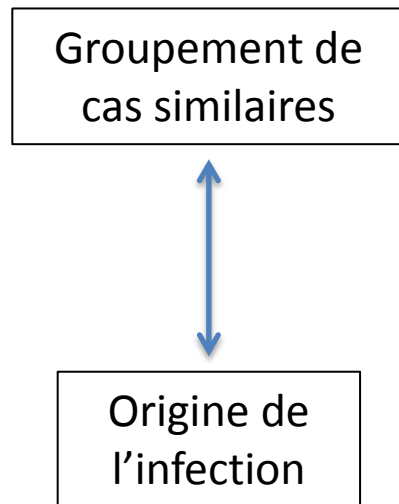
ATTRIBUTION DE SOURCE DES TIA

André Ravel doct. vet., Ph.D.
Professeur agrégé

Définition attribution

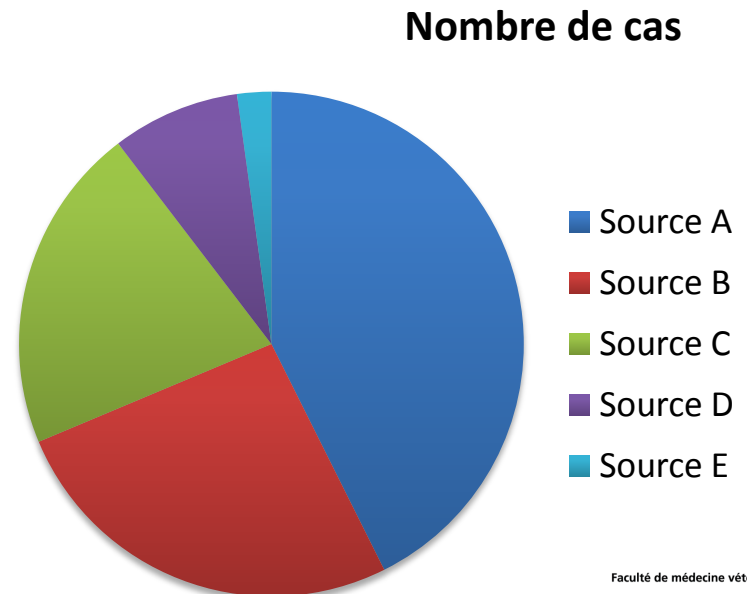
évènementielle

Lien causal entre des cas humains de TIA et l'origine alimentaire (ou autre) de leur infection

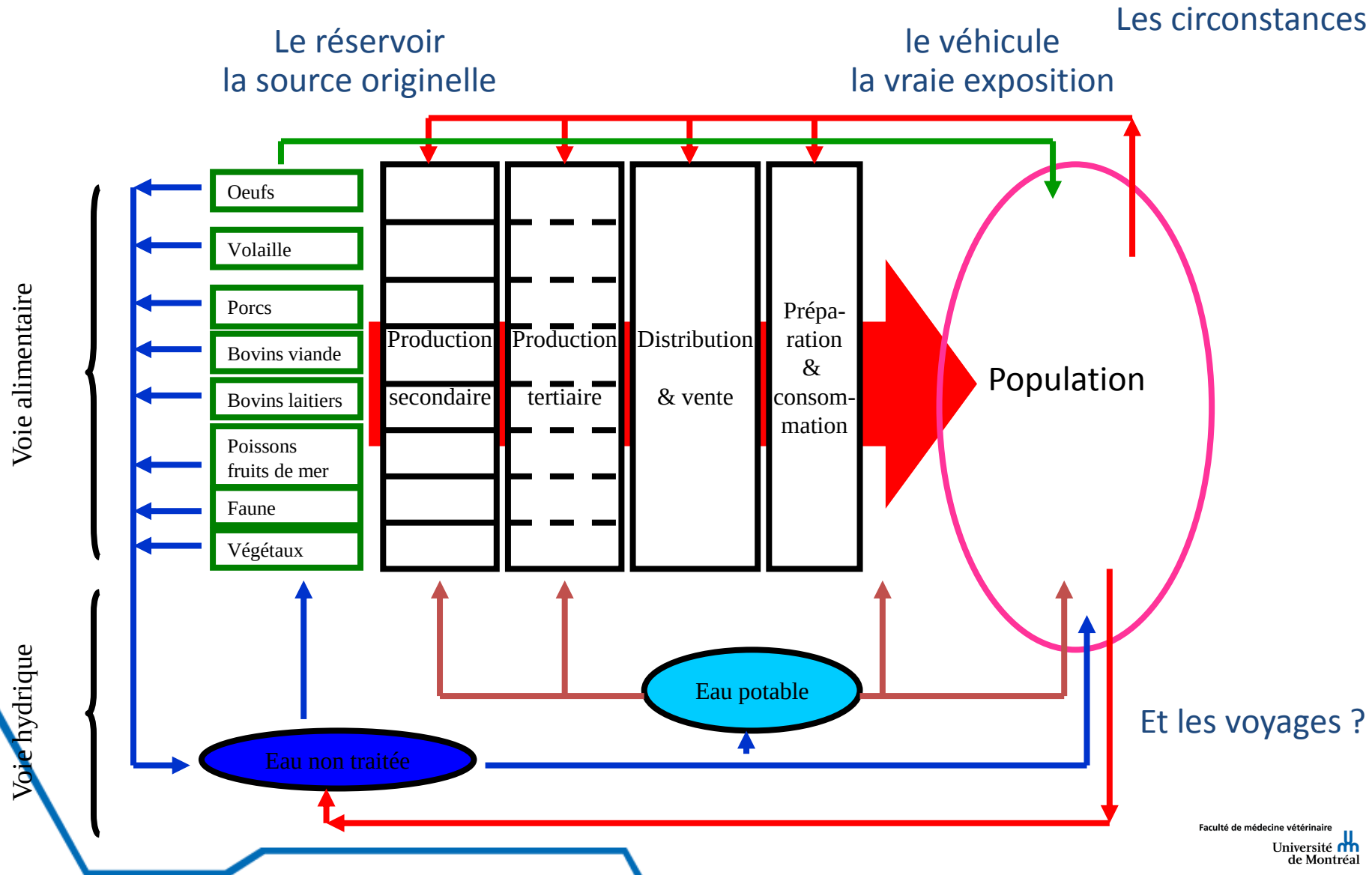


populationnelle

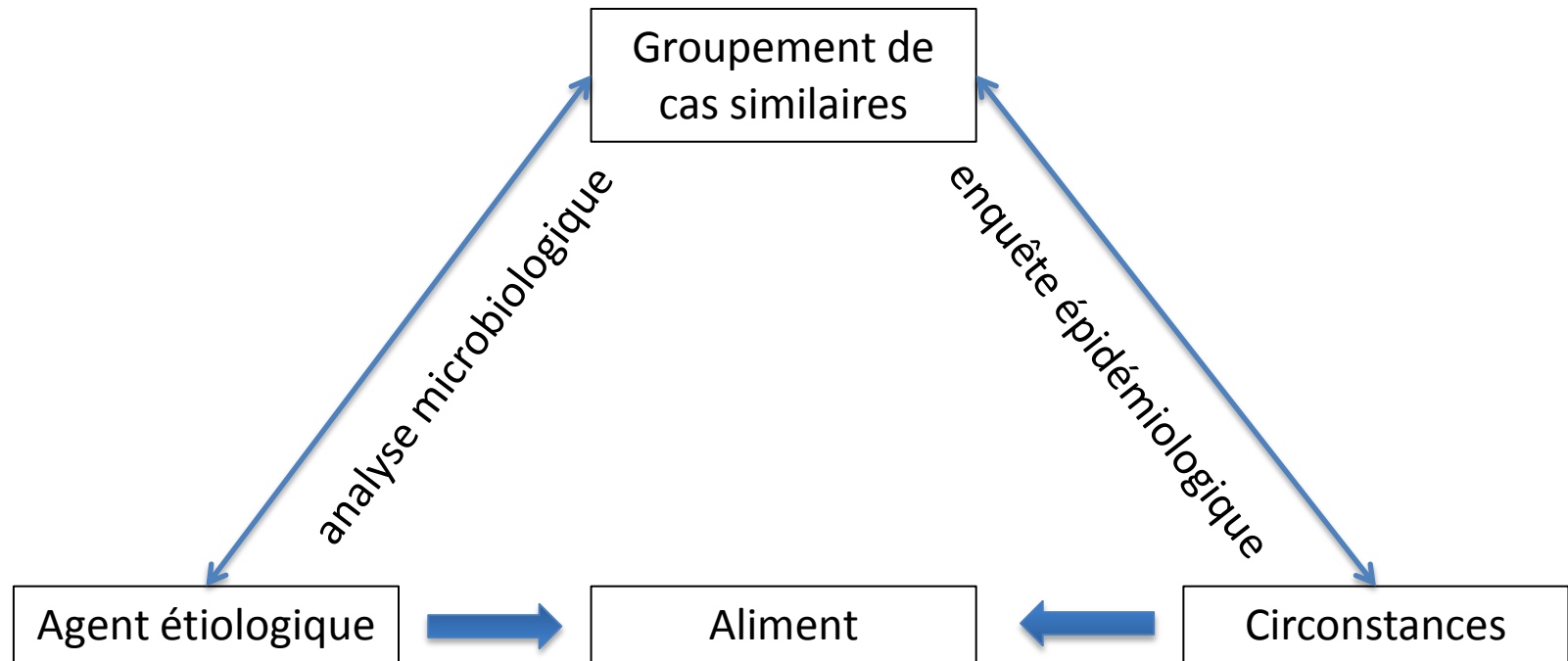
Répartition des cas humains d'une maladie au sein de la population en fonction des origines spécifiques



Définition source



Attribution événementielle



Attribution événementielle

Journal of Food Protection, Vol. 75, No. 5, 2102, Pages 812–818
doi:10.4315/0362-028X.JFP-11-385
Copyright ©, International Association for Food Protection

***Escherichia coli* O157:H7 Outbreak Linked to Raw Milk Cheese in Quebec, Canada: Use of Exact Probability Calculation and Case-Case Study Approaches to Foodborne Outbreak Investigation**

COLETTE GAULIN,^{1*} ERIC LEVAC,² DANIELLE RAMSAY,³ RÉJEAN DION,⁴ JOHANNE ISMAÏL,⁴ SUZANNE GINGRAS,⁵
AND CHRISTINE LACROIX^{2,6}

¹Ministère de la Santé et des Services sociaux, 1075 chemin Ste-Foy, Québec, Province de Québec, Canada G1S 2M1; ²Agence de la santé et des Services sociaux de la Montérégie, 1255 rue Beauregard, Longueuil, Province de Québec, Canada J4K 2M3; ³Ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation du Québec, 200 chemin Ste-Foy, Québec, Province de Québec, Canada G1R 4X6; ⁴Laboratoire de santé publique du Québec 20045 Chemin Sainte-Marie, Sainte-Anne de Bellevue, Québec, Canada H9X 3R5; ⁵Institut national de santé publique du Québec, 1000, route de l'Église, Québec, Canada G1V 3V9; and ⁶Université de Sherbrooke, Département des sciences de la santé communautaire, 2500 rue de l'Université, Sherbrooke, Province de Québec, Canada J1K 2R1

analyse microbiolog.

Agent étiologique

E. coli O157:H7 EGPC EC 849
ECXAI.2091/ECBNI.0570

Aliment

enquête épidémiologique

Descriptif: 3 des 6 EC849
avaient consommé un
certain fromage

Étude cas-cas
16 EC 849
contre
12 non EC849

Circonstances

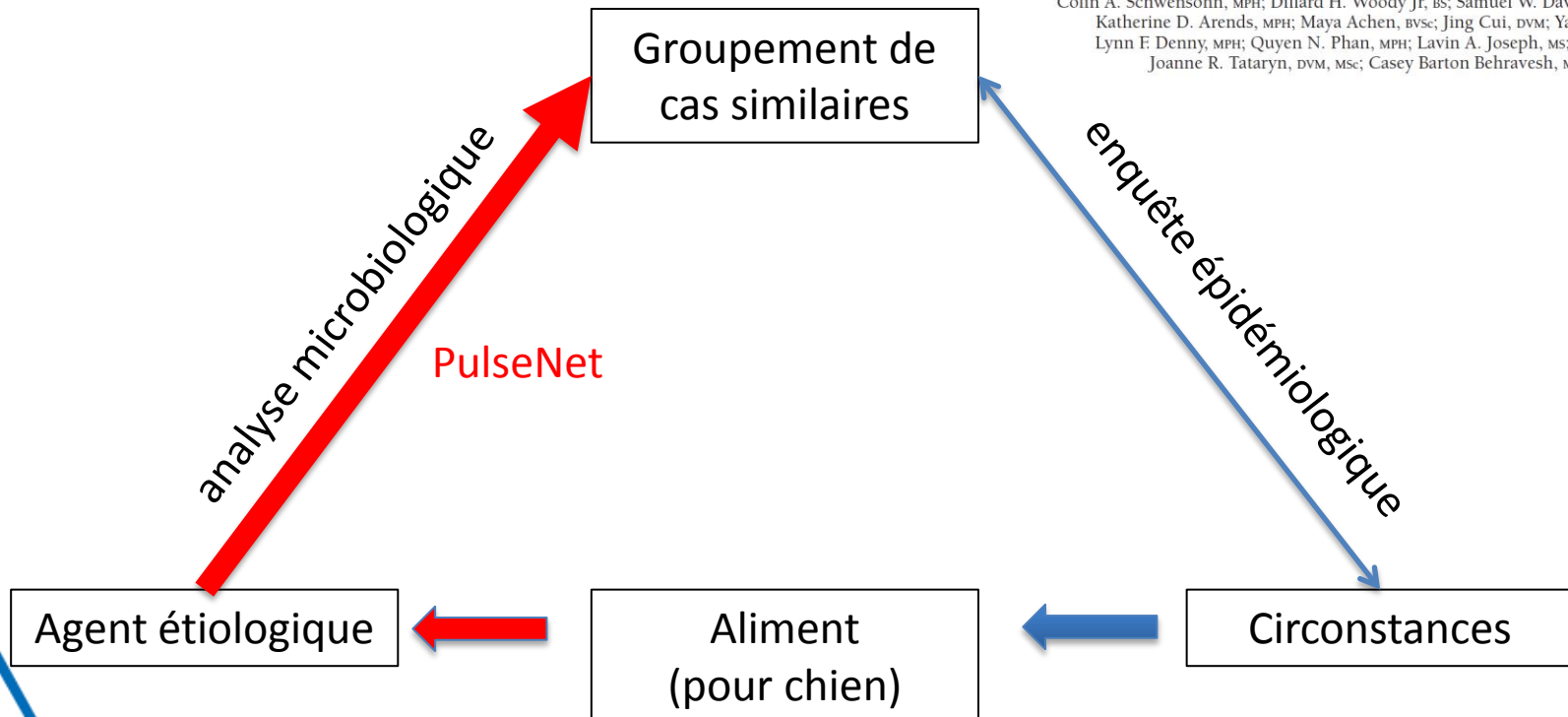
Attribution événementielle

JAVMA, Vol 244, No. 5, March 1, 2014

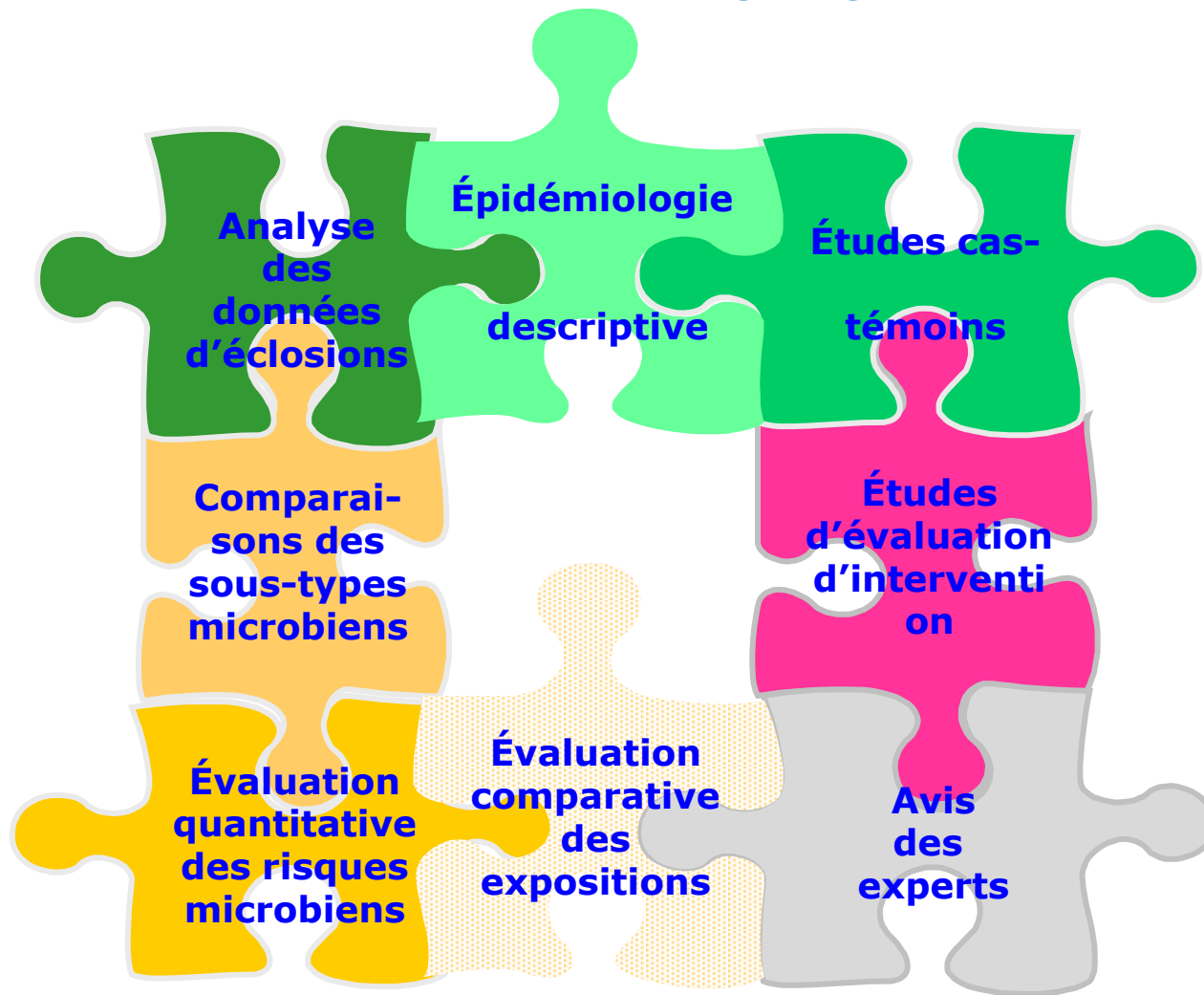
Public Veterinary Medicine:
Public Health

**Outbreak of *Salmonella enterica* serotype
Infantis infection in humans linked to dry
dog food in the United States and Canada, 2012**

Maho Imanishi, VMD, MPH; David S. Rotstein, DVM, MPVM; Renate Reimschuessel, VMD, PhD;
Colin A. Schwensohn, MPH; Dillard H. Woody Jr, BS; Samuel W. Davis, BS; April D. Hunt, JD;
Katherine D. Arends, MPH; Maya Achen, BVSc; Jing Cui, DVM; Yan Zhang, DVM, PhD;
Lynn F. Denny, MPH; Quyen N. Phan, MPH; Lavin A. Joseph, MS; Carla C. Tuite, MS;
Joanne R. Tataryn, DVM, MSc; Casey Barton Behravesh, MS, DVM, DPH



Méthodes attribution populationnelle

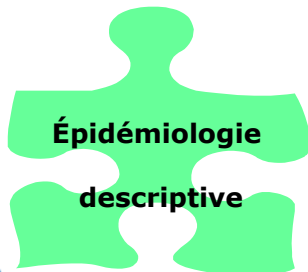


Méthodes épidémiologiques



- ✓ Pour les écloisons résolues
- ✓ Représentativité des écloisons
- ✓ Qualité des données
- ✓ Traitement des plats à ingrédient multiple
- ✓ **Ravel A**, Greig J, Todd E, Tinga C, et al. *Estimating Human Gastrointestinal Illness Attribution in Canada through Foodborne Outbreak Data Analysis*. Journal of Food Protection 2009, 72 (9): 1963-1976.

- ✓ Études individuelles
- ✓ Revue systématique: salmonellose et campylobactériose
- ✓ Fraction attribuable
- ✓ Selon facteurs de risque considérés



- ✓ 24% des cas de maladies entériques sporadiques sont acquis lors de voyage internationaux (Campy 20%, toutes les Salmonella 25%, S. Enteritidis 45%)
- ✓ **Ravel A**, Nesbitt A, Sittler N, Marshall B, Pollari F. *Description and burden of travel-related cases caused by enteropathogens reported in a Canadian community*. Journal of Travel Medicine 2011, 18(1): 8-19

Comparaison des
sous-types
microbiologiques

Principe: caractérisation plusieurs sources et comparaison avec souches humaines

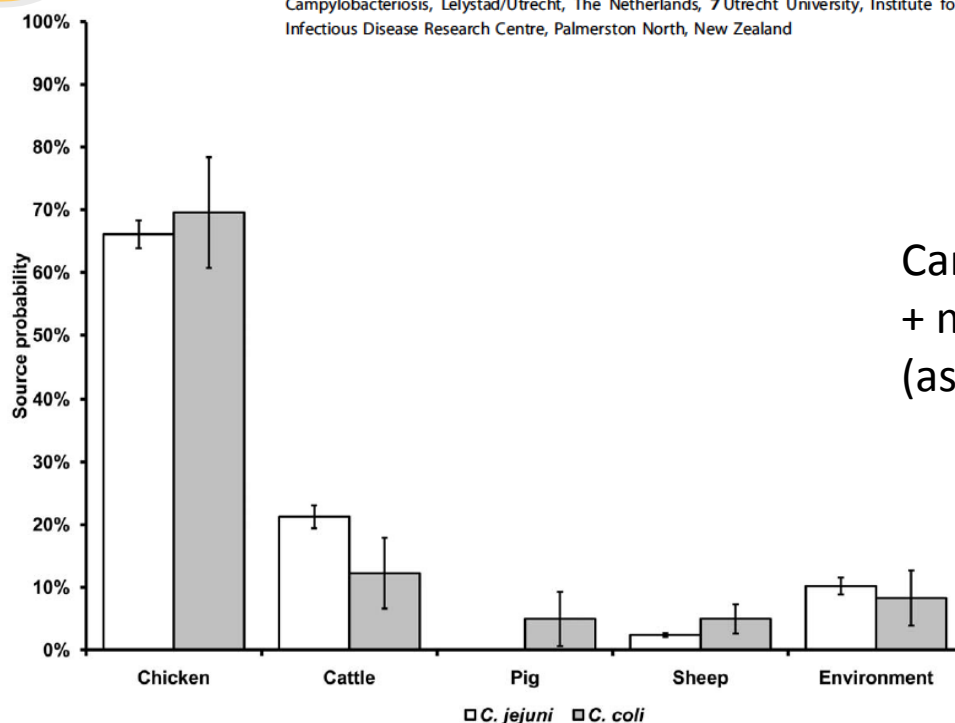
- Caractérisation microbiologique:
 - Phénotypique: sérotype, lisotype, résistance
 - Génotypique: EGCP, MLST, CGF, ... , génome
- Comparaison épidémio-génético-mathématique:
 - Proportionnelle à la fréquence de détection
 - Proportionnelle à la «prévalence»
 - Modèle bayésien
 - Modèle génétique (asymmetric island model)

Comparaison des sous-types microbiologiques

Risk Factors for Campylobacteriosis of Chicken, Ruminant, and Environmental Origin: A Combined Case-Control and Source Attribution Analysis

Lapo Mughini Gras^{1,2,3,*}, Joost H. Smid^{2,3}, Jaap A. Wagenaar^{4,5,6}, Albert G. de Boer⁴, Arie H. Havelaar^{2,7}, Ingrid H. M. Friesema², Nigel P. French⁸, Luca Busani¹, Wilfrid van Pelt²

1 Istituto Superiore di Sanità, Department of Veterinary Public Health and Food Safety, Rome, Italy, **2** National Institute of Public Health and the Environment (RIVM), Centre for Infectious Disease Control, Bilthoven, The Netherlands, **3** Bologna University, Department of Veterinary Medical Sciences, Bologna, Italy, **4** Central Veterinary Institute of Wageningen UR, Department of Bacteriology and TSEs, Lelystad, The Netherlands, **5** Utrecht University, Department of Infectious Diseases and Immunology, Utrecht, The Netherlands, **6** World Health Organization Collaborating Centre for Reference and Research on Campylobacter/OIE Reference Laboratory for Campylobacteriosis, Lelystad/Utrecht, The Netherlands, **7** Utrecht University, Institute for Risk Assessment Sciences, Utrecht, The Netherlands, **8** Massey University, Infectious Disease Research Centre, Palmerston North, New Zealand



Caractérisation par MLST
+ modèle génétique
(asymmetric island model)

Figure 4. Overall mean probability (%) and 95% confidence interval for human *C. jejuni* (n=696) and *C. coli* (n=41) infections to originate from chicken, cattle, pig, sheep, and the environment.
doi:10.1371/journal.pone.0042599.g004

Comparaison des sous-types microbiologiques

OPEN ACCESS Freely available online

PLOS ONE

Source Attribution of Human *Campylobacter* Isolates by MLST and *Fla*-Typing and Association of Genotypes with Quinolone Resistance

Sonja Kittl¹, Gerald Heckel^{2,3}, Bożena M. Korczak¹, Peter Kuhnert^{1*}

¹ Institute of Veterinary Bacteriology, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Bern, Switzerland, ² Institute of Ecology and Evolution, University of Bern, Bern, Switzerland, ³ Swiss Institute of Bioinformatics, Lausanne, Switzerland



C. jejuni



C. coli

Figure 1. STRUCTURE source attribution of human *C. jejuni* and *C. coli* isolates. Single isolates are represented by vertical lines; the probability of attribution to the different source clusters is indicated by the color. Attribution to the chicken cluster is shown in blue, cattle cluster in green, dog cluster in red and pig cluster in yellow.

doi: 10.1371/journal.pone.0081796.g001

**Comparaison des
sous-types
microbiologiques**

Conditions pour réussite

- Des échantillons représentatifs de toutes les sources pertinentes et en nombre suffisant
- Une caractérisation bactériologique juste et suffisamment discriminante (selon la bactérie)
- Une bonne spécificités de certains types bactériens à certaines sources
- Des souches humaines en nombre suffisant

Conclusion

- Deux niveaux d'attribution: événementielle et populationnelle
- Différents niveaux de sources: réservoir et véhicule
- Différents buts et différents utilités
- Combinaison gagnante d'approches épidémiologique et microbiologique