

Critères d'interprétation pour l'électrophorèse en champ pulsé (ECP) et la MLVA

En vue de déterminer quelle est la probabilité que les isolats soient liés et proviennent d'une même source, des analyses moléculaires ou génétiques sont effectuées. La caractérisation moléculaire/génétique est un élément important d'une enquête : les isolats ayant des empreintes ou des profils génétiques correspondants sont plus susceptibles de provenir d'une même source ou d'avoir un lien épidémiologique que les isolats aux profils différents. Si les agents pathogènes sont repérés dans un échantillon de nourriture, leur profil génétique est comparé à ceux qui ont été isolés chez les cas humains dans le cadre de l'enquête sur l'éclosion afin de déterminer si les isolats « correspondant » fournissent des données probantes importantes pour une enquête sur l'éclosion. Les méthodes de laboratoire servant à l'établissement de profils génétiques et les critères d'interprétation des résultats sont adaptés des procédures du réseau PulseNet Canada. L'électrophorèse en champ pulsé (ECP) est la méthode de référence (« étalon-or ») pour comparer les profils génétiques de la plupart des pathogènes bactériens d'origine alimentaire. D'autres méthodes peuvent être appliquées, comme l'Analyse multilocus du polymorphisme de séquences répétées en tandem (MLVA), en particulier pour la bactérie *E. coli* O157:H7.

Les tableaux suivants présentent des détails sur la force des données probantes pour ces résultats. Ces critères servent à évaluer les correspondances entre les cas humains et les correspondances entre les isolats provenant des aliments et les cas humains.

Force de la preuve microbiologique : Critères d'interprétation pour déterminer les correspondances entre les isolats par électrophorèse en champ pulsé – *E. coli* O157:H7, autre que *E. coli* producteur de vérotoxine O157, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella*, *Shigella* et *Vibrio*.

Critère	Nature des données probantes de l'électrophorèse en champ pulsé	Poids
A. Est-ce que l'organisme démontre une diversité convenable par électrophorèse en champ pulsé?	<p>Selon les données historiques, l'organisme démontre une diversité convenable par électrophorèse en champ pulsé; les cas sporadiques historiques démontrent divers profils d'ECP.</p> <p>L'analyse par d'autres méthodes de laboratoire appropriées fournit des caractéristiques significatives qui lient deux isolats ou plus avec un degré élevé de confiance.</p> <p>Il existe peu ou pas de données historiques au sujet de cet organisme.</p>	Fort
	<p>Selon les données historiques, l'organisme démontre peu de diversité par électrophorèse en champ pulsé; un pourcentage important de cas sporadiques présente des profils d'ECP indistinguables ou fortement semblables.</p>	Faible
B. Est-ce que les profils d'ECP sont indistinguables pour les 2 enzymes?	<p>Les profils d'ECP sont indistinguables dans le cas des deux enzymes.</p>	Fort
	<p>Les isolats ont des profils d'ECP indistinguables pour la 1^{re} enzyme et distinguables pour la 2^e enzyme; on considère que les différences sont mineures (pourcentage élevé de similarité).</p> <p>Les isolats ont des profils d'ECP distinguables pour la 1^{re} et la 2^e enzyme; on considère que les différences sont mineures (pourcentage élevé de similarité).</p>	Fort
	<p>Les profils d'ECP des isolats cliniques et alimentaires ne s'apparient pas (p. ex. bandes multiples, plus faible pourcentage de similarité).</p>	Faible

C. Quelle est la fréquence historique de la combinaison des deux enzymes des profils d'ECP?	Le profil d'ECP (ou la combinaison d'enzymes) est nouveau.	Fort
	Selon les données historiques au sujet de la fréquence des profils, le profil d'ECP en question n'est pas commun.	
	Selon les données historiques au sujet de la fréquence des profils, le profil d'ECP en question est commun.	Faible

Force de la preuve microbiologique : Critères d'interprétation pour déterminer les correspondances entre les isolats par MLVA – *E. coli* O157:H7

La MLVA est couramment utilisée pour caractériser les isolats d'*E. coli* O157:H7 en tant que méthode complémentaire à l'analyse primaire (ECP). Ensemble, l'électrophorèse en champ pulsé et la MLVA permettent une distinction optimale pour détecter la présence d'*E. coli* O157:H7. La MLVA donne des renseignements supplémentaires qui contribuent au poids de la preuve. Les critères d'interprétation, appliqués conjointement à l'interprétation des résultats de l'électrophorèse en champ pulsé, sont décrits dans le tableau ci-dessous.

Critère	Nature des données probantes de la MLVA – <i>E. coli</i> O157:H7	Poids
A. Les isolats diffèrent-ils au locus VNTR 34?	Les isolats ont le même nombre de répétitions au locus VNTR 34.	Fort
	Les isolats ont différents nombres de répétitions au locus VNTR 34.	Faible
<i>Les souches qui présentent des différences au niveau du locus VNTR 34 sont peu susceptibles d'être liées.</i>		
B. Les isolats sont-ils les mêmes aux sept autres locus?	Les isolats ont le même nombre de répétitions à tous les locus, OU ils présentent trois différences de répétition (ou moins) jusqu'à concurrence de un locus, OU ils présentent un maximum de une différence de répétition jusqu'à concurrence de trois locus (sauf au locus VNTR 34).	Fort
	Les isolats diffèrent de plus de trois répétitions à un seul locus ou ils diffèrent de plus de une répétition à trois locus ou plus.	Faible

Analyses supplémentaires :

Pour d'autres pathogènes d'origine alimentaire, dont les parasites et les virus d'origine alimentaire, il arrive que des analyses génétiques normalisées ne soient pas menées de manière systématique par le réseau PulseNet Canada, ou qu'il n'existe pas de méthodes adaptées. Pour chaque situation et en consultation avec les intervenants, on décide d'épreuves de laboratoire à mettre en place et de leur interprétation.

Bien que l'électrophorèse en champ pulsé et la méthode MLVA soient les méthodes de sous-typage de référence (« étalon-or ») pour les pathogènes bactériens d'origine alimentaire, de nouvelles méthodes sont mises au point pour établir le profil génétique, notamment le séquençage du génome entier. Ces travaux de recherche et de développement sont menés afin de veiller à ce que les meilleures technologies et les connaissances scientifiques

les plus récentes soient disponibles pour réaliser les enquêtes sur les cas de maladies d'origine alimentaire, sans oublier l'application de critères d'interprétation validés et l'évaluation du poids de la preuve. Lorsque de nouvelles analyses sont employées au cours d'enquêtes sur des éclosions à cette fin, elles sont appliquées en parallèle des analyses principales et sont soigneusement interprétées au cas par cas.