# Programme national de surveillance des maladies entériques (PNSME)

**SOMMAIRE ANNUEL 2017** 





## PROMOUVOIR ET PROTÉGER LA SANTÉ DES CANADIENS GRÂCE AU LEADERSHIP, AUX PARTENARIATS, À L'INNOVATION ET AUX INTERVENTIONS DANS LE DOMAINE DE LA SANTÉ PUBLIQUE.

—Agence de la santé publique du Canada

Also available in English under the title: National Enteric Surveillance Program (NESP) – Annual Summary 2017

Pour obtenir des copies supplémentaires, veuillez communiquer avec :

Agence de la santé publique du Canada Indice de l'adresse : 0900C2

Ottawa (Ontario) K1A 0K9 Tél. : 613 957-2991

Sans frais : 1 866 225-0709 Télécopieur : 613 941-5366 ATS : 1 800 465-7735

Courriel: publications@hc-sc.gc.ca

On peut obtenir, sur demande, la présente publication en formats de substitution.

© Sa Majesté la Reine du chef du Canada, représentée par la ministre de Santé Canada, 2018

Date de publication : octobre 2018

La présente publication peut être reproduite sans autorisation pour usage personnel ou interne seulement, dans la mesure où la source est indiquée en entier. Toutefois, la reproduction en multiples exemplaires de cette publication, en tout ou en partie, à des fins commerciales ou de redistribution est interdite sans avoir obtenu l'autorisation écrite préalable de la ministre des Services publics et de l'Approvisionnement du Canada, Ottawa (Ontario) K1A 0S5 ou avoir écrit à copyright.droitdauteur@pwgsc.gc.ca.

Citation suggérée : Gouvernement du Canada. Programme national de surveillance des maladies entériques : sommaire annuel 2017 : Agence de la santé publique du Canada, Guelph, 2018.

Cat. : HP37-15F-PDF ISBN : 2292-857X Pub. : 180279

## PROGRAMME NATIONAL DE SURVEILLANCE DES MALADIES ENTÉRIQUES (PNSME)

#### **SOMMAIRE ANNUEL 2017**

INCLUANT DES TABLEAUX SUR LES SÉROTYPES ET LES LYSOTYPES POUR L'ANNÉE 2017, PNSME ET LNM

Le Laboratoire national de microbiologie (LNM)
et le Centre des maladies infectieuses d'origine alimentaire, environnementale
et zoonotique (CMIOAEZ),
l'Agence de la santé publique du Canada

et

les laboratoires provinciaux de santé publique

#### Remerciements

## Programme national de surveillance des maladies entériques (PNSME)

## Équipe de coordination :

Celine Nadon, chef, Section des maladies entériques, Laboratoire national de microbiologie (LNM)

Sara Christianson, chef de section, Unité des services de référence, Section des maladies entériques, LNM

Lori Lozinski, commis à la surveillance, Section des maladies entériques, LNM

Stephen Parker, gestionnaire, Division de la surveillance de la RAM et des maladies d'origine alimentaire (DSRMOA),

Centre des maladies infectieuses d'origine alimentaire, environnementale et zoonotique (CMIOAEZ)

Kimberly Nguy, épidémiologiste, DSRMOA, CMIOAEZ

## Laboratoires partenaires provinciaux :

Laboratoire de santé publique du centre de lutte contre la maladie de Colombie-Britannique Laboratoire provincial de santé publique de l'Alberta

Laboratoire de lutte contre les maladies de la Saskatchewan

Laboratoire provincial de microbiologie de Cadham (Manitoba)

Santé publique Ontario

Institut national de santé publique du Québec (INSPQ)

Laboratoires de santé publique du Nouveau-Brunswick

Laboratoires de santé publique de la Nouvelle-Écosse

Laboratoires de santé publique de l'Île-du-Prince-Édouard

Laboratoires de santé publique de Terre-Neuve-et-Labrador

## Partenaires provinciaux et territoriaux en épidémiologie :

Centre de contrôle des maladies de la Colombie-Britannique

Santé Alberta

Ministère de la Santé de la Saskatchewan

Santé Manitoba

Santé publique Ontario

Ministère de la Santé et des Services sociaux du Québec

Santé Nouveau-Brunswick

Ministère de la Santé et du Mieux-être de la Nouvelle-Écosse

Ministère de la Santé et du Mieux-être de l'Île-du-Prince-Édouard

Ministère de la Santé et des Services communautaires de Terre-Neuve-et-Labrador

Ministère de la Santé et des Services sociaux du Yukon

Ministère de la Santé et des Services sociaux des Territoires du Nord-Ouest

Ministère de la Santé et des Services sociaux du Nunavut

## Sommaire

Le Programme national de surveillance des maladies entériques (PNSME) est un programme de collaboration entre l'Agence de la santé publique du Canada (ASPC) et les différents laboratoires provinciaux de santé publique. L'équipe du PNSME effectue des analyses et produit des rapports hebdomadaires sur 14 organismes différents à l'origine de maladies entériques, dont 10 doivent être obligatoirement déclarés à l'échelle nationale. Conçues de manière à s'intégrer aux efforts nationaux et internationaux visant à limiter la transmission des maladies entériques, les données tirées du système de surveillance permettent de détecter des éclosions et des grappes multiprovinciales, ainsi que d'orienter les interventions en santé publique.

En 2017, 14 888 résultats d'analyses ont été transmis au PNSME, ce qui représente une baisse par rapport au nombre moyen d'avis reçus au cours des cinq années précédentes (16 043). Salmonella spp. continue d'être l'organisme le plus fréquemment identifié, 7 313 avis ayant été envoyés à l'équipe du PNSME en 2017, ce qui représente 49 % de tous les isolats déclarés cette année-là. Comme pour les années précédentes, Salmonella Enteritidis (45 %), S. Typhimurium (8 %) et S. Heidelberg (6 %) demeurent les trois principaux sérotypes de l'ensemble des sérotypes de Salmonella déclarés au PNSME en 2017, représentant 59 % de tous les sérotypes identifiés.

Le taux d'incidence d'*Escherichia coli* productrices de shigatoxines (STEC) O157 est demeuré stable depuis 2010, alors que 0,95 cas pour 100 000 habitants a été signalé au PNSME en 2017. On a observé de 2016 à 2017 une hausse importante du taux d'incidence d'isolats autre que les isolats O157, soit 1,12 cas pour 100 000 habitants. C'est la première année où l'on a découvert moins d'isolats O157 que d'autres isolats. On a constaté une légère baisse de l'utilisation de tests diagnostiques indépendants de la culture (TDIC) (de 20 % en 2016 à 13 % en 2017), qui permettent d'identifier un organisme, mais ne fournissent pas d'isolat pour un sous-typage approfondi.

L'incidence de listériose invasive en 2017 était de 0,3 cas pour 100 000 habitants, soit le taux le plus faible jamais déclaré au PNSME depuis l'inclusion de *Listeria monocytogenes* en 2011. En revanche, au cours de la période de cinq ans pendant laquelle l'hépatite A a fait l'objet d'une surveillance nationale, c'est en 2017 que l'incidence la plus élevée a été signalée dans le cadre

du programme (0,79 cas pour 100 000 habitants). À l'instar des années précédentes, la majorité des espèces de *Shigella* qui ont été déclarées au PNSME étaient des *Shigella sonnei*, ce qui représente 58 % de toutes les espèces signalées en 2017. Les tendances pour les autres espèces de *Shigella* n'ont pas changé depuis 20 ans. On a toutefois observé une légère diminution du taux d'incidence global en 2017.

## Table des matières

REMERCIEMENTS	2
SOMMAIRE	3
RENSEIGNEMENTS UTILES AU LECTEUR AU SUJET DU PROGRAMME NATIONAL DE SURVEILLANCE DES MALADIES ENTÉRIQUES (PNSME)	7
NOMBRES D'ISOLATS CONFIRMÉS EN LABORATOIRE ET TAUX D'INCIDENCE	11
SALMONELLE	13
ESCHERICHIA COLI	20
LISTERIA MONOCYTOGENES	23
SHIGELLA	24
HÉPATITE A	25
Tableaux	
TABLEAU 1. NOMBRE D'ISOLATS DÉCLARÉS AU PNSME PAR GRAND GROUPE D'ORGANISMES PAR PROVINCE OU TERRITOIRE, 2017	11
TABLEAU 2. TOTAUX ET TAUX NATIONAUX ANNUELS (POUR 100 000 HABITANTS) DES AGENTS PATHOGÈNES ENTÉRIQUES ET DES GROUPES D'ORGANISMES DÉCLARÉS À L'ÉQUIPE DU PNSME, 2012-2017	12
TABLEAU 3. TAUX ANNUELS¹ (POUR 100 000 HABITANTS) D'INFECTION PAR PROVINCE OU TERRITOIRE DES GROUPES SÉLECTIONNÉS DES AGENTS PATHOGÈNES COURAMMENT DÉCLARÉS À L'ÉQUIPE DU PNSME, 2017	12
TABLEAU 4. NOMBRE D'ISOLATS DÉCLARÉS AU PNSME PAR PROVINCE ET PAR TERRITOIRE SUR LES DIX SÉROTYPES DE <i>SALMONELLA</i> LES PLUS DÉCLARÉS, 2017	
TABLEAU 5. DÉNOMBREMENTS NATIONAUX (CLASSIFICATION GÉNÉRALE) DES SÉROTYPES DE <i>SALMONELLA</i> LES PLUS DÉCLARÉS AU PNSME (2012-2017)	15
Figures	
FIGURE 1. PROPORTION DES SÉROTYPES DE <i>SALMONELLA</i> RESPONSABLES DE MALADIES HUMAINES QUI SONT DÉCLARÉES À L'ÉQUIPE DU PNSME, 2017 (N = 7 313)	13
FIGURE 2. DÉNOMBREMENTS ANNUELS ENTRE 2008 ET 2017 DES CINQ SÉROTYPES DE <i>SALMONELLA</i> LES PLUS DÉCLARÉS AU PNSME EN 2017	14
FIGURE 3. TAUX D'INCIDENCE RELATIFS¹ DE S. ENTERITIDIS, DE S. HEIDELBERG, DE S. TYPHIMURIUM ET D'AUTRES SÉROTYPES DE	

SALMONELLE DÉCLARÉS AU PNSME PAR ANNÉE, DE 2013 À 2017, COMPARATIVEMENT À LA PÉRIODE DE RÉFÉRENCE DE 2008 À 2012	17
FIGURE 4. NOMBRE TOTAL D'ISOLATS DES QUATRE LYSOTYPES LES PLUS FRÉQUENTS DE S. ENTERITIDIS, DE S. TYPHIMURIUM ET DE S. HEIDELBERG, DÉCLARÉS PAR LE LABORATOIRE NATIONAL DE MICROBIOLOGIE, 2010-2017	18
FIGURE 6. TAUX D'INCIDENCE (POUR 100 000 HABITANTS) DES SÉROTYPES NON TYPÉS D' <i>E. COLI</i> O157, DES <i>E. COLI</i> AUTRES QUE O157 ET DES <i>E. COLI</i> QUI ONT ÉTÉ DÉCLARÉS AU PNSME, 1997-2017	21
FIGURE 7. RÉPARTITION DES SÉROTYPES D' <i>E. COLI</i> AUTRES QUE O157 QUI ONT ÉTÉ DÉCLARÉS AU PNSME EN 2017	21
FIGURE 8. TAUX D'INCIDENCE (POUR 100 000 HABITANTS) DES CINQ SÉROTYPES D' <i>E. COLI</i> AUTRES QUE O157 LES PLUS DÉCLARÉS AU PNSME, 1997-2017	22
FIGURE 9. TAUX D'INCIDENCE (POUR 100 000 HABITANTS) DE LISTÉRIOSE INVASIVE DÉCLARÉS AU PNSME PAR PROVINCE, DE 2010 À 2017	23
FIGURE 10. TAUX D'INCIDENCE (POUR 100 000 HABITANTS) DE L'ESPÈCE SHIGELLA DÉCLARÉ AU PNSME, 1997-2017	24
FIGURE 11. TAUX D'INCIDENCE (POUR 100 000 HABITANTS) NATIONAUX ET PROVINCIAUX DE L'HÉPATITE A DÉCLARÉS AU PNSME, 2013-2017	25
Appendices	
APPENDICE 1. COMPARAISON ENTRE LES NOMBRES TOTAUX NATIONAUX DE MALADIES ENTÉRIQUES, L'INCIDENCE POUR 100 000 HABITANTS ET LA PROPORTION DES CAS DÉTECTÉS PAR LE SCSMDO ET PAR LE PNSME, 2016 <sup>1</sup>	26
APPENDICE 2. DONNÉES SUR LES ESPÈCES ET LES SÉROTYPES DÉCLARÉS AU PNSME PAR PROVINCE ET TERRITOIRE, 2017	
APPENDICE 3. LYSOTYPES DES ISOLATS SOUMIS AU LNM, 2017	

## Renseignements utiles au lecteur au sujet du Programme national de surveillance des maladies entériques (PNSME)

Au Canada, la surveillance des maladies entériques est effectuée par le Programme national de surveillance des maladies entériques (PNSME) et le Système canadien de surveillance des maladies à déclaration obligatoire (SCSMDO)<sup>a</sup>. Le Programme est administré conjointement par le Laboratoire national de microbiologie (LNM) et le Centre des maladies infectieuses d'origine alimentaire, environnementale et zoonotique de l'ASPC (CMIOAEZ). Depuis 1997, il fournit des analyses et des rapports hebdomadaires sur les cas de maladies entériques confirmés en laboratoire qui sont soumis par les laboratoires provinciaux de santé publique.

Le PNSME découvre sans tarder le premier niveau de caractérisation (l'espèce et le sérotype surtout) de données qui sont essentielles et intégrées aux autres programmes de surveillance. Le suivi des données cumulatives permet l'évaluation rapide des éclosions d'entéropathies et une intervention tout aussi rapide. En outre, ces données permettent de décrire les tendances chez les sous-types de pathogènes et de connaître l'incidence des entéropathogènes à déclaration obligatoire au Canada. Le SCSMDO reçoit les données recueillies par les services de santé locaux, acheminées aux autorités sanitaires provinciales ou territoriales et agrégées par le Centre de la lutte contre les maladies transmissibles et les infections (CLMTI) de l'Agence. Même si elles peuvent constituer des indicateurs plus fiables des nombres totaux de maladies annuelles, le SCSMDO n'est pas conçu pour fournir rapidement les renseignements dont on a besoin pour détecter les grappes ou les éclosions. Bien que ces deux systèmes de surveillance (le SCSMDO et le PNSME) se complètent l'un autre en fournissant tous deux des résultats épidémiologiques et de laboratoire, leurs résultats ne concordent pas toujours cependant. En raison de ses protocoles et de ses normes en matière de déclaration, le SCSMDO est plus fiable pour ce qui est du nombre total de maladies, tandis que le PNSME est plus à jour et suit les tendances de plus près. Vous trouverez d'ailleurs à l'appendice 1 la comparaison des dénombrements de cas nationaux et du taux d'incidence des maladies entériques.

<sup>&</sup>lt;sup>a</sup> Système canadien de surveillance des maladies à déclaration obligatoire, Agence de la santé publique du Canada : https://diseases.canada.ca/notifiable/

De plus, le PNSME complète très bien un autre système de surveillance en laboratoire : PulseNet Canada<sup>b</sup>. Aussi administré par l'ASPC, PulseNet Canada recueille en temps réel des données à haute résolution sur les cas d'entéropathies afin de détecter les éclosions et d'intervenir. Étant donné que PulseNet mène des tests supplémentaires (le sous-typage moléculaire ou génomique), le processus ne prend pas le même temps qu'au PNSME, qui fournit des données hebdomadaires. En outre, il ne surveille qu'une partie des organismes suivis par le Programme.

De plus en plus, on recueille les données de surveillance à l'aide du séquençage du génome entier plutôt que par des méthodes microbiologiques traditionnelles. Cela dit, la plupart des données du Programme peuvent être dérivées des données de la séquence du génome entier data *in silicio* (identification de l'espèce, sérotype). Ainsi, plus de deux décennies de données servant aux analyses du PNSME demeureront compatibles avec la surveillance à l'ère de la génomique. Dès 2018, une partie des données recueillies et analysées par le Programme auront été générées par séquençage du génome entier.

#### Collecte des données

Les isolats (ou les échantillons) sont soumis aux laboratoires de microbiologie provinciaux aux fins de dépistage ou de confirmation de l'entéropathogène. Une fois par semaine, chaque LPSP consigne, dans un rapport du PNSME, le nombre de microorganismes entériques isolés chez des patients humains. Les renseignements précisent le genre, l'espèce et le sérotype (le cas échéant). La « semaine de rapports » du PNSME couvre la période du dimanche au samedi en fonction de la date à laquelle l'analyse de laboratoire a été réalisée. Les données sont transmises directement au LNM par l'envoi du rapport du PNSME dûment rempli par télécopieur ou courriel ou par leur saisie au moyen de l'application Web (PNSME-Web) hébergée sur le Réseau canadien de renseignements sur la santé publique (RCRSP). L'information est acheminée le plus rapidement possible, au plus tard, le deuxième jour suivant une fin de semaine ou un jour férié. La seule exception à cette règle concerne les isolats qui doivent être envoyés à un autre laboratoire, qui terminera l'identification. Dans ce genre de situation, l'isolat est consigné en fonction du niveau de typage ou d'identification atteint (p. ex., Salmonella sp.) pour la semaine au cours de laquelle il a été envoyé au laboratoire de référence. L'enregistrement du PNSME est mis à jour lorsque le laboratoire de référence achemine les dernières données sur l'identification (p. ex., le rapport de la semaine 35 indique qu'un cas de

<sup>&</sup>lt;sup>b</sup> PulseNet Canada, Laboratoire national de microbiologie, Agence de la santé publique du Canada : <a href="https://www.nml-lnm.gc.ca/index-fra.htm">https://www.nml-lnm.gc.ca/index-fra.htm</a>

Salmonella sp. signalé à la semaine 33 a été confirmé comme étant S. Anatum). Cette mise à jour figure dans le rapport hebdomadaire du PNSME subséquent.

Toutes les données acheminées au PNSME sont agrégées par province et par agent pathogène et ne contiennent aucun identifiant de patient, localisateur, ni autre renseignement confidentiel. Les partenaires du PNSME tentent de n'inclure que les nouveaux isolats décelés au laboratoire dans la semaine où les mises à jour des chiffres ont précédemment été transmises. Pour éviter les doublons, le laboratoire provincial recherche les échantillons multiples, les échantillons répétés ou les échantillons provenant d'une même personne faisant l'objet d'un suivi, et considère comme un seul cas tous les isolats identiques provenant d'un même patient et recueillis sur une période de trois mois.

#### Analyse et diffusion des données

L'analyse des données est réalisée chaque semaine par l'équipe du PNSME à l'aide d'un algorithme afin de déterminer si les nombres de cas hebdomadaires actuels sont beaucoup plus élevés que les scénarios de base prévus. La signification statistique repose sur la probabilité cumulative de la loi de Poisson entre le nombre de cas déclarés et le nombre médian rétrospectif sur cinq ans.

Les résultats de l'analyse hebdomadaire inclus dans le « rapport hebdomadaire du PNSME » sont envoyés à tous les laboratoires provinciaux à, au moins, un épidémiologiste ou un médecin-conseil en santé publique de chaque province ou territoire et à plusieurs intervenants du gouvernement fédéral. Bien que le protocole permette la transmission des rapports à d'autres professionnels de la santé publique qui ont besoin de cette information dans un but opérationnel, les rapports hebdomadaires ne sont pas destinés à une diffusion publique. Les professionnels de la santé publique ne sont pas tenus d'intervenir à la suite des hausses statistiques indiquées dans les rapports. Ces rapports visent à fournir en temps opportun des renseignements utiles aux responsables des interventions en santé publique.

En plus des rapports hebdomadaires du PNSME, les partenaires peuvent analyser les données en temps réel, évaluer les tendances et afficher les données pour leur territoire respectif de compétence dans le PNSME-Web. PulseNet Canada se sert de ces données, en plus des données de laboratoire sur les empreintes génétiques (électrophorèse en champ pulsé ou ECP) et d'autres données moléculaires ou génomiques, pour déceler les grappes de cas et les

éclosions. Les analyses des données obtenues sont également publiées sur le RCRSP, où peuvent les consulter les laboratoires de microbiologie provinciaux dans le domaine de la santé publique, l'Agence canadienne d'inspection des aliments, Santé Canada, l'ASPC et les épidémiologistes des provinces et des territoires. L'évaluation coordonnée des données recueillies par ces deux réseaux de surveillance en laboratoire permet d'interpréter les données microbiologiques cliniques pendant les enquêtes épidémiologiques plurigouvernementales conformément aux Modalités canadiennes d'intervention lors de toxi-infection d'origine alimentaire (MITIOA)<sup>c</sup>.

#### Restrictions

Il convient de noter que ces données comportent des limites qui leur sont inhérentes. Pour certains microorganismes, le nombre d'isolats signalés au PNSME ne représente qu'un sous-ensemble des isolements réalisés en laboratoire et ne reflète pas nécessairement l'incidence de la maladie à l'échelle provinciale ou nationale. Par exemple, les isolats de *Campylobacter* ne sont pas systématiquement transmis au laboratoire provincial ou au laboratoire de référence central pour subir des analyses plus approfondies que la caractérisation du genre ou de l'espèce. Ces isolats sont donc considérablement sous-représentés dans le PNSME. En revanche, le nombre d'isolats de *Salmonella* et d'*E. coli* O157 enregistrés par le PNSME représente davantage l'incidence réelle de la maladie au Canada, puisque le nombre de cas signalés au SCSMDO et le nombre d'isolats déclarés au PNSME concordent. Certains microorganismes peuvent être surreprésentés dans le PNSME si plusieurs échantillons provenant d'un même patient sont signalés, mais des mesures sont prises pour réduire au minimum ce type de situation. Les données relatives aux sites d'isolement extra-intestinaux et aux voyages à l'étranger ne sont pas transmises de façon systématique au PNSME par tous les laboratoires. Par conséquent, la prudence est de mise dans l'interprétation des résultats.

## Toute question ou correspondance peut être transmise par courriel aux adresses suivantes :

PHAC.NML\_Enterics.ASPC@canada.ca PHAC.NESP-PNSME.ASPC@canada.ca.

<sup>c</sup>Protocole d'intervention lors de toxi-infection d'origine alimentaire (PRITIOA) 2010 : Guide d'interventions multijuridictionnelles. Agence de la santé publique du Canada : <a href="http://www.phac-aspc.gc.ca/zoono/fiorp-pritioa/index-fra.php">http://www.phac-aspc.gc.ca/zoono/fiorp-pritioa/index-fra.php</a>

## Nombres d'isolats confirmés en laboratoire et taux d'incidence

En 2017, les laboratoires provinciaux ont transmis les résultats de 14 888 isolats d'agents pathogènes entériques à l'équipe du PNSME, ce qui représente une baisse par rapport au nombre moyen d'avis au cours des cinq années précédentes (16 043). Le groupe d'agents pathogènes entériques qui a le plus fait l'objet de déclarations était *Salmonella*, suivi par des virus entériques (norovirus, hépatite A, rotavirus et adénovirus) et des parasites entériques (*Giardia*, *Cryptosporidium*, *Entamoeba histolytica/dispar* et *Cyclospora*) (tableau 1). Vous trouverez à l'appendice 2 la liste complète des dénombrements d'isolats d'organismes déclarés par province et par territoire en 2017.

Tableau 1. Nombre d'isolats déclarés au PNSME par grand groupe d'organismes par province ou territoire, 2017

GROUP/ GROUPE	BC/ CB.	AB/ Alb.	SK/ Sask.	MB/ Man.	ON/ Ont.	QC/ Qc	NB/ NB.	NS/ NÉ.	PE/ îPÉ.	NL/ TNL.	YT/ Yn	NT/ T.NO.	NU/ Nt	TOTAL	% OF TOTAL ISOLATES REPORTED/ % DU TOTAL DES ISOLATS DÉCLARÉS
Campylobacter <sup>1</sup>	63	263	143	99	157	149	219	105	26	60	2	1	0	1 287	8,64
E. coli <sup>2</sup>	175	109	86	35	117	183	12	20	9	17	1	0	0	763	5,12
Listeria	9	3	5	0	49	31	4	4	2	2	0	0	0	109	0,73
Salmonelle	1 163	1 013	181	230	2 897	1 389	160	175	27	63	2	7	6	7 313	49,11
Shigella	102	65	15	17	275	214	2	7	0	1	1	0	0	699	4,69
Vibrio	16	12	2	2	11	5	3	0	3	0	0	0	0	54	0,36
Yersinia	86	68	11	7	164	46	1	3	0	0	0	1	0	387	2,6
Parasites <sup>1</sup>	301	22	82	121	685	209	72	132	18	7	26	0	0	1 679	11,28
Virus <sup>1</sup>	377	137	158	181	925	379	141	140	54	106	2	0	0	2 600	17,46
Total	2 292	1 692	683	692	5 280	2 605	614	586	139	256	34	9	6	14 888	100

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>Les isolats de *Campylobacter*, les isolats parasites (*Giardia*, *Cryptosporidium*, *Entamoeba histolytica/dispar* et *Cyclospora*) et les isolats viraux (norovirus, rotavirus et adénovirus) ne sont pas systématiquement transmis aux laboratoires de référence provinciaux ou centraux et sont grandement sous-représentés dans le cadre du PNSME.

Les taux d'incidence nationaux annuels des groupes d'agents pathogènes entériques déclarés à l'équipe du PNSME entre 2012 et 2017 sont illustrés au tableau 2 et à l'appendice 1. Les isolats d'*E. coli* O157, de *Listeria monocytogenes*, de *Salmonella* et de *Shigella* sont couramment transmis aux laboratoires microbiologiques provinciaux, tandis que les isolats de *Campylobacter*, de *Yersinia*, de parasites entériques (*Giardia*, *Cryptosporidium*, *Entamoeba histolytica/dispar* et *Cyclospora*) et de virus entériques (norovirus, rotavirus et adénovirus) ne

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup>E. coli comprend des sérotypes O157 (348 cas), des sérotypes autres que O157 (360 cas) des TDIC positifs pour les STX ou les STEC (51 isolats) et des organismes STEC non typés (4 cas).

sont pas déclarés de façon régulière aux laboratoires de référence provinciaux ou centraux. Ainsi, on considère que les taux d'incidence du PNSME reflètent les véritables taux d'incidence de ces agents pathogènes couramment déclarés, permettant ainsi de calculer les taux d'incidence provinciaux et territoriaux, tel qu'il est illustré au tableau 3.

Tableau 2. Totaux et taux nationaux annuels (pour 100 000 habitants) des agents pathogènes entériques et des groupes d'organismes déclarés à l'équipe du PNSME, 2012-2017

GROUP/ GROUPE	20	12	2	013	2	014	2	015	20	)16	2017	
	Total	Rate/ Taux <sup>1</sup>										
E. coli O157	486	1,39	472	1,34	458	1,28	379	1,05	415	1,14	348	0,95
E. coli autres que O157 <sup>2</sup>	144	0,41	175	0,5	185	0,52	247	0,69	209	0,58	365	0,99
Listeria <sup>3</sup>	124	0,36	117	0,33	133	0,37	125	0,35	191	0,52	109	0,3
Salmonelle	6 980	20,01	6270	17,77	7850	22	7717	21,45	7 816	21,44	7 313	19,92
Shigella	988	2,83	621	1,76	681	1,91	739	2,06	807	2,21	699	1,9
Campylobacter	1 994	5,72	1866	5,29	1676	4,7	1514	4,21	1378	3,78	1 287	3,51
Vibrio	61	0,17	48	0,14	82	0,23	82	0,24	44	0,12	54	0,15
Yersinia	322	0,92	278	0,79	341	0,96	383	1,06	353	0,97	387	1,05
Parasites	1 320	3,78	1665	4,72	1811	5,08	1845	5,13	1 921	5,27	1 675	4,56
Virus	4 523	12,97	4058	11,5	2934	8,22	3078	8,55	2 295	6,3	2 600	7,08

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>Taux calculés à l'aide des prévisions démographiques du Canada, telles qu'elles sont publiées par Statistique

Tableau 3. Taux annuels<sup>1</sup> (pour 100 000 habitants) d'infection par province ou territoire des groupes sélectionnés des agents pathogènes couramment déclarés à l'équipe **du PNSME**, 2017

GROUP/ GROUPE	BC/ CB.	AB/ Alb.	SK/ Sask.	MB/ Man.	ON/ Ont.	QC Qc	NB/ NB.	NS/ NÉ.	PE/ ÎPÉ.	NL/ TNL.	YT/ Yn	NT/ T.NO.	NU/ Nt
E. coli O157	0,46	1,91	1,12	1,12	0,7	0,99	1,58	1,57	4,6	0	0	0	0
E. coli autres que O157 <sup>2</sup>	3,18	0,63	6,27	1,49	0,13	1,18	0	0,31	1,32	3,03	2,6	0	0
Listeria	0,19	0,07	0,43	0	0,35	0,37	0,53	0,42	1,32	0,38	0	0	0
Salmonelle	24,14	23,63	15,55	17,19	20,41	16,55	21,06	18,35	17,76	11,91	5,2	15,72	15,79
Shigella	2,12	1,52	1,29	1,27	1,94	2,55	0,26	0,73	0	0,19	2,6	0	0

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>Taux calculés à l'aide des prévisions démographiques du Canada, telles qu'elles sont publiées par Statistique Canada. <sup>2</sup>Les cas d'*E. coli* autres que O157 ne sont pas déclarés de façon systématique par les provinces et les territoires.

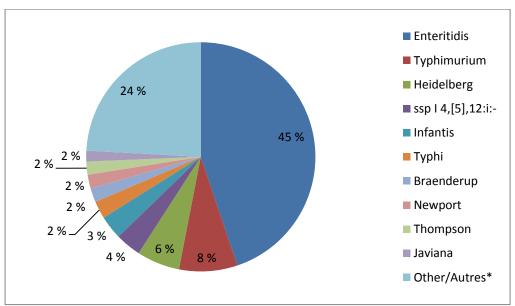
<sup>&</sup>lt;sup>2</sup>Les cas d'*E. coli* autres que O157 ne sont pas déclarés de façon systématique par les provinces et les territoires.

<sup>&</sup>lt;sup>3</sup>Les déclarations de *Listeria monocytogenes* au PNSME ont commencé en juillet 2010.

## Salmonelle

Au total, 7 313 isolats de *Salmonella* représentant 249 sérotypes ont été déclarés à l'équipe du PNSME en 2017. *Salmonella* Enteritidis représentait 45 % de tous les cas de salmonellose humaine. Combinés aux neuf sérotypes restants les plus fréquents (figure 1), ils représentaient 76 % de tous les cas d'infection de *Salmonella* déclarés à l'équipe du PNSME en 2017. Les nombres de cas nationaux, provinciaux et territoriaux de salmonelle déclarés en 2017 sont illustrés au tableau 4 et à l'appendice 2.

Figure 1. Proportion des sérotypes de *Salmonella* responsables de maladies humaines qui sont déclarées à l'équipe du PNSME, 2017 (n = 7 313)



<sup>\*</sup>Les autres sérotypes (1765 isolats) ont été répartis entre 239 sérotypes, et 10 isolats ont été déclarés comme des espèces non spécifiées de *Salmonella*.

Tableau 4. Nombre d'isolats déclarés au PNSME par province et par territoire pour les dix sérotypes de *Salmonella* les plus déclarés, 2017

GROUP/ GROUPE	BC/ CB.	AB/ Alb.	SK/ Sask.	MB/ Man.	ON/ Ont.	QC/ Qc	NB/ NB.	NS/ NÉ.	PE/ îPÉ.	NL/ TNL.	YT/ Yn	NT/ T.NO.	NU/ Nt	TOTAL	% of Salmonella total/ % du total d'isolats de Salmonella
Enteritidis	602	537	83	95	1 121	591	93	99	14	36	1	3	3	3 278	45
Typhimurium	42	82	21	35	250	144	9	10	4	4	0	1	0	602	8
Heidelberg	18	39	7	11	186	131	22	16	4	7	0	1	2	444	6
ssp I 4,[5],12:i:-	44	31	4	0	123	60	0	3	0	0	0	0	0	265	4
Infantis	24	30	4	8	108	59	3	6	0	0	1	0	1	244	3
Typhi	36	27	2	7	92	17	0	0	0	0	0	0	0	181	2
Newport	23	15	6	7	63	19	3	2	0	4	0	1	0	143	2
Thompson	3	4	1	1	84	38	4	0	0	0	0	0	0	135	2
Javiana	17	16	3	1	52	18	2	2	0	0	0	0	0	111	2
Agona	17	15	1	5	48	16	1	0	0	0	0	0	0	103	1
Total	826	796	132	170	2 127	1 093	137	138	22	51	2	6	6	5 506	75

Comparativement au nombre moyen d'avis de présence de *Salmonella* reçus entre 2012 et 2016 (7 327 cas), on a observé une baisse de 0,2 % en 2017 (7 313 cas) (figure 2). Bien que *S*. Enteritidis soit demeuré le sérotype le plus fréquent au cours de cette période, on a observé des changements chez les autres sérotypes de *Salmonella* les plus fréquents (tableau 5).

Figure 2. Dénombrements annuels entre 2008 et 2017 des cinq sérotypes de *Salmonella* les plus déclarés au PNSME en 2017

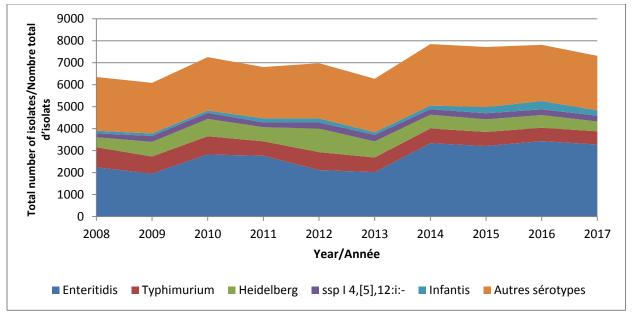


Tableau 5. Dénombrements nationaux (classification générale) des sérotypes de *Salmonella* les plus déclarés au PNSME (2012-2017)

Serotypes/ Sérotypes	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Enteritidis	2117 (1)	2019 (1)	3337 (1)	3209 (1)	3 433 (1)	3 278 (1)
Typhimurium	814 (3)	668 (3)	671 (2)	642 (2)	607 (2)	602 (2)
Heidelberg	1071 (2)	733 (2)	628 (3)	571 (3)	580 (3)	444 (3)
ssp I 4,[5],12:i:-	281 (4)	299 (4)	251 (5)	280 (5)	259 (6)	265 (4)
Infantis	184 (6)	116 (8)	164 (7)	279 (6)	378 (4)	244 (5)
Typhi	144 (8)	134 (7)	140 (8)	121 (10)	136 (8)	181 (6)
Braenderup	98 (10)	57 (18)	71 (14)	123 (9)	81 (11)	145 (7)
Newport	153 (7)	189 (5)	224 (6)	235 (7)	198 (7)	143 (8)
Thompson	265 (5)	149 (6)	392 (4)	311 (4)	290 (5)	135 (9)
Javiana	87 (12)	113 (9)	133 (9)	136 (8)	114 (10)	111 (10)
Agona	69 (15)	74 (11)	78 (12)	63 (16)	120 (9)	103 (11)
Saintpaul	94 (11)	91 (10)	131 (10)	108 (11)	70 (12)	87 (13)
ssp I 4,[5],12:b:-	108 (9)	59 (17)	40 (20)	48 (18)	34 (19)	58 (17)

PulseNet Canada utilise des méthodes moléculaires, dont l'électrophorèse en champ pulsé (ECP), pour faire la distinction entre les sous-types de salmonelle en temps réel et cibler les grappes de cas. L'ECP ne confère toutefois pas un pouvoir suffisamment discriminant pour faire une distinction claire entre les souches de certains sérotypes. Par conséquent, pour ce qui est de S. Enteritidis et de S. Heidelberg, la lysotypie ainsi que les données moléculaires supplémentaires de PulseNet Canada servent à dégager des tendances et à détecter les grappes potentielles. Bien que les lysotypes ne soient pas déclarés au PNSME chaque semaine, ils servent à déterminer les tendances à long terme afin d'éclairer les activités de surveillance et d'intervention en cas d'éclosion qui sont réalisées par PulseNet Canada. ainsi que les activités qui sont réalisées à l'échelle provinciale. Bien qu'elle soit utile, la lysotypie devrait être progressivement supprimée en 2017, année où des méthodes génomiques plus perfectionnées seront mises en œuvre. Son élimination est conforme aux pratiques internationales. Par exemple, elle a déjà été supprimée par les Centers for Disease Control and Prevention américains et par Public Health England. Public Health England, qui est l'unique fournisseur d'un grand nombre des phages requis pour ce test, ne les cultive plus et ne les fournit plus. Il n'est pas nécessaire de mener un test de remplacement, puisque le séquençage du génome entier permet un sous-typage à haute résolution de la salmonelle. En mai 2017, PulseNet Canada s'est mis à effectuer ce séquençage pour tous les isolats de Salmonella faisant l'objet d'une surveillance régulière en laboratoire, fournissant des données très précises sur les sous-types de génome qui permettent de détecter les éclosions et d'intervenir en conséquence. Comme, jusqu'ici, on a fait appel aussi bien au sérotypage traditionnel qu'au séquençage du génome entier, les rapports du PNSME sont demeurés inchangés. Toutefois, dans l'avenir, on aura recours uniquement au séquençage du génome entier pour déterminer le sérotype de salmonelle. On est en train d'évaluer les répercussions éventuelles de ce changement de méthode de collecte et d'analyse des données par le PNSME. L'appendice 3 comporte la liste de tous les lysotypes de *Salmonella* qui ont été déclarés par le LNM en 2017.

#### Salmonella Enteritidis

En 2017, on a signalé au PNSME 3 278 isolats de *S*. Enteritidis, soit 45 % des cas de salmonelle. Le taux d'incidence observé en 2017 était 31 % plus élevé (8,9 cas pour 100 000 habitants) qu'au cours de la période de référence de 2008 à 2012 (6,8 cas pour 100 000 habitants) et légèrement moins élevé que le taux d'incidence annuel déclaré en 2016 (9,4 cas pour 100 000 habitants). Bien qu'on ait observé une augmentation de l'incidence de 2013 à 2014, elle est demeurée relativement stable de 2014 à 2017 (figure 3).

Les deux lysotypes de *S*. Enteritidis qui ont été signalés le plus souvent en 2017 étaient les lysotypes 13 et 8, les lysotypes 13 et 1 se retrouvant ex æquo en troisième place (figure 4). Ces quatre lysotypes représentent 63 % de tous les isolats de *S*. Enteritidis (figure 5). Le lysotype 63 a été le premier à être identifié, en 2014, devenant le 8<sup>e</sup> lysotype le plus déclaré pour *S*. Enteritidis. Depuis, la proportion d'isolats déclarés comme un lysotype 63 est passée de 2 % en 2014 à 11 % en 2017, ce qui fait de lui le 5<sup>e</sup> lysotype le plus commun en 2017.

## Salmonella Typhimurium

Comparativement à la période de référence (2008-2012), on a observé une baisse de 30 % de l'incidence de *S*. Typhimurium en 2017 (2,3 cas comparativement à 1,6 cas pour 100 000 habitants). De 2013 à 2017, on a constaté une légère tendance à la diminution de l'incidence de *S*. Typhimurium (figure 3). Bien que *S*. Typhimurium soit demeuré dans les trois plus fréquents sérotypes responsables de la salmonellose au Canada, il ne représente que 8 % de tous les isolats de *Salmonella* signalés au PNSME en 2017 (tableaux 4 et 5).

Les trois lysotypes de S. Typhimurium les plus déclarés en 2017 étaient les lysotypes 108 (66 isolats), 104 (44 isolats) et U302 (31 isolats) (figure 4). Ces trois lysotypes représentent

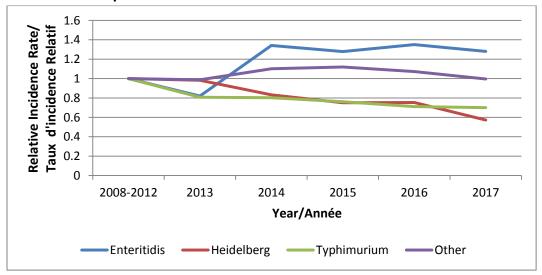
26 % des lysotypes de *S*. Typhimurium déclarés au PNSME en 2017 (figure 5). On a observé une diminution de 40 % pour le lysotype 108 (qui est passé de 110 à 66) et une hausse de 52 % pour le lysotype 104 (qui est passé de 29 à 44). Le changement le plus remarquable a été constaté dans le lysotype U302 : on a identifié 6 isolats en 2016 et 41 en 2017, ce qui constitue une augmentation de 583 % (figure 4).

#### Salmonella Heidelberg

Salmonella Heidelberg, le troisième sérotype le plus fréquent au Canada, représentait 6 % des isolats humains de salmonelle signalés au PNSME en 2017. En 2017, l'incidence globale, qui était de 1,2 pour 100 000 habitants, a chuté de 43 % par rapport à la période de référence (2008-2012), où elle s'élevait alors à 2,1. De 2013 à 2017, on a constaté une légère tendance à la diminution de l'incidence de S. Heidelberg (figure 3).

Le lysotype 19 demeure le lysotype le plus fréquemment identifié parmi les isolats de S. Heidelberg, représentant 56 % des isolats en 2017 (figures 4 et 5). Combinés aux lysotypes 10 et 29, les trois lysotypes les plus déclarés représentent 69 % de tous les isolats (figure 5). Le nombre d'isolats du lysotype 29 est demeuré stable, passant de 28 en 2016 à 26 en 2017. Le lysotype 5 est, lui aussi, demeuré stable entre 2016 (15 isolats) et 2017 (14 isolats).

Figure 3. Taux d'incidence relatifs<sup>1</sup> de S. Enteritidis, de S. Heidelberg, de S. Typhimurium et d'autres sérotypes de salmonelle déclarés au PNSME par année, de 2013 à 2017, comparativement à la période de référence de 2008 à 2012.



<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>Les taux sont comparés à la période de référence de 2008 à 2012.

Figure 4. Nombre total d'isolats des quatre lysotypes les plus fréquents de S. Enteritidis, de S. Typhimurium et de S. Heidelberg, déclarés par le Laboratoire national de microbiologie, 2010-2017

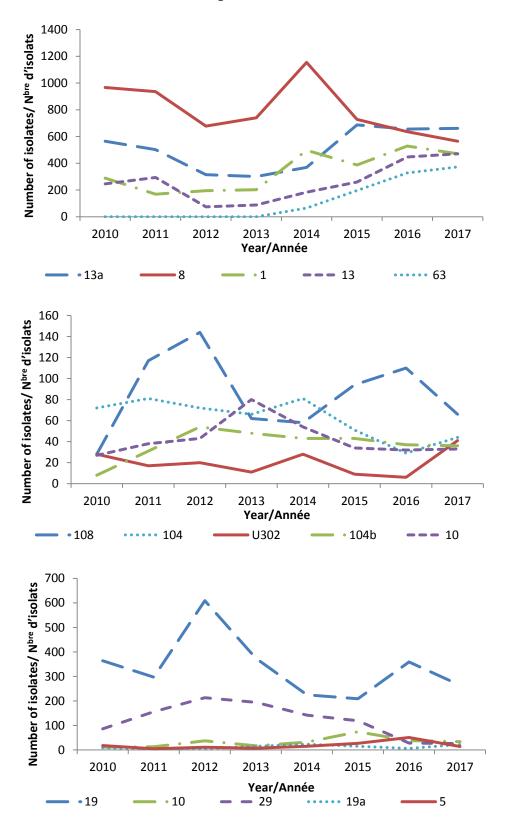
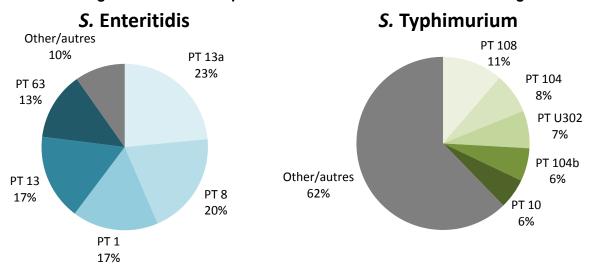
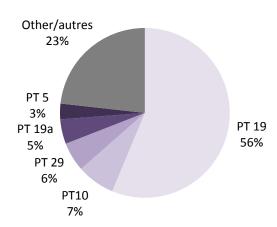


Figure 5. Répartition des lysotypes de *S*. Enteritidis, de *S*. Typhimurium et de *S*. Heidelberg en 2017 déclarés par le Laboratoire national de microbiologie<sup>1</sup>



## S. Heidelberg



<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>Les totaux du graphique circulaire peuvent dépasser 100 % en raison des arrondissements.

### Escherichia coli

Le taux d'incidence des *Escherichia coli* productrices de shigatoxines (STEC) O157 (0,95 cas pour 100 000 habitants) est demeuré relativement stable depuis 2010 (1,2 cas pour 100 000 habitants) (figure 6). En 2017, plusieurs provinces ont enregistré des taux d'incidence supérieurs au taux national : la Nouvelle-Écosse (1,57 cas pour 100 000 habitants), le Québec (0,99 cas pour 100 000 habitants), l'Alberta (1,91 cas), le Manitoba (1,12 cas pour 100 000 habitants), le Nouveau-Brunswick (1,58 cas pour 100 000 habitants), l'Île-du-Prince-Édouard (4,6 cas pour 100 000 habitants) et la Saskatchewan (1,12 cas pour 100 000 habitants) (tableau 3). Le taux d'incidence des sérotypes d'*E. coli* autres que O157 s'est accru de 2016 à 2017, passant de 0,61 à 1,12 cas pour 100 000 habitants (figure 6). En 2017, la proportion d'isolats autres que O157 a dépassé la proportion d'isolats O157 détectés pour la première fois. Il convient de prendre note que les taux d'incidence d'*E. coli* autres que O157 sont signalés au PNSME de façon moins systématique que ceux d'*E. coli* O157 et que, par conséquent, tout changement observé au fil du temps reflète les pratiques d'analyse de certains laboratoires provinciaux.

Parmi les isolats autres que O157 déclarés en 2017, 44 % d'entre eux étaient représentés par cinq sérotypes : *E. coli* O121, *E. coli* O26, *E. coli* O103, *E. coli* O111 et *E. coli* O145 (figure 7). En 2017, on ne connaissait pas le sous-type de 26 % des *E. coli* autres que O157. En effet, comme 13 % des isolats avaient été identifiés à l'aide des TDIC, qui sont des analyses basées sur une amplification en chaîne par polymérase et servant à identifier des organismes, il manquait d'isolats pour effectuer un sous-typage approfondi. En 2017, le LNM a demandé aux LPSP de déclarer au PNSME la méthode d'analyse servant à identifier les organismes, étant donné que le recours aux TDIC devient de plus en plus répandu au Canada. On a constaté une légère hausse du taux d'incidence d'*E. coli* O26, qui est passé de 0,12 en 2016 à 0,15 en 2017, et d'*E. coli* O103, qui est passé de 0,05 en 2016 à 0,07 en 2017. On a enregistré des augmentations plus importantes pour *E. coli* O121, où le taux d'incidence est passé de 0,07 en 2016 à 0,17 en 2017, pour E. coli O111 (de 0,02 à 0,06) et pour E. coli O145 (de 0,01 à 0,03) (figure 8). Tous les sérotypes d'*E. coli*, y compris les isolats STEC autres que O157 confirmés qui ont été déclarés au PNSME, sont résumés à l'appendice 2.

Figure 6. Taux d'incidence (pour 100 000 habitants) des sérotypes non typés d'*E. coli* O157, des *E. coli* autres que O157 et des *E. coli* qui ont été déclarés au PNSME, 1997-2017

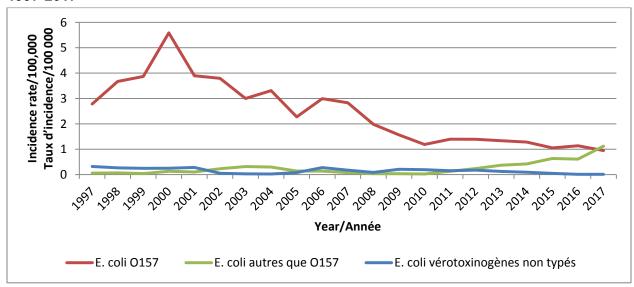


Figure 7. Répartition des sérotypes d'*E. coli* autres que O157 qui ont été déclarés au PNSME en 2017

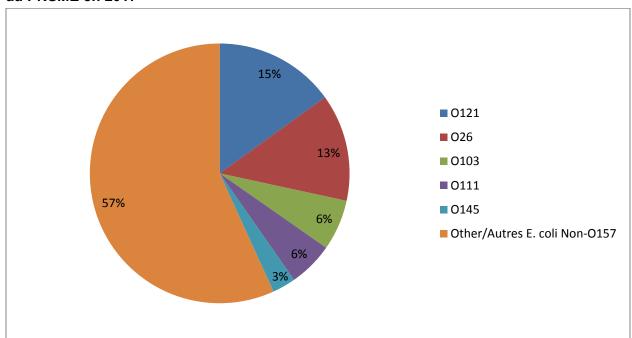
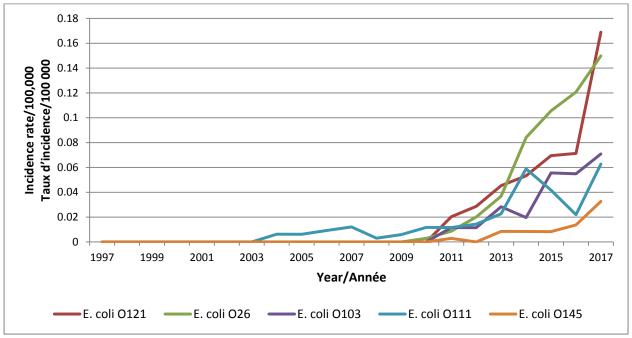
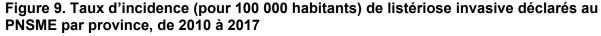


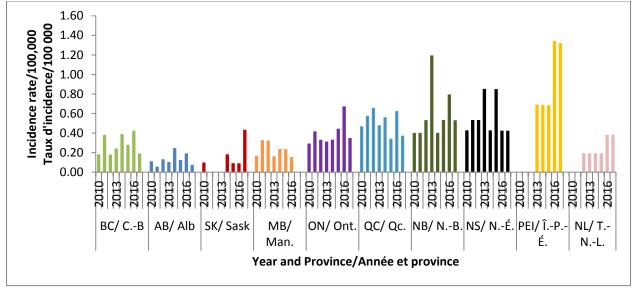
Figure 8. Taux d'incidence (pour 100 000 habitants) des cinq sérotypes d'*E. coli* autres que O157 les plus déclarés au PNSME, 1997-2017



## Listeria monocytogenes

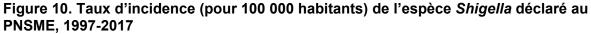
Conformément à la définition de cas de la listériose invasive, seuls les isolats prélevés d'un site normalement stérile ou de tissus placentaires ou fœtaux devraient être déclarés au PNSME. Étant donné qu'en 2017, on a signalé au PNSME moins d'isolats contenant la bactérie la listériose invasive (109) qu'en 2016 (191), on a constaté un taux d'incidence plus faible (0,3 cas pour 100 000 habitants) et l'incidence de listériose la moins élevée qu'on ait vue depuis l'ajout de cette maladie à la liste du PNSME en 2010. En 2017, l'incidence est demeurée stable ou a décliné dans toutes les provinces, à l'exception de la Saskatchewan, où elle a augmenté (figure 9). Aucun cas de listériose invasive n'a été déclaré par le Nunavut, le Yukon et les Territoire du Nord-Ouest.

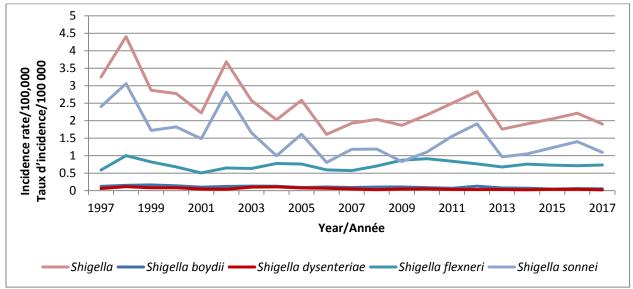




## Shigella

On a déclaré au PNSME 699 isolats de *Shigella* en 2017, ce qui représente un taux d'incidence de 1,9 cas pour 100 000 habitants, comparativement à une moyenne de 2,15 cas entre 2012 et 2016 (figure 10). Les isolats de *Shigella sonnei* et de *S. flexneri* représentaient respectivement 58 % et 38 % de tous les avis. Les tendances pour *Shigella* sont attribuables à l'incidence de *S. sonnei* (figure 10). Parmi les autres espèces de *Shigella*, les tendances d'incidence au fil du temps sont demeurées relativement stables avec un taux d'incidence de 0,73 cas pour 100 000 habitants pour *Shigella flexneri*, de 0,05 cas pour *S. boydii* et de 0,02 cas pour *S. dysenteriae* en 2017 (figure 10).

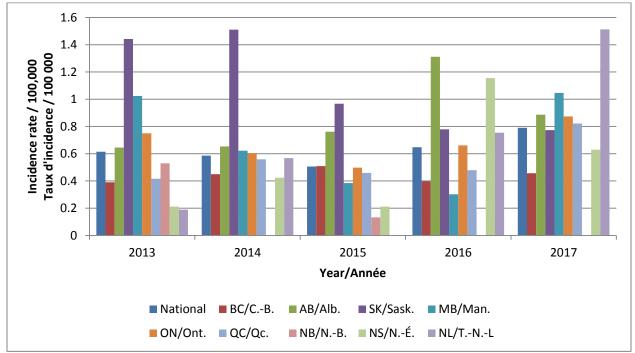




## Hépatite A

Le taux d'incidence national de l'hépatite A en 2017 représentait le taux déclaré le plus élevé depuis son inclusion dans la déclaration du PNSME à compter de 2012. En effet, il s'élevait à 0,79 cas pour 100 000 habitants (figure 11). À l'échelle provinciale, on a observé des diminutions des taux d'incidence en Colombie-Britannique, au Manitoba, à Terre-Neuve-et-Labrador, en Ontario et au Québec (figure 11). On remarque que toutes les provinces, à l'exception de la Colombie-Britannique, de la Nouvelle-Écosse et de la Saskatchewan, ont déclaré des taux d'incidence de l'hépatite A qui étaient supérieurs au taux national déclaré (figure 11).





Appendice 1. Comparaison entre les nombres totaux nationaux de maladies entériques, l'incidence pour 100 000 habitants et la proportion des cas détectés par le SCSMDO et par le PNSME, 2016<sup>1</sup>

Maladies entériques et d'origine hydrique et alimentaire	de s des à d ok	me canadien urveillance s maladies éclaration oligatoire (CSMDO) Taux pour 100 000 hab.	de s des	rogramme national surveillance s maladies ntériques PNSME) Taux pour 100 000 hab.	% des cas du SCSMDO saisis dans le PNSME (isolements du PNSME/cas du SCSMDO <sup>8</sup> )
Botulisme <sup>6</sup>	7	0,02	_	_	S.O.
Campylobactériose <sup>2</sup>	9 868	27,2	1 378	_	13,9
Choléra	0	0	1	0,003	100
Cryptosporidiose <sup>2,6</sup>	968	2,7	420	_	43,3
Cyclosporose <sup>2,6</sup>	379	1,1	48	_	12,7
Giardase <sup>2</sup>	3 818	10,5	851	_	22,3
Hépatite A <sup>6</sup>	245	0,7	236	0,65	96,3
Listériose invasive	191	0,53	191	0,53	100
Norovirus <sup>2,3,4</sup>	401	4,1	1 687	_	S.O.
Intoxication paralysante par les mollusques <sup>5</sup>	0	0	-	_	S.O.
Salmonellose	7 626	21	7 816	21,55	100
Shigellose	880	2,4	807	2,23	91,7
Typhoïde <sup>7</sup>	128	0,4	136	0,38	100
Infection aux <i>E. coli</i> productrices de shigatoxines <sup>6</sup>	709	2	642	1,77	90,6

<sup>1</sup>Les données du SCSMDO pour 2017 n'étaient pas disponibles au moment de la préparation du présent sommaire.

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup> Campylobacter, les parasites (Cryptosporidium, Cyclospora et Giardia) et les norovirus ne sont pas systématiquement déclarés aux laboratoires de référence provinciaux ou centraux et sont très sous-représentés dans le cadre du PNSME; par conséquent, aucun taux n'a été calculé pour le PNSME.
<sup>3</sup>Le Manitoba, le Nouveau-Brunswick, la Nouvelle-Écosse, les Territoires du Nord-Ouest, l'Ontario, le Québec et la Saskatchewan n'ont pas déclaré de cas de norovirus en 2016. Les populations de ces provinces et territoires ont été retirées du calcul des taux.

<sup>&</sup>lt;sup>4</sup>Pour ce qui est du norovirus, certaines provinces et certains territoires ont déclaré seulement des données cumulatives liées aux éclosions; ces données ne sont pas incluses ici.

<sup>&</sup>lt;sup>5</sup>L'Alberta, le Manitoba, les Territoires du Nord-Ouest, le Québec et la Saskatchewan n'ont pas déclaré d'intoxication paralysante par les mollusques en 2016. Les populations de ces provinces et territoires ont été retirées du calcul des taux.

<sup>&</sup>lt;sup>6</sup>Il se peut que le Québec ait inclus des cas probables de botulisme, de cryptosporidiose, de cyclosporose, d'hépatite A et d'infection aux E. coli productrices de shigatoxines dans ses données pour 2016.

<sup>&</sup>lt;sup>7</sup>La typhoïde comprend la confirmation en laboratoire de *Salmonella* Typhi; *Salmonella* Paratyphi A, B et C sont déclarés sous la salmonellose.

## 27 | PROGRAMME NATIONAL DE SURVEILLANCE DES MALADIES ENTÉRIQUES (PNSME) 2017

<sup>8</sup>On n'a pas établi de liens entre les cas déclarés par le SCSMDO et les isolements confirmés en laboratoire par l'entremise du PNSME; il s'agit du degré de cooccurrence représenté comme le pourcentage des isolements du PNSME comparativement au nombre de cas déclarés par le SCSMDO. Les pourcentages supérieurs à 100 reflètent vraisemblablement les cas comportant plus d'un isolement.

Appendice 2. Données sur les espèces et les sérotypes déclarés au PNSME par province et territoire, 2017

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	îP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Campylobacter														
Campylobacter coli	9	2	9	14	15	31	9	5	2	0	0	0	0	96
Campylobacter concisus	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Campylobacter curvus	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Campylobacter fetus ssp fetus	1	0	0	0	9	15	0	0	0	1	0	0	0	26
Campylobacter gracilis	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	4
Campylobacter hyointestinalis	1	1	0	0	4	1	0	0	0	0	0	0	0	7
Campylobacter jejuni	28	257	134	81	98	77	152	95	23	55	0	1	0	1001
Campylobacter jejuni/coli	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2
Campylobacter lari	0	1	0	1	3	6	2	1	0	0	0	0	0	14
Campylobacter rectus	0	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	3
Campylobacter showae - like	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Campylobacter sp	1	0	0	1	0	2	53	0	0	2	1	0	0	60
Campylobacter upsaliensis	16	1	0	2	27	8	2	4	1	0	0	0	0	61
Campylobacter urealyticus	4	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	7
Campylobacter volucris	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Total - Campylobacter	63	263	143	99	157	149	219	105	26	60	2	1	0	1287
Escherichia coli														
E. coli Résultats positifs au TDIC pour	34	0	0	0	0	2	0	0	0	14	1	0	0	51
STX/ECTS	36	0	0	20	0	50	0	0	2	1	0	0	0	109
E. coli Non O157 ECTS		0	0	0			0		0	1	0	0	0	
E. coli ECTS non typé  E. coli O non identifié:H11	0	0	1	0	0	0	0	2 0	0	0	0	0	0	1
	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O non identifié:H14  E. coli O non identifié:H15											-			-
	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O non identifié:H16	0	0		0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O non identifié:H2  E. coli O non identifié:HNM	0	0	0 1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O-Rough:H non mobile	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O-Rough:H16	0	0	0	0	0	1 0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O-Rough:H2 ECTS  E. coli O101:HNM	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O103	1	0	0			0	0	0	0	0	0	0	0	1
	0	0		0	0	0	0	0		0	0		0	
E. coli O103:H non identifié	0	0	0 1	0	1	0	0	0	0	0		0		1
E. coli O103:H19					0				0		0	0	0	12
E. coli O103:H2	2	0	6	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	12

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	îP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
E. coli 0103:H2 ECTS	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O103:H25	5	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
E. coli O103:H8	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O103:HNM	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O111	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O111:H non mobile	0	0	11	0	2	7	0	0	0	0	0	0	0	20
E. coli O111:H21	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O112ab:H2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O117:H non identifié	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O117:H7	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O117:HNM	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O118:H16 ECTS	5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	6
E. coli O118:H2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O118:H2 ECTS	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O121	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
E. coli O121:H non identifié	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O121:H ECTS non identifié	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O121:H1 ECTS	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O121:H19	29	0	8	0	2	1	0	3	0	0	0	0	0	43
E. coli O121:H19 ECTS	0	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11
E. coli O121:H9	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O123:H40	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O112ab:H2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O132:HNM	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O145:H non identifié	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O145:H25	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O145:HNM	0	0	9	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	10
E. coli O146:H21	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O156:H25	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O157	0	0	0	0	0	0	2	15	0	0	0	0	0	17
E. coli O157 ECTS	0	0	0	14	0	1	2	0	0	0	0	0	0	17
E. coli O157:H non identifié	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O157:H7	18	78	12	1	85	81	7	0	7	0	0	0	0	289
E. coli O157:HNM	0	4	1	0	14	0	1	0	0	0	0	0	0	20
E. coli O157:NM	3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	4
E. coli O174:H21	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O177:HNM	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O181:H non identifié	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O182:H21	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	ÎP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
E. coli O182:HNM	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O183:H18	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O185:H28	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O186:H11	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O186:H2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O186:H2 ECTS	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O18ac:H7	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O26:H non identifié	0	0	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3
E. coli O26:H11	13	0	16	0	6	9	0	0	0	0	0	0	0	44
E. coli O26:H11 ECTS	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
E. coli O26:HNM	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O26:HNM ECTS	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
E. coli O39:H49	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O45:H15	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O45:H2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O52:H45	0	1	0	0	1	4	0	0	0	0	0	0	0	6
E. coli O56:H11	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O56:H8	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O59:H19	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O59:H7	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O5:HNM	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O5:NM	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O62:H2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O69:H11	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O69:H11 ECTS	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O69:HNM	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli 076:H11	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli 073:H45	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O75:NM	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E. coli O88:H25	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli O8:H49	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
E. coli 09:H non identifié	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Total - <i>E. coli</i>	175	109	86	35	117	183	12	20	9	17	1	0	0	764
Listeria														
Listeria monocytogenes	9	3	5	0	49	31	4	4	2	2	0	0	0	109
Salmonella														
Salmonella Aba	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	îP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Salmonella Aberdeen	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	2
Salmonella Abony	0	1	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Adelaide	1	3	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Salmonella Agbeni	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	0	0	0	8
Salmonella Ago	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Agona	17	15	1	5	48	16	1	0	0	0	0	0	0	103
Salmonella Alachua	0	2	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	5
Salmonella Albany	1	1	0	1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	7
Salmonella Altona	0	0	0	0	2	0	1	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella Amager	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Anatum	4	3	0	1	11	5	0	2	0	0	0	0	0	26
Salmonella Angoda	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Apapa	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Aqua	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Arechavaleta	1	0	0	0	1	0	0	3	0	0	0	0	0	5
Salmonella Ashford	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Bareilly	3	2	1	1	17	6	0	0	1	0	0	0	0	31
Salmonella Barranquilla	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Berta	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Birkenhead	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Blockley	1	1	0	1	1	3	1	2	0	0	0	0	0	10
Salmonella Bonariensis	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0	0	0	3
Salmonella Bonn	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Bovismorbificans	5	3	0	0	3	6	1	1	0	0	0	0	0	19
Salmonella Braenderup	22	19	5	4	77	13	1	3	0	1	0	0	0	145
Salmonella Brandenburg	3	3	0	0	3	16	1	0	0	0	0	0	0	26
Salmonella Bredeney	0	1	0	0	8	2	0	0	0	0	0	0	0	11
Salmonella Carmel	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Cerro	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Chailey	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Salmonella Chester	0	0	2	0	10	1	0	0	0	0	0	0	0	13
Salmonella Chomedey	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Coeln	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Colindale	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Corvallis	3	1	0	1	9	1	0	0	0	0	0	0	0	15
Salmonella Cotham	0	1	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Cubana	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Curacao	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Denver	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	ÎP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Salmonella Derby	3	3	0	0	10	2	0	0	0	0	0	0	0	18
Salmonella Dublin	4	2	0	1	5	9	0	0	0	0	0	0	0	21
Salmonella Duisburg	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Durban	1	3	0	0	3	3	0	1	0	0	0	0	0	11
Salmonella Durham	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Ealing	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Eastbourne	0	0	0	0	5	2	0	0	0	0	0	0	0	7
Salmonella Elokate	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Emek	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Enteritidis	602	537	83	95	112 1	591	93	99	14	36	1	3	3	3278
Salmonella Eschberg	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Fluntern	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Fresno	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Gaminara	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella Gatuni	1	1	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Salmonella Give	2	1	0	2	4	1	0	0	0	0	0	0	0	10
Salmonella Goldcoast	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Goverdhan	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Grumpensis	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Hadar	2	6	2	2	15	4	0	0	0	0	0	0	0	31
Salmonella Haifa	3	2	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	11
Salmonella Hartford	0	0	0	0	8	1	0	2	0	0	0	0	0	11
Salmonella Havana	3	2	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	10
Salmonella Heidelberg	18	39	7	11	186	131	22	16	4	7	0	1	2	444
Salmonella Hindmarsh	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Hvittingfoss	6	0	0	0	4	2	0	0	0	0	0	0	0	12
Salmonella Ibadan	0	0	0	1	2	1	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Idikan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Indiana	1	2	3	0	1	3	1	1	0	0	0	0	0	12
Salmonella Infantis	24	30	4	8	108	59	3	6	0	0	1	0	1	244
Salmonella Irumu	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Isangi	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Javiana	17	16	3	1	52	18	2	2	0	0	0	0	0	111
Salmonella Johannesburg	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Kedougou	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Kentucky	10	2	1	0	12	5	0	0	0	0	0	0	0	30
Salmonella Kenya	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Kiambu	0	0	1	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	6

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	ÎP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Salmonella Kintambo	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Kisarawe	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	2
Salmonella Kottbus	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Krefeld	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Lagos	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Larochelle	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Lattenkamp	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Leeuwarden	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Lexington	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Litchfield	2	1	0	0	7	10	0	0	0	0	0	0	0	20
Salmonella Livingstone	0	1	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Lomalinda	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella London	1	0	1	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Salmonella Luciana	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Magwa	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Manhattan	1	0	0	1	4	3	1	1	0	0	0	0	0	11
Salmonella Massakory	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Matopeni	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Mbandaka	4	6	1	1	22	6	0	0	0	0	0	0	0	40
Salmonella Miami	0	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella Michigan	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella Mikawasima	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Mississippi	0	1	1	0	5	3	0	1	0	0	0	0	0	11
Salmonella Molade	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Monschaui	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Montevideo	5	6	0	1	12	7	0	0	0	1	0	0	0	32
Salmonella Mountpleasant	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2
Salmonella Muenchen	13	10	0	4	48	10	1	1	0	1	0	1	0	89
Salmonella Chester	1	3	1	0	5	4	0	0	0	0	0	0	0	14
Salmonella Napoli	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Nessziona	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Newport	23	15	6	7	63	19	3	2	0	4	0	1	0	143
Salmonella Nigeria	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Nima	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella Nottingham	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Oakland	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Ochiogu	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Offa	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Ohio	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	ÎP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Salmonella Onderstepoort	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Brandenburg	7	11	0	0	23	10	2	0	0	0	0	0	0	53
Salmonella Ordonez	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Orientalis	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Oslo	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Othmarschen	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Ouakam	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Panama	5	4	0	0	13	6	0	0	0	0	0	0	0	28
Salmonella Paratyphi A	17	8	5	1	29	2	0	0	0	0	0	0	0	62
Salmonella Paratyphi B	0	2	0	1	3	0	1	0	0	0	0	0	0	7
Salmonella Paratyphi B var. Java	21	13	1	0	11	11	0	2	1	0	0	0	0	60
Salmonella Pasing	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Pensacola	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Pomona	2	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Poona	4	4	0	0	4	4	0	0	0	0	0	0	0	16
Salmonella Potsdam	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Praha	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Putten	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella Reading	10	12	3	1	6	0	1	0	0	0	0	0	0	33
Salmonella Richmond	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Rissen	7	2	1	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	16
Salmonella Rubislaw	1	1	2	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Salmonella Saintpaul	10	11	3	4	42	11	1	3	1	1	0	0	0	87
Salmonella Sandiego	4	4	1	0	14	7	2	0	0	0	0	0	0	32
Salmonella Saphra	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Schwarzengrund	8	3	1	1	7	3	0	0	0	0	0	0	0	23
Salmonella Senftenberg	3	0	0	0	5	2	0	0	0	0	0	0	0	10
Salmonella Shubra	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Singapore	0	1	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	5
Salmonella Stanley	18	6	3	2	24	8	0	4	0	0	0	0	0	65
Salmonella Stanleyville	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Stockholm	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Takoradi	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Taksony	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Tananarive	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Teko	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Telelkebir	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Tennessee	0	2	0	0	5	1	0	0	0	0	0	0	0	8
Salmonella Thompson	3	4	1	1	84	38	4	0	0	0	0	0	0	135

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	ÎP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Salmonella Tudu	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Typhi	36	27	2	7	92	17	0	0	0	0	0	0	0	181
Salmonella Typhimurium	42	82	21	35	250	144	9	10	4	4	0	1	0	602
Salmonella Uganda	5	3	0	2	15	6	1	0	0	0	0	0	0	32
Salmonella Urbana	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Uzaramo	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Virchow	7	1	1	2	9	2	0	1	0	0	0	0	0	23
Salmonella Wandsworth	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella Welikade	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Weltevreden	19	5	1	1	14	4	0	0	0	0	0	0	0	44
Salmonella Wien	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella Worthington	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Zanzibar	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella sp	2	0	0	3	0	0	1	0	0	4	0	0	0	10
Salmonella ssp I	13	0	0	12	0	0	1	1	0	1	0	0	0	28
Salmonella ssp I -:HNM	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 13,23:b:-	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella ssp l 13,23:i:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp l 16:a:-	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 2,12:-:1,5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 3,10:-:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 3,10:e,h:-	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 3,10:l,z13:-	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 3,10:-:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 4,12:-:-	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp I 4,[5],12:-:-	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp I 4,[5],12:-:1,2	3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella ssp I 4,[5],12:b:-	6	6	0	0	38	8	0	0	0	0	0	0	0	58
Salmonella ssp I 4,[5],12:d:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 4,[5],12:e,h:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 4,[5],12:i:-	44	31	4	0	123	60	0	3	0	0	0	0	0	265
Salmonella ssp l 47:z4,z23:-	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp l 6,7,14:-:-	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 6,7,[14]:r:-	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 6,7:-:-	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp I 6,7:c:-	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp I 6,7:d:-	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 6,7:e,h:-	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp l 6,7:k:-	1	0	0	0	1	8	0	0	0	0	0	0	0	10

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	îP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Salmonella ssp I 6,8:-:1,2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I 6,8:d:-	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp I 6,8:e,h:-	2	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella ssp I 6,8:-:-	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp I 9,12,Vi:-:-	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp I 9,12:-:-	1	0	0	0	5	3	0	1	0	0	0	0	0	10
Salmonella ssp I 9,12:-:1,5	1	0	0	0	4	4	0	1	0	0	0	0	0	10
Salmonella ssp I 9,12:I,v:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:-:-	0	0	0	0	3	1	1	0	0	1	0	0	0	6
Salmonella ssp I Rough-O:-:1,6	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:HNM	3	0	0	0	6	2	1	1	0	0	0	0	0	13
Salmonella ssp I Rough-O:b:l,w	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:-:-	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:e,h:1,2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:g,m:-	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella ssp I Rough-O:i:1,2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:r:-	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:r:1,5	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp I Rough-O:z10:e,n,z15	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:z38:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp I Rough-O:z4,z23:-	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp II 16:m,t:-	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp II 40:c:e,n,x,z15	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp II 58:l,z13,z28:z6	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp IIIa 41:z4,z23:-	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIa 48:z4,z24:-	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb	3	0	0	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	6
Salmonella ssp IIIb 11:k:z53	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 47:k:z35	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 48:-:z57	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 48:k:z53	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 48:I,v:1,5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 48:I,v:z	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 50:k:z	1	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella ssp IIIb 50:z52:z35	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 50:z:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 53:r:z35	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 53:z10:z35	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 60:r:e,n,x,z15	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	ÎP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Salmonella ssp IIIb 61:-:1,5,7	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella ssp IIIb 61:k:1,5,7	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 61:l,v,z13:1,5,7	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp IIIb 61:l,v:1,5,7	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella ssp IIIb 61:l,v:z35	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IIIb 61:z52:z53	2	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella ssp IIIb OR:-:-	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Salmonella ssp IIIb Rough-O:k:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IV	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IV 17:z29:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella ssp IV 43:z4,z23:-	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella ssp IV 44:z4,z23:-	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	4
Salmonella ssp IV 48:g,z51:-	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	3
Salmonella ssp IV 50:g,z51:-	2	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	5
Salmonella ssp IV 50:z4,z23:-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Total - Salmonella	116 3	101 3	181	230	289 7	138 9	160	175	27	63	2	7	6	7313
Shigella														
Shigella	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Shigella boydii 1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella boydii 10	2	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	4
Shigella boydii 11	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella boydii 19	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella boydii 2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella boydii 20	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella boydii 4	1	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Shigella boydii 8	2	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Shigella boydii	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	3
Shigella dysenteriae 16	1	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Shigella dysenteriae 3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella dysenteriae 4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella dysenteriae 9	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Shigella flexneri 1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella flexneri 1a	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	4
Shigella flexneri 1	8	1	0	0	16	10	0	0	0	0	0	0	0	35
Shigella flexneri 2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella flexneri 2a	8	12	0	0	50	58	0	0	0	0	0	0	0	128
Shigella flexneri 2b	4	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	7

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	îP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Shigella flexneri 3a	2	1	0	0	6	18	0	0	0	0	0	0	0	27
Shigella flexneri 3b	1	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Shigella flexneri 4	4	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	6
Shigella flexneri 4a	0	1	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	0	4
Shigella flexneri 6	4	3	0	0	7	3	0	0	0	0	0	0	0	17
Shigella flexneri	0	0	7	6	1	4	0	0	0	0	0	0	0	18
Shigella flexneri Prov. SH-104	1	1	0	0	3	2	0	0	0	0	0	0	0	7
Shigella flexneri var. X	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella flexneri var. Y	0	0	0	0	1	6	0	0	0	0	0	0	0	7
Shigella sonnei	57	40	7	11	177	103	1	6	0	0	0	0	0	402
Total - Shigella	102	65	15	17	275	214	2	7	0	1	1	0	0	699
Vibrio														
Vibrio alginolyticus	3	1	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	8
Vibrio cholerae O1 Inaba	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Vibrio cholerae O1 Ogawa	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Vibrio cholerae O1 bio El Tor sero	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Vibrio cholerae non O1/O139	3	4	1	0	1	5	0	0	2	0	0	0	0	16
Vibrio fluvialis	1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5
Vibrio harveyi	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Vibrio mimicus	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Vibrio parahaemolyticus	9	3	1	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	17
Vibrio sp	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Vibrio vulnificus	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Total - Vibrio	16	12	2	2	11	5	3	0	3	0	0	0	0	54
Yersinia														
Yersinia aleksiciae	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Yersinia bercovieri	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Yersinia enterocolitica	51	48	4	4	164	46	1	3	0	0	0	1	0	322
Yersinia frederiksenii	21	6	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30
Yersinia intermedia	11	8	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	21
Yersinia kristensenii	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Yersinia pseudotuberculosis	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Yersinia rohdei	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
Yersinia sp	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Total - Yersinia	86	68	11	7	164	46	1	3	0	0	0	1	0	387
Parasites														

## 39 | PROGRAMME NATIONAL DE SURVEILLANCE DES MALADIES ENTÉRIQUES (PNSME) 2017

	C B.	Alb	Sas k.	Ma n.	Ont	Qc	N B.	N É.	îP É.	TN L.	Yn ³	T.N O.	N t	TOT AL
Cryptosporidium	34	4	5	9	197	19	9	40	14	2	2	0	0	335
Cyclospora	1	1	0	0	40	4	0	2	0	0	0	0	0	48
Entamoeba histolytica/dispar	176	5	15	19	150	117	0	1	0	0	12	0	0	495
Giardia	90	12	62	93	298	69	63	89	4	5	12	0	0	797
Total - Parasites	301	22	82	121	685	209	72	132	18	7	26	0	0	1675
Virus														
Adénovirus	51	3	0	32	65	0	0	2	0	1	0	0	0	154
Astrovirus	8	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	0	0	15
Entérovirus	0	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
Hépatite A	22	38	9	14	124	69	0	6	0	8	0	0	0	290
Norovirus	259	80	98	112	643	310	42	87	45	55	2	0	0	1733
Rotavirus	29	0	51	20	86	0	99	45	9	42	0	0	0	381
Sapovirus	8	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	24
Total - Virus	377	137	158	181	925	379	141	140	54	106	2	0	0	2600

## Appendice 3. Lysotypes des isolats soumis au LNM, 2017

Organisme	Lysotype	C B.	Alb.	Sas k.	Man	Ont.	Qc	N B.	N É.	ÎP É.	T.N. -O.	Total
Escherichia coli												
Escherichia coli O Rough:H non mobile	K1 négatif	3				1						4
	Sous-total	3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	4
Escherichia coli O non identifié:H non mobile	K1 négatif			2	1	1	1					5
Escherichia coli O1:H7	K1 négatif					1						1
	K1 positif				1	2						3
	Sous-total	0	0	2	2	4	1	0	0	0	0	9
Escherichia coli O117:H7	K1 négatif	2										2
	K1 positif	4										4
	Sous-total	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Escherichia coli O2:H7	K1 positif					2						2
Factorial POST	Sous-total	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
Escherichia coli O5:H non mobile	K1 négatif	3		1			1					5
<b>5</b> 1 111 #0011	Sous-total	3	0	1	0	0	1	0	0	0	0	5
Escherichia coli O6:H non mobile	K1 négatif					1						1
	Sous-total	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Escherichia coli O64:H8	K1 négatif						1				-	1
Factoristic action 75.11	Sous-total	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Escherichia coli O75:H non mobile	K1 négatif	1				1						2
	K1 positif		_		1		-	_				1
	Sous-total	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	3
Salmonella												
Salmonella Dublin	14c					1						1
	Non applicable					2						2
	Sous-total	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	3
Salmonella enterica ssp enterica (I)	193						1					1
	ATTM-275						1					1
	Sous-total	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2
Salmonella enterica ssp enterica (I) 1,4,[5],12,i:-	41		1									1
	Sous-total	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella enterica ssp enterica (I) 4,[5],12,[27]:- :1,2	1		1									1
<i>,</i> =	Sous-total	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella enterica ssp enterica (I) 4,[5],12:b:-	ATPB-01					2	1					3
() /L-1/	ATPB-05					2	2					4
	ATPB-19	1							1			2
	ATPB-26					1						1
	ATPB-27	1										1
	ATPB-28					1	1					2
	ATPB-30					1						1

	Detteres											-
	Battersea	1				4						5
	Beccles var2	1				1						1 -
	Dundee var 1	1				6	4					7
	Dundee var. 2		0				1					1
	Non typable	4	2			8	4					14
	Non typable	1	3			4	1					9
	Atelier		1			4						1
	Atelier					1			4			1
Salmonella enterica ssp enterica (I) 4,[5],12:b:-	Sous-total ATPB-01	9	6	0	0	31	<b>6</b> 1	0	1	0	0	53 1
var Java	Battersea						1					1
	Sous-total	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2
Salmonella enterica ssp		0		0				-	U	U	U	
enterica (I) 4,[5],12:i-	104b					2						2
	108	1										1
	120					6	2					8
	121						1					1
	132	1					1					2
	179 var						1					1
	191	1	2		1	15	7					26
	191a		2									2
	193	23	10	1	8	42	24					108
	193a						1					1
	195	1				3						4
	21					1			2			3
	22					1						1
	3						1					1
	35					1	3					4
	41					3	3					6
	5					1						1
	ATTM-161	1										1
	ATTM-165					1						1
	ATTM-173					2						2
	ATTM-184					2						2
	ATTM-240	2	3			3	1					9
	ATTM-243						1					1
	ATTM-250	1	1	1								3
	ATTM-253				1							1
	ATTM-263		1			1						2
	ATTM-264					1						1
	ATTM-265						2					2
	ATTM-266						1					1
	ATTM-267					1						1
	ATTM-268					1						1
	ATTM-272					5						5
	ATTM-275	1										1
	ATTM-280					2						2
	ATTM-282		1									1
	ATTM-286								1			1

	ATTM-289	1	1									2
	ATTM-269	1	'									1
	ATTM-311	1										1
	ATTM-312	'		1								1
				-		4						
	ATTM-322					1						1
	U274					1						1
	U291		1	1		12	8					22
	U302	1	1				1					3
	U311		1									1
	Non typable		1									1
	UT1	2	3		1	8	2					16
	UT2		2				2					4
	UT5						1					1
	UT6	1										1
	UT7		1		1							2
	Sous-total	39	31	4	12	116	63	0	3	0	0	268
Salmonella enterica ssp enterica (I) 9,12:I,v:-	G					1						1
,,,,,,	Sous-total	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Salmonella enterica ssp enterica (I) O Rough:i:1,2	Non typable					1						1
	Sous-total	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Salmonella Enteritidis		1				1						2
	1	27	27	5	15	241	109	16	26	2	3	471
	11b	1	1	5		4	2					13
	13	141	54	15	16	120	89	10	17	4	5	471
		141 174	54 244	15 21	16 29	120 107	89 66	10 8	17 5	4	5 7	471 661
	13 13a 14b									4		
	13a 14b					107 4	66			4		661
	13a 14b 14c	174				107 4 2	66 1			4		661 5 4
	13a 14b 14c 15a	174	244			107 4 2 1	66 1			4		661 5 4 1
	13a 14b 14c 15a 18	174	244		29	107 4 2 1 5	66 1 1			4		661 5 4 1 31
	13a 14b 14c 15a 18	174	8 1			107 4 2 1 5	66 1 1 1 2	8		4		661 5 4 1 31 7
	13a 14b 14c 15a 18 19	174	244		29	107 4 2 1 5	66 1 1 1			4		661 5 4 1 31 7 24
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b	174	8 1 3	21	3	107 4 2 1 5 1	66 1 1 2 6 1	2	5		7	661 5 4 1 31 7 24
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2	174 1 18 2 15	8 1 3		29	107 4 2 1 5 1 11	66 1 1 2 6 1 23	8		1		661 5 4 1 31 7 24 1
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2	174 1 18 2 15 6	8 1 3	21	3	107 4 2 1 5 1 11	66 1 1 2 6 1 23 2	2	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21	174 1 18 2 15 6 3	8 1 3 14 3 6	21	3	107 4 2 1 5 1 11 33 8	66 1 1 2 6 1 23 2 4	2	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c	174 1 18 2 15 6 3 1	8 1 3 14 3 6	21	3	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2	2	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22	174 1 18 2 15 6 3 1	8 1 3 14 3 6 1 2	21	3 2	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13	66 1 1 2 6 1 23 2 4	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23	174 1 18 2 15 6 3 1	8 1 3 14 3 6 1 2	3	3	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2	2	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3	174 1 18 2 15 6 3 1 1	8 1 3 14 3 6 1 2	21	3 2	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3 3 31	174 1 18 2 15 6 3 1 1 1	8 1 3 14 3 6 1 2 1	3	3 2	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11 2
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3 31 34	174 1 18 2 15 6 3 1 1 1 1	8 1 3 14 3 6 1 2 1 1	3	3 2 1 2	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13 5	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2 4	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11 2 1 32
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3 31 34 35	174 1 18 2 15 6 3 1 1 1 1 1 20	8 1 3 14 3 6 1 2 1	3	3 2	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13 5	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2 4	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11 2 1 32 100
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3 31 34 35 4	174 1 18 2 15 6 3 1 1 1 1 20 2	244  8 1 3 14 3 6 1 2 1 1 26 25	3	3 2 1 2 3	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13 5	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2 4	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11 2 1 32 100 24
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3 3 31 34 35 4	174 1 18 2 15 6 3 1 1 1 1 1 20	8 1 3 14 3 6 1 2 1 1	3	3 2 1 2	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13 5	66 1 1 1 2 6 1 23 2 4 2 4	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11 2 1 32 100 24 23
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3 31 34 35 4 41 44	174 1 18 2 15 6 3 1 1 1 1 20 2	244  8 1 3 14 3 6 1 2 1 1 26 25	3	3 2 1 2 3	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13 5	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2 4 9 8	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11 2 1 32 100 24 23 2
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3 31 34 35 4 41 44 47	174 1 18 2 15 6 3 1 1 1 1 20 2 13	244  8 1 3 14 3 6 1 2 1 1 26 25	3	3 3 2 1 2	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13 5 39 11 3	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2 4 2 4 2 1	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11 2 1 32 100 24 23 2
	13a 14b 14c 15a 18 19 1b 1d 2 20 21 21c 22 23 3 31 34 35 4 41 44	174 1 18 2 15 6 3 1 1 1 1 20 2	244  8 1 3 14 3 6 1 2 1 1 26 25	3	3 2 1 2 3	107 4 2 1 5 1 11 33 8 11 7 13 5	66 1 1 2 6 1 23 2 4 2 4 9 8	2 4	8		7	661 5 4 1 31 7 24 1 106 19 25 12 21 11 2 1 32 100 24 23 2

51			1	1	7	8				1	18
55	4				2						6
56						1					1
57					3						3
59						3					3
5a		1		2							3
6	3	1	1	1	15	9		1			31
61					4						4
63	44	25	5	7	163	97	10	16	4	2	373
64	5	3	2		13	10		2			35
6a	7	7		2	19	7					42
6b							1				1
6c						1					1
6d					3						3
7					1	1					2
7a	4										4
8	87	69	13	8	248	81	25	18	2	14	565
8a							1				1
ATEN-01	2	1	1	2	4	5	2			1	18
ATEN-02					1						1
ATEN-03	1				4						5
ATEN-05					2						2
ATEN-102		1	1		1						3
ATEN-106	1				3	5	1				10
ATEN-107		1									1
ATEN-108					2						2
ATEN-111					1						1
ATEN-112		3			7	3					13
ATEN-113	1										1
ATEN-114					2						2
ATEN-115					1						1
ATEN-116					1						1
ATEN-117					1						1
ATEN-118						1					1
ATEN-119					1						1
ATEN-120						1					1
ATEN-121					2			1			3
ATEN-122					1						1
ATEN-123	2	3		1	17	3	2	3			31
ATEN-124					2						2
ATEN-125	1										1
ATEN-126					1						1
ATEN-127	1										1
ATEN-128					1						1
ATEN-129						1					1
ATEN-130								1			1
ATEN-131		1									1
ATEN-132							1				1
ATEN-133					1						1

	ATEN-134					1						1
	ATEN-135			1								1
	ATEN-136			•					1			1
	ATEN-137					1						1
	ATEN-138		1			·						1
	ATEN-139	1	1								1	3
	ATEN-14		·								1	1
	ATEN-140				1	4						5
	ATEN-141					1						1
	ATEN-142					1						1
	ATEN-143		1			·						1
	ATEN-144		•			1						1
	ATEN-145							1				1
	ATEN-146						1					1
	ATEN-147	1					'					1
	ATEN-148	'	1									1
	ATEN-15		'			2						2
	ATEN-15	1										1
	ATEN-33	'				1						1
	ATEN-37	3	1			ı						4
	ATEN-41	3	'				1					1
	ATEN-50	1	2			1	1					5
		1	2				1	1				
	ATEN-52	4	4			3		1				4
	ATEN-55	1	1			4						2
	ATEN 60	0				1						1
	ATEN-63	2				4	4					6
	ATEN-64	1				4	1					2
	ATEN-68	1				1	4					2
	ATEN-71	1				2	1					4
	ATEN 28					1	3					4
	ATEN-86					4						4
	ATEN-91		-			3						3
	ATEN-92	1	2			1						4
	ATEN-93		1			2	5					8
	ATEN-94	1				2						3
	ATEN-97		1									1
	ATEN-99					2						2
	Non viable			1								1
	Culture non viable	2			1							3
	Culture non viable	1										1
	Culture non viable	5										5
	Non typable	4	1			15	3	1	1	1		26
	Non typable					1						1
	Sous-total	622	553	83	100	1,224	587	92	103	14	38	3,416
Salmonella Hadar	11		1	2		1						4
	13						1					1
	14				1							1
	18		2			5						7

	2		1		1	3	1					6
	33				1							1
	41					1						1
	43					2						2
	5		2									2
	ATHR-04					1	1					2
	Non typable	2										2
	Sous-total	2	6	2	3	13	3	0	0	0	0	29
Salmonella Heidelberg	1		1					1				2
	10	1				19	9		4		1	34
	13						1					1
	17					2	1					3
	18					5	2	2	1			10
	19	12	35	2	7	96	80	11	9	4	8	264
	19a	1				15	4	1	1			22
	2						1					1
	20						1	1				2
	21								1			1
	22					4	1					5
	24			1								1
	25					1						1
	26					1	3	1				5
	29		2	1		11	9	3				26
	29a		1				1					2
	32						1					1
	32b					1						1
	36	1	1			5	1					8
	39			1	1	2						4
	40					3	1					4
	40a					11						11
	41		1	1		5	1					8
	5	1				10	2		1			14
	52					4						4
	54					1						1
	55						1					1
	58	1						1				2
	61						1	1				2
	6a						1					1
	9					2	2					4
	ATHE-01		3									3
	ATHE-08					1						1
	ATHE-09					1						1
	ATHE-12					1	1					2
	ATHE-27				3							3
	ATHE-41			1								1
	ATHE-43								1			1
	ATHE-45	1										1
	ATHE-67					1						1
	ATHE-68						1					1

	ATHE-69		1									1
	ATHE-70					1	3					4
	ATHE-71						1					1
	ATHE-72					1						1
	Culture non viable					1						1
	Sous-total	18	45	7	11	205	130	22	18	4	9	469
Salmonella Infantis	1		3			2	2					7
	11					2						2
	12			1		2						3
	13		2			8	7	1				18
	24		1		1		1					3
	26		2			2						4
	3		1			4						5
	4	4	5	1	1	10	5		1			27
	5					1	1					2
	7	16	15	2	5	84	8		4			134
	8		2			3		1	2			8
	ATIN-01					1						1
	ATIN-02		2				1					3
	ATIN-03					1						1
	ATIN-04						1					1
	ATIN-06					1						1
	ATIN-07						1					1
	Culture non viable	2										2
	Non typable				2	2						4
	Sous-total	22	33	4	9	123	27	2	7	0	0	227
Salmonella Newport	1	2	1			2						5
	10	1			1	1	1					4
	11	1										1
	13	1	4			12	3					20
	14	5	1			18					2	26
	14a	2	3		1	4	2	1				13
	14b			2		3						5
	14d					1	1					2
	16		1									1
	17a	2	1			3	1		1			8
	17c		1									1
	17e				1							1
	18					2			1		2	5
	1a						1					1
	2	1	2	1	2	5	1	1				13
	3					1						1
	4		1									1
	6					4	1					5
	9	3	2	1		14	3	1				24
	ATNP-01					1						1
	ATNP-10					1						1
	ATNP-14					1						1

	ATNO 47	1		1		4		1				4
	ATNP-17	4		4		1						1
	ATNP-21	1		1		,						2
	ATNP-24	1				1	1					3
	ATNP-31					1						1
	ATNP-33			1								1
	ATNP-34					1						1
	ATNP-39				1							1
	ATNP-42				1							1
	ATNP-47				2							2
	ATNP-48	1										1
	ATNP-49						1					1
	ATNP-50	1										1
	Culture non viable	1										1
	Non typable	1				1						2
	Sous-total	24	17	6	9	78	16	3	2	0	4	159
Salmonella Brandenburg	1	2	2		1	2	3					10
	11		1			4	1					6
	13					1						1
	15	3	1			1						5
	3		1									1
	6	1	3			7	2					13
	7		1									1
	8					2	2					4
	9		1									1
	ATOR-02					1						1
	ATOR-20						1					1
	ATOR-21						1					1
	ATOR-25					1		2				3
	ATOR-26					1						1
	Non typable		1				1					2
	Sous-total	6	11	0	1	20	11	2	0	0	0	51
Salmonella Panama	Α	2				4						6
	ATPA-05		1			-						1
	ATPA-07					1						1
	ATPA-10	1				·	1					2
	ATPA-11					1	,					1
	G	1	4			5	3					13
	Н		1			1						2
	Sous-total	4	6	0	0	12	4	0	0	0	0	26
Salmonella Paratyphi A	6a	1									J	1
- amonona i aratypiii i	Sous-total	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonella Paratyphi B	ATPB-07				1	•					J	1
Samonona i didiypiii D	ATPB-14				'	1	2					3
	Battersea				1	'						1
	Taunton		1		1	3	2					6
	Sous-total	0	1	0	2	4	4	0	0	0	0	11
Salmonella Paratyphi B	1var2		•			1	7					1
var. Java	3b var 2					2						2
	55 TG: 2											

	1								1			_
	3b var 7		1							1		2
	ATPB-03		1			1	3					5
	ATPB-07		1				1					2
	ATPB-08					1						1
	ATPB-12	1				1						2
	ATPB-13		2									2
	ATPB-16								1			1
	ATPB-29		1									1
	Battersea		1									1
	Dundee	4										4
	Dundee var 1	3	1									4
	Dundee var. 2	1	1			1						3
	Dundee var1					1						1
	Non typable	2				1	1					4
	Non typable	1	1					1				3
	Atelier	2	3									5
	Sous-total	14	13	0	0	9	5	1	1	1	0	44
Salmonella Thompson	1	1	2		1	59	14	3				80
	14		1			3	1	1				6
	17					1						1
	18					6		1				7
	2	1				2						3
	25					4	1					5
	26					1						1
	27		1			1						2
	3					1						1
	4						1					1
	8					1						1
	ATTH-10					1						1
	ATTH-21			1		4	1					6
	Non typable					2	1					3
	Non typable					6	1					7
	Sous-total	2	4	1	1	92	20	5	0	0	0	125
Salmonella Typhi	28		1			3						4
	35	1										1
	60	1										1
	Α	2	2			1	2					7
	D1		2									2
	DVS		1		1	2						4
	E1	5	5		2	12	2					26
	E9				1	2						3
	E9 var	1				1						2
	E9 var.	3	1			2						6
	F6		1									1
	J1	7										7
	M1						1					1
	Culture non	1										1
	viable											
	Non typable	8	2			11	1					22
	Non typable					1						1

	UVS	8	2	1		16	1					28
	UVS I+IV	3				4						7
	Sous-total	40	17	1	4	55	7	0	0	0	0	124
Salmonella Typhimurium	1	1	5	2	8	9	6					31
	10		2		1	23	3		2	2		33
	104		22	2	4	5	8	1			2	44
	104a			1		6	3					10
	104b	1	2	1	1	20	10	1				36
	106						1					1
	107			1			4					5
	108	3	7	1		31	22		2			66
	110								1			1
	110b		1			1						2
	116					1			1			2
	12				1	3	4					8
	120	1	1		1	1	5			1		10
	125					1	1					2
	126				3	2						5
	132		1		1	10	1	1				14
	135	4				2	2					8
	136					5						5
	160			1		1						2
	179 var		1									1
	193	1	5	2		9	15					32
	193a		1			1						2
	194						1					1
	195					2	1					3
	2		3	1		2	3			1		10
	20					2						2
	208		1			2						3
	22					1	1					2
	3				1	2						3
	32					1						1
	35	2	2			3	2					9
	36					1						1
	39					1						1
	4		1									1
	40	1				1						2
	41		3	2		2					2	9
	42		1			1						2
	51						2					2
	66a								1			1
	69					1						1
	75 var		1									1
	8								1			1
	80					1						1
	81					1						1
	99							1				1
	ATTM-05	2										2

ATTM-07					1	1			2
ATTM-104					1	'			1
ATTM-150					1				1
ATTM-162					1				1
ATTM-168					1				1
ATTM-190	1				'				1
ATTM-190	'					1			1
ATTM-210					1	1			1
ATTM-223					1	1			1
ATTM-231					2	1			2
					2				
ATTM-242					1				1
ATTM-246					1				1
ATTM-247					2				2
ATTM-248					3				3
ATTM-251					2				2
ATTM-252					1				1
ATTM-254	1								1
ATTM-269		2	2	10	1				15
ATTM-270		1							1
ATTM-271	1								1
ATTM-274			1						1
ATTM-275				1					1
ATTM-276		1			1				2
ATTM-277					2				2
ATTM-278					1	2			3
ATTM-279		1							1
ATTM-283					2				2
ATTM-284		1			1				2
ATTM-285					1				1
ATTM-287						1			1
ATTM-288						1			1
ATTM-29					1				1
ATTM-290	1								1
ATTM-291					1				1
ATTM-292					1				1
ATTM-293	1								1
ATTM-294					3				3
ATTM-295						1			1
ATTM-296					2				2
ATTM-297					2				2
ATTM-298					2				2
ATTM-299					1				1
ATTM-300						2			2
ATTM-301					1	_			1
ATTM-302	1				1	1			3
ATTM-302					1				1
ATTM-304					1				1
ATTM-304					1				1
ATTM-305					'		1		1
ATTIVI-307									

												1
	ATTM-308					1						1
	ATTM-309					1						1
	ATTM-310		1			1						2
	ATTM-313					1						1
	ATTM-314					1						1
	ATTM-316						1					1
	ATTM-317					3						3
	ATTM-318					1						1
	ATTM-319					1						1
	ATTM-320					1						1
	ATTM-321					1						1
	ATTM-323							1				1
	ATTM-324					1						1
	ATTM-325						1					1
	ATTM-326	1										1
	ATTM-327					1						1
	ATTM-328					1						1
	ATTM-329						1					1
	ATTM-330		2									2
	ATTM-331						1					1
	ATTM-332					1						1
	ATTM-333					1						1
	ATTM-334					1						1
	ATTM-335					1						1
	ATTM-336					1						1
	ATTM-54					1						1
	ATTM-57						1					1
	U274		2			1						3
	U302	1	_	2		8	26	2			2	41
	U302 var			_		J	1	_			_	1
	Non typable	1				4	2					7
	Non typable		1			2	2					5
	UT1	5	7	1	3	3	2	1			1	23
	UT2		3	'	1	3		'	3		'	7
	UT6		1						J			1
	Sous-total	30	83	20	36	239	144	9	11	4	7	583
	Jous-Iolai	30	00	20	30	233	1-4-4	9	- 11	-	<b>'</b>	303
Shigella												
Shigella boydii	9			1		1	1					1
Orngena boyun	Sous-total	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella boydii 1	9	-	1									1
Shigelia boyuli 1	Sous-total	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella boydii 10	12	-			-	U	U	1	U		-	1
Griigelia buyuli 10	ATSB-10					1		-				1
	Sous-total	0	0	0	0		0	1	0	0	0	2
Shigalla havdii 40		_	U	U	U	1	U	1	U	U	U	
Shigella boydii 19	3	1	_	^	^	_	_	_	^	^	^	1
Chigalla hazzelii O	Sous-total	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Shigella boydii 2	6		1	_		_			_	_	_	1
	Sous-total	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1

## 52 | PROGRAMME NATIONAL DE SURVEILLANCE DES MALADIES ENTÉRIQUES (PNSME) 2017

Shigella boydii 20	Non typable						1					1
	Sous-total	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Shigella boydii 4	13		1			2			1			4
	Sous-total	0	1	0	0	2	0	0	1	0	0	4
Shigella boydii 8	ATSB-09					1						1
	Sous-total	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Shigella sonnei	1	1	22	2		2			1			28
	14		1			1						2
	2		2									2
	9		1									1
	ATSS-37		3									3
	ATSS-42		1									1
	ATSS-49		1									1
	ATSS-50		5	2					2			9
	ATSS-51								3			3
	ATSS-52		2	1								3
	ATSS-53		1									1
	ATSS-54			1								1
	ATSS-55							1				1
	ATSS-56			1								1
	Sous-total	1	39	7	0	3	0	1	6	0	0	57