

RAPPORT ANNUEL D'ACTIVITE 2025

CNR Campylobacter et Hélicobacter



	Organisme / Structure d'hébergement	Responsable
Laboratoire CNR	CHU de Bordeaux	Pr Philippe LEHOURS

Guide de remplissage

Conformément à l'arrêté du 2 mars 2022 fixant leur cahier des charges, les Centres Nationaux de Référence (CNR) sont tenus de transmettre chaque année un rapport annuel portant sur l'activité du CNR pour l'année « N » à Santé publique France avant la fin du premier semestre de l'année « N+1 ». Ce rapport doit être conforme au rapport-type national défini par le Comité des CNR aux fins de définir un cadre de présentation homogène des activités du CNR et de ses éventuels laboratoires associés.

Si le CNR comporte un ou plusieurs laboratoires associés, le CNR – Laboratoire coordonnateur doit présenter un rapport commun faisant la synthèse des activités des laboratoires concourant aux missions du CNR.

Ce rapport décrit les activités du CNR et produit une analyse des données recueillies au cours de l'année « N ». Il doit être concis, éviter les redondances, privilégier les illustrations pour les résultats (graphes, cartes, tableaux). Il s'agit de fournir un travail de synthèse mettant en exergue les points forts du bilan d'activité de l'année.

Ce rapport doit inclure un résumé analytique, en français et en anglais, de 300 mots maximum (2700 caractères) destiné à être publié sur le site de Santé publique France.

Ce rapport comporte 3 annexes, regroupées à la fin du document :

- Les annexes 1 et 2 ont pour objet de rappeler les missions et l'organisation du CNR d'une part, ses capacités techniques d'autre part. Ces éléments sont pour la plupart déjà disponibles dans votre dossier de candidature. Seuls les éléments nouveaux (changement d'organisation, de locaux, nouvelles capacités ...) doivent figurer dans le corps du rapport.
- L'annexe 3 regroupe des informations confidentielles, à l'attention de Santé publique France et de son Comité des CNR, non destinées à être rendues publiques : permanence du CNR, détenteurs d'autorisations MOT (Micro-Organismes et Toxines), détenteurs d'autorisations d'exercer la biologie médicale (AEBM), résultats de recherche non encore publiés ou sous embargo, difficultés rencontrées, liste des activités menées par le CNR en lien avec des entreprises ou établissements industriels ou commerciaux dont les produits entrent dans le champ d'expertise du CNR (cf déclarations d'intérêts et engagement déontologique signé par les responsables des CNR (en précisant la nature des activités, les financements éventuels obtenus et la destination de ces financements). Cette annexe 3 doit figurer dans un document PDF distinct ou être détachable de la version papier fournie.

Il vous est demandé de respecter rigoureusement ce plan-type qui concorde avec celui de la grille d'évaluation utilisée par les experts du Comité. A l'exception de son annexe 3, ce rapport annuel d'activité a vocation à être publié sur le site web du CNR.

NB : Les contrôles de contenus insérés dans la matrice du document sont supprimés dès que vous commencez la saisie, ils rappellent ce qui est attendu par les experts du Comité des CNR

Guide de remplissage	2
Résumé analytique	5
Faits marquants.....	5
Executive summary.....	6
Highlights.....	6
1. Missions et organisation du CNR	7
Organigramme.....	7
Mission et Organisation	7
Démarche Qualité.....	7
2. Activités d'expertise	9
2.1 Evolution des techniques	9
2.2 Travaux d'évaluation des techniques, réactifs et troussees	9
2.3 Techniques transférées vers d'autres laboratoires	10
2.4 Collections de matériel biologique	11
2.5 Activités d'expertises	14
2.6 Activités de séquençage	15
3. Activités de surveillance	23
3.1 Description du réseau de partenaires	23
3.2 Surveillance de l'évolution et des caractéristiques des infections	33
3.3 Surveillance de la résistance des agents pathogènes aux anti-infectieux.....	42
3.4 Interfaces avec les réseaux de surveillance nationaux ou internationaux.....	51
3.5 Enquêtes ou études ponctuelles concourant à la surveillance	51
4. Alertes	59
5. Activités de mise à disposition de l'information, de formation et de conseil	60
5.1 Conseil et expertise aux professionnels de santé	60
5.2 Conseil et expertise aux autorités sanitaires	62
5.3 Conseil et expertise pour d'autres cibles (médias, grand public ...).....	62
6. Travaux de recherche et publications en lien direct avec l'activité du CNR	63
6.1 Activités de recherche en cours lors de l'année N, concernant uniquement celles ayant un lien direct avec les missions et activités du CNR.....	63
6.2 Liste des publications et communications de l'année N, concernant uniquement celles ayant un lien direct avec les missions et activités du CNR.....	67

7. Coopération avec les laboratoires de santé animale, de sécurité sanitaire des aliments, environnementaux	70
8. Programme d'activité pour les années suivantes	71
Annexe 1 : Missions & organisation du CNR	77
1.1 Missions du CNR et de ses éventuels laboratoires associés	77
1.2 Organisation du CNR et de ses éventuels laboratoires associés	78
1.3 Locaux et équipements	79
1.4 Collections de matériel biologique	81
1.5 Démarche qualité du laboratoire	81
Annexe 2 : Capacités techniques du CNR	84
2.1 Liste des techniques de référence	84
2.2 Liste des techniques recommandées par le CNR	84
Annexe 3 : Autres informations (non destinées à être rendues publiques)	90
3.1 Permanence du CNR	90
3.2 Autorisations MOT	90
3.3 Autorisations d'exercer la biologie médicale	90
3.4 Résultats de recherches non encore publiés ou sous embargo	90
3.5 Difficultés rencontrées par le CNR au cours de l'année N, y compris en termes de mise à disposition de la subvention versée par Santé publique France	90
3.6 Liste des activités menées par le CNR en lien avec des entreprises ou établissements industriels ou commerciaux dont les produits entrent dans le champ d'expertise du CNR	90
3.7 Autres remarques à destination du comité des CNR	91

Résumé analytique

Faits marquants

En 2025, l'activité Campylobacter a fortement progressé notamment les saisies sur le site Campy-net. Le CNR s'appuie en 2025 sur un réseau de 60 laboratoires et 96 laboratoires hospitaliers (Campy.COM et Campy.HOP) ; 80 % des souches reçues au CNRCH transitent par notre système de transport. 36 correspondants utilisent le réseau Campy-net n'envoyant qu'une souche sur dix au CNR pour contrôle qualité : 12 CHU, 8 CH ou CHD, 16 groupements de laboratoires du secteur privé.

En 2025, de nouveaux acteurs ont intégré le réseau Campy-net dont les CHU de Clermont-Ferrand et Strasbourg ainsi que des groupements privés comme SYNLAB Auvergne et BIOGROUPE Bretagne. Le secteur hospitalier renforce sa participation avec 21 nouveaux centres et pour la première fois, le nombre d'envois de souches dépassent celui des déclarations via Campy-net. Les hôpitaux majoritairement nous permettent d'étudier des souches d'espèces diversifiées autres que *C. jejuni* et *C. coli*, tout comme des prélèvements non fécaux (90% proviennent du réseau hospitalier). De nombreux établissements enregistrent de fortes hausses d'activité au sein du réseau Campylobacter, certains dépassant 50 %. Les groupements privés se restructurent et progressent avec une augmentation significative des déclarations dans plusieurs départements auparavant peu couverts. Le partenariat engagé en 2025 avec BIOGROUPE améliore fortement la couverture territoriale. Le partenariat avec INOVIE, initié en 2024, représente 18 % des cas déclarés en 2025 et a doublé le nombre de signalements par rapport à 2024. La couverture nationale reste solide grâce à l'engagement public-privé, avec une hausse de plus de 60 % des déclarations d'infections en 2025 et un pic estival décalé en juillet pour la deuxième année consécutive. L'épidémiologie des infections à Campylobacters et bactéries apparentées se restreint comme en 2024 à 4 bactéries : *C. jejuni*, *C. coli*, *C. fetus* et *A. butzleri*. Cet appauvrissement de la diversité en espèce est probablement le reflet des stratégies d'analyse par PCR syndromiques des Campylobacters sur selles en amont de la culture. Les taux de résistance aux antibiotiques sont néanmoins stables par comparaison aux années précédentes. La résistance aux macrolides par production d'érythromycine méthyltransférases reste à un niveau heureusement bas.

L'activité privée pour *H. pylori* a considérablement augmenté en 2025 grâce au réseau Hélico-net. Le CNR a renforcé en 2025 son maillage territorial avec l'intégration dans l'activité *H. pylori* des CH de Langon, Libourne et Marmande. Le réseau de surveillance épidémiologique Hélico-net mis en place mi-juin 2023 sur le modèle du réseau Campy-net a permis en 2025 d'obtenir comme en 2024 une excellente couverture nationale des infections à *H. pylori* permettant une analyse à large échelle des résistances aux antibiotiques : 19 CHU, 10 CH et 4 laboratoires privés y participent. Le CNR a été sollicité en 2025 pour des conseils et pour l'automatisation de PCR sur des appareils de PCR syndromique type BD MAX ou Ingenius tel que publié par le CNR. Nous avons également été sollicités pour la mise en place d'EEQ pour *H. pylori* et avons organisé pour la deuxième année consécutive un EEQ pour les antibiogrammes de *H. pylori* à destination des laboratoires du réseau Hélico-net. Les résistances aux antibiotiques pour *H. pylori* restent stables par rapport à 2024.

Nous avons poursuivi en 2025 l'utilisation en routine du NGS pour les souches de Campylobacters. Le rendu des résultats NGS dans notre système informatique est standardisé et requêteable. Pour la partie NGS et *H. pylori*, l'approche par « target enrichment » (DNA capture) du résistome et du virulome de *H. pylori* au sein de biopsies gastriques a été validée et publiée sur biopsies gastriques fraîches et sur biopsies gastriques incluses en paraffine. Cette approche a été intégrée au catalogue des analyses réalisées en routine au sein du CNRCH.

La démarche qualité du CNR a été poursuivie avec des audits qualités internes. Nous avons maintenu à jour et alimenté en informations récentes notre site internet qui a vu sa fréquentation augmenter en 2025. Le personnel biologiste du CNR a été par ailleurs très sollicité pour ses missions de conseils. Les formations continues se sont notamment poursuivies en 2025, sous la forme de webinaires, destinées à nos correspondants.

Remerciements

Le CNRCH remercie chaleureusement tous les laboratoires qui participent à son réseau pour leur envoi et pour la qualité de nos échanges. Nous présentons la plupart de nos correspondants qui ont accepté de figurer sur ce rapport (avant Annexe 1), en tant que partenaire du CNR et membre du dispositif de surveillance des infections à Campylobacters et/ou Hélicobacters.

Executive summary

Highlights

In 2025, *Campylobacter* activity increased significantly, particularly on the Campy-net site. In 2025, the CNR relies on a network of 56 laboratories and 157 hospital laboratories (Campy.COM and Campy.HOP); 80% of the strains received by the CNRCH pass through our transport system. Thirty-six correspondents use the CAMPY-net network, sending only one in ten strains to the CNR for quality control: 12 university hospitals, 8 hospitals or district hospitals, and 16 private sector laboratory groups.

In 2025, new players joined the Campy-net network, including the Clermont-Ferrand and Strasbourg university hospitals and private groups such as SYNLAB Auvergne and BIOGROUPE Bretagne. The hospital sector strengthened its participation with 21 new centers and, for the first time, the number of strains sent exceeded the number of reports via CAMPY-net. Hospitals mainly allow us to study strains of species other than *C. jejuni* and *C. coli*, as well as non-fecal samples (90% of which come from the hospital network). Many establishments are seeing sharp increases in activity within the *Campylobacter* network, with some exceeding 50%. Private groups are restructuring and growing, with a significant increase in reports in several departments that were previously under-covered. The partnership with BIOGROUPE, launched in 2025, has greatly improved territorial coverage. The partnership with INOVIE, initiated in 2024, accounts for 18% of cases reported in 2025 and has doubled the number of reports compared to 2024. National coverage remains strong thanks to public-private engagement, with a more than 60% increase in reported infections in 2025 and a summer peak shifting to July for the second consecutive year.

The epidemiology of *Campylobacter* and related bacterial infections remains limited, as in 2024, to four bacteria: *C. jejuni*, *C. coli*, *C. fetus*, and *A. butzleri*. This decline in species diversity is likely a reflection of syndromic PCR testing strategies for *Campylobacter* in stool samples prior to culture. Antibiotic resistance rates remain stable compared to previous years. Resistance to macrolides through the production of erythromycin methyltransferases remains at a fortunately low level.

Private testing for *H. pylori* increased significantly in 2025 thanks to the Hélico-net network. In 2025, the CNR strengthened its territorial network with the integration of the Langon, Libourne, and Marmande hospitals into its *H. pylori* activity. The Hélico-net epidemiological surveillance network, set up in mid-June 2023 based on the Campy-net model, enabled excellent national coverage of *H. pylori* infections in 2025, as in 2024, allowing for large-scale analysis of antibiotic resistance: 19 university hospitals, 10 general hospitals, and 4 private laboratories participate in the network. In 2025, the CNR requested advice and assistance with the automation of PCR on BD MAX or Ingenius syndromic PCR devices, as published by the CNR. We were also asked to set up an EEQ for *H. pylori* and, for the second consecutive year, organized an EEQ for *H. pylori* antibiograms for laboratories in the Hélico-net network. Antibiotic resistance for *H. pylori* remains stable compared to 2024.

In 2025, we continued to routinely use NGS for *Campylobacter* strains. The rendering of NGS results in our computer system is standardized and searchable. For NGS and *H. pylori*, the target enrichment (DNA capture) approach for the resistome and virulome of *H. pylori* in gastric biopsies was validated and published on fresh gastric biopsies and paraffin-embedded gastric biopsies. This approach was included in the catalog of routine analyses performed at the CNRCH.

The CNR's quality approach was continued with internal quality audits. We kept our website up to date and provided it with recent information, and it saw an increase in traffic in 2025. The CNR's biologists were also in high demand for their consulting services. Continuing education courses continued in 2025 in the form of webinars for our correspondents.

Acknowledgements

The CNRCH would like to warmly thank all the laboratories participating in its network for their contributions and for the quality of our exchanges. We present most of our correspondents who have agreed to be included in this report (before Appendix 1) as partners of the CNR and members of the *Campylobacter* and/or *Helicobacter* infection surveillance system.

1. Missions et organisation du CNR

Organigramme 2025

Fonction	Prénom-Nom	Qualification	Statut
Responsable scientifique	Philippe Lehours	PharmD., PhD	PU-PH
Biologiste	Marine Jauvain/Moeava Martin*	PharmD/MD	AHU
Ingénieur hospitalier CAQ	Lucie Bénéjat-Bruhl	M2	CDI
Ingénieur hospitalier	Quentin Jehanne	PhD	CDI
Ingénieur hospitalier	Léo Gillet*	M2	CDD
TLM, CAQ	Astrid Ducournau	BTS	CDI
TLM	Johanna Aptel	BTS	CDD
TLM	Claudie Perreau	BTS	CDD
TLM CHU Bordeaux	X (pool des TLM de Bactériologie du CHU Pellegrin	BTS	CDI
TLM CHU Bordeaux	Léa Reybard (préparation milieu de culture)	BTS	CDI
TLM qualité	Marie Taymont*	BTS	CDD
Secrétaire	Erick Keisler	BTS	CDI

*Le Dr Marine Jauvain a quitté ses fonctions d'AHU fin avril 2025 et a été remplacé par Mr Moeava Martin en Mai. Mr Léo Gillet a quitté ses fonctions d'ingénieur au CNRCH et au CNRIST en juin 2025 et n'a pas été remplacé. Mme Marie Taymont a travaillé à 50% pour le CNRCH en 2025. Mme Claudie Perreau a quitté ses fonctions de technicienne fin février 2025. Mme Sidonie Ruault a remplacé Mme Astrid Ducournau pendant son congés maternité.

Mission et Organisation

Aucune évolution notable dans les missions du CNR depuis le dépôt de candidature de renouvellement.

Démarche Qualité

Le CNRCH fait partie du Pôle de Biologie et Pathologie, engagé dans une démarche d'accréditation selon la norme ISO 15189 auprès du COFRAC. Le recrutement d'une technicienne qualité en 2018 a permis de structurer et de pérenniser cette dynamique au sein du CNR. En 2023, Astrid Ducournau a été habilitée à la mission de Correspondante Assurance Qualité (CAQ), renforçant ainsi l'équipe qualité composée de Marie Taymont, Lucie Bruhl et Astrid Ducournau. En 2025, l'équipe est restée fidèle à ses missions et pleinement opérationnelle. Elle a poursuivi activement la démarche d'accréditation, assuré le suivi des audits, piloté les indicateurs qualité, accompagné les validations de méthodes et veillé au maintien des exigences normatives, garantissant la continuité et la conformité des activités du CNR au regard de la norme ISO 15189.

La finalisation du dossier de validation de méthode pour la culture de *H. pylori* est finalement prévue pour l'été 2026. Un audit interne qualité portant sur cette activité a eu lieu en novembre 2025, les points sensibles identifiés ont d'ores et déjà été traités.

Le laboratoire est actuellement accrédité pour l'identification et la culture des *Campylobacter* spp. et germes apparentés (ligne de portée BM MG11 – portée A), pour la réalisation des antibiogrammes correspondants (ligne de portée BM MG12 – portée A), ainsi que pour la détection de *H. pylori* par PCR (ligne de portée BM BA02). Une demande d'extension d'accréditation est prévue en 2026 pour la culture de *H. pylori* (BM MG11 – portée B) et pour son antibiogramme (BM MG12 – portée B). Elle inclura également l'ajout de la recherche d'antigènes *H. pylori* dans les selles (ligne de portée BM MG03 – portée A) ainsi que la sérologie *C. jejuni* (BM MG01). L'objectif est d'obtenir

l'accréditation de l'ensemble des analyses hors NGS par le COFRAC. Le délai d'obtention dépendra toutefois des disponibilités de l'organisme certificateur.

Plus de détails sur la démarche qualité du CNR sont fournis dans l'annexe 1.

2. Activités d'expertise

2.1 Evolution des techniques

L'activité technique relative au diagnostic des infections à Campylobacters et Hélicobacters a pris un tournant fort dès 2024 vers l'application en routine des stratégies NGS avec la détermination de l'identification, du résistome, du typage MLST et de l'attribution de source en routine des Campylobacters grâce au pipeline d'analyses automatisées des génomes de *Campylobacter sp* et *Aliarcobacter sp*. Cette stratégie a été pleinement appliquée en 2025 avec une stratégie de ciblage des génomes séquencés qui sera présentée dans le bilan 2025 des activités NGS.

Nous avons finalisé les fonctionnalités de notre pipeline pour l'analyse du résistome et du virulome de *H. pylori* sur souches, biopsies gastriques fraîches et incluses en paraffine par technique de capture d'ADN. Cette approche a été intégrée au catalogue des actes du CNRCH.

2.2 Travaux d'évaluation des techniques, réactifs et trousse

-Evaluation de la congélation des souches de *H. pylori* en cryobilles

Le CNRCH a été fréquemment sollicité par les correspondants pour des conseils concernant la congélation et la conservation de leurs souches de *H. pylori*. Le CNRCH utilise un milieu maison pour congeler les souches (glycérol peptoné) que les laboratoires ne peuvent mettre en place. Certains laboratoires utilisant des cryobilles comme moyen de congélation sont entrés en contact avec le CNRCH car ils rencontraient des difficultés à faire repartir leurs souches congelées.

Le CNRCH a donc testé des tubes en cryobilles afin de vérifier cette méthode de conservation sur *H. pylori*.

Au CNRCH, 5 souches de *H. pylori* (la souche de référence CCUG 17874 et 4 souches cliniques) ont été congelées dans des tubes avec cryobilles (deltalab, CRYOINSTANT, Réf. 409113/6) selon 2 méthodes de congélation : en retirant ou en conservant le bouillon présent avec les cryobilles.

Les 5 souches ont été décongelées après 3 semaines et 6 mois de congélation à -80°C selon 4 techniques : décongélation de 1, 4 ou 10 perles et décongélation en grattant la surface du bouillon quand conservé.

Les souches sont toutes réparties en culture après 3 semaines et 6 mois de congélation, même en décongelant une seule bille. Le CNRCH vérifiera la viabilité de ces mêmes souches à plus long terme (jusqu'à 5 ans).

Ainsi, pour les laboratoires ne pouvant fabriquer eux-mêmes leur milieu de congélation ou en cas d'impossibilité de fabrication du glycérol peptoné du CNRCH, les cryobilles peuvent être utilisées pour la conservation à -80°C des souches de *H. pylori*. Pour éviter les échecs de décongélation, il est important de congeler les souches en condition de culture fraîche sans forme coccoïde et en suspension riche.

-Transport des souches de *H. pylori* en tubes Biorad

Lors d'envoi inter-laboratoires de souches *H. pylori*, 2 méthodes sont recommandées par le CNRCH :

- envoi en Portagerm de la tête d'un écouvillon ayant servi à récolter la bactérie sur gélose ;
- envoi d'un ensemencement sur gélose (ayant déjà poussé 24-48h en microaérobie) en sachet microaérobie.

Le CNRCH a voulu déterminer si les tubes de conservation utilisés pour l'envoi de Campylobacters (BIO-RAD, Stock Culture agar, Réf. 63683) permettaient un envoi de *H. pylori* en conservant sa viabilité.

Au CNRCH, 4 souches cliniques de *H. pylori* ont été ensemencées en tube BIORAD à J0 et conservées à température ambiante et en atmosphère ambiante jusqu'à 5 jours pour mimer le transport.

Les 4 souches ont été ensemencées après 3j et 5j sur gélose sélective. Les 4 souches de *H. pylori* sont toutes réparties en culture (présence d'un contaminant pour 1 isolat à 5j).

Ainsi, les tubes de conservation BIO-RAD pourraient être utilisées en back up des Portagerm Pylori (rupture pouvant survenir), des sachets microaérobie, ou pour tout laboratoire ne pouvant utiliser ni l'un ni l'autre.

Le CNR a été sollicité par des industriels en 2025 pour évaluer de nouveaux tests diagnostic mais qui ne peuvent pour l'instant être rendus publics (cf annexe 3). Les évaluations qui suivent ont été effectuées à l'initiative du CNR.

-Evaluation des kits CURIAN® HpSA et CURIAN® Campy de détection par immunofluorescence des antigènes de *H. pylori* ou de *Campylobacter* spp dans des échantillons de selles

Introduction-Objectifs : La détection des antigènes de *Campylobacter* spp et de *H. pylori* dans des échantillons de selles représente une approche diagnostique non invasive de ces infections. La plupart des kits immunochromatographiques commercialisés sont basés sur la lecture visuelle d'une bande colorée indiquant la présence du pathogène recherché. Notre étude a évalué un nouveau format de détection des antigènes de *Campylobacter* spp (test Curian Campylobacter) et de *H. pylori* (test Curian HpSA) basé sur une détection automatisée par immunofluorescence. Ces réactifs sont commercialisés par la société Launch Diagnostics (fabricant Meridian Biosciences)

Matériels et méthodes : Pour *Campylobacter*, 48 échantillons de selles ont été testés de manière rétrospective. Le statut initial (positif n = 27 ou négatif n = 21) a été établi par PCR BD MAX, culture et par un autre test concurrent (laboratoire Quidel). Les réactions croisées avec d'autres espèces ou genres ont été évaluées avec 8 souches de collection représentative de : *C. fetus*, *C. lari*, *C. armoricus*, *C. ornithocola*, *C. upsaliensis*, *Aliarcobacter butzleri*, *Helicobacter cinaedi* et *Helicobacter pullorum*. Pour *H. pylori*, 49 échantillons de selles et 9 reliquats d'EEQ préalablement testés avec le kit RIDAQuick *H. pylori* de rbiopharm ont été testés (positif n = 33 ou négatif n = 25). Les réactions croisées ont été évaluées avec *C. jejuni*, *C. coli*, *H. cinaedi* et *H. pullorum*. Les échantillons de selles ont été testés selon les recommandations du fournisseur, avec utilisation notamment de l'analyseur par fluorescence Curian pour la lecture des résultats.

Résultats : Pour *Campylobacter*, l'ensemble des selles attendues positives ont été correctement détectées, et aucun faux positif n'a été retrouvé (100% de concordance). Le kit Curian Campylobacter est capable, en plus de *C. jejuni* et *C. coli*, de détecter les espèces *fetus*, *lari*, *armoricus*, *ornithocola* et *upsaliensis*. Pour *H. pylori* toutes les selles attendues positives ont été détectées. Un faux positif a été retrouvé parmi les selles attendues négatives pour un patient sans aucun renseignement clinique en faveur d'une infection à *H. pylori*. Aucune réaction croisée n'a été retrouvée avec les 4 souches de collection testées.

Conclusion : Les kits Curian Campy et HpSA présentent de bonnes performances analytiques. Ils sont faciles d'utilisation et l'interprétation des résultats est automatisée ne laissant aucun doute à l'utilisateur dans son rendu de résultat.

Ces résultats ont été présentés sous la forme de poster lors du congrès de la RICAI 2025 (Paris, décembre 2025).

2.3 Techniques transférées vers d'autres laboratoires

Nous n'avons pas été sollicités pour transférer nos techniques vers d'autres laboratoires. Le personnel du CNR répond cependant systématiquement à toutes les demandes de conseils (mail ou téléphone) concernant le diagnostic des infections à *Campylobacters* et *Hélicobacters*.

Les souches de Contrôle Qualité (pour *C. jejuni* et *H. pylori*) sont régulièrement envoyées sur demande et gratuitement aux laboratoires demandeurs. Nous avons organisé en 2025 pour la deuxième année consécutive un EEQ gratuit pour les antibiogrammes de *H. pylori* destinés aux laboratoires participant au réseau Hélico-net qui saisissent des données de CMI (30 participants en 2025 pour cet EEQ).

Nous envoyons de manière ponctuelle aux sites demandeurs des kits de transports pour l'envoi de biopsies gastriques destinées à la recherche de *H. pylori* en leur précisant le protocole à suivre afin de mettre en place les bonnes conditions préanalytiques dans leur site respectif.

Nous avons mis en ligne en 2025 une vidéo pour la réalisation des antibiogrammes de *H. pylori* : https://www.youtube.com/watch?v=U_jCUOFrmSI

En 2025, nous avons transmis 81 isolats (4 souches de *Campylobacter* spp et 67 souches de *H. pylori*) et 10 prélèvements (reliquats de broyat de biopsie gastrique et extraits d'ADN).

Destinataire	Nature	Nb.
Adhérents Hélico-net Laboratoires privés, CH/CHU	Souche EEQ validation antibiogrammes <i>H. pylori</i>	42
Biologie Prospective	Souche <i>H. pylori</i>	2
Appolon Biotech	Reliquat de broyat de biopsies gastriques	4
CHI Poissy Unité de Microbiologie	Souche de référence <i>H. pylori</i> CCUG 17874	1
Instituto Nacional de Saude, Doenças Infeciosas, Lisboa	Souche <i>H. pylori</i>	3
Laboratoire européen, Biogroup, Bactériologie, Marseille	Souche <i>H. pylori</i>	4
CHR Mémorial France USA Saint-Lo	Souche CCUG <i>C. jejuni</i> 11284	1
Institut Pasteur Dakar, Dr Dieye et Niang	Extrait d'ADN de souches <i>H. pylori</i>	6
Fund IIS Aragon, Patologia digestiva, Zaragoza	Souche <i>H. pylori</i>	4
CHU Dijon, Bactériologie	Aliquot de selles <i>H. pylori</i>	3
ADIV Clermont-Ferrand	Souche <i>C. jejuni</i>	3
CHU Lyon Croix Rousse Centre de Biologie	Sérum <i>H. pylori</i>	5
BIOMERIEUX	Souche de référence <i>H. pylori</i> CCUG 17874	1
CH Gueret, Biologie	EEQ Labquality <i>H. pylori</i> antigen detection	2
CARF Plateau de Microbiologie Lyon	Glycérol peptoné	12

2.4 Collections de matériel biologique

La gestion de nos collections de souches est confiée depuis janvier 2017 au Centre de Ressources Biologiques Plurithématique (CRB-P) du CHU de Bordeaux : <https://www.chu-bordeaux.fr/Professionnels-recherche/Centre-de-Ressources-Biologiques/Centre-de-ressources-Biologiques-Plurith%C3%A9matique/>

Le contrat a été reconduit pour le contrat en cours 2023-2027.

Le CNR maintient congelées à -80°C les souches de référence acquises auprès des collections internationales et plusieurs milliers de souches provenant :

- pour les *Campylobacters* du réseau de surveillance public et privé Français,

- pour les *Hélicobacters* : de divers protocoles et essentiellement des malades de Bordeaux et de sa région.

Le CNR conserve l'intégralité des isolats de *Campylobacters* et bactéries apparentées (*Aliarcobacters*, *Hélicobacters* entérohépatiques) de 2021 à 2024 (environ 4000 souches/année). Nous disposons également de nombreuses souches de *H. pylori*. Elles ont été conservées une année sur deux jusqu'en 2015 et intégralement depuis 2015 (n=5500 environ).

Le CNR dispose d'une collection de souches types pour de nombreuses espèces du genre *Campylobacter* sp (n=14), *Aliarcobacter* sp (n=3) ou *Helicobacter* sp (n=21).

Les reliquats de sérum pour sérologie ELISA *Campylobacter jejuni* sont aliquotés et conservés à -80°C dans le cadre de la sérothèque du pôle du Biologie-pathologie du CHU de Bordeaux.

Depuis 2020, les reliquats de broyats de biopsies gastriques sont conservés à -80°C. Les ADN extraits sont conservés depuis 2022 à -20°C.

L'ensemble des souches ou de leur ADN est disponible gratuitement : les demandes peuvent être formulées par mail, courrier ou téléphone.

Tableau. Collection de souches de référence du CNRCH.

Genre	Espèce	Sous-espèce	ATCC	CCUG	CIP	NCTC	Autres
<i>Aliarcobacter</i>	<i>butzleri</i>		49616	30485	103493	12481	
<i>Aliarcobacter</i>	<i>butzleri</i>			34397B			
<i>Aliarcobacter</i>	<i>butzleri</i>						NADC 3257
<i>Aliarcobacter</i>	<i>cryaerophilus</i>		43158	17801	104014	11885	
<i>Aliarcobacter</i>	<i>skirrowii</i>		51132	10374	103588		
<i>Campylobacter</i>	<i>armoricus</i>			73571	111675		
<i>Campylobacter</i>	<i>coli</i>				70.70		
<i>Campylobacter</i>	<i>coli</i>		33559	11283	70.80	11366	
<i>Campylobacter</i>	<i>coli</i>				68.25		
<i>Campylobacter</i>	<i>concisus</i>		33237	13144	103757	11485	
<i>Campylobacter</i>	<i>curvus</i>		35224	13146	103747	11649	
<i>Campylobacter</i>	<i>curvus</i>			11644			
<i>Campylobacter</i>	<i>fetus</i>	fetus	27374	6823A	53.96	10842	
<i>Campylobacter</i>	<i>fetus</i>	fetus			A169		
<i>Campylobacter</i>	<i>fetus</i>	venerealis	19438	33899	68.29	10354	
<i>Campylobacter</i>	<i>fetus</i>	venerealis		33902	69.45		
<i>Campylobacter</i>	<i>fetus</i>	venerealis			54.19		
<i>Campylobacter</i>	<i>hyointestinalis</i>	lawsonii			104686		
<i>Campylobacter</i>	<i>iguaniorum</i>						SP3
<i>Campylobacter</i>	<i>iguaniorum</i>						03.427
<i>Campylobacter</i>	<i>iguaniorum</i>						CNRCH 2012/706h
<i>Campylobacter</i>	<i>jejuni</i>	jejuni	33560	11284	70.2	11351	DSM 4688
<i>Campylobacter</i>	<i>jejuni</i>	jejuni		81.176			
<i>Campylobacter</i>	<i>jejuni</i>	jejuni					260.94
<i>Campylobacter</i>	<i>jejuni</i>		700819	19506/6 824	107370	11168	
<i>Campylobacter</i>	<i>jejuni</i>			10937			
<i>Campylobacter</i>	<i>jejuni</i>	Hipp neg					D 1712
<i>Campylobacter</i>	<i>jejuni</i>	Hipp neg					D 1713
<i>Campylobacter</i>	<i>jejuni</i>	doylei	49349	24567	103751	11951	
<i>Campylobacter</i>	<i>lanienae</i>				106745		
<i>Campylobacter</i>	<i>lari</i>		35221	23947	102722	11352	
<i>Campylobacter</i>	<i>ornithocola</i>						CECT9147, LMG29815, WBE38
<i>Campylobacter</i>	<i>showae</i>				103970		
<i>Campylobacter</i>	<i>sputorum</i>	bv sputorum	35980	9728	103749	11528	
<i>Campylobacter</i>	<i>sputorum</i>	bv sputorum	33562	11289	53.103	11367	
<i>Campylobacter</i>	<i>sputorum</i>	bv sputorum			54.20		
<i>Campylobacter</i>	<i>sputorum</i>	bv sputorum			54.22		

<i>Campylobacter</i>	<i>sputorum</i>	bv <i>sputorum</i>			81.11	
<i>Campylobacter</i>	<i>sputorum</i>	bv <i>fecalis</i>		12014		
<i>Campylobacter</i>	<i>upsaliensis</i>		43954	14913T	103681	11541
<i>Helicobacter</i>	<i>anseris</i>			52421		
<i>Helicobacter</i>	<i>bilis</i>		51630	38995	104752 T	
<i>Helicobacter</i>	<i>bizzozeroni</i>			35545	105233T	
<i>Helicobacter</i>	<i>brantae</i>			52420		
<i>Helicobacter</i>	<i>burdigaliensis</i>				111660	CECT 8850, CNRCH 2005/0566H
<i>Helicobacter</i>	<i>caesarodunensis</i>		68986T	111406T		DSM 105791
<i>Helicobacter</i>	<i>canadensis</i>		700948	47163		13241
<i>Helicobacter</i>	<i>canadensis</i>					13242
<i>Helicobacter</i>	<i>canis</i>		51401		104753 T	12739
<i>Helicobacter</i>	<i>cholecystus</i>		700242		105596	
<i>Helicobacter</i>	<i>cinaedi</i>				105369	
<i>Helicobacter</i>	<i>cinaedi</i>			18818T	103752	12423
<i>Helicobacter</i>	<i>fennelliae</i>		35683			CLO1
<i>Helicobacter</i>	<i>fennelliae</i>				11613	CLO2 441
<i>Helicobacter</i>	<i>fennelliae</i>		7491			
<i>Helicobacter</i>	<i>hepaticus</i>		51449			
<i>Helicobacter</i>	<i>labetoulli</i>			73475	111659 T	
<i>Helicobacter</i>	<i>muridarum</i>		49282	29262	104248	
<i>Helicobacter</i>	<i>mustelae</i>		43772	25715	103759 T	12198
<i>Helicobacter</i>	<i>nemestrinae</i>			44615	104754	
<i>Helicobacter</i>	<i>pametensis</i>		51478	29255	104249	
<i>Helicobacter</i>	<i>pullorum</i>		51801	33837	104787	12824
<i>Helicobacter</i>	<i>pullorum</i>		51802	33838		12826
<i>Helicobacter</i>	<i>pullorum</i>			33839		
<i>Helicobacter</i>	<i>pullorum</i>			33840		
<i>Helicobacter</i>	<i>pullorum</i>			33842		
<i>Helicobacter</i>	<i>pullorum</i>					13154
<i>Helicobacter</i>	<i>pullorum</i>					13156
<i>Helicobacter</i>	<i>pullorum</i>					13157
<i>Helicobacter</i>	<i>pylori</i>		43504	17874 T	103995	11637
<i>Helicobacter</i>	<i>pylori</i>			18943	101260	
<i>Helicobacter</i>	<i>typholonus</i>				107749	
<i>Helicobacter</i>	<i>valdiviensis</i>					CECT 8610

2.5 Activités d'expertises

2.5.1 Activités d'expertises concernant les Campylobacters

Chaque souche reçue au CNR est identifiée par spectrométrie de masse MALDI-TOF. Depuis fin janvier 2024, si la souche reçue est accompagnée d'un résultat d'antibiogramme réalisé chez le laboratoire correspondant, le génome de la souche est séquencé. En l'absence d'antibiogramme réalisé en amont de l'envoi au CNRCH, la souche est antibiogrammée selon les recommandations du CA-SFM sans séquençage du génome puis conservée à -80°C. Toutes les souches de cas groupés ou présentant une résistance inhabituelle (amoxicilline-acide clavulanique, gentamicine) ou rare (érythromycine) sont également séquencées. Il en est de même pour toutes les discordances d'identification MALDI-TOF.

Les laboratoires participant au réseau Campy-net saisissent en ligne les données épidémiologiques de chaque souche intégrée à l'identique de celles demandées sur la fiche de renseignement accompagnant chaque souche. Toute résistance inhabituelle ou rare (cf ci-dessus) doit faire l'objet d'un envoi de souche au CNR pour vérification. Le tableau ci-dessous récapitule le nombre de souches reçues pour les réseaux Campy.COM, Campy.HOP et/ou saisies par le réseau Campy-net en 2025.

	Campy.HOP	Campy.COM	Campy-net	TOTAL
Nb.	2216	2866	17144	22226

469 souches sur 5082 (9,2 %) n'ont pas donné de subculture, en augmentation de 2 points par rapport aux années précédentes (indicateur qualité mis en place, aout et septembre 2025 contacts auprès des correspondants et sensibilisation sur les modalités d'envoi)

La validation biologique est quotidienne (jours ouvrés). Aussi, le délai moyen de retour de résultat pour chaque souche est de 5 jours pour un résultat phénotypique et de 3 semaines pour un résultat NGS (sans compter le transfert du résultat papier par envoi postal pour les correspondants ne disposant pas d'une adresse mail sécurisée type MSSanté ou apicrypt.

2.5.2 Activités d'expertises concernant *H. pylori*

Le tableau ci-dessous récapitule le nombre de prélèvements reçus en 2025 par type de correspondants et par type de prélèvements.

Prélèvements reçus au CNR	CHU de Bordeaux			Externes			Total
	Biopsies gastriques, souches, ADN	Sérologies	Selles	Biopsies gastriques, souches, ADN	Sérologies	Selles	
Nb.	494	657	8	1048	14	11	2232
%	22,1%	29,4%	0,4%	47,0%	0,6%	0,5%	100%

La validation biologique est réalisée les lundi, mercredi et vendredi (jours ouvrés) afin de respecter les délais de subcultures des souches. Aussi, le délai moyen de retour de résultat pour chaque souche est de 10 jours (sans compter le transfert du résultat papier pour nos correspondants préférant la voie postale).

Les activités d'expertise orientée recherche seront présentées dans la partie recherche de ce document.

2.5.3 Activités d'expertises concernant des Helicobacters non-*pylori*

-Bilan des cas d'infections à *Helicobacter* du groupe Heilmannii

Le CNR a été sollicité en 2025 à 3 reprises pour confirmer le diagnostic d'infection à *Helicobacter* du groupe Heilmannii (2 broyats de biopsies gastriques et 1 extrait d'ADN issu de broyat de biopsie gastrique). Cela concernait 2 hommes et 1 femme.

Nous avons confirmé la présence de 1 *Helicobacter heilmannii* sans mutation dans l'ADNr 23S ni dans la QRDR

de *gyrA*.

2.6 Activités de séquençage

Le séquençage des souches cliniques en 2025 s'est inscrit dans la continuité de la stratégie mise en place en routine en 2024. En effet, un nombre conséquent de génomes a été généré à partir de souches envoyées au CNRCH : les souches cliniques avec les données d'antibiogramme, celles avec des mécanismes de résistance rares aux antibiotiques, les cas groupés d'infection et les discordances d'identification d'espèces. Ainsi, c'est au total 2144 génomes qui ont été obtenus, contre 2690 en 2024. Afin de respecter notre budget alloué au séquençage, nous avons appliqué en 2025 la stratégie suivante :

-séquençage une semaine sur deux en période Janvier à Mai et Octobre à Décembre (sauf cas groupés, marqueurs de résistance rare, identification à vérifier) ;

-séquençage à activité pleine en période de pic épidémiologique : Juin à Septembre.

Cette stratégie explique le décalage entre l'activité NGS de 2024 et celle de 2025 (figure ci-dessous).

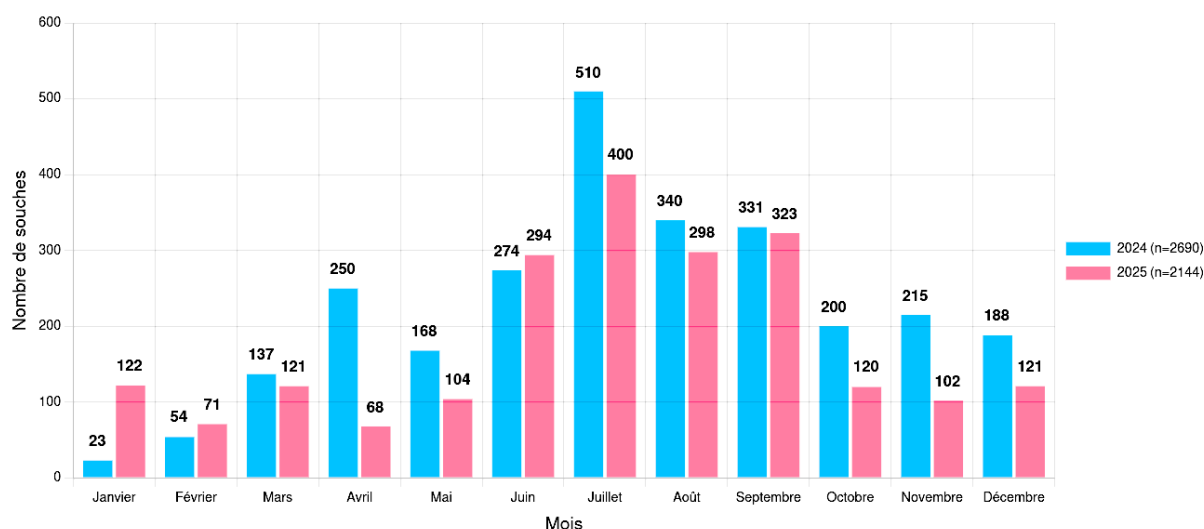


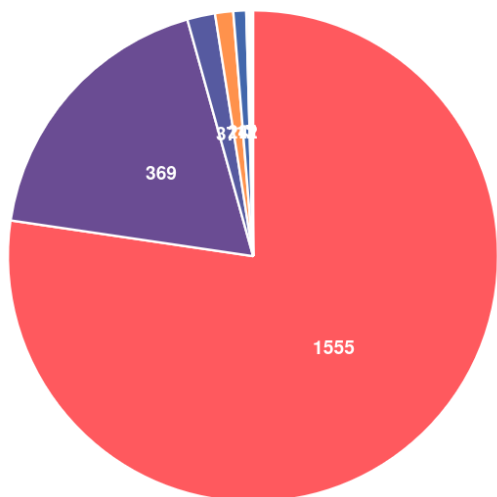
Figure : Génomes séquencés par mois en 2024 et 2025.

Parmi ces 2144 génomes, 133 (représentant environ 6 % du total) doivent être ignorés des comptes, pour plusieurs raisons :

- génomes issus de projets de recherche ;
- génomme en duplicat ;
- contexte particulier du type : contrôle qualité, souches de référence, etc ;
- qualité médiocre de séquençage.

En omettant ces 133 dossiers, la majorité des souches séquencées en 2025 appartiennent au genre *Campylobacter*, avec une très forte prédominance pour *C. jejuni* (n=1555, 77,3%), suivi de *C. coli* (n=369, 18,3%) et *C. fetus* (n=37, 1,8%). Les deux bactéries non-*Campylobacter* les plus séquencées en 2025 sont *H. pylori* (n=24, 1,2%), reflétant la volonté de mettre en place en routine le séquençage de cette espèce en 2026 et *A. butzleri* (n=17, 0,8%).

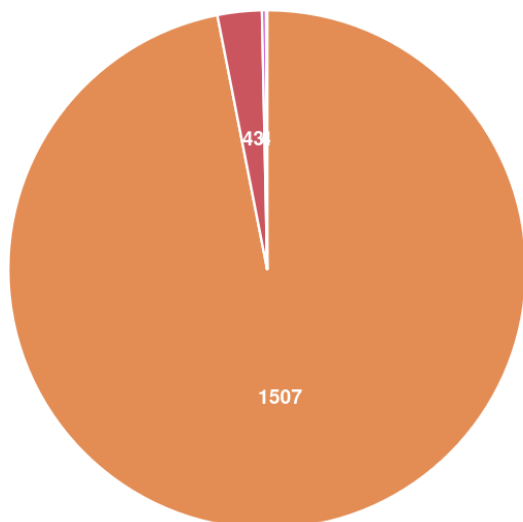
Année 2025 : n=2011



Espèce	Total	Pourcentage
<i>Campylobacter jejuni</i>	1555	77.3%
<i>Campylobacter coli</i>	369	18.3%
<i>Campylobacter fetus</i>	37	1.8%
<i>Helicobacter pylori</i>	24	1.2%
<i>Aliarcobacter butzleri</i>	17	0.8%
<i>Campylobacter lari</i>	3	0.1%
<i>Aliarcobacter cryaerophilus</i>	2	0.1%
<i>Campylobacter hyointestinalis</i>	2	0.1%
<i>Campylobacter curvus</i>	1	0.0%
<i>Helicobacter cinaedi</i>	1	0.0%

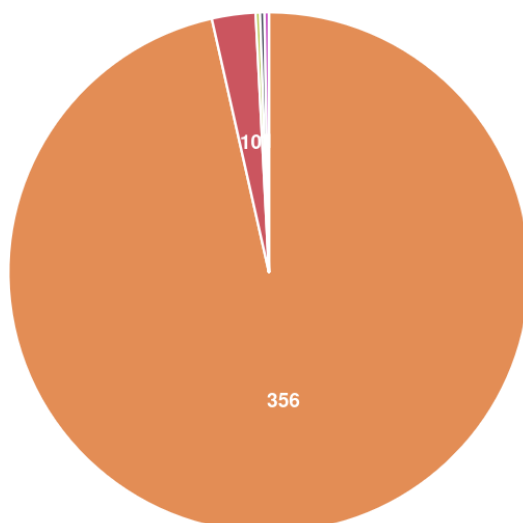
Figure : Proportion des différentes espèces des génomes séquencés en 2025.

Concernant les 1967 souches de *Campylobacter sp* analysées, la plupart a été isolé de selles (n=1879, 95,5%), notamment pour *C. jejuni* et *C. coli*. Un nombre non négligeable de souches issues de bactériémies ont également été séquencées, en particulier *C. fetus* (n=22, 59,5% des génomes de cette espèce).



Origine	Total	%
Selles	1507	96.9%
Sang	43	2.8%
Estomac	4	0.3%
Inconnue	1	0.1%

Figure : Proportions des origines des souches de *C. jejuni* séquencées en 2025.



Origine	Total	%
Selles	356	96.5%
Sang	10	2.7%
Abcès	1	0.3%
Autre	1	0.3%
Estomac	1	0.3%

Figure : Proportions des origines des souches de *C. coli* séquencées en 2025.

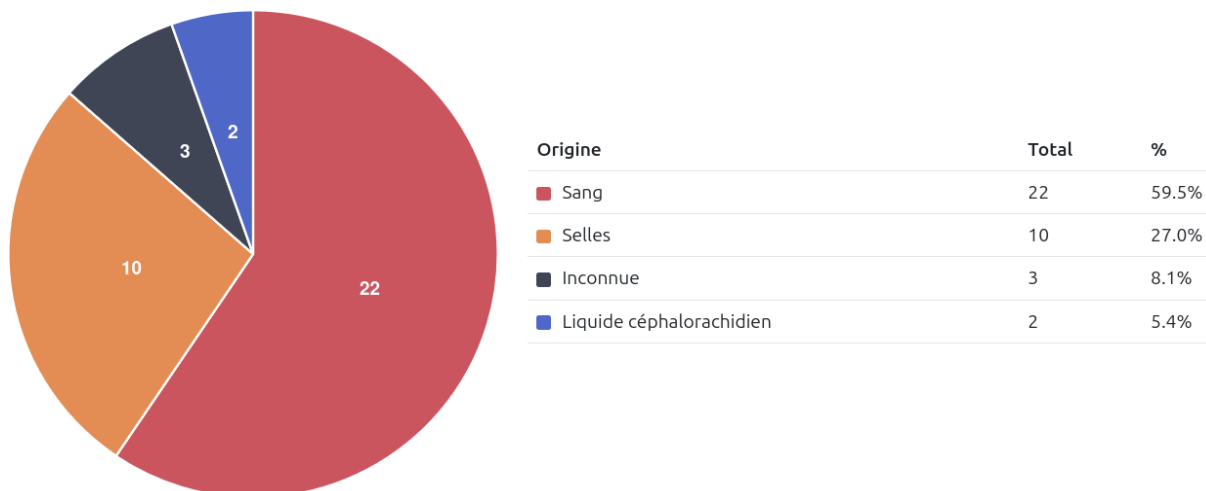


Figure : Proportions des origines des souches de *C. fetus* séquencées en 2025.

La résistance aux antibiotiques (résistome) est également prédite à partir d'une base de données de gènes ou mutations exhaustives. Elle compte 62 gènes et 116 mutations ou délétions de nucléotides, décrits dans la littérature et/ou identifiés au CNRCH.

Gènes et protéines	Antibiotiques	Mutations ou expression
16S	Spectinomycine	1 mutation
PorA	Carbapenemes	2 mutations
RplV	Macrolides	4 mutations
16S	Gentamicine	5 mutations
RplD	Macrolides	6 mutations
RpoB	Rifampicine	13 mutations
23S	Macrolides	14 mutations
Pbp1	Amoxicilline	18 mutations
GyrA	Ciprofloxacine	18 mutations
CAT-pC194; CAT-pC589	Chloramphenicol	expression
<i>erm(A)</i> ; <i>erm(B)</i> ; <i>erm(N)</i> ; <i>rlm(Q)</i>	Macrolides	expression
<i>aac(6')-Ie-aph(2'')</i> ; <i>aac(6')-Im</i> ; <i>aph(2'')-Iia</i> ; <i>aph(2'')-Ib</i> ; <i>aph(2'')-If</i> ; <i>aph(2'')-Ig</i> ; <i>aph(2'')-Ih</i> ; <i>aph(2'')-Ii1</i> ; <i>aph(2'')-Ii2</i> ; <i>aph(2'')-IIIa</i> ; <i>aph(3')-IIIa</i>	Gentamicine	expression
<i>Inu(C)</i> ; <i>Inu(G)</i>	Lincomycine	expression
OXA-1108; OXA-15; OXA-493; OXA-64; OXA-AC-0001; OXA-AC-0002	Penicillines	expression
OXA-PROM-2021	Penicillines	expression
OXA-PROM-2024	Penicillines	expression
OXA-PROM-6DEL; A51G; G57T, G57X	Penicillines	expression
OXA-PROM-A69X	Augmentin	expression
<i>ant(9)-Ic-aad9</i> ; <i>spw</i> ; <i>spw(SA)</i>	Spectinomycine	expression
<i>ant(6)-Ia</i> ; <i>ant(6)-Ia-Ef</i> ; <i>ant(6)-Ib</i> ; <i>ant(6)-If-aadE</i> ; <i>ant(6)-Ig</i> ; SAT-4	Streptomycine	expression
<i>tet(44)</i> ; <i>tet(A)</i> ; <i>tet(A)(60)</i> ; <i>tet(K)</i> ; <i>tet(L)</i> ; <i>tet(M)</i> ; <i>tet(O)</i> ; <i>tet(O-32-O)-01</i> ; <i>tet(O-32-O)-02</i> ; <i>tet(O-M-O)</i> ; <i>tet(O-W)</i> ; <i>tet(O-W-32-O)-01</i> ; <i>tet(O-W-32-O)-02</i> ; <i>tet(O-W-O)</i> ; <i>tet(Q)</i> ; <i>tet(S)</i> ; <i>tet(W)</i> ; <i>tet(W-32-O)</i> ; <i>tet(W-N-W)</i> ; <i>tet(X2)</i>	Tétracycline	expression
TetR-DEL	Macrolides	Tronqué

Tableau : Base de données de mécanismes de résistance aux antibiotiques pour *Campylobacter* spp du CNRCH.

Pour *C. jejuni*, *C. coli* et *C. fetus* (n=1961), les principaux mécanismes retrouvés pour les 5 antibiotiques testés en routine (ampicilline, ciprofloxacine, érythromycine, gentamicine et tétracycline) sont :

- la mutation G57T dans la région promotrice des bêta-lactamases (*blaOXA*) responsable de la résistance à l'ampicilline (88,9% des génomes Non Wild-Type ou NWT) ;
- la mutation *GyrA*-T86I responsable de la résistance à la ciprofloxacine (99,1% des génomes NWT) ;
- la mutation A2075G dans la séquence de l'ADNr 23S associée à la résistance à l'érythromycine (77,8%) ;

- le gène *tet(O)* responsable de la résistance aux tétracyclines (53,1%) ;
- le gène *aph(2'')-I1* responsable de la résistance à la gentamicine (60%).

Ces différents mécanismes majoritaires sont les mêmes que ceux retrouvés en 2024.

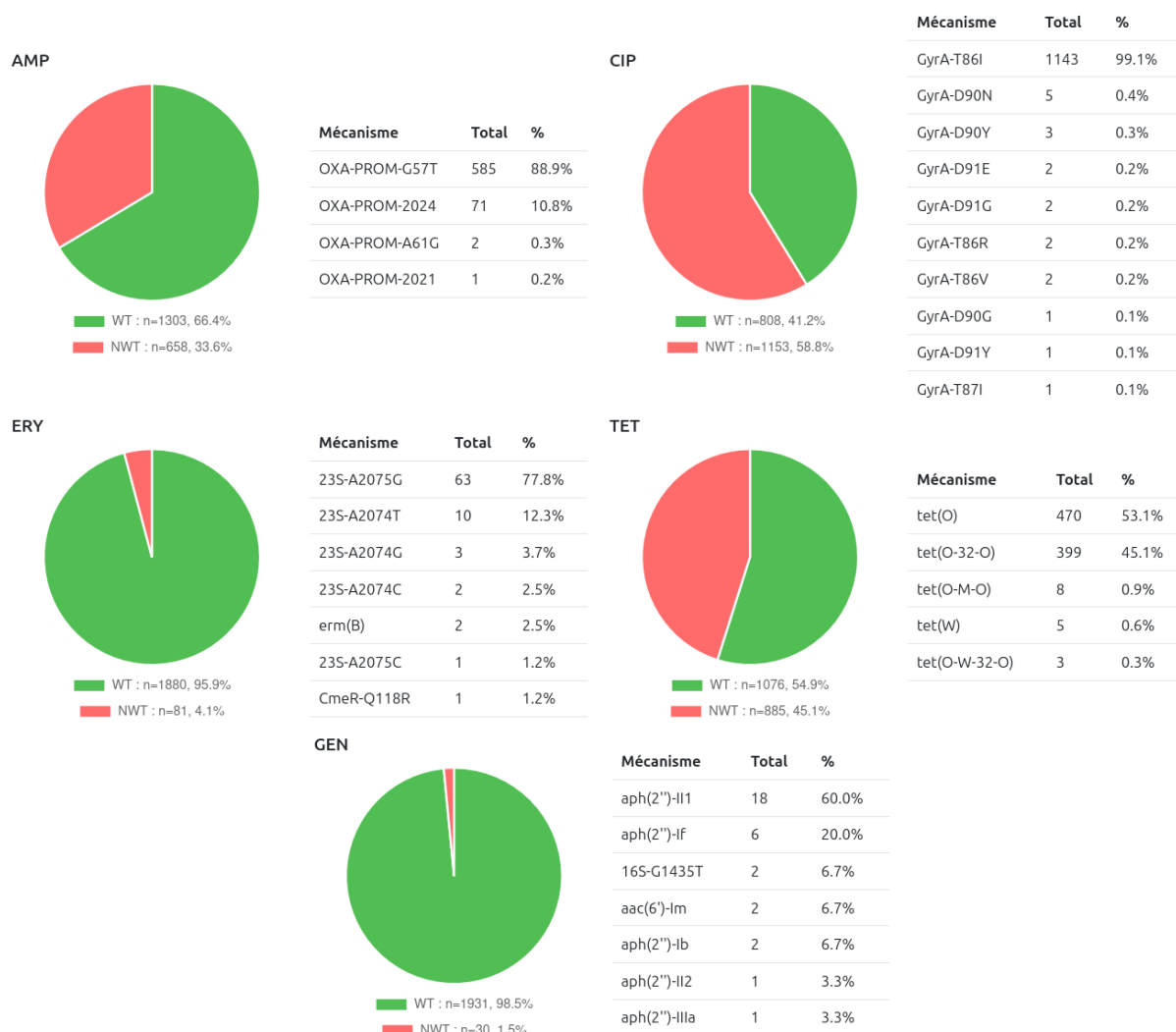


Figure : Proportion des différents mécanismes de résistance identifiés en 2025 et 2024 pour *C. jejuni*, *C. coli* et *C. fetus* pour les 5 antibiotiques testés en routine.

Le tableau ci-dessous récapitule les profils de résistances aux antibiotiques les plus fréquemment rencontrés en 2025 (minimum 10 souches ou plus) pour *C. jejuni*, *C. coli* et *C. fetus*. La majorité des souches séquencées en 2025 ne présente aucun marqueur de résistance (n=519, 29,2%).

Les principaux profils sont ensuite en grande partie associés aux résistances à la ciprofloxacine (mutation *GyrA-T86I*), aux tétracyclines (*tet(O)*) et aux pénicillines du groupe A (mutation dans la région promotrice des bêta-lactamases), avec en majorité la résistance unique à la ciprofloxacine (n=296, 16,7%) suivi de l'association ciprofloxacine/tétracycline (n=295, 16,6%).

Tableau : Proportion des différents profils de résistance (filtrés à 10 génomes minimum par profil) en 2025 pour *C. jejuni*, *C. coli* et *C. fetus*.

Profils de résistance les plus fréquents (n≥10)	Nombre d'échantillons	%
Aucun marqueur	519	29.22%
GyrA-T86I	296	16.67%
GyrA-T86I/tet(O)	161	9.07%
GyrA-T86I/tet(O-32-O)	134	7.55%
OXA-PROM-G57T	107	6.02%
GyrA-T86I/OXA-PROM-G57T/tet(O-32-O)	104	5.86%
GyrA-T86I/OXA-PROM-G57T/tet(O)	99	5.57%
GyrA-T86I/OXA-PROM-G57T	96	5.41%
tet(O)	63	3.55%
GyrA-T86I/OXA-PROM-G57T/ant(6)-If-aadE/tet(O-32-O)	46	2.59%
OXA-PROM-G57T/tet(O)	34	1.91%
GyrA-T86I/ant(6)-If-aadE/tet(O-32-O)	27	1.52%
tet(O-32-O)	22	1.24%
GyrA-T86I/OXA-PROM-2024	20	1.13%
GyrA-T86I/OXA-PROM-2024/tet(O)	19	1.07%
OXA-PROM-2024	15	0.84%
GyrA-T86I/OXA-PROM-G57T/SAT-4/aph(3')-IIIa/tet(O-32-O)	14	0.79%

Concernant les souches de *H. pylori* (n=24), les mécanismes de résistances sont moins variés. On retrouve en majorité des mutations dans la protéine Pbp1 (42 occurrences, parmi lesquelles Pbp1-G595S: 5; Pbp1-K406A: 5; Pbp1-N562Y: 3; Pbp1-S402G: 1; Pbp1-S414R: 1; Pbp1-S417T: 9; Pbp1-S543R: 8; Pbp1-S589G: 4; Pbp1-T593A: 4; Pbp1-V374L: 2), des mutations dans la région QRDR de la *GyrA* (*GyrA*-N87K: 4; *GyrA*-D91N: 3; *GyrA*-D91G: 2; *GyrA*-N87I: 2), ainsi que des mutations dans l'*ADNr 23S* (A2142G : 4; A2143G : 3).

Pour les souches de *A. butzleri* (n=17), très peu de marqueurs de résistance ont été détectés :

- ampicilline : *bla*OXA-64: 4, *bla*OXA-1108: 4, *bla*OXA-15: 1;
- érythromycine : TetR-DEL: 3;
- ciprofloxacine : *GyrA*-T85I: 3.

Séquençage utilisé par le CNR

Analyses bio-informatiques conduites :

(cgMLST, wgMLST, sérotype / sérotype prédiction, resistome prédiction, analyse phylogénétique, ...)

De multiples analyses bio-informatiques sont effectuées sur les génomes séquencés en routine au CNRCH (résultats détaillés dans « 2.6. Activités de séquençage » et « 3. Activités de surveillance »), parmi lesquelles :

L'identification de l'espèce par la méthode ANI.

Le typage moléculaire MLST et cgMLST.

L'identification de la source potentielle de contamination.

La détermination moléculaire de la résistance aux antibiotiques et de la virulence.

En Première ligne

En complément d'autres techniques : Préciser lesquelles

Séquençage utilisé à des fins d'investigations d'épidémies (par pathogène)

Nom du pathogène : *Campylobacter* spp

Nombre de souches séquencées par an : 2144 en 2025

Les séquençages ont-ils été suivis d'une investigation épidémiologique menée par les équipes de Santé publique France ou d'une ARS? Raison : aucune épidémie associée à *Campylobacter* spp n'a été détectée en 2025.

OUI

NON

Séquençage utilisé à des fins de surveillance (par pathogène)

Nom du pathogène : Toutes les souches des genres *Campylobacter*, *Helicobacter* et *Aliarcobacter*.

Nombre de souches séquencées par an : entre 2000 et 2500

Modalités de sélection des souches pour séquençage :

Aucune sélection

Etudes épidémiologiques transversales répétées à une fréquence donnée

Echantillonnage

Les souches cliniques reçues avec les données d'antibiogramme ;

Les souches avec des mécanismes de résistance rares aux antibiotiques ;

Les cas groupés d'infection ;

Les discordances d'identification d'espèces entre le laboratoire correspondant et le CNRCH ;

Les espèces non-identifiées par MALDI-TOF.

Les souches sont envoyées pour séquençage toutes les semaines lors des pics d'activités (ex. été), sinon une semaine sur deux.

Autre : Préciser

Capacité de séquençage

Quels que soient les pathogènes séquencés

Y-a-t-il des capacités de séquençage rapide à disposition du CNR ?

(Pour un rendu de résultats en moins 24h après réception du prélèvement, pour les pathogènes viraux ou bactérien et en mois de 48h pour les eucaryotes parasitaires)

NON

OUI au sein du CNR : disposant du séquenceur iSeq 100

OUI au sein de l'établissement qui héberge le CNR *mais le CNR n'est pas prioritaire pour l'utilisation de ces capacités*

À combien de séquences NGS par mois, en moyenne, estimez-vous votre capacité de séquençage en fonctionnement normal ?

(En prenant en compte les ressources humaines à y dédier, sans renfort supplémentaire ou nombre important d'heures supplémentaires)

En fonctionnement normal, le CNRCH génère environ 100 génomes par mois (en 2025 ; min. 70-max 400) à condition de sous-traiter les activités de séquençage à la plateforme de NGS en contrat avec le CNR (CHU Henri Mondor, Créteil).

À combien de séquences NGS par mois estimez-vous votre capacité de séquençage maximale en cas de crise ponctuelle ?

Lors de pics d'activité, le CNRCH peut générer jusqu'à 400 souches par mois à condition de sous-traiter les activités de séquençage à la plateforme de NGS en contrat avec le CNR

Le CNR a-t'il accès à une ou plusieurs plateformes* transversales de séquençage ?

NON

OUI La plateforme de séquençage GENOBIOMICS de l'hôpital Henri-Mondor AP-HP.

*Plateforme = structure externe au CNR, financée de manière indépendante, proposant des services de diagnostic moléculaire ou de séquençage à plusieurs laboratoires

Capacité de bio-informatique

Quels que soient les pathogènes séquencés

Le CNR dispose-t-il de ressources humaines en bio-informatique internes dédiées à ses activités ?

(Ex. : un(e) bio-informaticien(ne) ou une équipe dédiée)

- OUI L'expertise bio-informatique est réalisée en interne par un bio-informaticien à plein temps (Mr Quentin Jehanne).
- NON - Le CNR peut-il s'appuyer dans ce cas sur des équipes externes pour le développement d'outils bio-informatiques ou adapter les outils existants à ses besoins ? Préciser

Le CNR utilise -t-il des outils commerciaux de bio-informatique susceptibles de devenir obsolètes (ex. BioNumerics) ? Le CNRCH n'utilise aucun outil commerciale de bio-informatique, uniquement des outils open-sources, communautaires et gratuits sous le système d'exploitation Linux.

- NON
- OUI Préciser lesquels

Une stratégie de migration vers un autre outil ou de maintien en condition opérationnelle est-elle prévue ? Préciser

Capacité de stockage des données de séquençage

Le CNRCH stocke les données brutes de séquençage de trois manières différentes :

- sur des disques durs externes, pour un archivage long-terme.
- sur un lecteur réseau du CHU de Bordeaux, pour un archivage moyen-terme.
- sur un disque dur interne au poste informatique utilisé pour les analyses bio-informatique, pour un stockage court-terme.

Comment gérez-vous le stockage de séquences brutes (fichiers FASTQ) générées par votre CNR ?

- | | | |
|---|---|--|
| <input checked="" type="checkbox"/> Stockage en interne
<i>Au sein d'un seul laboratoire</i> | <input type="checkbox"/> Stockage dans un serveur à accès exclusif du CNR
<i>Accessible aux laboratoires associés au CNR</i> | <input type="checkbox"/> Stockage dans une base de données externe |
|---|---|--|

Jugez-vous votre système de stockage de séquences brutes « viable financièrement » à long terme au regard de votre activité de séquençage ?

- OUI
- NON Préciser

Mise à disposition des séquences dans des bases de données

Ouverture des données (au-delà des missions CNR) pour la Recherche et la surveillance internationale
NE CONCERNE PAS le dépôt dans les bases institutionnelles comme EpiPulse ou MeaNS2 (base de données de rougeole de l'OMS)

Le CNR dépose-t-il ses données de séquençage (séquences et métadonnées associées) dans des bases de données externes d'accès restreint (ex. : Enterobase, GISAIID...) ou libre (ex. : ENA) ?

- NON
- OUI – Séquences brutes
- OUI – Génomes consensus
- OUI – Résultats de séquençage
mais pas de partage de séquences

Le CNRCH dépose les génomes assemblés sur : ENA (Europe) et ABRomics (France) : dans le cadre de publications scientifiques. PubMLST (Oxford, Royaume-Uni) : dans le cadre de souches dont le typage moléculaire n'est pas connu. Le CNRCH a pour objectif d'ici la fin 2026 de réaliser ces dépôts de manière automatisée (pour ABROmics et PubMLST), en utilisant l'API des plateformes respectives.

- Dépôt(s) des résultats en temps réel
- Dépôt(s) des résultats en temps proche du réel
(Dans la limite d'un mois post-séquençage)
- Dépôt(s) après valorisation
(Publication scientifique, rapport...)

Autres informations concernant les activités de séquençage : Indiquer dans la rubrique « Autres remarques à destination du comité des CNR » de l'annexe 3 (non rendue publique) toutes autres informations concernant les activités de séquençage non renseignées ci-dessus.

3. Activités de surveillance

Éléments clés en matière de surveillance pour l'année 2025

Le volume d'activité du CNR pour *Campylobacter sp* a continué d'augmenter. Le réseau de surveillance des Campylobacters a évolué en 2025 principalement pour le réseau hospitalier. Nous couvrons cette année l'intégralité des départements de l'hexagone. L'activité privée pour *H. pylori* a considérablement augmenté en 2025 grâce au réseau Hélico-net. Le CNR a également élargi son maillage local en intégrant l'analyse des biopsies gastriques de CH périphériques au CHU de Bordeaux : CH de Langon, Libourne et Marmande.

Les quatre principales bactéries retrouvées chez l'homme sont *C. jejuni*, *C. coli*, *C. fetus* puis *A. butzleri*. Le nombre absolu de souches de *C. jejuni* isolées de flacons d'hémoculture est plus important que *C. fetus*. Les résistances aux antibiotiques chez *Campylobacter sp* sont globalement stables par rapport à 2024.

Le pourcentage de résistance primaire à la clarithromycine chez *H. pylori* reste stable en 2025. De rares cas de résistance à l'amoxicilline et à la rifampicine ont été identifiés et de manière systématique caractérisés. Le CNR a également mis en place par PCR point final et séquençage Sanger la recherche de mutations dans la QRDR de *gyrA* et *rpoB* associées à la résistance respectivement à la lévofloxacine et à la rifampicine dans des biopsies positives en PCR mais négative en culture.

3.1 Description du réseau de partenaires

3.1.1 Description du réseau de partenaires Campylobacters

Notre CNR travaille cette année avec un réseau de 60 laboratoires et 96 laboratoires hospitaliers qui participent respectivement aux réseaux Campy.COM et Campy.HOP. Ces laboratoires nous envoient leurs souches par un système de transport organisé par le CNR ou par leur propre moyen. En 2025, 80% des souches reçues au CNRCH ont transité par nos transports.

36 de ces correspondants dont 16 laboratoires ou groupements de laboratoires communautaires et 20 hôpitaux (12 CHU, 8 CH ou CHG) saisissent 9 souches isolées directement via un accès sécurisé et intégré au site internet du CNR (réseau Campy-net). Ces 36 correspondants n'envoient que la 10ème souche au CNR comme contrôle de qualité. Ce système est fonctionnel depuis 2012 avec accord de Santé Publique France (SpFrance). Deux CHU, (Clermont-Ferrand et de Strasbourg) ainsi que 3 groupements de laboratoires privés (SYNLAB Auvergne, BIOGROUPE Aura basé dans le Rhône et BIOGROUPE Bretagne basé en Ile-et-Vilaine) ont intégré le réseau Campy-net en 2025

-Répartition géographique et couverture nationale

Au total, nous répertorions 22226 souches de Campylobacters et bactéries apparentées. La carte de France ci-dessous montre la répartition par département.

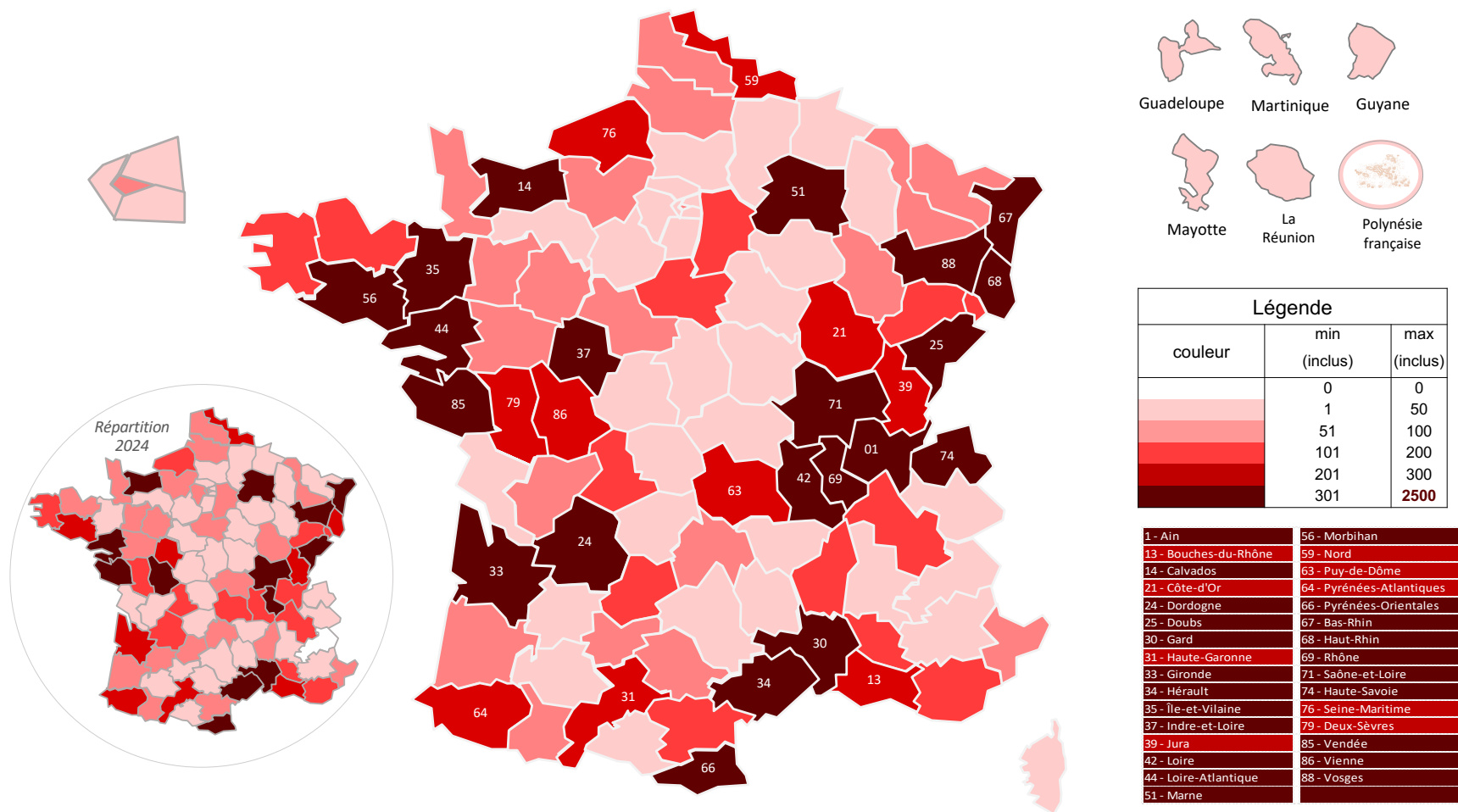


Figure. Répartition par département des souches de Campylobacters reçues au CNR en 2025 des réseaux Campy.COM, Campy.HOP ou déclarées en ligne par le réseau Campy-net.

L'échelle de couleur a été choisie en fonction du nombre de souches. Les noms des principaux départements participant au réseau sont indiqués.

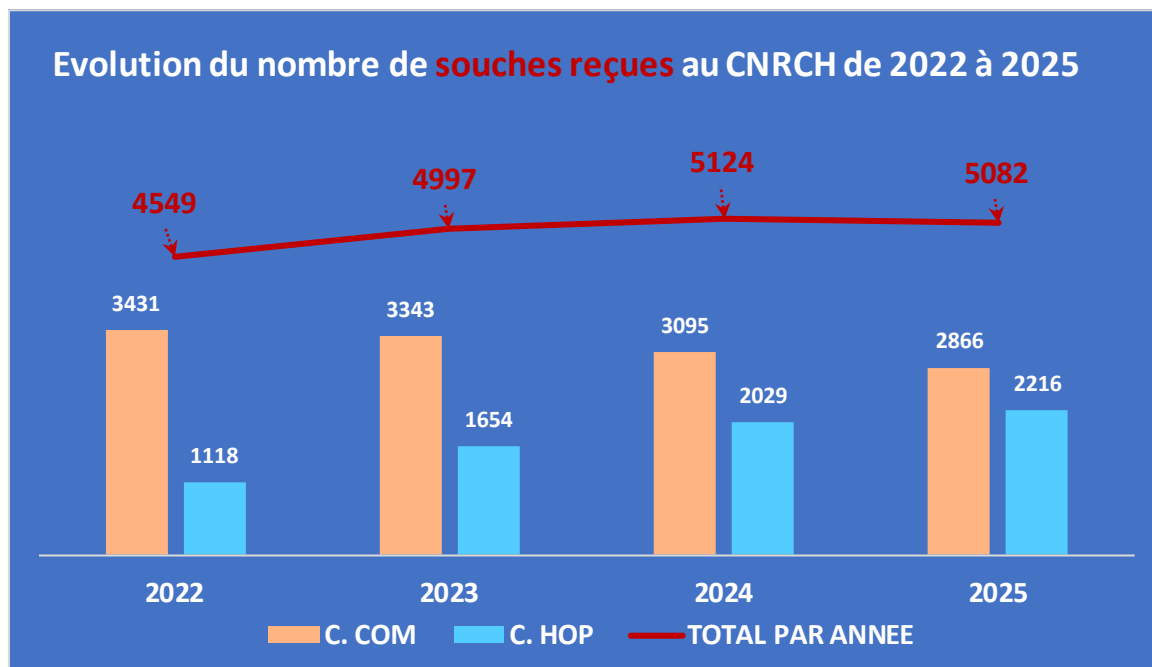
-Evolutions du réseau par rapport à l'année 2024 :

Nous couvrons grâce à l'amplitude de répartition de nos correspondants toutes les régions de France dans leur définition. Pour 2025, tous les départements métropolitains sont également couverts, 4 départements d'outre-mer (Guadeloupe, Mayotte, Saint Pierre et Miquelon et La Réunion) ainsi que La Polynésie française.

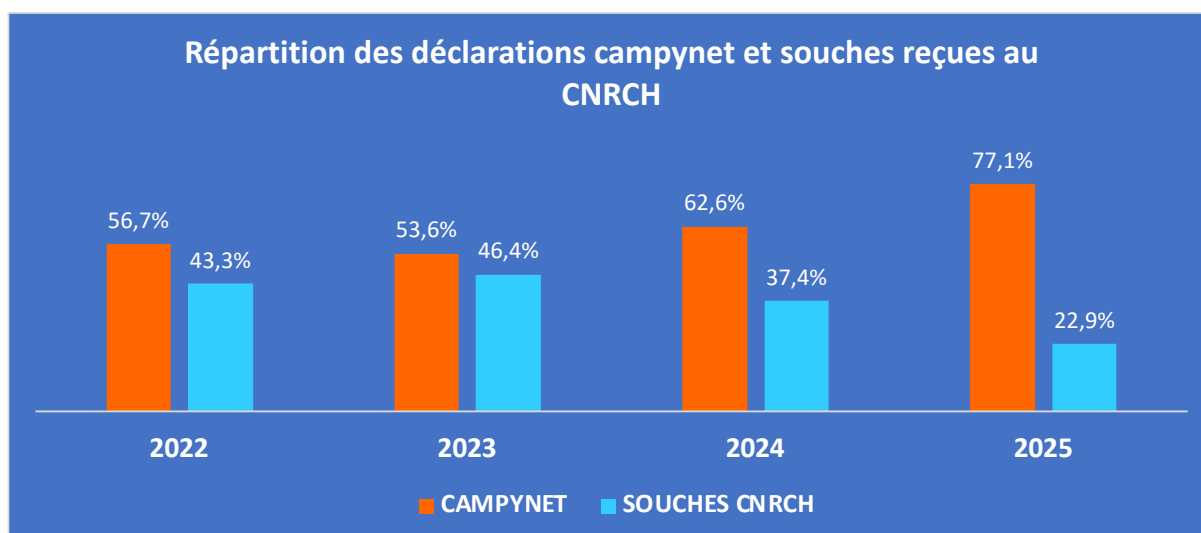
Le nombre de souches répertoriées en 2025, viables ou non, a augmenté de 62,1% par comparaison à 2024 (cf. Tableau ci-dessous). L'activité Campy.HOP augmente alors que celle du réseau Campy.COM baisse au bénéfice des saisies sur Campy-net qui ont augmentées de presque 100%.

	Campy.HOP	Campy.COM	Campy-net	TOTAL
Nb. en 2025	2 216	2 866	17 144	22 226
Nb. en 2024	2 029	3 095	8 590	13 714
Evolution en %	9,2%	-7,4%	99,6%	62,1%

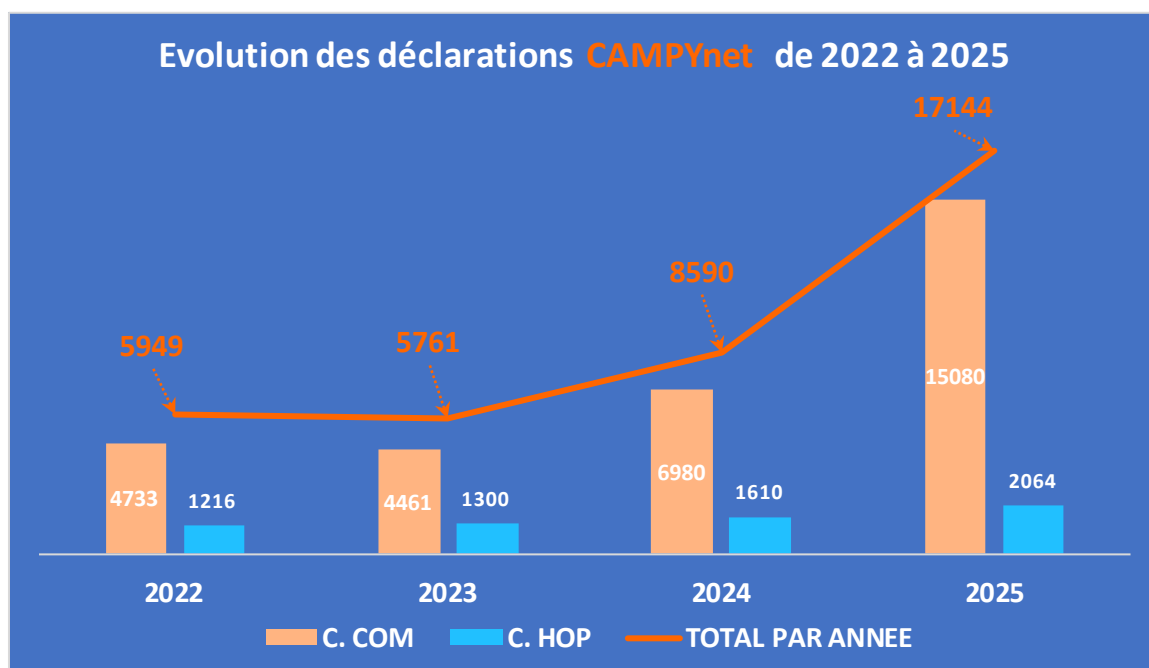
Le nombre de souches reçues au CNR pour analyse reste globalement stable au cours de ces dernières années, environ 5000/an.



Les données Campy-net représentent cependant 71% des données 2025 de ce rapport.



Le pourcentage pris par les saisies Campy-net dans notre réseau de surveillance augmente de manière importante depuis 2019, en particulier au sein du réseau Campy.COM.



-Evolution du réseau Campylobacters :

La couverture territoriale de l'hexagone se maintient grâce à la régularité et l'implication du réseau. Le réseau des laboratoires hospitaliers est toujours aussi dense sur le territoire et une nouvelle fois en augmentation. Leur participation est exceptionnelle dans leur diversité de souches envoyées.

Nous devons porter notre attention sur 12 départements pour la plupart ruraux, les Hautes-Alpes, l'Ariège, l'Aude, le Cher, la Haute-Loire, le Lot-et-Garonne, la Lozère, le Meuse, la Nièvre, l'Oise, l'Orne et la Savoie ainsi que le département du Val-d'Oise à forte population que nous ne parvenons pas à couvrir correctement.

Au côté des acteurs publics, le secteur privé participe intensément à notre mission de Santé Publique en mobilisant son expertise, son organisation et ses moyens.

L'ensemble du secteur hospitalier poursuit cette année encore sa très forte participation quant aux déclarations de cas d'infections. 21 nouveaux Centres Hospitaliers sont entrés dans le réseau. Certains participent régulièrement comme le CH de Bergerac, de Lozère et de Chalon-sur-Saône ainsi que le CH Sud-Gironde à Langon qui confirme sa forte participation. Pour la première année, les envois de souches au CNRCH par le réseau hospitalier dépassent les déclarations hospitalières Campy-net. C'est par le réseau hospitalier d'ailleurs que nous recevons une plus grande diversité d'espèces (autres que *C. jejuni* et *C. coli*) ainsi qu'une plus grande diversité de prélèvements (autres que des selles) : 90% de ces cas proviennent de ce réseau.

Le CH d'Avignon confirme en 2025 sa forte participation au réseau du CNRCH. En outre, 26 établissements hospitaliers répartis sur le territoire ont une augmentation de cas supérieure à 30% par rapport à 2024 et notamment le CH de Vendée, de Cahors, de Saint-Brieuc, d'Elbeuf-Louviers, d'Antibes, de Limoges, d'Aubagne, d'Aubenas et de Bagnols sur Cèze. 15 établissements ont une augmentation supérieure à 50% par rapport à 2024 et notamment les CH d'Angoulême, Annonay, Ales, Langon, Bayeux et de Nord-Deux-Sèvres. Les CHU de Toulouse, Lyon, Poitiers, Reims, Nantes, Montpellier et Nancy poursuivent leur participation très active au réseau du CNRCH. Nous notons également pour le CHU de Bordeaux, site qui nous héberge, une nouvelle augmentation des cas par rapport aux années précédentes et notamment par les services de l'hôpital Pellegrin, +36%.

Les groupements de laboratoires poursuivent leur organisation et restructuration sur le territoire. Nos partenaires historiques, pour certains depuis plus de 10 années, poursuivent toujours aussi activement leur participation à un haut niveau et avec régularité. Nous recensons pour 17 d'entre eux une augmentation de cas supérieure à 15% par rapport à 2024, année qui était déjà en augmentation. Certains départements passent d'une très faible à une très forte couverture dû au déploiement des groupements de laboratoires dans les départements de Haute-Savoie, de la Côte-d'Or, d'Ille-et-Vilaine

En effet, notre partenariat avec BIOGROUP, initié en 2025, voit l'entrée de deux correspondants régionaux importants. Le premier, celui de la région Auvergne-Rhône-Alpes par notre correspondant basé à Décimes (69) qui coordonne également les activités Campylobacter de la région Bourgogne-Franche-Comté. A titre d'exemple, nous atteignons dès lors le département de Haute-Savoie, nous couvrons mieux les départements de l'Ardèche et de la Côte-d'Or. Le deuxième territoire que nous attendions pour une meilleure couverture est celui du département d'Ille-et-Vilaine, un des plus peuplé de l'Hexagone. Notre correspondant, basé à Noyal-Chatillon dans le 35, coordonne les déclarations de la région. A titre d'exemple, celles d'Ille-et-Vilaine ont été multipliées par 25 par rapport à l'an dernier. L'adhésion de BIOGROUP Bretagne bénéficie à l'ensemble de la région apportant son soutien au réseau hospitalier régional dense et très actif avec les CH-CHU de Quimper, Saint-Brieuc, Brest, Nantes, Morlaix, Lorient, Pontivy, Saint-Lô et également aux deux groupements de laboratoires historiques très présents sur le territoire : SYNLAB BIOLIANCE basé à Nantes et INOVIE OCEALAB basé à Vannes.

Deux centres BIOGROUP basés à Chambray-lès-Tours et Poitiers nous permettent de maintenir une couverture territoriale sur les départements de l'Indre, Indre-et-Loire, Haute-Vienne, Vienne et le Loir-et-Cher en appui des CHU de Poitiers, Limoges et du CH de Saumur.

Notre partenariat initié en 2024 avec INOVIE (18% des cas d'infection à Campylobacter déclarés en 2025), se poursuit doublant le nombre de déclarations par rapport à 2024. Les activités Campylobacter de notre adhérent OCEALAB à Vannes ont été intégrées au Groupe INOVIE tout comme notre représentant à Saint-Benoît de La Réunion sur le site de Montfleury. Pour les départements de l'Aude, du Gard, de l'Hérault et plus particulièrement des Pyrénées-Orientales, le laboratoire INOVIE LABOSUD Montpellier signale, par le biais des déclarations en ligne, plus de 90% des cas d'infections de ces départements. Dans cette organisation, le site d'Avignon n'a pas pu, pour cette année, nous transmettre l'échantillonnage de souches attendu dû à des difficultés RH. Le site d'INOVIE CBM à Muret, dans le département de Haute-Garonne, nous a adressé l'échantillonnage de souches pour les mois de septembre et octobre.

Le groupement des laboratoires des Carmes basé à Caen (13 laboratoires) reste le plus important du réseau. Les souches envoyées au CNRCH ont augmenté de 30% sur une année 2024. Ce groupement de laboratoires est en appui des CH d'Avranches, Bayeux, Saint-Lô, et du CHI d'Elbeuf, ainsi que des laboratoires BIOTARDY à Barentin et BIO LBS à Rouen. Nous retrouvons cette année, parmi nos partenaires, les laboratoires LBS couvrant le département de la Seine-Maritime.

Les laboratoires régionaux du réseau SYNLAB poursuivent leur participation avec le CNRCH : BIOLIANCE basé à Nantes Saint-Herblain, partenaire historique, a vu ses déclarations augmenter de 15% par rapport à l'an dernier déjà en augmentation de 16% couvrant majoritairement les départements de la Loire-Atlantique et de Vendée, participant ainsi à une très bonne couverture. Les plateformes techniques d'Aurillac et de Cournon d'Auvergne collaborent désormais ensemble pour les Campylobacters dans cette région centrale. Les envois de souches au CNRCH ont donc stoppé en juillet pour ces deux sites ce qui représente une perte de données importantes. Nous avons alors intégré ce groupement dans le réseau Campy-net en septembre 2025 et nous espérons ne pas perdre la couverture de cette région. Le CHU de Clermont-Ferrand, récemment intégré au réseau Campy-net, nous permettra également de maintenir notre surveillance sur cette région. Le laboratoire BIOALLIANCE groupe SYNLAB à Le Coudray en Eure-et-Loir a intégré le réseau en 2022 et couvre 5 départements du Nord-Ouest de la France en appui de nos partenaires de la région. Il nous permet de mieux surveiller le département d'Eure-et-Loir où il est implanté.

Le Groupe OUILAB 67 basé dans l'Est de la France est également un de nos partenaires historiques représentant 7% des déclarations de cas d'infections à Campylobacters, opérant à la fois sur le réseau Campy-net et par l'envoi régulier de souches au CNRCH. Ce groupement reçoit des prélèvements majoritairement du Bas-Rhin (67) mais également du Territoire de Belfort (90) ainsi que du Doubs (25), avec des déclarations en augmentation de 20% par rapport à 2024.

Le Groupe B2A, basé dans l'Est de la France, regroupe 50 sites. Suite à une réorganisation en septembre 2025, nous opérons désormais par le réseau Campy-net avec le centre de Brumath basé en Alsace qui coordonne les activités Campylobacter de la région couvrant également le département des Vosges (96% des déclarations de ce département). L'augmentation des cas en 2025 est de 68% pour ce groupement.

En poursuivant, dans le Nord Est de la France, nous maintenons une très bonne couverture sur le département de la Marne (51) grâce à notre partenaire BIOXA-GILLARD avec l'appui constant du CHU de Reims. Il en est de même dans le Sud-Ouest et le département de la Dordogne pour lequel les cas d'infection déclarés ont été multipliés par 2,5 venant de notre correspondant Groupe NOVABIO, entré depuis peu dans le groupement INOVIE et du CH de Bergerac entré en 2025 dans le réseau.

-Correspondants pour la sérologie *C. jejuni* :

L'activité de sérologie *C. jejuni* a représenté 252 analyses en 2025, en légère baisse par rapport à 2024 (-11%) dont 48% provenaient de correspondants extérieurs au CHU de Bordeaux (51% en 2024) : APHP Tenon, Armand Trousseau, Saint-Antoine, les CHU de Lyon, Pitié-Salpêtrière et Strasbourg, les CH de Laval et Valence. La moyenne d'âge est de 46,4 ans avec un sex-ratio H/F de 1,27 (en 2024 la moyenne d'âge était de 48,7 ans et le sex-ratio de 1,48). Seules 10,7% étaient positives, 62,3% négatives, 6,7% douteuses et 20,2% n'ont pas pu être réalisées (non-conformité de la demande ou du prélèvement).

Les pathologies associées à ces sérologies positives étaient : un syndrome de Guillain Barré (n=20) dont 2 post gastro-entérite à *C. jejuni*, un syndrome de Guillain Barré de type AMAN (n=4), une polyarthrite réactionnelle post gastro-entérite à *C. jejuni* (n=1), une diarrhée aigue grave d'allure infectieuse (n=1), une faiblesse musculaire sans lésion neurologique (n=1).

3.1.2 Description du réseau de partenaires *Helicobacter pylori*

-Description des partenaires et répartition par type d'activités :

Le CNR travaille avec un réseau de correspondants composé de 67 hôpitaux et 20 laboratoires privés.

Notre réseau de correspondants est réparti sur le territoire comme suit :

Répartition sur le territoire	No.	%
CHU de Bordeaux	3	3,4%
Région Nouvelle Aquitaine	20	23%
Hors Nouvelle Aquitaine	31	35,6%
Adhérent Hélico-net (hors région bordelaise)	33	37,9%
Total	87	100%

En 2025, le CNR a reçu 1531 prélèvements (hors sérologie) pour recherche *H. pylori*. 32% des demandes d'analyses provenaient du CHU de Bordeaux, en nette augmentation par rapport à 2024 (9,5%) et notamment pour les services de l'hôpital du site de Haut Lévêque.

36% des demandes d'analyses provenaient de nos correspondants implantés en Nouvelle Aquitaine (hors Bordeaux) et 32% des demandes de nos correspondants implantés hors de Nouvelle Aquitaine.

Le réseau Hélico-net a fonctionné à plein régime en 2025 pour la deuxième année consécutive. Une brève description de ce réseau et des principales informations recueillies en 2025 seront présentées dans la partie 3.5 de ce rapport. La répartition par région de ces correspondants Hélico-net est la suivante :

Correspondants Hélico-net	Nombre
Nouvelle Aquitaine	2
Grand Est	3
Ile de France	9
Provence-Alpes-Côte d'Azur	1
Occitanie	3
Centre-Val de Loire	3
Pays de la Loire	1
Auvergne-Rhône Alpes	4
Bretagne	1
Hauts de France	5
Normandie	1

En 2025, 3096 dossiers issus de Hélico-net furent analysables (versus 2486 en 2024). Les données patients et les données microbiologiques ont été fusionnées dans ce rapport à celles obtenues sur les prélèvements reçus au CNR.

Prélèvements	2024	2025
Biopsies	4346 (97,4%)	4473 (96%)
Reçues au CNR	1860	1377
Saisies Hélico-net	2486	3096
Souches	61 (0,4%)	152 (3,3%)
Selles	41 (0,9%)	19 (0,4%)
ADN	14 (0,3%)	13 (0,3%)
Total	4462	4657 (+4,4%)

Le nombre de souches envoyées au CNR en 2025 a augmenté d'un facteur 2,5 par rapport à 2024, soit pour caractérisation de mécanismes de résistances rares (amoxicilline, rifampicine) ou pour la réalisation d'antibiogramme.

Les 3096 dossiers saisis dans Hélico-net représentent 69,4% des prélèvements (biopsies, souches, selles et ADN) et 69,2% des analyses sur biopsie.

Nous avons également reçu 671 demandes de sérologie *H. pylori* non traitées par le CNR (598 en 2024) dont 98% viennent du CHU de Bordeaux. Ces sérologies sont réalisées sur automate de liaison XL (Diasorin) sur le Plateau Automatisé de Biologie Médicale (PABIM) du pôle de Biologie et Pathologie du CHU de Bordeaux.

-Evolution du réseau par rapport à l'année 2024 :

23 nouveaux correspondants envoyant leurs prélèvements au CNRCH sont entrés dans le réseau 2025.

Les CH de Langon, Libourne et Marmande ont rejoint le CH de Mont-de-Marsan dans le « groupe des aquitains ». Pour l'Ile-de-France : l'APHP Saint-Antoine, le CH de la Fontaine à Saint-Denis, l'HIA Begin à Saint-Mandé, l'Hôpital Privé d'Antony et le GHI Le Raincy à Montfermeil ont rejoint le réseau.

Pour la région des Hauts-de-France : nos nouveaux correspondants sont le CH de Roubaix, Compiègne, et CH Dunkerque, ainsi que le groupe Synlab des Hauts de France

Le département du Finistère (29) a intensifié ses demandes d'analyses par deux correspondants hospitaliers le CHU de Brest et le CH de Quimper.

Le département du Nord reste toujours aussi dense du fait de l'implantation de 5 correspondants. Il en est de même pour le département de la Vienne et de l'Indre-et-Loire par nos correspondants du CHU de Poitiers et de Tours ainsi que le laboratoire LABORIZON BIOGROUPE de Chambray-lès-Tours.

Les départements de la Corrèze et du Gard voient également leurs demandes augmenter par nos correspondants du CH de Brive et du CHU de Nîmes.

Le CH d'Avignon a poursuivi ses envois de souches *H. pylori* représentant 43% des demandes sur souches, 15% provenaient d'Eurofins Biomnis à Lyon, complétés entre autres par le CHU de Rouen et le CH de Colombes. En 2025, c'est une nouvelle répartition sur le territoire autrefois concentrée sur la région de Bordeaux. Le réseau Hélico-net influence cette nouvelle répartition. 7 départements ne sont pas couverts par ce réseau. Ce sont les mêmes difficultés que nous avons rencontrées pour le réseau Campylobacters et donc pour ces départements.

-Répartition géographique et couverture nationale

La carte de France ci-dessous montre la répartition par département.

Répartition 2025 et par département des analyses sur biopsies *Helicobacter pylori*

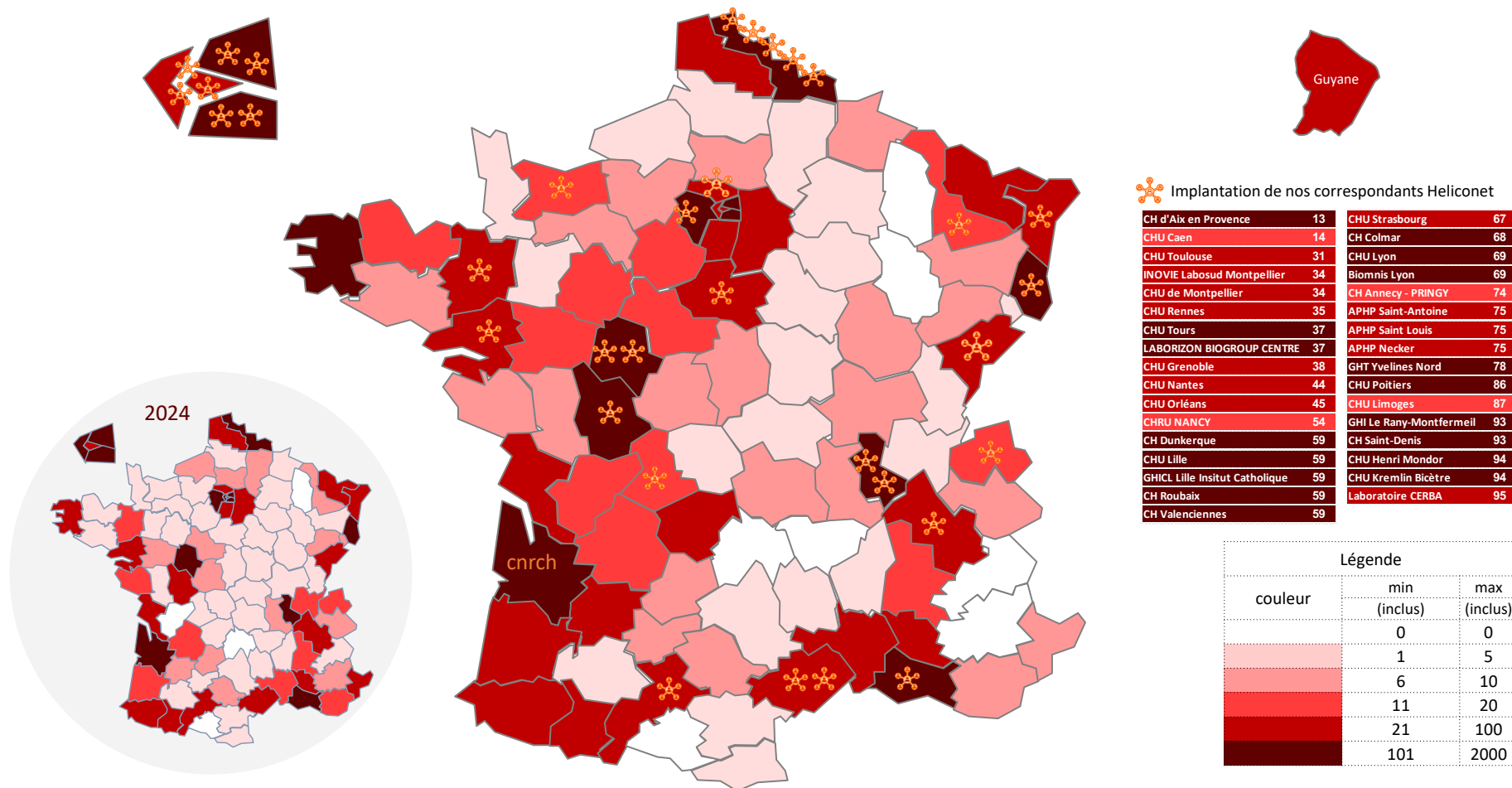


Figure. Répartition 2025 par département des biopsies gastriques reçues au CNR pour le diagnostic de l'infection à *H. pylori* ou déclarées en ligne par le réseau Hélico-net.

L'échelle de couleur a été choisie en fonction du nombre de cas. Les noms des principaux départements participant au réseau sont indiqués.

Nous avons reçu 19 selles pour recherche d'antigènes de *H. pylori* en 2025 versus 41 en 2024, (42,1% en provenance du CHU de Bordeaux) : sex ratio 0,6, moyenne d'âge 25,6 ans. Pour ces selles, 84,2% étaient négatives et 15,8% étaient positives.

Concernant les biopsies gastriques et les souches reçues, nous réalisons en première intention, une PCR de détection de *H. pylori* et des mutations associées à la résistance aux macrolides. La culture réalisée en systématique et rendue à 5 jours si la PCR est négative.

Les résultats suivants correspondent au nombre de patients dont les prélèvements ont été analysés au sein du CNR et du réseau Hélico-net : nous fournissons le détail par technique.

Répartition des patients par type de prélèvements et analyses effectuées	Total	Culture et PCR	PCR seule	Culture seule
Biopsie uniquement *	4350	2707	908	735
Biopsie + ADN	4	4	0	0
Souche uniquement	122	122	0	0
Souche + biopsie	6	6	0	0
Souche + ADN	14	13	1	0
Souche + biopsie + ADN	1	1	0	0
ADN uniquement	13	0	13	0
Total Patients (Culture et/ou PCR)	4510	2853	922	735

Pour 114 patients, nous avons reçus au CNR à la fois une biopsie de l'antré et du fundus.

Si nous nous basons sur les résultats de la culture et/ou de la PCR sur biopsies gastriques au CNRCH, 28,7% des patients étaient positifs pour *H. pylori* en 2025. Ceci est en augmentation par rapport à 2024. Pour le réseau Hélico-net, seuls les cas positifs par PCR et /ou culture ont été saisis.

Nombre de patients (biopsies) analysés par	<i>H. pylori</i> positif 2024	<i>H. pylori</i> positif 2025
Culture et PCR*	419/424	357/1247**
PCR seule	5/1331	4/11***
Total	424/1755	24,2%
		361/1258
		28,7%

*positivité basée sur le résultat de la PCR.

**Pour 2 patients, la qualité/quantité des prélèvements n'a pas permis d'obtenir un résultat valide en PCR et culture.

***Pour 6 patients, la qualité/quantité des prélèvements n'a pas permis d'obtenir un résultat valide en PCR.

3.2 Surveillance de l'évolution et des caractéristiques des infections

3.2.1 Surveillance de l'évolution et des caractéristiques des infections à *Campylobacter sp* et bactéries apparentées

Les données seront présentées de manière globale en intégrant les données des réseaux Campy.HOP, Campy.COM et Campy-net. Les différences notables entre ces réseaux seront notées si besoin pour chaque sous-section.

- Résultats globaux :

Nombre de souches répertoriées (viabiles ou non) :	22226*
Nombre de souches reçues dans les locaux du CNR :	5082

* 17144 dossiers saisis sur Campy-net.

469 souches sur 5082 (9,2 %) n'ont pas donné de subculture, en augmentation de 2 points par rapport aux années précédentes.

- Répartition par espèce et par nature de prélèvements :

Cette répartition est basée sur 21757 isolats (viabiles et en incluant les doubles populations).

48,5% des *Campylobacter* saisis dans Campy-net ne sont pas identifiés à l'espèce (99% isolées des selles). Les trois principales espèces répertoriées sont *C. jejuni* (42,6%), *C. coli* (7,9%), *A. butzleri* (0,5%) et *C. fetus* (0,4%) (Tableau 1 et Tableau 2). Si on exclut les *Campylobacter sp* les espèces *C. jejuni* et *C. coli* représentent respectivement 82,8% et 15,5%.

C. jejuni dépasse pour la 7^{ème} année consécutive en nombre absolu *C. fetus* comme première espèce isolée de flacons d'hémocultures même si cela ne concerne que 1,3% des isolats de *C. jejuni* versus 68,2% pour les *C. fetus*. *A. butzleri* est majoritairement isolé de selles (99%).

Les isolats des autres espèces des genres *Campylobacter*, *Aliarcobacter* et *Helicobacter* sont rares en 2025 comme en 2024. Trois *Helicobacter sp* (2 *H. pullorum* isolés de selles et 1 bactériémie à *H. cinaedi*) sont répertoriés en 2025.

Cette baisse de diversité bactérienne est la conséquence de l'utilisation en routine sur selles des PCR syndromiques qui ne détectent principalement que *C. jejuni* et *C. coli* et l'utilisation de la culture uniquement en cas de PCR positive. *C. ureolyticus* est majoritairement isolé de pus et de sang. Ce *Campylobacter* anaérobie est considéré comme un pathogène émergent.

La proportion de *C. fetus* diffère en fonction des réseaux : elle est de 1,7% pour le réseau Campy.HOP alors qu'elle n'est que de 0,1% pour le réseau Campy.COM. La proportion de souches invasives de *C. jejuni* est également plus importante au sein du réseau Campy.HOP, 2,4%, contre 0,09% pour Campy.COM.

La stratégie de séquençage en routine des souches reçues au CNR, nous permet d'évaluer les discordances au genre et à l'espèce. Le tableau ci-après récapitule les principales discordances d'identification répertoriées en 2025 entre nos correspondants et notre CNR. Au total 73 discordances pour 1915 génomes séquencés (3,8%) a été relevé.

Discordances identifications*	Nb.
<i>A. butzleri</i>	1
<i>C. coli</i>	49
<i>C. jejuni</i>	14
<i>C. fetus</i>	3
<i>C. hyointestinalis</i>	1
<i>Campylobacter sp probable nouvelle espèce</i>	5
Discordances d'identification constatées	73

*données basées sur 1915 souches séquencées

La stratégie NGS nous a également permis de vérifier systématiquement la concordance entre le phénotype fourni par le laboratoire correspondant et le résistome identifié par NGS. Chaque discordance a été contrôlée *in vitro* au CNR (disque ou CMI). Cela a représenté 13% des souches séquencées. Le détail est présenté dans le tableau ci-dessous.

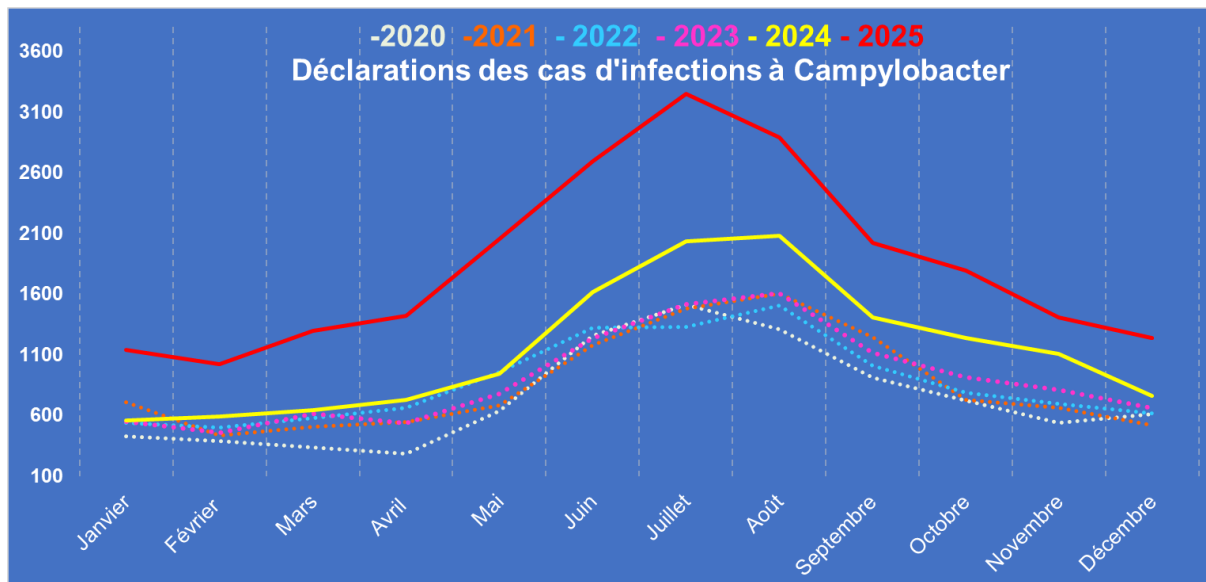
Discordance ATB *	Nombre discordances	% par rapport aux souches séquencées
Ampicilline	79	4,1%
Amoxicilline - acide clavulanique	21	1,1%
Gentamicine	10	0,5%
Erythromycine	25	1,3%
Ciprofloxacine	50	2,6%
Tétracycline	64	3,3%
Total des discordances (NGS)	249	13,0%

*données basées sur 1915 souches séquencées

Ces chiffres sont globalement stables par rapport à 2024.

- Répartition mensuelle des souches isolées :

Le graphique ci-dessous indique le nombre de souches répertoriées au cours de l'année 2025 avec un comparatif depuis 2020.



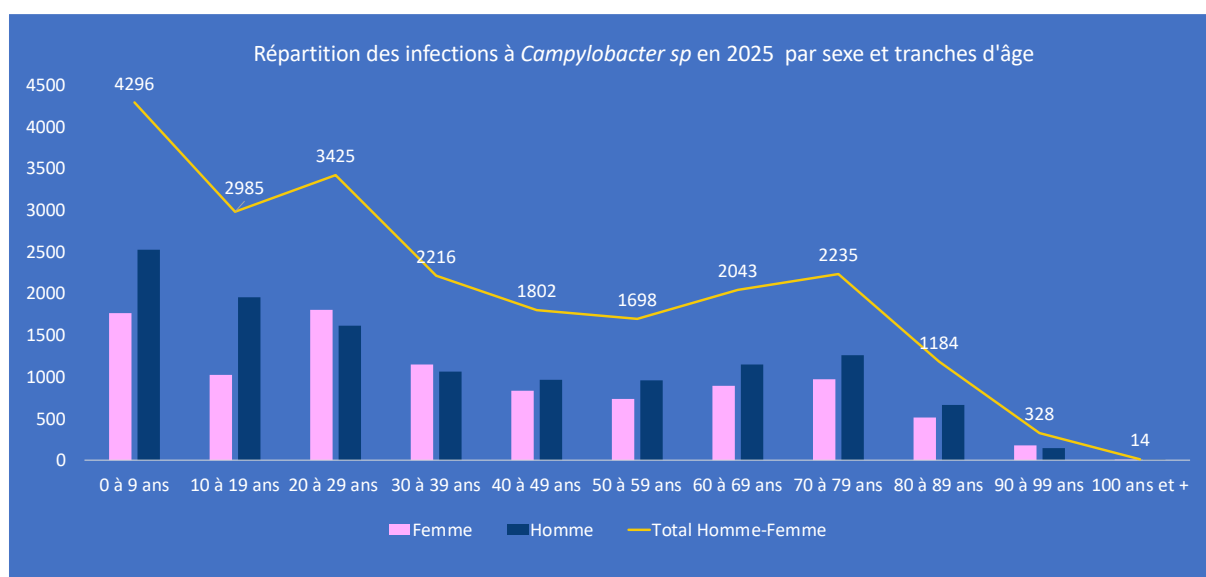
Ces données confirment la saisonnalité habituelle des infections à Campylobacters et montrent l'importance de l'augmentation constatée en 2025 des cas d'infections à Campylobacters avec un pic très marqué en Juillet. Même si nous recevons des souches tout au long de l'année, les mois de Mai à Septembre regroupent 58% des souches répertoriées en 2025 versus 59,4% en 2024.

Les mois d'avril et mai 2025 sont en hausse par rapport aux années précédentes

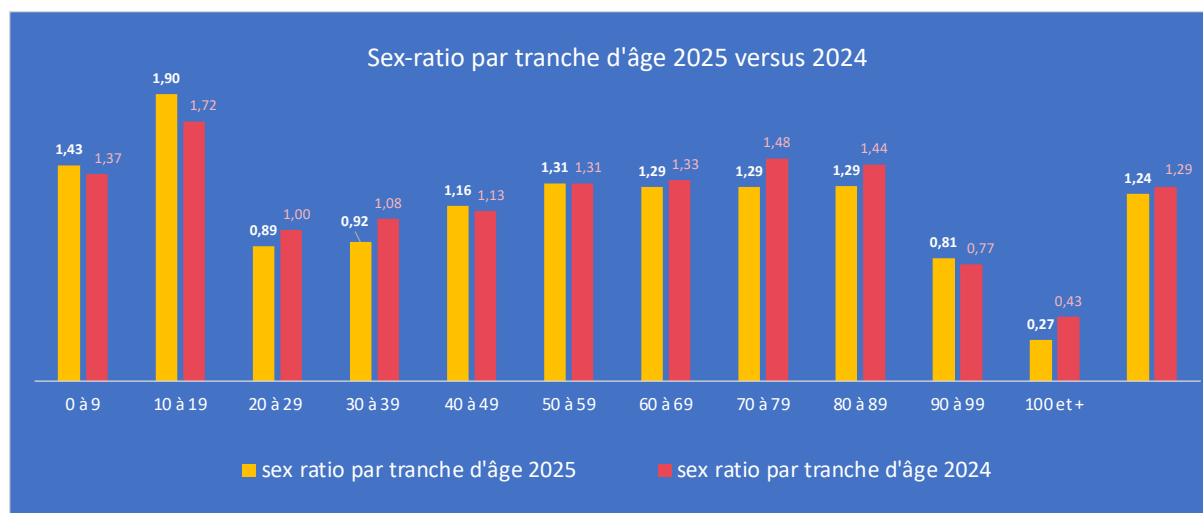
- Répartition par sexe :

2025	Nombre de souches par sexe et %	
Sexe Féminin	9906	44,6%
Sexe Masculin	12320	55,4%
Total	22226	
Sex Ratio	1,24	

La prédominance masculine est toujours marquée avec un sex-ratio H/F de 1,24 en moyenne. Cette répartition est valable pour toutes les tranches d'âge malgré une tendance à un rééquilibrage pour les 20-29 ans et une prédominance féminine pour les 30-39 ans et après 90 ans.



Cette répartition est stable comparée à celle observée en 2024.



-Répartition par âge :

Catégories d'âges	.COM	%	.HOP	%	Total	%
Adultes, ≥15 ans	13675	76,2	2283	68,1	16558	74,5
Enfants, <15 ans et ≥1 an	4076	22,7	1185	26,4	5261	23,7
Nourrissons <12 mois et ≥1 mois	167	0,9	174	4,6	341	1,5
Nouveaux nés <1 mois	29	0,2	37	0,9	66	0,3
Total (Nb.)	17947		4279		22226	

Les infections à Campylobacters touchent toutes les tranches d'âge avec 25,5% de cas pédiatriques (<15 ans). La proportion de nourrissons (<12mois) est plus importante au sein du réseau Campy.HOP (5,5% *versus* 1,1% pour Campy.COM).

-Tranches d'âge des infections :

La répartition en pourcentage par tranches d'âge et au sein des deux réseaux est récapitulée dans le tableau ci-dessous.

Tranches d'âge	0-9	10-19	20-29	30-39	40-49	50-59	60-69	70-79	80-89	90-00	>100
Total (%°)	19,3	13,4	15,4	10,0	8,1	7,6	9,2	10,1	5,3	1,6	0,06
.COM (%)	17,6	13,7	16,4	10,9	8,8	8,1	9,4	9,5	4,4	1,1	0,02
.HOP (%)	26,4	12,1	11,2	6,0	5,3	5,6	8,4	12,41	9,1	3,1	0,2

La proportion de cas âgés (≥60 ans) est de 33,7 % au sein du réseau Campy.HOP *versus* 26,1% dans le réseau Campy.COM. Comme évoqué ci-dessus, la proportion de cas pédiatriques (0-9 ans) et des patients de 80 à 89 ans est plus importante au sein du réseau Campy.HOP. L'âge moyen des cas d'infections était de 38,1 ans en 2025 (37,8 ans en 2024) et l'âge médian de 33 ans (32,3 ans en 2024). La moyenne d'âge augmente chaque année, + 2 ans en 4 années.

-Répartition en fonction du type de malade : Les données présentées ci-dessous concernent le réseau Campy.HOP, Campy.COM et Campy-net (soit 22226 cas).

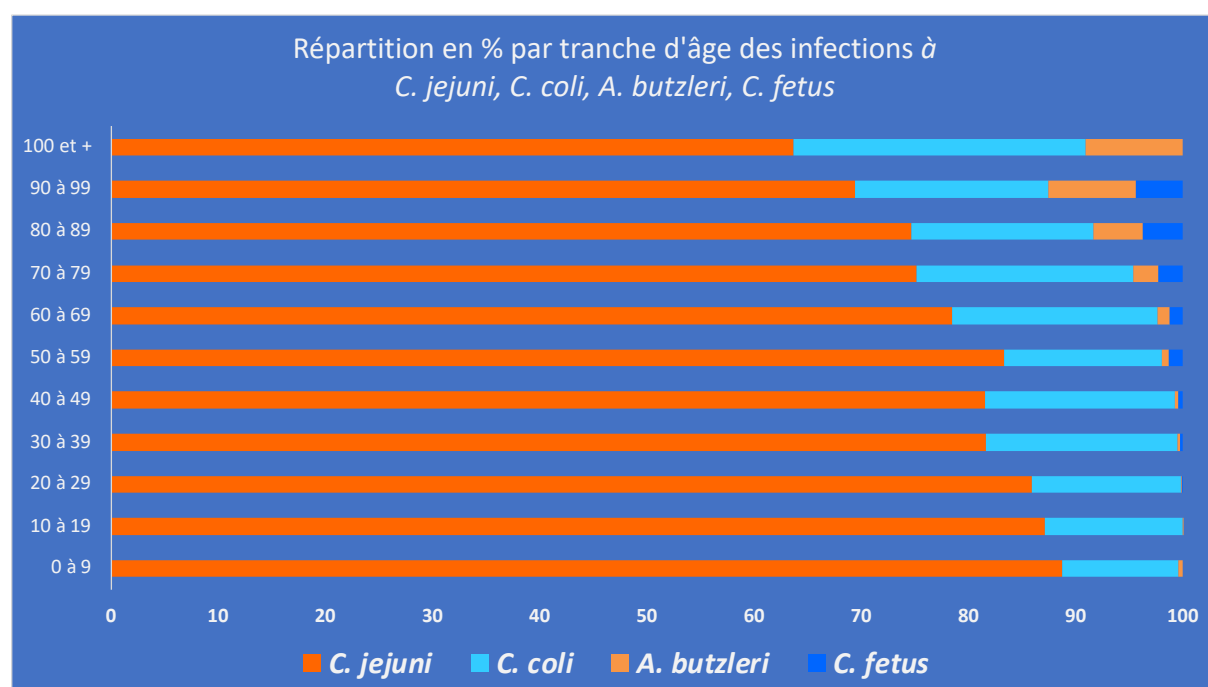
Type de malade	Nombre	%
Hospitalisation	2936	13,2%
Consultation	16977	76%
Non précisé	2393	10,8%

La majorité des cas rapportés sont donc des cas observés en dehors de tout contexte d'hospitalisation. Ceci est le témoin notamment de l'importance des données obtenus de laboratoires privés au sein du réseau de surveillance.

-Analyse des bactéries identifiées par tranches d'âge et pour les 4 pathogènes majeurs

Nous présentons pour la 3^{ème} année consécutive ces chiffres. La même tendance se confirme.

Tranche d'âge	Nb.	<i>C. jejuni</i> %	<i>C. coli</i> %	<i>A. butzleri</i> %	<i>C. fetus</i> %
0 à 9	2258	88,8	10,9	0,4	0,0
10 à 19	1567	87,1	12,8	0,1	0,0
20 à 29	1762	85,9	13,9	0,1	0,1
30 à 39	1043	81,6	17,9	0,2	0,3
40 à 49	873	81,6	17,6	0,3	0,5
50 à 59	822	83,3	14,7	0,6	1,3
60 à 69	957	78,5	19,1	1,1	1,3
70 à 79	1071	75,2	20,2	2,3	2,3
80 à 89	607	74,6	17,0	4,6	3,8
90 à 99	183	69,4	18,0	8,2	4,4
100 et +	11	63,6	27,3	9,1	0,0



De manière intéressante, la proportion d'infection à *C. fetus* augmente chez les patients très âgés ainsi que les infections à *A. butzleri* au détriment des infections à *C. jejuni*. L'étude rétrospective des caractéristiques épidémiologiques des infections à *A. butzleri* a été publiée par le CNR en 2025 (cf liste des publications).

-Voyage à l'étranger : Une notion de voyage à l'étranger a été renseignée (Oui/Non) dans 6355 cas sur 22226 cas (28,6%), en forte diminution par rapport à 2024 (donnée souvent non renseignée dans Campy-net). Le pays, ou la

région du monde, a été précisé dans 495 cas. Les principales régions concernées étaient l'Europe (38,4%) et l'Afrique (31%) (cf tableau ci-dessous).

Répartition par zones géographiques	Nbre	%
Maghreb	125	25,3%
Europe du Sud	120	24,2%
Asie	73	14,7%
Europe de l'Ouest	38	7,7%
Europe de l'Est	29	5,9%
Afrique (hors Maghreb)	28	5,7%
Iles de l'Océan indien	22	4,4%
Proche Orient	18	3,6%
Amérique du Nord	12	2,4%
Caraïbes	11	2,2%
Amérique du Sud	7	1,4%
Amérique centrale	6	1,2%
Europe du Nord	3	0,6%
Océanie	2	0,4%
Moyen Orient	1	0,2%
Total	495	100,0%

- Contexte épidémique :

Répartition des souches par type de cas en 2025				
Nbre de souches / Type de cas	Cas isolé	Cas groupés	NR	Total
	6847	365	15014	22226
	30,8%	1,6%	67,5%	
Si cas groupés	Familial	Collectivités	Total	
	344	21	365	
	94,2%	5,7%	1,6%	

NR : non renseigné.

Les infections à *Campylobacters* et bactéries apparentées sont donc principalement des cas isolés. Ce type d'information est de moins en moins disponible (67,5% versus 42% en 2024). Les cas groupés sont essentiellement familiaux : 53,4% d'entre eux surviennent entre mai et septembre.

Pour 365 souches portant la mention "cas groupés", 159 ont été séquençées. 116 souches uniques n'ont pas pu être comparées à une souche faisant partie de la même famille ou cas collectivité. Pour 37 souches, le cas groupé a été confirmé et pour les 4 restant le cas groupés n'a pas été confirmé. Nous devons rappeler à nos correspondants dans la mesure du possible de nous adresser au moins 2 souches émanant du cas groupé signalé.

-Origine supposée de la contamination :

L'origine alimentaire est précisée par les laboratoires dans 311 cas sur 22226 soit 1,4% des dossiers seulement . Cette information est transmise pour les deux tiers par le réseau communautaire et pour un tiers par le réseau hospitalier. La baisse régulière des données alimentaires est significative. L'origine alimentaire est en effet plus souvent précisée lorsque les souches sont envoyées au CNRCH que saisies sur Campy-net.

Le séquençage des souches nous permet toutefois d'attribuer la source alimentaire pour 97% des souches séquençées *C. jejuni* et *C. coli*.

Identification NGS avec attribution de source	Volaille	Porc	Ruminant	Environnement	Non spécifié	
<i>C. jejuni</i>	1018	0	384	48	52	
<i>C. coli</i>	322	24	1	0	1	
Total par attribution	1340	24	385	48	53	1850

La volaille reste donc la principale source de contamination à la fois pour *C. jejuni* et *C. coli* (respectivement 67,8% et 92,5%). Les sources potentielles de contamination à *C. jejuni* sont cependant plus diversifiées que pour *C. coli* avec une importante part de la viande de ruminant pour cette espèce (25,6%).

Pour 123 cas, nous avons une double information relative à l'origine alimentaire, c'est-à-dire, l'information transmise par le laboratoire et l'attribution de source par NGS.

Les origines alimentaires souvent signalées par les patients sont les "produits de la mer" alors que la source de contamination par NGS reste en majorité la volaille.

Origine alimentaires déclarées	Répartition	%	Source prédite par NGS				
			Volaille	Porc	Ruminant	Environnement	ND
Volaille	34	27,6	22	1	7	1	3
Viande sans précision	30	24,4	22	1	4		3
Produits de la Mer	17	13,8	15		2		
Plat préparé - Restauration	16	13,0	13	0	2		1
Charcuterie	9	7,3	6		1	2	
Produits laitiers	6	4,9	5			1	
Oeuf	3	2,4	2		1		
Eau	3	2,4	1		2		
Fruits et légumes	3	2,4	2		1		
Porc	2	1,6	1		1		
			89	2	21	4	7
Répartition en % des attributions de sources			77,4	1,7	18,3	3,5	6,1

ND : source non déterminée par NGS.

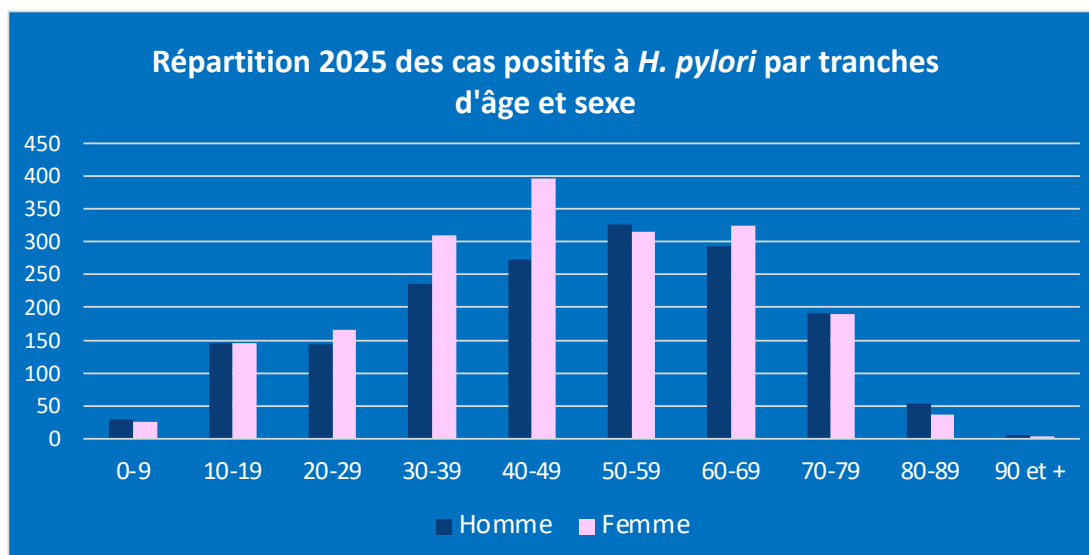
Il y a donc un gros différentiel entre le déclaratif et la réalité des sources de contamination. Les produits de la mer sont souvent "incriminés" à tort.

3.2.2 Surveillance de l'évolution et des caractéristiques des infections à *H. pylori*

-Répartition par classe d'âge et sex-ratio des patients positifs à *H. pylori*

Nous incluons ici les données du CNR (biopsies, souches et ADN) et celles collectées dans le réseau Hélico-net. La moyenne d'âge des patients *H. pylori* positifs par PCR ou culture (n=3605) est de 48,2 ans *versus* 48,6 ans en 2024. L'âge médian est de 49 ans comme en 2024. La majorité des cas a entre 30 et 69 ans : 68,5% *versus* 71% en 2024. Les femmes sont majoritaires à 53% comme en 2024 et 2023. Les hommes cinquantenaires sont cette année légèrement plus diagnostiqués positifs que les femmes par rapport aux deux dernières années.

Âges	0-9	10-19	20-29	30-39	40-49	50-59	60-69	70-79	80-89	90+	Total
H	30	145	144	236	273	326	292	191	53	5	1695
F	26	145	166	310	396	314	324	189	37	3	1910
Total	56	290	310	546	669	640	616	380	90	8	3605
%	1,6%	8,0%	8,6%	15,1%	18,6%	17,8%	17,1%	10,5%	2,5%	0,2%	100
Ratio H/F	1,2	1,0	0,9	0,8	0,7	1,0	0,9	1,0	1,4	1,7	0,9



Concernant les sérologies *H. pylori* sur 671 demandes, les caractéristiques étaient les suivantes : moyenne d'âge 57 ans vs 53 ans en 2024, sex-ratio 0,98 différent de l'an dernier (1,34). 42,8 % d'entre elles étaient positives versus 40,2 % en 2024, 1,6 % équivoques, 54,2 % négatives et 1,3 % non réalisées pour raisons diverses.

Nous avons reçu 19 selles pour recherche d'antigènes de *H. pylori* versus 41 en 2025, (42,1% en provenance du CHU de Bordeaux) : sex ratio 0,6, moyenne d'âge 25,6 ans. Pour ces selles, 84,2% étaient négatives, 15,8% étaient positives.

Les tests respiratoires à l'urée marquée (TRU) sont délocalisés à Eurofins Biomnis. 55 TRU ont été réalisés pour 25 femmes et 28 hommes avec une moyenne d'âge de 37,4 ans.

-Corrélation culture et PCR : La culture de *H. pylori* est réalisée sur gélose sélective préparée au CNR. Depuis fin 2023, les contrôles se font également sur gélose commerciale Pylori bioMérieux et BD Helicobacter Agar (Becton Dickinson). La PCR est réalisée selon la technique publiée en 2003 (Oleastro M *et al.*, J Clin Microbiol). Nous utilisons depuis mars 2019 des barrettes préparées par Eurogentec et prêtes à l'emploi (Bénéjat *et al.*, Helicobacter 2021). Pour 2025, nous avons choisi de présenter les données uniquement pour les biopsies gastriques reçues du CHU de Bordeaux ou de correspondants locaux (CH Libourne, Langon, Marmande, Mont de Marsan, et de la Maison de Santé Protestante Bordeaux Bagatelle). Ils représentent les correspondants pour lesquels nous maîtrisons au mieux les conditions préanalytiques d'envoi et donc de conservation des biopsies.

Culture	PCR	Nombre de patients en 2025
+	+	151
-	+	20
non réalisée	+	1
-	-	716
Total		888
Taux de culture négative par rapport à la PCR		11,7%

La culture de *H. pylori* a sous-estimé 11,7% des infections par rapport à la PCR. Ce résultat témoigne de l'intérêt de contrôler les conditions analytiques et préanalytiques. Nous préconisons en effet les transports internes et externes au CHU de Bordeaux en milieu de transport Portagerm Pylori (bioMérieux) de manière systématique.

3.3 Surveillance de la résistance des agents pathogènes aux anti-infectieux

3.3.1 Surveillance de la résistance des Campylobacters et bactéries apparentées aux anti-infectieux

Tous les antibiogrammes ont été réalisés selon les recommandations du CA-SFM : milieu MH-F 5% sang de mouton, inoculum 0,5 McF, écouvillonnage, incubation à 35°C en atmosphère microaérobie en jarre (génération d'atmosphère à l'aide d'un Anoxomat (Mart)). La lecture à 48h (ou 72h) a été effectuée à l'aide de l'automate SIR Orion (société I2A) suivi d'une vérification visuelle des diamètres lus à la caméra. La majorité des antibiogrammes est réalisée par la méthode de diffusion en disque (BioRad). Des déterminations de CMI par Etest (bioMérieux) peuvent être réalisées si besoin.

Lors de la validation, toute discordance avec le résultat fourni par le correspondant est indiquée sur le compte rendu final.

Un CQ est effectué tous les 15 jours. Une trace des valeurs du CQ est stockée dans la base du serveur SIRExpert et répertoriée dans la base de données du secteur qualité. Un biologiste vérifie systématiquement les valeurs lues.

Les pourcentages de résistance signalés (Tableau 3) tiennent compte des valeurs de diamètres critiques ou concentrations critiques telles que définies dans le CA-SFM ainsi que des données de résistome obtenues par NGS. Nous indiquons pour 2025 les résultats obtenus pour les principales espèces identifiées : *C. jejuni*, *C. coli*, *C. fetus*, et *A. butzleri*.

Nous présentons également pour la deuxième année consécutive les pourcentages de résistances à des antibiotiques non classiquement testés *in vitro* en nous basant sur les données de résistome : cela concerne la streptomycine, la spectinomycine et la kanamycine.

Tableau 3. Résistance aux antibiotiques en 2025 chez *C. jejuni*, *C. coli*, *C. fetus* et *A. butzleri*.

	Ampicilline	Amox-clav	Ciprofloxacine	Erythromycine	Tétracycline	Gentamicine	Streptomycine	Spectinomycine	Kanamycine
<i>C. jejuni</i>									
Total <i>C. jejuni</i> étudiés	6993	7554	7584	6988	7462	6986	1500	1500	1500
% de Résistance	32,9	0,0	57,1	0,4	37,3	0,2	4,5	0,8	2,1
<i>C. coli</i>									
Total <i>C. coli</i> étudiés	1421	1492	1499	1411	1492	1219	349	349	349
% de Résistance	29,4	0,4	64,6	4,2	79,5	1,7	25,8	4,6	10
<i>C. fetus</i>									
Total <i>C. fetus</i> étudiés	76	88	88	84	86	78	36	36	36
% de Résistance	0,0	0,0	14,8	0,0	11,6	1,3	0	0,0	2,8
<i>A. butzleri</i>									
Total <i>A. butzleri</i> étudiés	85	86	86	86	-	-	-	-	-
% de Résistance	75,3	40,7	11,6	7	-	-	-	-	-

La résistance à l'ampicilline reste stable pour *C. jejuni* (32,9%) et *C. coli* (29,4%) : comme par le passé, la résistance est plus élevée chez *C. jejuni*. *C. fetus* reste parfaitement sensible. Ceci est conforme aux années précédentes, tout comme la quasi absence de résistance à l'amoxicilline-acide clavulanique excepté chez *A. butzleri* (40,7%), en baisse.

La résistance à la ciprofloxacine pour *C. jejuni* (57,1%) est presque aussi élevée que pour *C. coli* (64,6%). La résistance de *C. fetus* à la ciprofloxacine est de 14,8%, en augmentation par rapport à 2024.

La résistance à l'érythromycine reste à un niveau très faible pour *C. jejuni* (0,4%), *C. coli* étant comme par le passé plus résistant (4,2%). La résistance à la tétracycline reste à un niveau très élevé (et semble stagner) notamment pour *C. coli* (79,5%) et pour *C. jejuni* (37,3%). La résistance à la gentamicine reste anecdotique pour *Campylobacter sp* mais peut être rencontrée pour *C. jejuni* (0,2%), *C. coli* (1,7%) et également en 2025 chez *C. fetus* (1,3%). Le taux de résistance à la streptomycine chez *C. coli* est élevé (25,8%).

Le tableau ci-dessous récapitule, selon le format de l'ECDC, les phénotypes de sensibilité regroupés en 3 items :

Phénotypes + Résistome	<i>C. coli</i> (n=1115)*	<i>C. jejuni</i> (n=5301)*
Sensible à tous les ATB	150 (13,4%)	1526 (28,8%)
Erythromycine et Ciprofloxacine-R	54 (4,8%)	18 (0,3%)
Résistant à tous les ATB**	0 (0%)	0 (0%)

*déduction faite des souches non testées sur Campy-net ; ** sauf amoxicilline-ac. clavulanique, streptomycine, spectinomycine et kanamycine

-Tendances évolutives depuis 1986 (Figure ci-après).

La résistance à la ciprofloxacine chez *C. coli* se stabilise depuis sa descente amorcée en 2012. Depuis 2019, la résistance à la ciprofloxacine est maintenant quasi identique chez *C. jejuni* et *C. coli*. Les résistances à la tétracycline sont stables pour les 2 principales espèces. La résistance à l'ampicilline s'est stabilisée depuis 2009.

Aucune évolution notable n'est identifiable pour la résistance à l'érythromycine qui reste sous les 10% pour *C. coli* depuis 2015 avec néanmoins l'émergence chez *C. coli* de souches possédant le gène *ermN*.

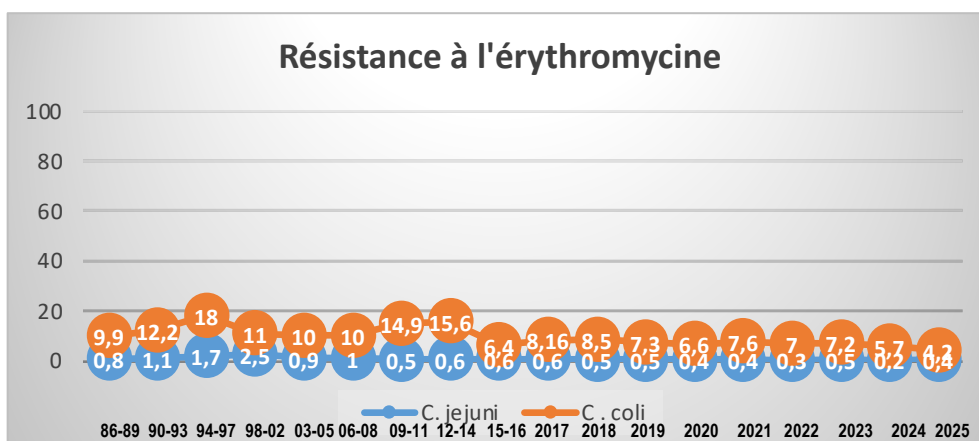
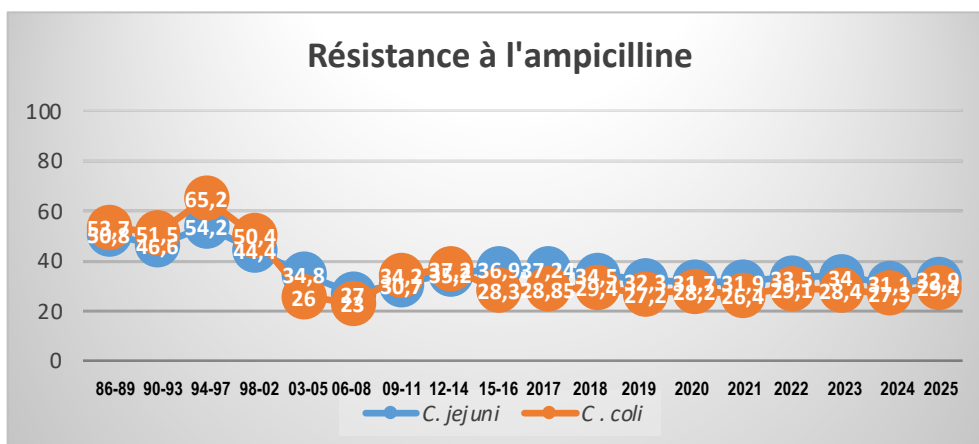
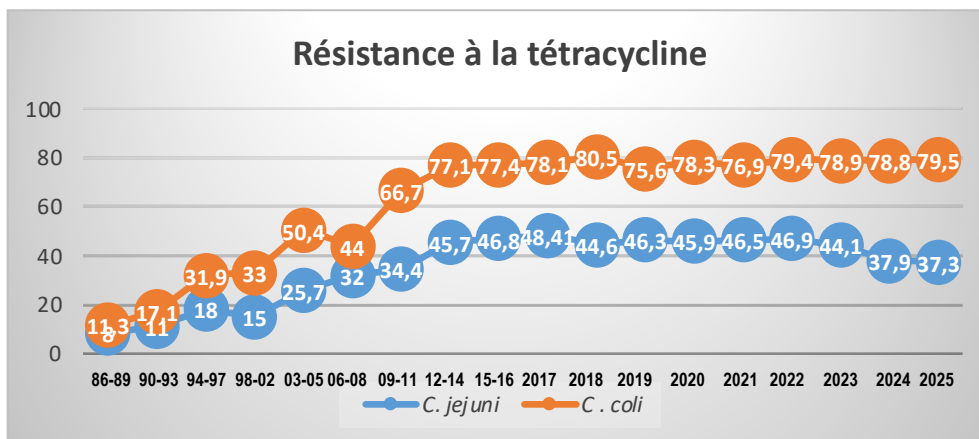
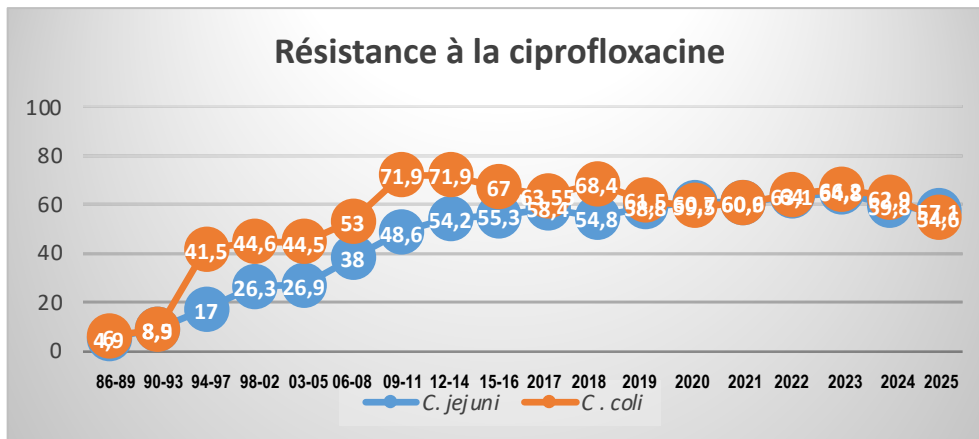


Figure. Evolution en France de la résistance aux antibiotiques chez *C. jejuni* et *C. coli* depuis 1986. Les résultats sont exprimés en pourcentage.

3.3.2 Surveillance de la résistance de *H. pylori* aux anti-infectieux

Tous les antibiogrammes ont été réalisés par Etest selon les recommandations du CA-SFM. Les milieux utilisés étaient, pour 2025, soit le milieu MH-10% sang de cheval (préparé au CNR), soit la gélose Schaedler vit K1 soit la gélose MH-F (bioMérieux), avec un inoculum 3 McF, par inondation, incubation à 36°C +/1°C en atmosphère microaérobie dans une enceinte (Ruskinn concept+). La lecture à 48h (ou 72h) est effectuée à l'œil nu par un technicien, puis contrôlée par un biologiste.

Un CQ est effectué à chaque changement de lot de géloses, une trace des valeurs du CQ est stockée dans la base du serveur SIRExpert et dans la base de données du secteur qualité au CNRCH. Un biologiste vérifie systématiquement les valeurs lues.

Le CNR teste l'ensemble des molécules en liste principale et complémentaire tel que mentionné dans les recommandations du CA-SFM ce qui n'est pas le cas des participants du réseau Hélico-net. Aussi, les principaux phénotypes de sensibilité récapitulés dans le tableau ci-après sont ceux obtenus au CNR. Nous détaillons ici les phénotypes observés sur les souches isolées de biopsies et sur les souches reçues au CNR pour expertise.

Nb.	%	Marqueur de résistance						Biopsies	Souches
		AMX	CLA	LEV	MET	RIF	TET	Nb.	Nb.
126	33,2				X			94	32
117	30,9							75	42
36	9,5		X		X			23	13
31	8,2			X	X			22	9
29	7,7		X	X	X			21	8
11	2,9		X					8	3
8	2,1			X				7	1
5	1,3		X		X	X		1	4
3	0,8	X	X	X	X			2	1
2	0,5		X	X				1	1
2	0,5			X	X	X			2
2	0,5					X			2
1	0,3	X	X	X	X	X			1
1	0,3	X	X		X				1
1	0,3			X		X		1	
1	0,3		X	X	X	X			1
1	0,3				X	X			1
1	0,3	X			X				1
1	0,3	X			X		X	1	1
379	100							256	123

AMX : amoxicilline ; CLA : clarithromycine, LEV : lévofloxacine ; MET : métronidazole ; RIF : rifampicine, TET : tétracycline.

La majorité des souches en France (64,1%) sont soit sensibles à tous les antibiotiques d'intérêt soit uniquement résistantes au métronidazole. Tous phénotypes confondus, seul 9,6% des souches en 2025 sont résistantes à la fois à la clarithromycine et à la lévofloxacine. Sur l'ensemble des données du CNR et du réseau Hélico-net, 167 souches testées résistantes à ces deux molécules ont été isolées chez des patients avec une notion de traitement connu dont 108 avec en échec de traitement d'éradication (64,7%).

Le tableau ci-dessous compare les résultats obtenus par Etest et ceux obtenus par PCR de détection des mutations associées à la résistance aux macrolides. Cela concerne 1620 souches viables pour 2025 (données CNR + Hélico-net).

Génotype clarithromycine	Clarithromycine-S (CMI)	Clarithromycine-R (CMI)
WT (n=1179)	1176	3
Muté (n=397)	4	393
WT + Muté (n=38)	14	24
Non interprétable (n=6)	5	1
	1198	422
	total =1620	

Les discordances sont rares entre phénotype de sensibilité à la clarithromycine et génotype déterminé par PCR : 0,4% (7/1576) uniquement de discordances majeures. Ces discordances sont probablement liées à la présence de double populations S+R mal détectées par PCR. Ces données montrent néanmoins l'intérêt de la PCR et la qualité des résultats obtenus *in vitro* au CNR et au sein des laboratoires participants au réseau Hélico-net.

Nous réalisons également sur toute souche reçue au CNR une PCR en parallèle de la culture. La concordance génotype/phénotype pour la clarithromycine sur souches est présentée dans le tableau ci-dessous.

Génotype clarithromycine	Clarithromycine-S (CMI)	Clarithromycine-R (CMI)
WT (n=87)	87	0
Muté (n=26)	0	26
WT + Muté (n=10)	2	8
	89	34
Total = 123		

Pour 123 souches reçues, aucune discordance génotype/phénotype pour la clarithromycine n'a été observée. 10 souches reçues comportaient un mélange S+R à la clarithromycine selon la PCR : la population clarithromycine-R était majoritaire dans 80% des cas en culture.

La répartition du génotype de l'*ADNr* 23S déterminant la sensibilité à la clarithromycine déterminée par PCR s'établit comme ceci.

Génotype <i>ADNr</i> 23S	Nb patients par génotype	% de R	Détails	
WT	2061	75,7%		
Muté	600	22,0%		
A2142-3G (CNR)			78	2,9%
Muté (Hélico-net)			520	19,1%
A2142C (CNR)			2	0,1%
Muté + WT	53	1,9%		
A2142-3G + WT (CNR)			36	1,3%
Muté + WT (Hélico-net)			17	0,6%
Ininterprétable	8	0,3%		
Total Clari-R par PCR	653	24,0%		

Comme par le passé, les mutations A2142-43G sont les plus fréquentes (98,3% selon les données PCR du CNRCH). La proportion de double population (WT + muté) est en baisse pour la troisième année consécutive (1,9% versus 2,6% en 2024). Ceci est probablement lié à l'intégration des données Hélico-net car la plupart des laboratoires participant utilisent des formats de PCR *H. pylori* en temps réel qui ne sont pas en mesure de détecter la présence de double population. La mutation A2142C reste anecdotique en France (0,1%). La mutation A2142T, que le CNR a participé à décrire par le passé, n'est pas retrouvée en 2025 comme en 2024 (1 cas en 2023).

Si nous analysons les données obtenues pour les souches reçues au CNR pour expertise, les données sont les suivantes :

Souches reçues		
Patients par génotype (macrolides) en 2025		
Génotype <i>ADNr 23S</i>	Nb	%
WT	85	59,4%
A2142-3G	33	23,1%
A2142C	1	0,7%
A2142-3G + WT*	24	16,8%
Total Clari-R par PCR	58*	40,6%

*dont 12 ont été déterminées sensibles par Etest mais double population sur le prélèvement de biopsie reçu en parallèle

Les mutations A2142/43G sont donc, sur souches, à nouveau majoritaire (98,3%).

Nous avons mis en place depuis 2018 une fiche de renseignements pour les correspondants extérieurs au CHU devant accompagner les biopsies gastriques envoyées au CNRCH. Grâce aux données collectées conjointement au réseau Hélico-net, nous pouvons estimer pour 2025 et pour la 8^{ème} année consécutive, les résistances primaires et secondaires aux antibiotiques pour les souches isolées de biopsies gastriques en routine au CNRCH. Nous fusionnons comme en 2023 et 2024 les données recueillies à l'aide du réseau Hélico-net.

Nous disposons pour 2025 des renseignements cliniques de 3491 patients, présentés ci-dessous.

Pathologie	2024		2025	
	Nombre	% par pathologies	Nombre	% par pathologies
Non renseignée	548	22,4	1214	34,8
Gastrite	418	17,1	350	10,0
Epigastralgies	449	18,3	593	17,0
Autres	275	11,2	437	12,5
Ulcères	132	5,4	190	5,4
Anémies (fer-B12)	236	9,6	280	8,0
Reflux	133	5,4	175	5,0
CB/Sleeve	94	3,8	110	3,2
Dyspepsie NU	74	3,0	91	2,6
Sérologie positive	28	1,1	3	0,1
Cancer (ou ATCD familial) ou MALT	60	2,5	48	1,4
	2447	100	3491	100

La résistance à la clarithromycine conditionne soit l'utilisation de cette molécule dans la stratégie thérapeutique soit les chances de succès thérapeutiques en cas de traitement empirique. En 2025, le pourcentage de résistance aux macrolides était, selon les données de la PCR, de 17,7% en primaire versus 41,8% en secondaire ou selon les données de la culture de 22,8% en primaire versus 39,6% en secondaire.

	Résistance primaire%		Résistance secondaire%	
	2024	2025	2024	2025
Amoxicilline	0	0,4	0,8	1,6
Clarithromycine*	23	22,8	49,3	39,6
Lévofloxacine	18	18,1	22,3	20,7
Métronidazole	51,4	53,6	76,5	89,1
Rifampicine	0,8	0,5	0,5	0,7
Tétracycline	0	0,3	0,2	0,1

*clarithromycine : résultats basés sur la culture.

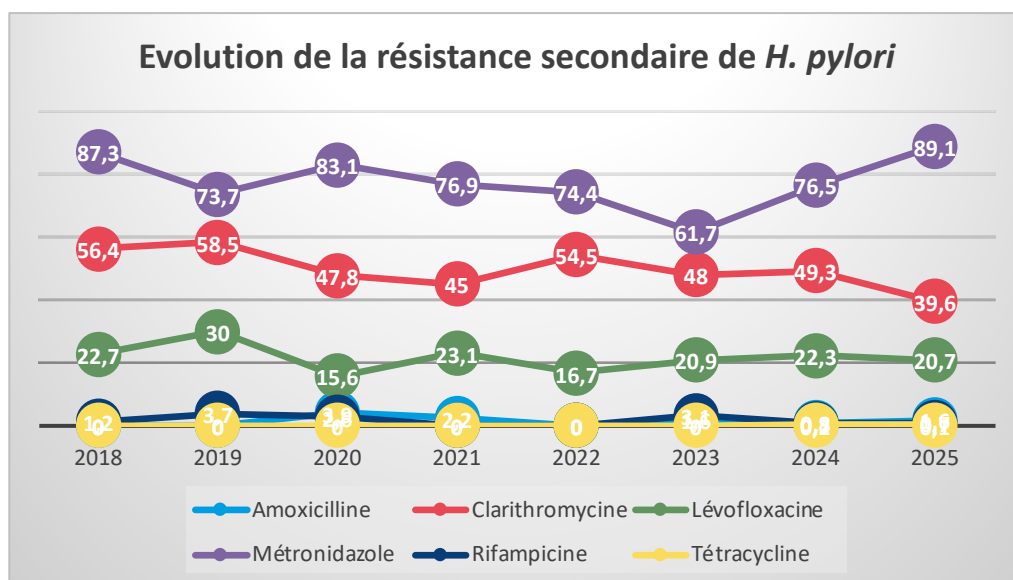
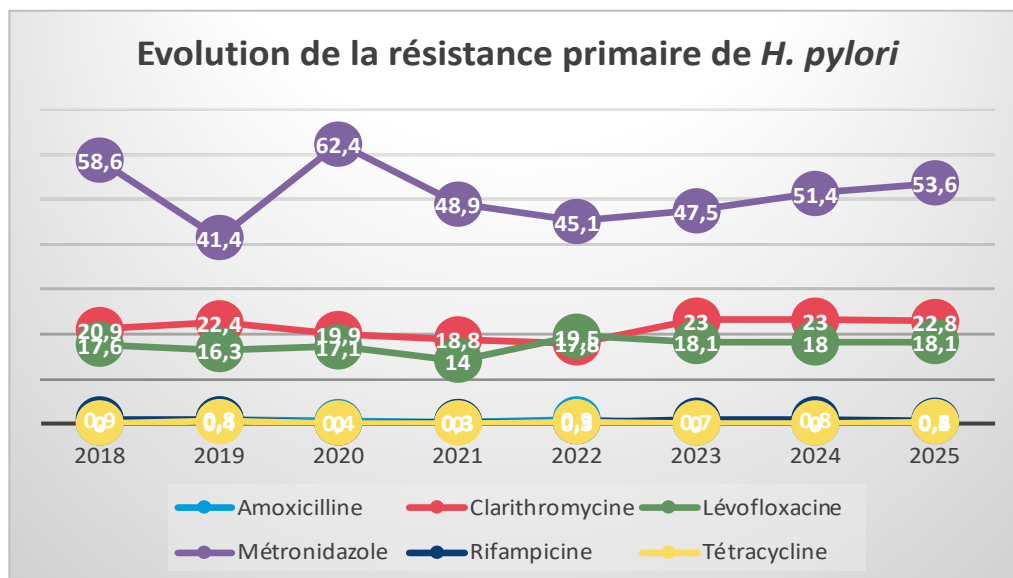
La différence entre les taux de résistance primaire selon les deux calculs est expliquée par le fait que de nombreux laboratoires participants au réseau Hélico-net réalisent la culture en respectant scrupuleusement la nomenclature du mode de remboursement de la PCR. La PCR est donc réalisée en première intention chez des patients naïfs de traitement ou en l'absence de renseignements cliniques. Une analyse préliminaire des données saisies dans Hélico-net montrent que certains gros laboratoires participant appliquent cette stratégie et ont pour certains un fort recrutement de patients nés à l'étranger. Ce phénomène (ou biais épidémiologique) sera à surveiller pour les années à venir.

Nous avons par ailleurs organisé en 2025, comme en 2024, un EEQ sur les antibiogrammes de *H. pylori* destinés aux laboratoires participant au réseau Hélico-net et qui saisissent des résultats d'antibiogramme. Tous les EEQ étaient conformes.

La résistance primaire à la clarithromycine reste supérieure au seuil de 15% au-delà duquel cette molécule ne peut être utilisée en probabiliste.

Si l'on considère les données basées sur les antibiogrammes, elle reste identique en 2025 aux chiffres de 2024 : 22,8%.

La résistance primaire à la lévofloxacine reste, elle aussi à un niveau élevé (18,1%) mais sans réelle évolution depuis 2018. L'augmentation de la résistance est faible chez les patients en échec de traitement d'éradication (20,7%). La lévofloxacine n'est en effet pas utilisée en traitement probabiliste.



Conformément aux années passées, la résistance à l'amoxicilline, la rifampicine et la tétracycline est rare ou absente chez *H. pylori*.

La résistance au métronidazole reste à un niveau élevé à la fois chez les patients naïfs ou en échec de traitement d'éradication.

3.4 Interfaces avec les réseaux de surveillance nationaux ou internationaux

Les résultats de la surveillance 2024 ont été transmis par l'intermédiaire de Santé publique France au réseau Européen TESSy de l'ECDC.

3.5 Enquêtes ou études ponctuelles concourant à la surveillance

3.5.1 Détection des sources potentielles de contamination

Comme chaque année, la détection de la source potentielle de contamination a été réalisée sur les différents génomes de *C. jejuni* et *C. coli* invasifs (bactériémies) et non invasifs (gastro-entérites). Lors du précédent bilan annuel du CNRCH, cette analyse a été actualisée à partir des génomes des souches reçues en 2022. A l'aide de la mise en place en routine du séquençage, les années 2023 à 2025 ont été ajoutées à ce suivi.

Pour 2025, les souches de *C. jejuni*, dont 43 génomes de souches invasives et 1507 génomes de souches non invasives, ont été attribués aux réservoirs volailles, ruminants et de l'environnement à l'aide des données décrites par Thépault *et al.*, en 2017 (doi : 10.1128/AEM.03085-16). Pour les souches de *C. coli*, 357 génomes de souches non invasives ont été attribués aux réservoirs volailles, ruminants et porcs à l'aide des données décrites par Jehanne *et al.*, en 2020 (doi : 10.1128/AEM.01787-20).

Le nombre de souches de *C. coli* invasives séquencées en 2024 et 2025 étant trop faible, 20 et 11, respectivement, les résultats ne sont pas montrés ici. Les proportions des différents réservoirs, que ce soit pour *C. jejuni* comme pour *C. coli*, restent très stables entre 2024 et 2025. Le réservoir de la volaille est cette année une fois de plus fortement majoritaire.

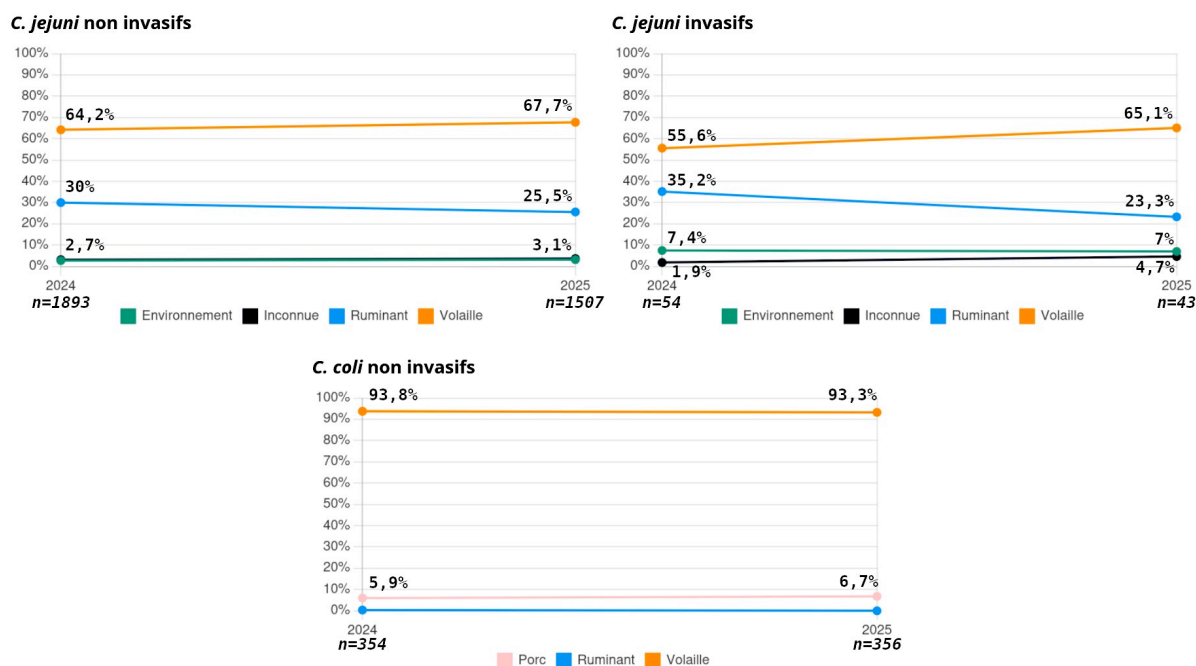


Figure. Évolution des sources de contamination pour les souches de *C. jejuni* non invasives et invasives et pour les souches de *C. coli* non invasives entre 2024 et 2025.

Année 2025

C. jejuni non invasifs : n=1507

Source	Total	%
Volaille	1020	67.7%
Ruminant	385	25.5%
Inconnue	55	3.6%
Environnement	47	3.1%

C. jejuni invasifs : n=43

Source	Total	%
Volaille	28	65.1%
Ruminant	10	23.3%
Environnement	3	7.0%
Inconnue	2	4.7%

C. coli non invasifs : n=357

Source	Total	%
Volaille	332	93.0%
Porc	25	7.0%

Année 2024

C. jejuni non invasifs : n=1909

Source	Total	%
Volaille	1222	64.0%
Ruminant	572	30.0%
Inconnue	59	3.1%
Environnement	56	2.9%

C. jejuni invasifs : n=55

Source	Total	%
Volaille	30	54.5%
Ruminant	20	36.4%
Environnement	4	7.3%
Inconnue	1	1.8%

C. coli non invasifs : n=401

Source	Total	%
Volaille	369	92.0%
Porc	31	7.7%
Ruminant	1	0.2%

Figure. Totaux et proportions des sources de contamination pour les souches de *C. jejuni* non invasives et invasives et pour les souches de *C. coli* non invasives entre 2024 et 2025.

3.5.2 Identification des clones de *C. jejuni* et *C. coli* circulant sur le territoire en 2025

Le CNRCH a revu, fin 2025 début 2026, l'outil bio-informatique permettant de suivre l'évolution des proportions des différents clones de *C. jejuni* et *C. coli* circulant en France, toujours dans le but d'identifier des phénomènes épidémiques à l'échelle nationale. L'analyse s'effectue toujours sur les données de séquençage obtenues en routine et les données de core-genome MLST générées par la base de données PubMLST (n=1343 gènes, <https://pubmlst.org/>). Un cluster est formé lorsque les souches de celui-ci divergent au maximum sur 4 allèles de ce core-genome.

Cependant, l'identification de clusters épidémiologiques a été affinée, après plusieurs échanges sur le sujet avec Fanny Chéreau (Santé Publique France). Ainsi, une alerte concernant une potentielle épidémie est déclenchée lorsqu'un clone de *C. jejuni* ou de *C. coli* représente 3% du total des souches séquencées et avec un minimum de 5 représentants du cluster. Les analyses sont effectuées à chaque nouvelle plaque de séquençage reçue au CNRCH, en se basant sur les résultats des semaines précédentes. La fenêtre d'analyse est encore en cours d'examen : à ce jour, l'outil se base sur les deux dernières années. En 2026, des tests sur les 3 dernières années seront effectués.

Les résultats suivants illustrent les principaux clones circulant sur le territoire Français depuis 2025.

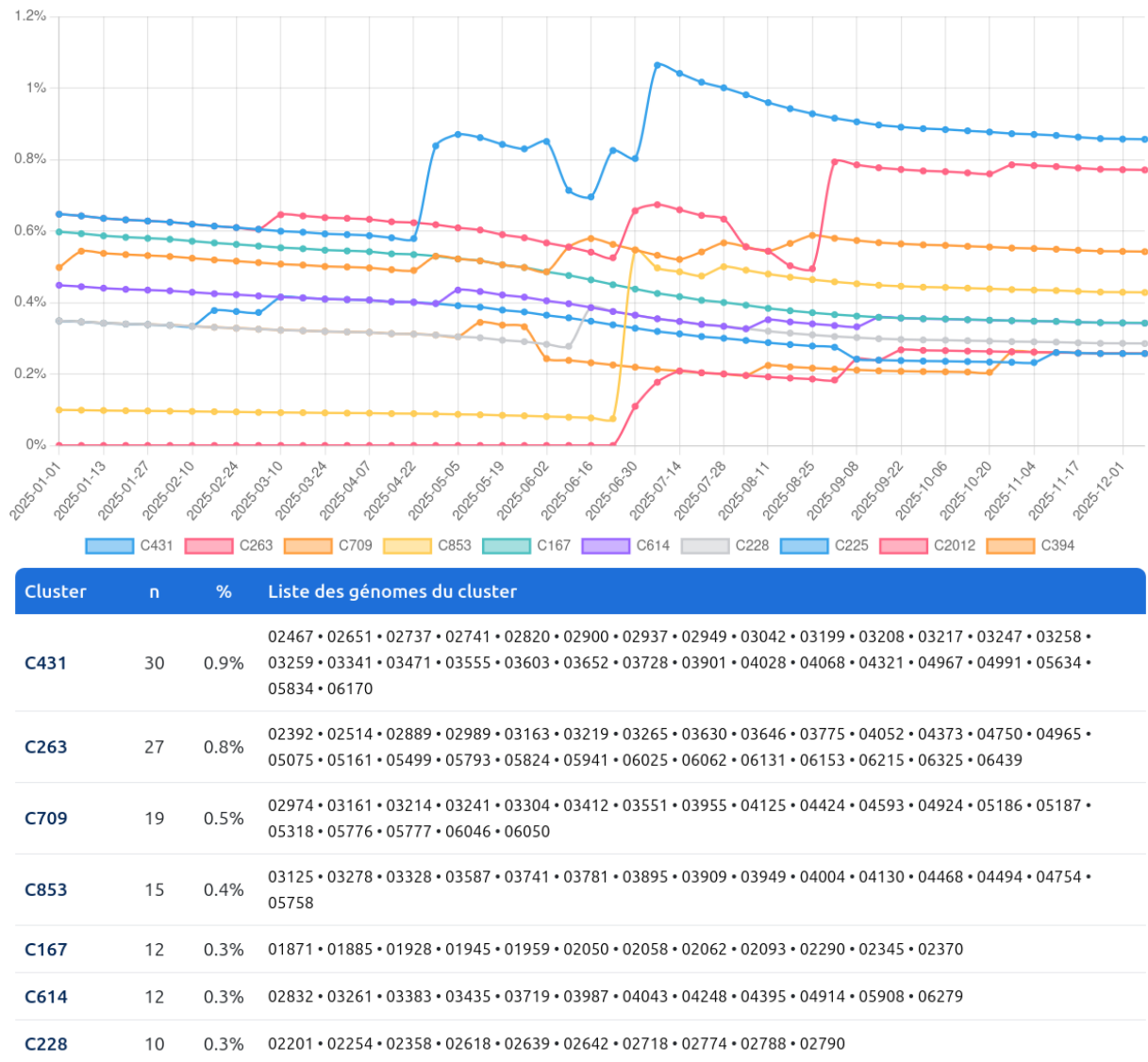
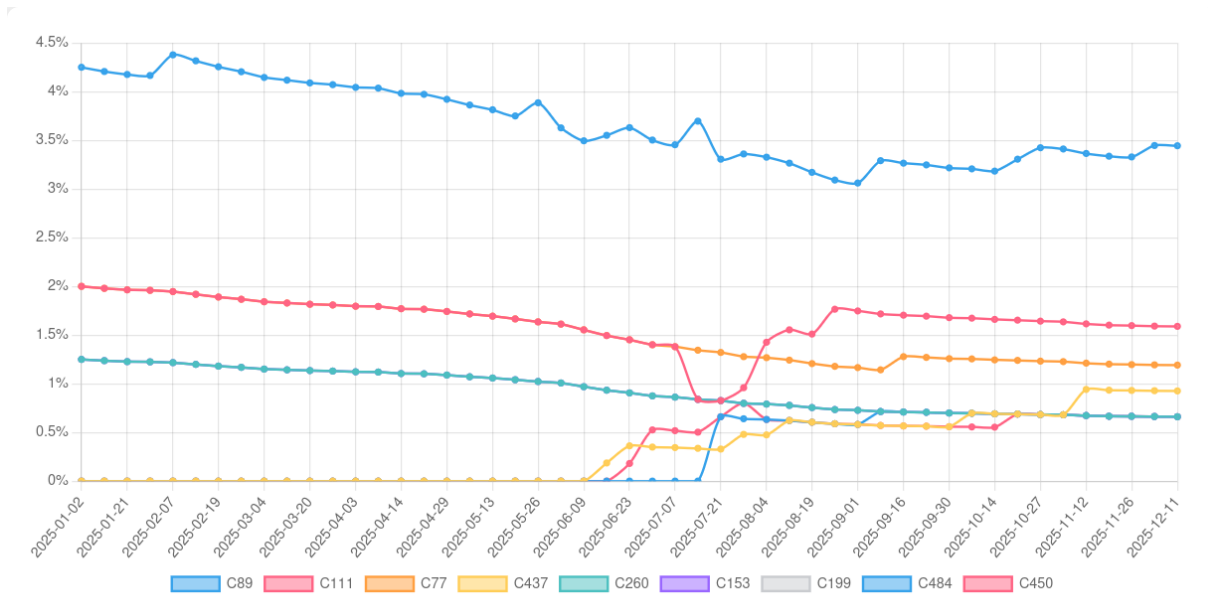


Figure. Principaux clusters de *C. jejuni* en 2025

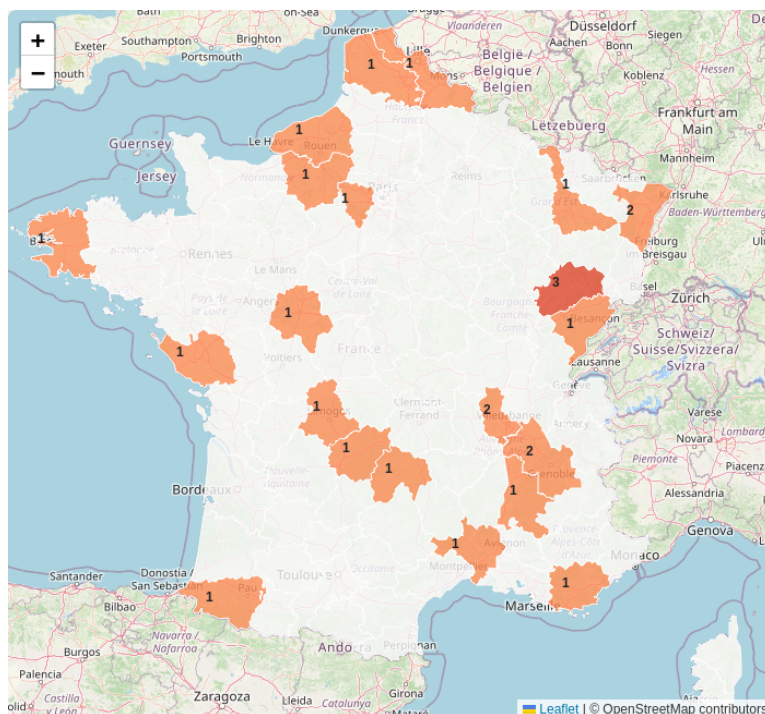
Depuis la mise en routine du NGS, aucun cluster problématique de *C. jejuni* n'a émergé. Les clusters les plus importants en fin d'année 2025 (avec un minimum de 10 souches) ne représentaient en effet qu'en moyenne 0,5% du total des *C. jejuni* séquencés (le plus gros cluster, C431, ne représentant que 0,9% des souches).



Cluster	n	%	Liste des génomes du cluster
C89	26	3.4%	02512 • 02538 • 03084 • 03262 • 03633 • 03715 • 03789 • 03888 • 03992 • 04022 • 04062 • 04129 • 04197 • 04231 • 05086 • 05425 • 05519 • 05638 • 05682 • 05744 • 05748 • 05905 • 06261 • 06403 • 06437 • 06603
C111	12	1.6%	02626 • 02796 • 03360 • 03564 • 03997 • 04069 • 05707 • 05790 • 05882 • 05944 • 06074 • 06154
C77	9	1.2%	02430 • 02711 • 02924 • 03025 • 03300 • 03397 • 03751 • 03827 • 06307
C437	7	0.9%	05316 • 05769 • 05853 • 05934 • 06380 • 06504 • 06596
C260	5	0.7%	02724 • 03322 • 03463 • 03571 • 04112
C153	5	0.7%	02930 • 02969 • 03036 • 03177 • 03601
C199	5	0.7%	03542 • 03654 • 04078 • 04158 • 04399
C484	5	0.7%	03722 • 03763 • 04132 • 05520 • 05718
C450	5	0.7%	05413 • 05563 • 05584 • 05756 • 05775

Figure. Principaux clusters de *C. coli* depuis janvier 2024 jusqu'à décembre 2025

Cependant, pour *C. coli* le cluster C89 qui avait été détecté en septembre 2024, reste également fortement majoritaire en 2025. Pour autant, après avoir passé un seuil d'alerte en novembre 2024, avec 4,5% des souches de *C. coli* séquencées associées à ce cluster, il est resté très stable en 2025 et aucune augmentation du pourcentage n'a été notée. De plus, il ne s'agit pas d'un cluster localisé de manière régionale. En effet, les différentes souches concernées ont été isolées dans des zones très différentes du territoire. Fin 2025, ce cluster était composé de 26 souches et représentait 3,4% des *C. coli* séquencés au CNRCH. Il sera surveillé de très près en 2026.



ID	CP	Origine	Date de prélèvement	CC	ST	Source	Mécanismes de résistances
02512	62170	Selles	28/05/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
02538	37270	Selles	30/05/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
03084	29200	Selles	05/07/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
03262	38510	Selles	16/07/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
03633	67560	Selles	21/08/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
03715	78960	Selles	02/09/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
03789	85600	Selles	08/09/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
03888	87100	Selles	21/09/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
03992	54420	Sang	01/10/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
04022	67230	Selles	08/10/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
04062	27700	Selles	10/10/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
04129	59200	Selles	21/10/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
04197	69870	Selles	30/10/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
04231	38110	Selles	04/11/2024	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
05086	64400	Selles	30/05/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
05748	25000	Selles	20/06/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
05425	19340	Selles	25/06/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
05519	15130	Selles	09/07/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
05638	30380	Selles	16/07/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
05682	70300	Selles	17/07/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
05744	70200	Selles	25/07/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
05905	69480	Selles	30/07/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
06261	26160	Selles	10/09/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
06403	70110	Selles	22/10/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
06437	83270	Selles	27/10/2025	828	1770	Volaille	GyrA-T86I • tet(O-32-O)
06603	76370	Selles	04/12/2025	828	1770	Volaille	235-A2075G • GyrA-T86I • tet(O-32-O)

Figure. Composition du cluster de *C. coli* C89 en 2025 et répartition sur le territoire.

3.5.3 Développement du réseau Hélico-net comme outil de surveillance épidémiologique des infections à *H. pylori* en France

L'objectif premier était d'élargir le réseau de surveillance des infections à *H. pylori* du CNR et si possible à l'ensemble du territoire national. L'objectif second était de faire un état des lieux des pratiques diagnostic au sein des laboratoires de biologie, notamment la place de la culture et de la PCR.

En 2025, 33 laboratoires (19 CHU, 10 CH et 4 laboratoires privés) ont saisi des données sur le site Hélico-net. Ces laboratoires ont accès, via le site internet du CNR, à l'aide d'un login et mot de passe au site de saisie. Seuls les cas d'infection à *H. pylori* sont saisis (par culture et/ou PCR).

Les principales données demandées sont :

- des données patients (anonymisées) : âge, sexe, code postal, pays de naissance ;
- nature et localisation des biopsies ;
- données cliniques : diagnostic, notion de traitement d'éradication antérieur ;
- données microbiologiques : PCR, culture, kit de PCR utilisé, géloses, données antibiogramme.

Depuis 2024, les données sont intégrées aux données du CNR dans le bilan épidémiologique annuel pour *H. pylori*.

Les CHU et CH ont un recrutement majoritairement local alors que les réseaux de CERBA et Biomnis permettent d'accéder à une couverture nationale plus large.

La PCR *H. pylori* est réalisée dans 96,7% des laboratoires et la culture dans 86,7%. Le format de PCR *H. pylori* privilégie est le kit Rida@Gene *H. pylori* de rbiopharm suivi du kit Allplex™ *H. pylori* Clari R assay de Seegene. Ces deux kits ont par le passé été évalués au CNR. L'avantage du kit rbiopharm est qu'il est adaptable sur des automates type BD MAX (Becton Dickinson) ou Ingenius (Elitech).

Une notion de traitement était renseignée dans 70% des cas avec 1275 patients naïfs de traitement et 670 patients en échec. Le détail des traitements était renseigné pour 65,7% des cas avec une notion de prescription de Pylera® dans 79% (seul ou associé à 1 ou 3 autres lignes de traitement).

La gélose pour primoculture est en majorité la gélose Pylo bioMérieux. La gélose antibiogramme plébiscitée est la gélose MH-F (suivie de la gélose Schaedler vit K1).

Comme en 2024, les données antibiogrammes ont été évaluées à l'aide d'un EEQ envoyé à 29 laboratoires participants ayant saisi des résultats d'antibiogramme avant fin octobre 2025. Chaque laboratoire a reçu 2 souches. Tous les laboratoires ont validé leur EEQ. Les 2 souches présentaient une résistance à la lévofloxacine liée à la présence d'une mutation D91G avec des CMI lévofloxacine proche du cut-off d'interprétation ($R > 1$ mg/L). Malgré des CMI lévofloxacine correctes, seuls 28 et 70% des laboratoires ont, respectivement pour les souches 1 et 2, correctement catégorisé R cette molécule.

Sur la base de cet EEQ, le CNRCH va proposer au CA-SFM d'intégrer dans les recommandations 2026 une ZIT pour interpréter la lévofloxacine.

Les données PCR saisies ont été analysées pour vérifier la concordance génotype/phénotype pour la résistance aux macrolides. Le CNR a demandé à chaque laboratoire d'envoyer l'ADN ou le reliquat de broyat au CNR pour vérification des quelques discordances.

Nous remercions chaleureusement les biologistes participant à ce nouveau réseau. Les données collectées sont d'excellente qualité. Notre CNR, grâce à ce réseau, améliore sa surveillance épidémiologique des infections à *H. pylori* en France. Le recrutement de nouveaux participants continue.

3.5.4 Participation au PHRC REBALANCE (2019-2025)

L'AP-HP est promoteur d'un essai clinique intitulé : « Impact de la transplantation de microbiote fécal chez des patients atteints de rectocolite hémorragique : étude randomisée et contrôlée (REBALANCE-UC) », coordonnée par le Professeur Harry Sokol, gastro-entérologue à l'hôpital Saint-Antoine à Paris.

Cet essai clinique étudie l'efficacité de la transplantation de microbiote fécal chez des patients atteints de rectocolite hémorragique en rémission sous traitement conventionnel (corticothérapie).

Parmi les différents microorganismes recherchés, notre CNR est le centre expert pour la recherche de *Campylobacter sp.*

Le bilan 2021-2025 est présenté ci-dessous.

Bilan REBALANCE						
	2021	2022	2023	2024	2025	Total
Nombre total de selles reçues	7	27	40	22	22	160
Nombre de selles positives à <i>Campylobacter</i> :	1	1	4	0	2	8
par culture	0	0	0	-	1	1
par PCR	1	1	4	-	2	8
par ELISA	0	0	1	-	1	2
Nombre de donneurs	7	13	16	13	16	88
Moyenne d'âge (par donneur)	30	26	25	23	25	25,7
Ratio H/F (par donneur)	1,3	0,9	1,28	1,2	1,75	1,34

3.5.5 Surveillance des mutations associées à la résistance aux rifamycines, à la tétracycline et à l'amoxicilline chez *H. pylori*

En 2025, le gène *rpoB* de 15 souches de *H. pylori* isolées ou reçues viables au CNRCH ayant une CMI à la rifampicine supérieure à 4 mg/L a été séquencé afin de déterminer les mutations responsables de cette résistance. Les données sont présentées ci-dessous.

Evaluation des mutations associées à la résistance à la rifampicine	
<i>rpoB</i> (géotype ou mutation)	Nb.
sauvage	3
muté	12
Total	15
mutations rencontrées	D530E n=1
	D530G n=1
	D530N n=3
	D530V n=1
	H540N n=4
	I586L n=1
	D530E+H540N n=1

Les mutations en position 530 dans *rpoB* sont donc les plus fréquentes. Trois souches reçues au CNR étaient au final sensible à la rifampicine.

En 2025, 1 souche de *H. pylori* présentait une CMI à la tétracycline supérieure à 1 mg/L (CMI 2 mg/L). Le codon 926-928 de l'ADNr 16S de cette souche est GGA au lieu de AGA. Cette position est connue pour être associée à la résistance à la tétracycline.

En 2025, 9 souches de *H. pylori* présentaient une CMI à l'amoxicilline supérieure à 0,125 mg/L. Comme précisé dans le tableau ci-dessous, 3 ont été isolées au CNRCH (AmoxR 1 à 3), 4 ont été envoyées au CNRCH pour contrôle de CMI (AmoxR 4 à 7), et 2 ont été isolées par les correspondants Hélico-net (AmoxR 8 à 9). Le séquençage de *pbp1* a échoué pour 3 souches. Depuis 2026, toutes les souches de *H. pylori* sont analysées par NGS aussi ce problème ne se reproduira plus.

Souche	CMI amoxicilline (mg/L)	Mutation dans <i>pbp1</i>
AmoxR 1	0,75	non séquencé
AmoxR 2	2	S417T+N504D+N562Y
AmoxR 3	0,75	I148L+V374L+S414N+ S417T+T593A+G595S
AmoxR 4	0,25	S414R+S543R
AmoxR 5	0,38	S417T+N562Y+T593A+G595S
AmoxR 6	0,38	S543R+N562Y
AmoxR 7	0,75	S414R+N562Y+G595S
AmoxR 8	1	non séquencé
AmoxR 9	0,25	non séquencé

Les mutations signalées en gras sont celles fréquemment identifiées dans ces souches amoxicilline-résistantes. Nous attendons toujours que notre collaborateur de l'Institut Pasteur de Paris (Dr IG Boneca) valide la liste des mutations associées à cette résistance.

3.5.6 Surveillance des mutations associées à la résistance aux rifamycines et aux fluoroquinolones chez *H. pylori* sans antibiogramme disponible

En 2025, nous avons poursuivi comme en 2024 l'étude systématique par PCR point final + séquençage Sanger de mutations responsables de la résistance aux fluoroquinolones et rifamycines notamment dans des biopsies positives en PCR mais négative en culture, ou à partir d'ADN extraits de biopsies fraîches ou FFPE reçus au CNR ou de souches reçues au CNR mais pour lesquelles la subculture est restée négative.

Cela permet au clinicien de disposer de l'ensemble des informations possibles pour mettre en place une stratégie ciblée d'éradication.

Evaluation des mutations sans culture		
	<i>gyrA</i>	<i>rpoB</i>
sauvage	79	116
muté	35	1
Total	114	117
mutations rencontrées	N87I n=12	D530N n=1
	N87I+sauvage n=1	
	N87K n=6	
	D91G n=4	
	D91N n=10	
	D91Y n=1	
	N87I+D91G n=1	

Les mutations N87I et D91N dans la QRDR de *gyrA* sont donc les plus fréquentes.

Ces données ont été intégrées au calcul des résistances primaires et secondaires aux antibiotiques de *H. pylori* si nous disposions, sur les feuilles de renseignements associées, la notion de traitement d'éradication antérieur.

4. Alertes

Comme indiqué précédemment, les cas groupés sont rares pour les infections à *Campylobacters*. Nous signalons par email tout événement à notre correspondant Santé Publique France. Notre correspondant à Santé Publique France nous contacte également en fonction des éléments récupérés auprès des ARS.

Aucun événement majeur n'a été noté en 2025.

Le CNR a été en contact avec Santé publique France et certaines ARS pour des suspicions de TIAC via nos laboratoires partenaires :

-02 juin 2025 : TIAC - ARS Nouvelle Aquitaine - SPF – Ecole Puisseguin – suivie avec le laboratoire SYNLAB à Castillon la Bataille.

-02 juillet 2025 : ARS Occitanie-alerte prévention et gestion des SSE – suivie avec le Centre Hospitalier de Mende dans le département de la Lozère.

-15 juillet 2025 : ARS DDPP 63 – SPF – TIAC Clermont Ferrand – suivie avec le laboratoire INOVIE GEN BIO.

-23 juillet 2025 : ARS Nouvelle Aquitaine – SPF – TIAC dans la région de Pau suivie avec le Centre Hospitalier de Pau.

-26 septembre 2025 : ARS Nouvelle Aquitaine – TIAC suivie avec le laboratoire MEDIBIOLAB

-26 septembre 2025 : Alerte Plateforme européenne *Epipulse* – SPF – Cluster Danois de *C. jejuni* ST52. La France n'était pas concernée.

Nous suggérons que chaque ARS puisse adresser une lettre d'information à l'ensemble des laboratoires privés et hospitaliers sur la nécessité d'effectuer ou de coordonner les déclarations de TIAC mais surtout de conserver les souches ou prélèvements afin de les rendre disponibles. Cela nous permettrait en effet d'intervenir à temps afin de récupérer et de pouvoir confirmer ou non les cas groupés signalés.

Notre système de saisie Campy-net et les requêtes réalisées sur le système informatique du laboratoire, nous permettent de vérifier à la demande tout phénomène inhabituel qui serait transmis immédiatement à Santé Publique France. Ces tâches sont depuis janvier 2018 réalisées par le secrétariat du CNR qui en informe les biologistes.

5. Activités de mise à disposition de l'information, de formation et de conseil

5.1 Conseil et expertise aux professionnels de santé

-Accueil de stagiaires pour le transfert de techniques

-Montet Erwan, BTS Bioanalyses en Laboratoire de Contrôle, Lycée Raoul Dautry Limoges, 22/05/2025 au 09/07/2025.

-Mr Lastere Stéphane, biologiste au CH Taaone de Papeete, Polynésie française : formation à la PCR en temps réel *H. pylori* (semaine du 29 septembre 2025).

-Interne en Biologie Médicale : Hambaledine Oussen Mari. Essais préliminaires de nouveaux kit de PCR temps réel pour *H. pylori*.

-Liste des guides élaborés (contenu, modes de diffusion)

SPF a décidé d'arrêter en 2025 l'édition du Bilan épidémiologique annuel *Campylobacters*.

-Organisation et participation à des webinaires

-17/04/2025 avec la SFM : Conseils pour la réalisation d'antibiogrammes de *H. pylori*

-24/11/2025 avec la SFM :

Apport de la biologie moléculaire pour une stratégie d'éradication ciblée de l'infection à *H. pylori*

Caractéristiques microbiologiques et cliniques de cas humains d'infections à *Aliarcobacter spp*

-Modalités et cibles de la diffusion des données de surveillance et des productions du CNR

La diffusion des activités du CNR se fait non seulement par notre participation active aux congrès de microbiologie (spécialisés ou généralistes) et de gastroentérologie mais également via notre site internet (www.cnrch.fr) où le rapport annuel du CNR est disponible. Les modifications des feuilles de demande y sont aussi annoncées. Ces documents sont téléchargeables. La liste des publications les plus récentes est affichée également.

-Rétro-information aux partenaires

Chaque partenaire nous ayant informé ou sollicité pour une problématique apportant une lumière nouvelle sur le traitement ou le diagnostic des infections en lien avec notre CNR est remercié ou bien associé aux communications et publications (congrès ou articles).

-Information/formation des professionnels de santé

Comme précédemment évoqué, notre site internet (www.cnrch.fr) est mis à jour le plus régulièrement possible.

Sur l'année 2025, le site a accueilli environ 3983 visiteurs qui ont vu plus de 14717 pages.

Les pages les plus consultées sont :

-accueil et actualités : 36%

-fiches techniques : 11%

-catalogue des actes *Campylobacter* : 10%

-catalogue des actes *Helicobacter pylori* : 9%

-planche contact : 6% (en 2025, 11% de nos contacts pour avis techniques et thérapeutiques passent par cette planche contact)

De 2016 à 2025, le site a accueilli environ 35800 visiteurs qui ont visités plus de 105000 pages.

Année	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025
Visiteurs	3918	2855	3487	3890	3706	3771	3083	3458	3692	3983
Pages vues	10821	5436	12533	11826	8594	9801	7561	11001	13580	14717

En 2025, La majorité des visiteurs proviennent de régions francophones : France 88%, suivi par les pays du Maghreb 3,6% ainsi que la Belgique, la Suisse et le Canada 2%. Nous notons également des visiteurs de Chine, des USA et du sous-continent indien.



-Activités de conseil aux professionnels de santé.

Des appels téléphoniques ainsi que des courriels sont reçus régulièrement, pour des conseils thérapeutiques en cas d'infection systémique et de situations particulières ou pour des avis techniques. Une réponse est systématiquement donnée.

Comme chaque année, un bilan des emails et des appels téléphoniques a été réalisé. Les contacts pour conseils thérapeutiques et/ou techniques ont été répertoriés ainsi que les échanges relatifs aux déclarations de cas groupés et TIAC : 419 contacts (versus 497 en 2024), 198 par téléphone et 221 par email.

L'activité des contacts est stable malgré une légère baisse par rapport à 2024. En 2025, les contacts ont suivi l'évolution des infections avec une progression en été (hors mois d'août).

Les contacts furent destinés aux conseils techniques pour 58 % et 42 % pour les conseils thérapeutiques. Les contacts ont concerné à 38 % les infections à *Campylobacters*, à 58 % les infections à *H. pylori*, à 4 % les infections à *Aliarcobacters* et 2 % pour les TIAC. 23 % des contacts, pour avis technique ou thérapeutique, concernaient plus particulièrement des cas particuliers : bactériémies à *Campylobacter*, souches multi-résistantes pour *H. pylori*, consultations pour RCP.

P Lehours participe également à la RCP du Groupe d'Etudes Français des Hélicobacters (www.helicobacter.fr). En 2025, il a participé à l'analyse de 100 dossiers soumis.

Les emails sont adressés soit directement aux biologistes du CNR soit *via* le système de messagerie intégré au site internet. Dans ce dernier cas, les biologistes du CNR (P Lehours et AHU) ainsi que le secrétariat du CNR sont tous destinataires. P Lehours répond en priorité et en cas d'absence les autres biologistes répondent. Nous répondons à nos messages en général en moins de 24h ouvrées. Si une problématique nécessite discussion ou consensus entre les biologistes, elle peut être abordée en petit comité ou bien lors de la réunion du CNR.

Depuis janvier 2018, le secrétariat du CNR centralise toutes les réponses et s'assure que toutes les questions ont été résolues. Les appels téléphoniques sont transmis immédiatement à un des biologistes du CNR, en cas d'absence, l'appel est tracé et un mail est envoyé par notre personnel aux biologistes pour les prévenir. Un planning de présence des biologistes est affiché et actualisé mensuellement par le secrétariat du CNR.

5.2 Conseil et expertise aux autorités sanitaires

-Sollicitation par le CA-SFM pour proposer des valeurs d'interprétation en diamètres et/ou CMI pour la catégorisation des bactéries du genre *Campylobacter*, *Aliarcobacter*, et *H. pylori*. Mise à jour également des valeurs de CQ pour ces bactéries. P Lehours a été sollicité par le Dr M Amara du CA-SFM pour transmettre à l'ECDC des distributions de diamètres pour *C. jejuni*, *C. coli* et *C. fetus* dans l'optique d'une refonte des recommandations de réalisation et d'interprétation des antibiogrammes de ces espèces.

-Transmission à l'ECDC via Santé Publique France des résistances aux antibiotiques chez les Campylobacters.

-Pathogen Surveillance in Agriculture, Food and Environment (PATH-SAFE) Program WS1a Consortium. P Lehours est membre de l'International Interactions Advisory Group.

5.3 Conseil et expertise pour d'autres cibles (médias, grand public ...)

Le CNR n'a pas été sollicité en 2025.

6. Travaux de recherche et publications en lien direct avec l'activité du CNR

6.1 Activités de recherche en cours lors de l'année N, concernant uniquement celles ayant un lien direct avec les missions et activités du CNR

6.1.1 Pour *Campylobacter* et *Aliarcobacter*

-Evaluation d'une technique de filtration pour la culture en anaérobiose des *Campylobacters*

Le CNRCH a été sollicité par le CNR *Campylobacters* de Belgique pour tester une méthode de filtration des *Campylobacters*.

Le CNR Belge remarque un isolement important de *Campylobacters* anaérobies notamment de *C. concisus* qu'il considère comme un pathogène émergent. Cette filtration est réalisée sur membrane polycarbonate de 0,6 µm et 47 mm et dure environ 1h30. L'incubation se fait sur 10 jours.

L'étude a été réalisée sur 50 selles, issues de la coprothèque du CNRCH, conservées en fecalswab (n=20) ou des selles natives (n=30) à -80°C. Ces 50 selles étaient connues à *C. coli* ou *C. jejuni* avec une culture positive et PCR positive. La culture s'est faite sur 10 jours. Les selles ont été remises en culture sur un milieu sélectif (Campyloset, Biomérieux). La filtration a été réalisée selon le protocole du CNR *Campylobacters* de Belgique. Une formation d'une journée a été faite au CNRCH courant 2024 par l'équipe du CNR *Campylobacters* de Belgique.

Sur ces 50 selles testées, 33 selles étaient négatives sur réensemencement sur milieu sélectif et par technique de filtration. 17 selles étaient positives à *Campylobacters* à 72h sur milieu sélectif (n=15 selles natives et 2 selles en fecalswab). Après filtration, 12 étaient positives en culture, 9 à *C. jejuni*, 1 à *C. coli* et 2 à *C. concisus* et 5 négatives.

Cette technique reste fastidieuse et longue. La mise en culture direct des selles sur gélose sélective semble être plus performante pour l'isolement en routine des *Campylobacters* thermophiles.

-Enrichissement des bases MALDI-TOF

Enrichissement pour *Campylobacter coli*

La base de données en spectres de référence du CNRCH a été enrichie en 2025 avec les spectres de 7 souches de *C. coli*. En effet, ces souches de *C. coli*, dont le genre et l'espèce ont été confirmés par NGS, étaient identifiables en spectrométrie de masse seulement avec des scores inférieurs à 2.

Après enrichissement, notre base enrichie permet leur identification avec des scores supérieurs ≥ 2 . Dorénavant, tout *C. coli* présentant un score MALDI inférieur < 2 est comparé à la base de données enrichie pour confirmation.

-Enrichissement par de nouvelles espèces des genres *Campylobacter* et *Helicobacter*

La base de données du CNRCH a été enrichie par de nouvelles espèces récemment décrites ou manquantes :

- 3 souches de *Aliarcobacter lanthieri* (isolées en 2020, 2023 et 2024) ;
- 2 souches *Campylobacter vicugnae* (isolées en 2020 et 2022) ;
- 3 souches de *Campylobacter iguaniorum* (isolées en 2012) ;
- 3 souches de *Helicobacter caesaorudunensis* (isolées au CNRCH en 2020 et 2021) ;
- 1 souche de *Helicobacter labetoulli* (isolée en 2017) ;
- 2 souches de *Helicobacter zhangjianzhongii* (isolées en 2020 et 2023).

Nous disposons donc actuellement de la base MALDI-TOF la plus riche en nombre de spectres pour des espèces habituelles et également pour des espèces rares.

Est prévu en 2026 d'enrichir la base par une dizaine de souches de *A. cryaerophilus* car les scores d'identification obtenus pour cette espèce sont rarement au-dessus de 2 actuellement.

-Etude des caractéristiques microbiologiques et cliniques des infections humaines à *Aliarcobacter sp*

Les bactéries *Aliarcobacter spp.* sont des agents pathogènes intestinaux humains, tout comme les *Campylobacter spp.* Cependant, l'épidémiologie des premières infections n'est pas bien décrite.

Nous avons évalué de manière rétrospective les données microbiologiques et cliniques relatives à 1 204 infections à *Aliarcobacter spp.* survenues en France entre 2002 et 2024.

A. butzleri était l'espèce principale identifiée, suivie par *A. cryaerophilus*. Les infections à *Aliarcobacter spp.* ont principalement touché des patients âgés de plus de 60 ans, en majorité des hommes, en particulier pendant l'automne.

L'analyse de 253 fiches d'informations cliniques a mis en évidence des diarrhées et des douleurs abdominales qui n'étaient que rarement associées à de la fièvre ou à la présence de sang dans les selles. De nombreux isolats des deux espèces principales étaient résistants aux pénicillines du groupe A et à la ciprofloxacine.

Cette étude a été publiée dans Gut Pathog en 2025 (cf liste de publications).

-Bactériémies récidivantes à *Campylobacters* : étude rétrospective multicentrique française

Introduction : Les bactériémies à *Campylobacter spp.* (BC) surviennent chez des patients immunodéprimés ou comorbides. Des cas de BC récidivantes ont été exceptionnellement rapportés chez des patients atteints de déficits immunitaires primitifs (DIP) à prédominance humorale. L'objectif de cette étude était de décrire les cas de BC récidivantes.

Patients et Méthodes : Etude rétrospective, multicentrique (n=74) nationale, observationnelle des cas de BC récidivantes, identifiés suite à un appel à observation. Ont été inclus les patients ayant présenté ≥ 2 hémocultures positives à *Campylobacter* à ≥ 30 j d'intervalle entre 2000 et 2026. Les patients ont été classés en 4 groupes, par immunodépression humorale décroissante : DIP, hémopathie, immunodépression autre ou absence de déficit immunitaire connu. Les caractéristiques des patients, des épisodes de BC, la prise en charge et le pronostic ont été analysés.

Résultats : Cent-vingt patients (58% d'hommes, âge médian 68 ans) ayant présenté 378 épisodes de BC ont été inclus. Le nombre d'épisodes de BC par patient allait de 2 (n=90, 75%) à plus de 10 épisodes (n=3). Une hypogammaglobulinémie était présente chez 62% (n=62) des patients, avec un déficit profond en immunoglobulines (Ig) A et M. Le principal facteur de risque (FDR) était un DIP chez 26% (n=29), une hémopathie chez 51% (n=57) et une autre immunodépression chez 14% (n=15) des patients, 10% (n=11) des patients n'avaient aucun déficit immunitaire connu. Les FDR associés comprenaient les hépatopathies (n=27, 24%) et les maladies gastrointestinales (n=30, 28%). *C. fetus*, *C. jejuni* et *C. coli* étaient isolés dans respectivement 41% (n=105), 36% (n=94) et 22% (n=57) des épisodes de BC. Une localisation secondaire compliquait 23% (n=55) des épisodes. Plus l'immunodépression humorale était profonde, plus on documentait de *C. jejuni/C. coli* ($p < 0.001$), plus le nombre de BC/patient était élevé ($p = 0.02$), l'intervalle entre 2 épisodes long ($p < 0.001$), et la présentation clinique moins sévère, avec moins de localisations secondaires ($p < 0.001$). Les épisodes de BC non compliqués ont été traités par monothérapie antibiotique dans 84% des cas (n=142) et 16% (n=28) de ces épisodes étaient associés à un échec thérapeutique (hémoculture positive à ≥ 7 j de traitement efficace). La mortalité était faible (3%, 7/278), non liée à la BC. Des stratégies de prévention des récurrences de BC ont été utilisées après 73 épisodes de BC, dont : supplémentation en Ig polyvalentes (n=40), enrichies (n=6) ou non en IgA et IgM, décontamination digestive (n=6) et/ou antibioprofylaxie secondaire (n=25).

Conclusion : Nous rapportons ici la 1ère cohorte de BC récidivantes. Celles-ci surviennent sur des terrains d'immunodépression plus variés que précédemment rapporté. Les BC sont souvent associées à une maladie hépatique ou digestive, pouvant favoriser la translocation de *Campylobacter spp.* chez des patients ayant une immunité muqueuse défaillante. Les caractéristiques des BC récidivantes varient selon la profondeur de l'immunodépression.

Cette étude nommée CABARET a été menée en collaboration avec le CHU de Lyon (Dr A Conrad et Dr PM Schatz). Les correspondants du CNR ont fourni de manière rétrospective des données intégrées dans cette étude. Ce projet est en cours de valorisation pour 2026 en congrès et sous la forme d'une publication scientifique.

6.1.2 Pour *Helicobacter*

-Approche par NGS sur biopsies gastriques incluses en paraffine du résistome et du virulome de *H. pylori*.

Objectifs-Introduction : Le diagnostic d'une infection à *H. pylori* à partir de biopsies gastriques nécessite une PCR ou une culture. Cependant, la culture peut être faussement négative en raison de la fragilité de la bactérie. Le séquençage NGS, réalisé sur des échantillons cliniques primaires, offre une alternative pour l'analyse du résistome bactérien. Nous décrivons l'adaptation d'une préparation de banque d'enrichissement de cibles et d'un protocole de NGS pour une utilisation sur des biopsies gastriques fixées au formol et incluses en paraffine (FFPE) afin d'étudier à la fois le résistome et le virulome de *H. pylori*.

Matériel et méthodes : 30 échantillons de biopsies gastriques FFPE ont été analysés, tous issus de patients infectés par *H. pylori*. Le protocole SureSelect XT a été adapté sur le système automatisé Magnis (Agilent), et le séquençage a été réalisé sur iSeq 100 (Illumina). Des sondes d'ARN ciblant les gènes clés associés à la virulence (*cagA* et *vacA*), à la résistance aux antibiotiques (*ADNr 23S*, *ADNr 16S*, *gyrA* et *rpoB*) et au typage MLST ont été utilisées. Les données de séquence obtenues ont été comparées à celles obtenues à partir de souches de *H. pylori* cultivées et isolées chez les mêmes patients de biopsies gastriques fraîches.

Résultats : Les mutations de l'*ADNr 23S* liées à la résistance aux macrolides, celles de la QRDR de *gyrA* associées à la résistance à la lévofloxacine, et celles dans *rpoB* conférant une résistance à la rifampicine ont été correctement détectées dans la majorité des échantillons. Pour un cas, le NGS a détecté une infection mixte composée de 20 % d'une population potentiellement résistante aux rifamycines. Ceci est en faveur de l'intérêt de collecter plusieurs biopsies à partir de différents sites anatomiques afin d'évaluer plus précisément la diversité bactérienne présente. Les profils MLST étaient cohérents avec ceux obtenus par NGS sur les souches. De plus, le gène *cagA*, y compris les motifs EPIYA, et les génotypes *vacA* ont été correctement identifiés.

Conclusion : Cette technique d'enrichissement de cible permet un accès précis au résistome et au virulome de *H. pylori* directement à partir d'échantillons de biopsie FFPE, ce qui représente une avancée technologique significative.

Ce travail a été publié en décembre 2025 dans Sci Rep (cf liste des publications).

-Infections invasives causées par des espèces de *Helicobacter* entérohépatiques : une étude rétrospective multicentrique nationale en France.

Contexte : Les espèces de *Helicobacter* entérohépatiques (EH) constituent une cause émergente d'infections invasives, principalement signalées chez les patients immunodéprimés et principalement décrites dans des cohortes japonaises. Une étude rétrospective multicentrique nationale a été menée afin de caractériser les caractéristiques cliniques et la prise en charge de ces infections en France.

Méthodes : Les patients diagnostiqués avec des infections invasives à EH entre le 1er janvier 2014 et le 31 décembre 2024 ont été inclus dans 34 hôpitaux français. Les objectifs de cette étude étaient de décrire la présentation clinique et les localisations secondaires des infections à EH, d'évaluer les conditions sous-jacentes des patients et d'évaluer le diagnostic microbiologique et les profils de sensibilité aux antimicrobiens. Les facteurs associés à la récurrence ont également été explorés.

Résultats : Au total, 59 patients ont été inclus, *Helicobacter cinaedi* étant l'espèce la plus fréquemment identifiée (54 %). L'âge médian était de 60 ans et 76 % étaient des hommes. La plupart des patients présentaient des comorbidités sous-jacentes et 62 % étaient immunodéprimés, principalement en raison de malignités hématologiques, de tumeurs solides, d'une transplantation d'organe ou d'une infection par le VIH. La fièvre était le symptôme le plus fréquent (80 %), souvent associée à des manifestations gastro-intestinales et cutanées, en particulier une cellulite (32 %). Des localisations secondaires ont été observées chez 25 % des patients, notamment des infections ostéo-articulaires et endovasculaires. Huit cas de récurrence ont été observés, touchant exclusivement des patients immunodéprimés. La mortalité à 30 jours était faible (3,8 %) et liée aux comorbidités sous-jacentes. Des taux élevés de résistance aux macrolides et aux fluoroquinolones ont été observés, tandis que la sensibilité aux pénicillines et aux tétracyclines restait largement préservée.

Conclusions : Les infections invasives à EH sont rares en France et touchent principalement les patients immunodéprimés. Elles se manifestent souvent par une fièvre inexplicée, des symptômes gastro-intestinaux ou une cellulite bénigne. Ces infections ont généralement une faible virulence, mais un risque de récurrence existe. Le diagnostic microbiologique est difficile en raison des conditions de culture exigeantes de ces micro-organismes, ce qui peut contribuer à un sous-diagnostic.

Ce travail a été réalisé en collaboration avec les Dr M Puges et M Régner du CHU de Bordeaux avec l'aide des correspondants microbiologistes du réseau du CNR qui ont effectué un travail remarquable de remontée de données.

Une valorisation sous la forme de communications en congrès et d'une publication scientifique sont prévues en 2026.

-Apport de la biologie moléculaire pour une stratégie d'éradication ciblée de l'infection à *H. pylori*

Introduction-Objectifs : Pour toute biopsie gastrique reçue dans le cadre du diagnostic de l'infection à *H. pylori*, le CNRCH souhaite fournir à ses correspondants, l'ensemble des informations possibles afin de leur permettre une stratégie d'éradication ciblée. Toute biopsie est analysée par PCR et par culture. En cas de faux négatif par culture versus PCR (absence d'antibiogramme) ou de résistance rare, des approches moléculaires complémentaires sont alors menées.

Matériel et méthodes : La recherche par PCR point final suivi de séquençage Sanger a été appliquée sur souches en cas d'identification de marqueurs de résistance rares : gène *rpoB* (rifampicine), gène *pbp1* (amoxicilline) et *ADNr 16S* (tétracycline) ou sur biopsies gastriques positives en PCR mais négatives en culture (région QRDR de *gyrA* et gène *rpoB*). Pour analyser rapidement les séquences obtenues, une application mise à disposition sur la plateforme web interne au CNR a été créée.

Résultats : De janvier 2024 à juillet 2025, le séquençage de gènes a été effectué sur 29 souches et 130 biopsies. Le séquençage du gène *rpoB* de 11 souches de *H. pylori* ayant une CMI à la rifampicine supérieure à 32 mg/L a identifié les mutations Q527H, D530A, D530N, D530E, D530V, H540N, L547F et I586F. Une souche de *H. pylori* en 2024 présentait une CMI à la tétracycline > à 1 mg/L pour laquelle le codon CTA en 926-928 dans l'*ADNr 16S* a été identifié comme responsable de la résistance. Quatre souches de *H. pylori* présentaient une CMI à l'amoxicilline supérieure à 0,125 mg/L. Les mutations S414R+S417T ou S414R+S589G ou V374L+ S414R+N562Y dans *pbp1* ont été identifiées. Le résistome pour la lévofloxacine et la rifampicine a été rendu pour 119 biopsies qui étaient négatives en culture mais positives en PCR. Les mutations associées à la résistance à la lévofloxacine dans la QRDR de *gyrA* étaient pour 32 biopsies N87I (n=10), N87K (n=6), D91G (n=6), D91N (n=6), D91Y (n=3) et N87I+D91G (n=1). *H. pylori* résistant à la rifampicine a été retrouvé pour seulement 1 biopsie (mutation D530N). Les limites de détection des mutants résistants au sein d'une double population dans une biopsie sont de 10 et 20% respectivement pour les mutations dans la QRDR de *gyrA* et *rpoB*.

Conclusion : Même en l'absence d'antibiogramme, les cliniciens peuvent disposer de l'ensemble des informations utiles pour l'accès au profil de sensibilité complet de *H. pylori*. Des approches NGS peuvent être également mises en place à la demande sur ces mêmes prélèvements.

-Déterminants génomiques de la résistance aux antibiotiques dans le traitement de *Helicobacter pylori* : étude observationnelle rétrospective phénotypique et génotypique. Collaboration avec le NIH.

Contexte : La résistance croissante de *H. pylori* aux antimicrobiens constitue un défi pour la santé publique. Notre étude visait à identifier les gènes et les mutations impliqués dans la résistance aux antimicrobiens chez *H. pylori* et à évaluer dans quelle mesure ces marqueurs peuvent être utilisés comme prédicteurs de la résistance phénotypique à la clarithromycine et à la lévofloxacine.

Méthodes : Dans cette étude observationnelle rétrospective phénotypique et génotypique, nous avons inclus 1 011 séquences du génome complet de *H. pylori* et souches d'origine géographique connue provenant de la collection du *H. pylori* Genome Project (HpGP). Nous avons réalisé des tests de sensibilité phénotypique à la clarithromycine et à la lévofloxacine sur un sous-ensemble de 419 souches HpGP par Etest au CNRCH. Une analyse génomique a été réalisée afin d'identifier les variants 23S *rRNA* et *gyrA* et de constituer un catalogue des mutations associées à la résistance à la clarithromycine et à la lévofloxacine. La concordance génotype-phénotype a été évaluée afin d'estimer la sensibilité et la spécificité. Le catalogue des mutations associées à la résistance a été appliqué à l'ensemble complet HpGP. La prévalence spécifique à une région des mutations associées à la résistance a été calculée pour un ensemble de données combiné comprenant les génomes HpGP et 768 séquences génomiques complètes récupérées dans le référentiel SRA. Les associations entre les génotypes de résistance, les sous-populations de *H. pylori* et les concentrations minimales inhibitrices (CMI) ont été testées.

Résultats : Les souches HpGP résistantes à la clarithromycine et à la lévofloxacine ont été estimées avec une sensibilité et une spécificité de 100 %, tous les intervalles de confiance variant entre 96 % et 100 %. L'analyse combinée (n = 1 779) a révélé la prévalence la plus élevée de résistance à la clarithromycine dans la région du Pacifique occidental (173 [51,2 %] sur 338 en Asie du Sud-Est et 75 [29,8 %] sur 252 en Asie de l'Est), la région d'Afrique du Nord (7 [38,9 %] sur 18) et la région d'Asie occidentale (12 [31,6 %] sur 38), tandis que la prévalence la plus élevée de résistance à la lévofloxacine a été observée en Asie du Sud (14 [51,85 %] sur 27), en Amérique centrale (48 [38,7 %] sur 124), en Europe de l'Est (4 [36,4 %] sur 11) et en Afrique australe (3 [33,3 %] sur 9). De même, les génotypes 23S *rRNA* et *gyrA* varient selon les sous-populations de *H. pylori*. Les valeurs de CMI ont changé en fonction de la mutation spécifique dans le 23S *rRNA* (CMI moyenne de la clarithromycine 24,61 mg/L [IC à 95 % : 12,27-36,96] pour 2143A→G et 142,25 mg/L [IC à 95 % : 77,88-206,61] pour 2142A→G) et *gyrA* (CMI moyenne de la lévofloxacine de 9,66 mg/L [IC à 95 % : 6,75-12,56] pour les mutations sur le codon 91, et 27,97 mg/L [IC à 95 % : 25,82-30,11] pour les mutations sur le codon 87).

Interprétation : Les mutations dans des gènes spécifiques sont des indicateurs fiables de la résistance à la clarithromycine

et à la lévofloxacine chez *H. pylori*, ce qui en fait des marqueurs utiles pour le développement de tests diagnostiques et la surveillance moléculaire. Nos résultats suggèrent que l'utilisation empirique de la clarithromycine et de la lévofloxacine, sans test préalable de sensibilité, n'est pas adaptée dans toutes les régions géographiques couvertes par cette étude.

Financement : projet financé par le programme de recherche interne de l'Institut national du cancer des États-Unis, du Conseil européen de la recherche et du ministère espagnol des Sciences et de l'Innovation.

Ce projet a été accepté pour publication dans *Lancet Microbe* en juillet 2025 et est accessible dans PubMed depuis janvier 2026 (cf liste de publication).

Notre pipeline d'analyse des génomes de *H. pylori* a été actualisé suite à cette publication.

6.2 Liste des publications et communications de l'année N, concernant uniquement celles ayant un lien direct avec les missions et activités du CNR

Les noms des membres du CNR sont surlignés en gris. Les financements SPF du CNR sont systématiquement mentionnés dans les remerciements des publications nationales et internationales.

-Publications

-Quentin Jehanne, Lucie Bénéjat, Astrid Ducournau, Johanna Aptel, Marie Pivard, Léo Gillet, Marine Jauvain, Philippe Lehours. Increasing rates of *erm(B)* and *erm(N)* in human *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* erythromycin-resistant isolates between 2018 and 2023 in France. *Antimicrob Agents Chemother*. 2025 Feb 13;69(2):e0166824. doi: 10.1128/aac.01668-24. Epub 2024 Dec 31. PMID: 39745413

-S Wandji, Q Jehanne, L Bénéjat, A Ducournau, J Aptel, M Levast, M Jauvain, P Lehours. The first two human infections with *Helicobacter zhangjanzhongii*, a new *Helicobacter* closely related to *Helicobacter canis*. *Eur J Clin Infect Dis*. 2025. Feb 11. doi: 10.1007/s10096-025-05045-4. Online ahead of print. PMID: 39934478.

-L Bénéjat, A Ducournau, J Gebhart, E Béssède, J Becker, M Jauvain, P Lehours. Evaluation of a rapid fluorescence immunoassay to detect *Campylobacter* antigens in stool samples. *Gut Pathog*. 2025 Feb 28;17(1):12. doi: 10.1186/s13099-025-00686-4. PMID: 40022164

-Léo Gillet, Lucie Bénéjat, Quentin Jehanne, Pierre-Louis Maunet, Claudie Perreau, Astrid Ducournau, Johanna Aptel, Marine Jauvain, Philippe Lehours. Resistome and virulome determination in *Helicobacter pylori* using next-generation sequencing with target-enrichment technology. *Microb Spectrum* 2025. Mar 5:e0329824. doi: 10.1128/spectrum.03298-24. Online ahead of print. PMID: 40042287.

-Quentin Beaufils, Lucie Bénéjat, Astrid Ducournau, Johanna Aptel, Alicia Chevalier³, Marine Jauvain, Philippe Lehours. Performance Evaluation of the Biosynex AMPLIQUICK Fecal Bacteriology PCR Kit. *BMC Microbiology*. 2025 Jul 2;25(1):400. doi: 10.1186/s12866-025-04118-w.

-Perreau C, Ranc AG, Gillet L, Gaillard T, Bénéjat L, Ducournau A, Aptel J, Jehanne Q, Sobas C, Jauvain M, Lehours P. Molecular investigation of unexpected *Helicobacter pylori* bacteremia. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2025 Jul 7. doi: 10.1007/s10096-025-05209-2. Online ahead of print. PMID: 40624387

-B Mechernene, P Lehours, E Rivière, N Gensous, C Tinévez, P Duffau, F Blaison, C Prot-Leurent, T Pires, C Greib, T Zannese, M Dubois, L Bénéjat, A Ducournau, J Aptel, Q Jehanne, JF Viallard, E Lazaro. Stool Screening for *Campylobacter spp.* in Hypogammaglobulinemic Patients Receiving Immunoglobulin Therapy. *J Clin Immunol* 2025 Oct 16;45(1):143. doi: 10.1007/s10875-025-01949-0. PMID: 41099909.

-Gillet L, Perreau C, Bruhl L, Jehanne Q, Marty M, Rauturier M, Belleannée G, Parrens M, Dubus P, Lehours P. Assessment of target-enrichment library preparation and next-generation sequencing of paraffin-embedded gastric biopsies for *H. pylori* diagnosis and evaluation of virulome and resistome. *Sci Rep*. 2025 Nov 13;15(1):39811. doi: 10.1038/s41598-025-23540-8. PMID: 41233511

-Marine Jauvain, Lucie Bruhl, Astrid Ducournau, Johanna Aptel, Moeava Martin, Philippe Lehours. The microbiological and clinical characteristics of 1,204 human cases of *Aliarcobacter spp.* infections that occurred in France between 2002 and 2024. *Gut Pathog* 2025. 2025 Dec 20. doi: 10.1186/s13099-025-00790-5. Online ahead of print.

-Francisco José Martínez-Martínez, Álvaro Chiner-Oms, Victoria Furió, HpGP Research Network, Yoshio Yamaoka, John P. Dekker, Francis Megraud, Lucie Bénéjat, Astrid Ducournau, Alban Gisese, Quentin Jehanne, Marine Jauvain, M. Constanza Camargo, Iñaki Comas, Philippe Lehours. Genomic determinants of antibiotic

resistance for *Helicobacter pylori* treatment and surveillance. Lancet Microbes 2026 Dec 11:101217. doi: 10.1016/j.lanmic.2025.101217. Online ahead of print. PMID: 41453373. Accepté pour publication en 2025.

Chapitres de livres

-M Puges, P Lehours, Chapitre : Infections à Campylobacters. Pily 2025.

-Chairman/modérateurs lors de congrès nationaux

-P Lehours. Modérateur de sessions lors de chaque congrès annuel du Groupe d'Etude Français des Hélicobacters (1 congrès annuel de 2020 à 2026).

-Conférencier invité lors de congrès nationaux

-P Lehours. Congrès Microbes 2025, septembre 2025, Bordeaux : Les Campylobacters chez l'Homme : du passé au présent (actualités cliniques, marqueurs de résistance, nouvelles espèces, apport du NGS).

-Communications internationales

Oraux

-Q. Beauvils, L. Bénéjat, A. Ducournau, J. Aptel, A. Chevalier, M. Jauvain, P. Lehours. Evaluation of the analytical performance of the Biosynex AMPLIQUICK faecal bacteriology kit in the diagnosis of bacterial intestinal infections. ePoster flash Session. ESCMID Global 2025; 11-15 Avril 2025, Vienne, Autriche.

-Quentin Jehanne, Johanna Aptel, Léo Gillet, Erick Keisler, Lucie Bénéjat, Astrid Ducournau, Christophe Rodriguez, Philippe Lehours. Routine use of WGS for Campylobacter: improved epidemiology and antimicrobial resistance surveillance in France. Campy-UK meeting. September 2025, Oxford.

Posters

-Q. Jehanne, A. Felten, L. Ducret, G. Mourand, F. Tardy, M. Denis, M. Tasset, P. Lehours, A. Thépault. Impact of different whole genome sequences production procedures and sequence analysis pipelines on genotyping and clustering of Campylobacter strains. ESCMID Global 2025; 11-15 Avril 2025, Vienne, Autriche.

-Sahel W, Q. Jehanne, L. Bénéjat, A. Ducournau, J. Aptel, M. Levast, M. Jauvain, P. Lehours. Description of the first two human cases of infection with *Helicobacter zhangjianzhongii*, a new Helicobacter closely related to *Helicobacter canis*. ESCMID Global 2025; 11-15 Avril 2025, Vienne, Autriche.

-Communications nationales

Oraux

-A-Blanchot T., Brustel A., Chaufour L., Cheron M., Corvec S., De Briel D., Delaval A., Dortet L., Duployer C., Emeraud C., Ferroni A., Floch P., François A., Gallois E., Garnier F., Georgel AF., Gibaud SA., Guérin F., Guyot C., Hervo M., Holstein A., Lafeuille E., Lemaire C., Paluch M., Pichon M., Ponderand L., Potron A., Ranc AG., Schramm F., Sire JM., Soares A., Teissier G., Trombert S., Vuillemin X., Philippe Lehours. Bilan 2024 des saisies dans le réseau Hélico-net : une première vision de l'épidémiologie récente en France. 32ème Réunion Annuelle du Groupe d'Etude Français des Helicobacter GEFH, 24 janvier 2025, Paris.

-Lucie Bénéjat, Sahel Wandji, Quentin Jehanne, Astrid Ducournau, Johanna Aptel, Marion Levast, Marine Jauvain, Philippe Lehours. Description des deux premiers cas humains d'infection à *Helicobacter zhangjianzhongii*, un nouvel Helicobacter proche de *H. canis*. 32ème Réunion Annuelle du Groupe d'Etude Français des Helicobacter GEFH, 24 janvier 2025, Paris.

-Perreau C., Ranc AG, Gillet L., Bénéjat L., Ducournau A., Aptel J., Jehanne Q., Sobas C., Jauvain M., P Lehours. Une bactériémie inattendue à *Helicobacter pylori* : apport du NGS pour confirmation du cas. 32ème Réunion Annuelle du Groupe d'Etude Français des Helicobacter GEFH, 24 janvier 2025, Paris.

-Léo Gillet, Bénéjat L., Perreau C., Jauvain M., Lehours P. Evaluation comparative de deux méthodes NGS d'étude du résistome et du virulome de *Helicobacter pylori* à partir de biopsies gastriques. 32ème Réunion Annuelle du Groupe d'Etude Français des Helicobacter GEFH, 24 janvier 2025, Paris.

-Bénéjat-Bruhl L., Ducournau A., Aptel J., Jehanne Q., Jauvain M., Lehours P. Evaluation des performances du kit de détection par PCR en temps réel VIASURE *Helicobacter pylori* de CerTest BIOTEC S.L. 32ème Réunion Annuelle du Groupe d'Etude Français des Helicobacter GEFH, 24 janvier 2025, Paris.

-Gallois E., Becq A., Soual A., Jacquier H., Fihman V., Reibel F., Bénéjat-Bruhl L., Perreau C., Royer G., Lehours P., Woerther PL. Détermination d'un seuil de détection de *Helicobacter pylori* et de sa résistance à la Clarithromycine par PCR temps réel multiplexe à partir de biopsie gastrique avec le kit RIDA®GENE *Helicobacter*

pylori sur ELITE Ingenius. 32ème Réunion Annuelle du Groupe d'Etude Français des Helicobacter GEFH, 24 janvier 2025, Paris.

-Charazac Arthur, Heslan C., Pichon M., Cremniter J., Jehanne Q., Bruhl L., Lehours P., Burucoa C. Cas pédiatrique d'une infection à *Helicobacter canis* : bactériémie persistante chez un enfant d'un mois. 32ème Réunion Annuelle du Groupe d'Etude Français des Helicobacter GEFH, 24 janvier 2025, Paris.

-Lucie Bruhl, Johanna Aptel, Léo Gillet, Quentin Jehanne, Moeava Martin, Philippe Lehours. Apport de la biologie moléculaire pour une stratégie d'éradication ciblée de l'infection à *H. pylori*. Microbes 2025, septembre 2025, Bordeaux.

-Blanchot Thomas, Brustel Antoine, Chaufour Laura, Cheron Mireille, Corvec Stéphane, De Briel Dominique, Delaval Anne, Dortet Laurent, Duployer Claire, Emeraud Cecile, Ferroni Agnès, Floch Pauline, François Arnaud, Gallois Emmanuelle, Garnier Fabien, Georgel Anne France, Gibaud Sophie Anne, Guérin François, Guyot Caroline, Hervo Marie, Holstein Anne, Lafeuille Emilie, Lemaire Coralie, Paluch Maxime, Pichon Maxime, Ponderand Léa, Potron Anaïs, Ranc Anne Gaëlle, Schramm Frédéric, Sire Jean Marie, Soares Anaïs, Teissier Guillaume, Trombert Sabine, Vuillemin Xavier, Philippe Lehours. Le réseau Hélico-net : un outil de surveillance des infections à *Helicobacter pylori* en France. RICAI 2025, 15-16 décembre 2025, Paris, CO-078 (A77168PL)

-Lucie Bruhl, Quentin Jehanne, Pierre Dubus, Philippe Lehours. Approche par NGS sur biopsies gastriques incluses en paraffine du résistome et du virulome de *H. pylori*. RICAI 2025, 15-16 décembre 2025, Paris, CO-074 (A77164PL).

-Lucie Bruhl, Johanna Aptel, Léo Gillet, Quentin Jehanne, Moeava Martin, Philippe Lehours. CNRCH. Apport de la biologie moléculaire pour une stratégie d'éradication ciblée de l'infection à *H. pylori*. RICAI 2025, 15-16 décembre 2025, Paris, (A77705PL).

Posters

-Claudie Perreau, Léo Gillet, Lucie Bruhl, Quentin Jehanne, Pierre Dubus, Philippe Lehours. Target-enrichment library preparation strategy for *H. pylori* diagnosis on FFPE gastric biopsies. Congrès Microbes 2025, Bordeaux. Poster MC-P22.

-Quentin Jehanne, Johanna Aptel, Astrid Ducournau, Sidonie Ruault, Lucie Bénéjat, Moeava Martin, Christophe Rodriguez, Philippe Lehours. Apports du NGS dans le suivi épidémiologiques des Campylobacters au CNR en 2024. Congrès Microbes 2025, Bordeaux. Poster EG-P12.

-Blanchot Thomas, Brustel Antoine, Chaufour Laura, Cheron Mireille, Corvec Stéphane, De Briel Dominique, Delaval Anne, Dortet Laurent, Duployer Claire, Emeraud Cecile, Ferroni Agnès, Floch Pauline, François Arnaud, Gallois Emmanuelle, Garnier Fabien, Georgel Anne France, Gibaud Sophie Anne, Guérin François, Guyot Caroline, Hervo Marie, Holstein Anne, Lafeuille Emilie, Lemaire Coralie, Paluch Maxime, Pichon Maxime, Ponderand Léa, Potron Anaïs, Ranc Anne Gaëlle, Schramm Frédéric, Sire Jean Marie, Soares Anaïs, Teissier Guillaume, Trombert Sabine, Vuillemin Xavier, Philippe Lehours. Développement du réseau Hélico-net comme outil de surveillance épidémiologique des infections à *H. pylori* en France. Congrès Microbes 2025, Bordeaux. Poster MC-P23.

-Martine Denis, Quentin Jehanne, Arnaud Felten, Linda Ducret, Manon Tasset, Gwenaëlle Mourand, Florence Tardy, Amandine Thépault, Philippe Lehours. Impact des différentes modalités de production et d'analyse de séquences génomiques sur le typage de souches de *Campylobacter jejuni* et *Campylobacter coli*. Congrès Microbes 2025, Bordeaux.

-Moeava Martin, Lucie Bruhl, Johanna Aptel, Astrid Ducournau, Lehours Philippe. Evaluation de deux kits de détection par immunofluorescence des antigènes de Campylobacters et de *Helicobacter pylori* dans des échantillons de selles. RICAI 2025, 15-16 décembre 2025, Paris, P-014 (A77185PL).

7. Coopération avec les laboratoires de santé animale, de sécurité sanitaire des aliments, environnementaux

Une collaboration existe avec le Laboratoire National de Référence (LNR) des *Campylobacters* de l'ANSES de Ploufragan. Ce laboratoire s'intéresse aux isolats de *Campylobacters* provenant des élevages de volailles et de porcs, des abattoirs correspondants, des étals du commerce et de l'environnement.

Le CNR a entretenu comme par le passé ses collaborations avec le LNR *Campylobacter* (ANSES, Laboratoire de Ploufragan-Plouzané, collaborateurs ; M Chemaly, M Denis) via le partage de souches, la participation à des comités de thèse, et l'organisation de colloques scientifiques (journées communes LNR-CNR).

P Lehours signale à l'ANSES de Ploufragan (Mme Tardy Florence, Unité Mycoplasmodologie Bactériologie Antibiorésistance) l'émergence de tout nouveau mécanisme de résistance tel que l'identification d'une nouvelle méthylase chez *C. coli* associée à la résistance aux macrolides. Ceci pourra être reconduit si d'autres mécanismes sont identifiés au cours du prochain contrat.

-Projet CampySeq en collaboration avec le LNR *Campylobacter* : impact des différentes modalités de production et d'analyse de séquences génomiques sur le typage de souches de *Campylobacter jejuni* et *Campylobacter coli*.

Introduction et Objectif

La généralisation de l'utilisation du séquençage de génomes entiers (WGS) a contribué grandement à améliorer le sous-typage de *Campylobacter*. Cependant, les méthodes utilisées peuvent influencer les résultats de sous-typage. Dans cette étude, nous avons voulu évaluer l'impact de différentes procédures de WGS depuis l'extraction d'ADN jusqu'aux analyses bioinformatiques sur le sous-typage et « clustering » des souches de *Campylobacter*. Les procédures utilisées en routine pour les isolats cliniques par le Centre National de Référence (CNR) et pour les isolats des filières alimentaires par le Laboratoire National de Référence (LNR) ont été comparées.

Matériels et Méthodes

Seize souches ont été sélectionnées, 8 cliniques et 8 d'origine alimentaire. Les ADN ont été extraits selon 5 protocoles utilisés en routine (une extraction manuelle sur colonne, 4 extractions automatiques avec billes magnétiques et différents kits d'extraction), puis séquencés par la technologie Illumina sur 4 séquenceurs différents (iSeq 100, MiSeq, NextSeq et NovaSeq 6000).

Un ensemble de 160 génomes a ainsi été généré (16 souches x 10 combinaisons extraction*séquençage). Les séquences ont été assemblées, sous-typées (MLST) ou soumises à des analyses phylogénétiques (cgMLST, cgSNP) selon différents schémas proposés (Oxford, INNUENDO et Ridom SeqSphere) et avec les outils bioinformatiques propres au CNR ou au LNR. Les gènes de résistance aux antimicrobiens ont été recherchés par le CNR (pipeline interne) et par le LNR (ResFinder).

Résultats, discussion et conclusion

Les génomes générés à partir d'une même souche se regroupent toujours dans un même « cluster » avec 100 % de similarité (MLST, cgSNP), ou avec 1 à 2 allèles seulement de différence (cgMLST sous SeqSphere). Mais, des différences concernant les gènes de résistance aux antimicrobiens ont été mises en évidence, soit concernant leur dénomination ou plus grave, leur présence/absence. Ces résultats indiquent que le processus de production et d'analyse des séquences n'a pas d'impact sur la comparaison génomique des souches de *Campylobacter* mais uniquement sur la recherche de gènes spécifiques. Ces résultats sont rassurants quant aux performances du WGS et la complémentarité entre CNR et LNR lors d'enquêtes sur les toxi-infections alimentaires liées à *Campylobacter*.

Ce projet a été présenté sous la forme de poster lors du congrès de la SFM en septembre 2025 (Bordeaux) et fera l'objet d'une publication scientifique courant 2026.

-Autres collaborations scientifiques : présentées en annexe 3.

8. Programme d'activité pour les années suivantes

-Projets 2026-2027 concernant les Campylobacters et bactéries apparentées (hors NGS)

-Participer à l'évaluation de tous nouveaux kits de diagnostic (recherche d'antigènes, nouveaux kits ELISA etc...) ou PCR pour recherche des Campylobacters, notamment les PCR syndromiques. Des contacts ont déjà été pris avec les industriels.

-Continuer à élargir notre réseau de correspondants afin d'intégrer plus de laboratoires participants. Les CHU, CHG et laboratoires privés seront contactés. Notre objectif est de continuer à ne pas dépasser 6000 souches reçues par an afin de libérer du temps technicien au développement d'autres projets notamment NGS et d'évaluation de nouvelles techniques. Il faudra si besoin élargir le réseau Campy-net à quelques laboratoires hospitaliers et privés équipés de MALDI-TOF et participant activement à ce réseau.

-Continuer à mettre à jour et enrichir notre base maison du MALDI-TOF afin d'intégrer toutes nouvelles espèces de *Campylobacter sp*, *Aliarcobacter sp* (et *Helicobacter sp*).

-Mettre en ligne régulièrement sur notre site internet des vidéos de présentations des principales nouveautés épidémiologiques et diagnostiques destinées aux techniciens et biologistes intéressés par le diagnostic des infections à Campylobacters et Hélicobacters.

-Continuer à former à la demande tout personnel (biologiste, technicien...) au diagnostic bactériologique des infections à *Campylobacter sp*.

-Faire accréditer par le COFRAC la sérologie *C. jejuni*.

-Continuer à collaborer avec le CA-SFM et l'EUCAST.

-Continuer à collaborer avec les CNR européens (Campylobacters et *H. pylori*).

-Projets 2026-2027 concernant *H. pylori* et les Hélicobacters (hors NGS)

-Continuer le déploiement du réseau Hélico-net afin d'élargir encore la surveillance épidémiologique des infections à *H. pylori* en France ainsi que l'émergence de résistances aux antibiotiques.

-Synthétiser les données collectées en 2024 et 2025 du réseau Hélico-net sous la forme d'un article scientifique faisant le bilan des caractéristiques épidémiologiques, diagnostiques et de résistances des infections françaises à *H. pylori*.

-Participer à l'évaluation de tout nouveau kit de diagnostic (recherche d'antigènes, nouveaux kits ELISA etc...), PCR ou NGS pour recherche de *H. pylori*. Des contacts industriels sont en cours.

-Continuer à former à la demande, tout personnel (biologiste, technicien, étudiants français ou étrangers...) au diagnostic bactériologique des infections à *H. pylori*.

-Faire accréditer par le COFRAC la culture et les antibiogrammes de *H. pylori* ainsi que la recherche d'antigènes dans les selles.

-Suivre l'épidémiologie de l'infection à *H. pylori* en Guyane Française (publication scientifique en cours de finalisation).

-Finaliser conjointement avec IG Boneca, Institut Pasteur Paris, le projet en cours depuis 2021 de caractérisation des mutations responsables dans *pbp1* de la résistance à l'amoxicilline chez *H. pylori*.

-Participer à l'analyse de la base de données relative aux patients pris en charge pour une infection à *Helicobacter*

pylori en milieu hospitalier en France (diagnostic et traitement). Responsable Scientifique Dr Frédéric HELUWAERT / Hépatogastro-entérologue CH Annecy.

P Lehours sera associé à l'analyse des données microbiologiques recueillies.

-Projets en rapport avec l'activité NGS pour *Campylobacter*

-Mise en place début 2026 d'un nouvel outil bioinformatique de suivi des clones épidémiques des *Campylobacter* et transmission des éventuelles alertes à notre correspondante Mme Fanny Chéreau.

-Evaluation à l'aide des données NGS collectées depuis 2024 du virulome des *Campylobacter*.

-Nous continuerons : d'analyser régulièrement les génomes de souches de *C. jejuni* et *C. coli* résistantes ou multi-résistantes aux antibiotiques ; d'analyser par NGS les cas groupés d'infections à *Campylobacter* ; d'identifier les souches posant problème pour leur identification au MALDI-TOF ; identifier de nouvelles espèces ; de caractériser par NGS tout phénotype de résistance inhabituel.

-Standardisation des stratégies NGS : Nous continuerons comme par le passé à répondre favorablement à toute demande émanant notamment de l'ECDC, à participer à des groupes d'expertise pour la standardisation des stratégies NGS pour *Campylobacter sp* ainsi qu'à l'utilisation et l'actualisation des bases de données génomiques utilisées dans les pipelines bio-informatiques.

Nous entretenons également des liens étroits avec le CNR du Portugal et de Belgique et échangeons régulièrement avec eux sur l'émergence de nouveaux ST ou mécanismes de résistance.

-En 2026, le CNRCH prévoit une restructuration des outils NGS mis en place depuis les dernières années, dans le but de fluidifier la routine et les différentes analyses bio-informatiques réalisées. L'objectif global est de centraliser l'intégralité des outils et données au sein d'une même plateforme, accessible par tous les postes informatiques du laboratoire et tout le personnel du CNRCH. Cette plateforme permettra ainsi de :

- créer les nouvelles plaques de séquençage (côté techniciennes) ;
- suivre l'avancement des analyses NGS (séquences reçues et analysées) ;
- visualiser rapidement et modifier les résultats avec des droits d'accès hiérarchisés ;
- valider et clôturer les plaques de séquençage (côté biologistes) ;
- réaliser des statistiques sur l'intégralité des données NGS du CNRCH ;
- réaliser des analyses NGS de manière facile et ergonomique sans devoir maîtriser les outils bio-informatiques Linux ;
- rechercher des informations précises rapidement, etc...

Un suivi des ajouts et modifications effectués par chacun (i.e. logs) sera mis en place afin d'assurer la qualité des données lors de certifications et d'accréditations. Le développement de cette plateforme a d'ores et déjà commencé, ci-dessous quelques illustrations :

Liste des plaques de 2025 + NOUVELLE ANNÉE + NOUVELLE PLAQUE

0154-HENRIMONDOR-2025-P68

Résumé de la plaque 0154-HENRIMONDOR-2025-P68 :

- Mois : Décembre.
- Création : 29/12/2025.
- Clôture : 19/01/2026.

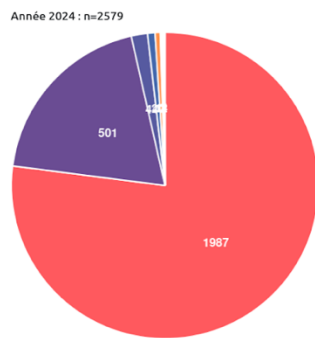
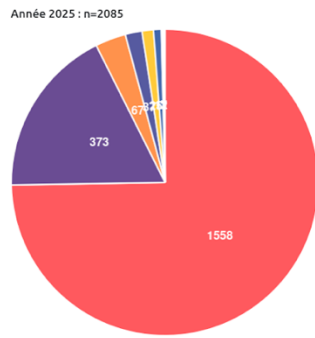
Afficher la plaque en détails

Résumé des échantillons (12)

ID Génome	Numéro GLIMS	Patient	MALDI-TOF	ANI	Score ANI	Fichiers	Analyses	Rapport
06608	251105651801	HENRIMONDOR	Helicobacter pylori	Helicobacter pylori	96.01%	■	■	📄
06609	251105651802	HENRIMONDOR	Helicobacter pylori	Helicobacter pylori	95.98%	■	■	📄
06610	251107796101	HENRIMONDOR	Campylobacter jejuni	Campylobacter jejuni	98.30%	■	■	📄
06611	251107795801	HENRIMONDOR	Campylobacter jejuni	Campylobacter jejuni	98.43%	■	■	📄
06612	251107797301	HENRIMONDOR	Campylobacter coli	Campylobacter coli	99.03%	■	■	📄
06613	251108444601	HENRIMONDOR	Campylobacter coli	Campylobacter coli	98.77%	■	■	📄
06614	251107796101	HENRIMONDOR	Campylobacter fetus	Campylobacter fetus	99.78%	■	■	📄
06615	251107797001	HENRIMONDOR	Campylobacter jejuni	Campylobacter jejuni	98.45%	■	■	📄
06616	251107797401	HENRIMONDOR	Campylobacter jejuni	Campylobacter jejuni	98.48%	■	■	📄
06617	251107179001	HENRIMONDOR	Campylobacter jejuni	Campylobacter jejuni	99.00%	■	■	📄

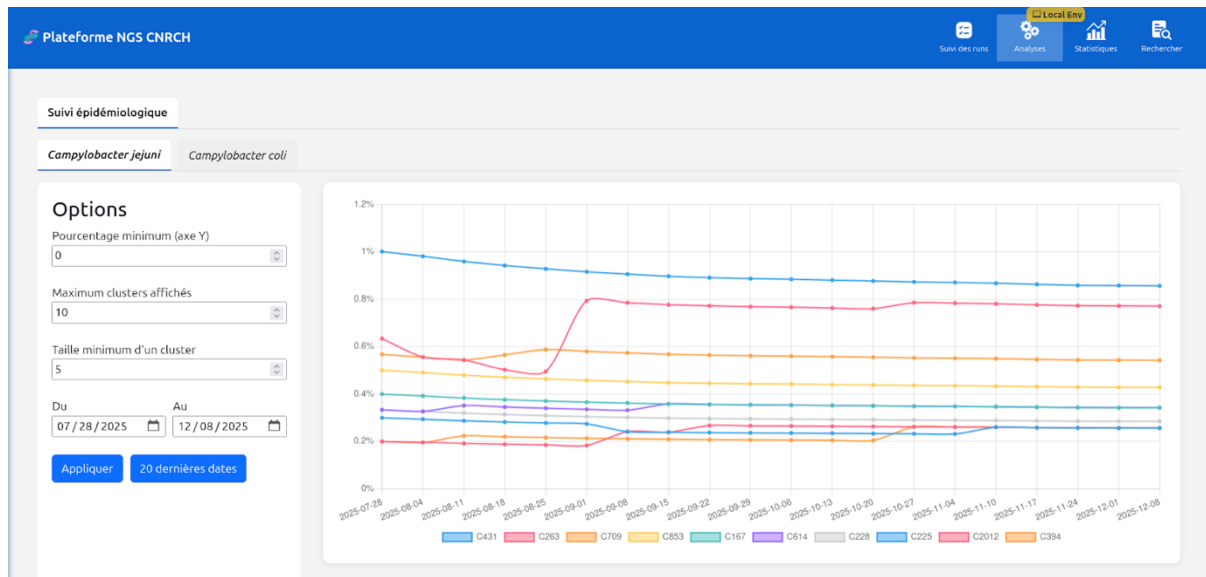
Données globales **Espèces séquencées** Mécanismes de résistance Attribution de sources

- Exclure
- Souches non-routine
 - Souches "à ignorer"
- Par genre
- Campylobacter
 - Alaricobacter
 - Helicobacter
- Par espèce
- Campylobacter jejuni
 - Campylobacter coli
 - Campylobacter fetus
 - Campylobacter lari
 - Helicobacter pylori
 - Alaricobacter butzleri
- Années de séquençage
- 2025
 - 2024
 - 2023
 - 2022
 - 2021
 - 2020
- Années de prélèvement
- 2025
 - 2024
 - 2023
 - 2022
 - 2021
 - 2020



Espèce	Total	Pourcentage
Campylobacter jejuni	1558	74.7%
Campylobacter coli	373	17.9%
Helicobacter pylori	67	3.2%
Campylobacter fetus	37	1.8%
Campylobacter lari	25	1.2%
Alaricobacter butzleri	17	0.8%
Alaricobacter cryaerophilus	2	0.1%
Campylobacter hyointestinalis	2	0.1%
Campylobacter ornithocola	2	0.1%
Campylobacter curvus	1	0.0%
Helicobacter cinaedi	1	0.0%

Espèce	Total	Pourcentage
Campylobacter jejuni	1987	77.0%
Campylobacter coli	501	19.4%
Campylobacter fetus	44	1.7%
Alaricobacter butzleri	20	0.8%
Helicobacter pylori	14	0.5%
Alaricobacter cryaerophilus	2	0.1%
Campylobacter curvus	2	0.1%
Campylobacter lari	2	0.1%
Campylobacter upsaliensis	2	0.1%
Campylobacter vicugnae	2	0.1%
Campylobacter hyointestinalis	1	0.0%
Helicobacter bilis	1	0.0%
Helicobacter cinaedi	1	0.0%



ID	Plaque	Espèce	CP	Origine	Date de prélèvement	GLIMS	CC	ST	Source	Mécanismes de résistances
02467	0047	Campylobacter jejuni	64410.0	Selles	25/05/2024	241050291901	443	51	Volaille	-
02651	0049	Campylobacter jejuni	41150.0	Selles	08/06/2024	241055549401	443	51	Volaille	-
02737	0050	Campylobacter jejuni	12700.0	Selles	10/06/2024	241056755401	443	51	Volaille	-
02741	0050	Campylobacter jejuni	37210.0	Selles	12/06/2024	241057823401	443	51	Volaille	-
02937	0052	Campylobacter jejuni	15000.0	Selles	17/06/2024	241060851001	443	51	Volaille	-
02828	0051	Campylobacter jejuni	64700.0	Selles	21/06/2024	241059369701	443	51	Volaille	-
02960	0052	Campylobacter jejuni	15340.0	Selles	21/06/2024	241060852201	443	51	Volaille	-
02949	0052	Campylobacter jejuni	65013.0	Selles	30/06/2024	241061592401	443	51	Volaille	-
03217	0058	Campylobacter jejuni	38690.0	Selles	03/07/2024	241066960501	443	51	Volaille	OXA-PROM-GSTT
03042	0054	Campylobacter jejuni	37220.0	Selles	05/07/2024	241064350301	443	51	Volaille	-
03247	0058	Campylobacter jejuni	7340.0	Selles	20/07/2024	241067272801	443	51	Volaille	-
03199	0057	Campylobacter jejuni	53500.0	Selles	22/07/2024	241068016501	443	51	Volaille	-
03208	0058	Campylobacter jejuni	15250.0	Selles	24/07/2024	241069311701	443	51	Volaille	-
03258	0058	Campylobacter jejuni	NR	Selles	25/07/2024	241069307102	443	51	Volaille	-
03259	0058	Campylobacter jejuni	46106.0	Sang	25/07/2024	241069307101	443	51	Volaille	-
03341	0060	Campylobacter jejuni	49360.0	Selles	25/07/2024	241069977701	443	51	Volaille	-
03652	0068	Campylobacter jejuni	38260.0	Selles	26/07/2024	241078475201	443	51	Volaille	-
03471	0064	Campylobacter jejuni	41800.0	Selles	08/08/2024	241073521901	443	51	Volaille	-
03555	0066	Campylobacter jejuni	44330.0	Selles	17/08/2024	241076082501	443	51	Volaille	-
03663	0067	Campylobacter jejuni	23400.0	Selles	18/08/2024	241077131601	443	51	Volaille	-
03728	0070	Campylobacter jejuni	87200.0	Selles	21/08/2024	241079581101	443	51	Volaille	-

1

-Projets NGS en lien avec les infections à *H. pylori*

-NGS appliquée aux souches de *H. pylori* : séquençage systématique à partir de Janvier 2026 de toutes les souches de *H. pylori* isolées au CNR de biopsies gastriques (ou reçues).

-Le CNRCH continuera à séquencer et surveiller toute souche présentant une résistance rare (rifampicine, tétracycline, amoxicilline).

-Activités de conseil, formation et information

Comme lors du précédent contrat, le CNRCH continuera à organiser des séminaires en distanciel (au minimum 2/an) à destination de nos correspondants et 1 fois par an en présentiel sous la forme de conférences d'actualisation (à Bordeaux ou à Paris).

Nous continuerons à répondre par téléphone ou par mail à toute demande de conseil à nos correspondants microbiologistes ou cliniciens.

Une veille de notre site internet est et sera effectuée par le personnel du CNR pour maintenir à jour et sous leur dernière version :

- les fiches d'envoi sous forme téléchargeable en format PDF ;
- les recommandations de réalisation des antibiogrammes ;
- nos publications les plus récentes ou tout document de vulgarisation disponibles à la diffusion publique ;
- les annonces de formations organisées par le CNRCH ;
- les annonces de congrès.

Nous continuerons à répondre aux demandes des médecins et du public, à recevoir des stagiaires, à donner des conférences et à publier des articles de vulgarisation dans des journaux nationaux et internationaux.

Nous continuerons, en collaboration avec le Groupe d'Etude Français des Hélicobacters, à faire évoluer les recommandations françaises de diagnostic et de prise en charge des infections à *H. pylori*.

Notre CNR continuera à participer à l'organisation scientifique de congrès microbiologiques et cliniques en lien avec nos activités. Nous continuerons à accepter toutes sollicitations d'organisation de congrès.



Nos correspondants ayant accepté de figurer sur ce rapport en tant que partenaires du CNR et membres du dispositif de surveillance des infections à *Campylobacter* et/ou *Helicobacter*

Plateau technique de microbiologie OUILAB Biosphère	Laboratoire Eurofins Biomnis, Lyon, France
Laboratoire Interlabo-Unilabs	Département des agents infectieux, laboratoire de Bactériologie, CHU de Caen
Laboratoire Biopteam, Bourg en Bresse	Laboratoire de microbiologie Clinique, Hôpital Universitaire Necker Enfants Malades AP-HP Centre Paris
Laboratoires de Biologie Médicale B2A	Laboratoire de microbiologie, Hôpitaux Civils de Colmar
Laboratoire du Centre hospitalier intercommunal Toulon-La Seyne sur mer	Laboratoire de microbiologie, CHRU de Nancy
Groupement Biologique des Carmes, Caen	Centre Hospitalier de Saint-Denis (93), laboratoire de microbiologie
MEDILAB-Group	Plateau de microbiologie, BIOGROUP Rhône-Alpes, Bourgogne-Franche Compté
Laboratoire de Bactériologie CHU Orléans	Laboratoire BIO 86
CH Ancey Genevois	Laboratoire de Biologie, Hôpital Saint-Joseph Saint-Luc Lyon
Laboratoire Inovie Bioaxiome Avignon	BIO-VSM LAB
Laboratoire Inovie CBM	Laboratoire de microbiologie, Centre Hospitalier Inter Communal Nord-Ardennes
Laboratoire Synlab Bioliance	Bactériologie bi site Saint-Louis Lariboisière, Laboratoire associé au CNR des IST bactériennes, Paris
Laboratoire de Biologie Médicale NOVABIO	Laboratoire de microbiologie - Centre Hospitalier de Valenciennes
Laboratoire de Biologie Médicale, Biopole, Pau	Service de Bactériologie-Hygiène, Centre de Biologie Pathologique Génétique, CHU de Lille
Laboratoire de Biologie Médicale du GH du Centre Bretagne, Pontivy	Laborizon Centre Biogroup
Laboratoire Delest Dubos, Landes	Laboratoire du CHI Elbeuf-Louviers- Val de Reuil
Laboratoire de Biologie Médicale de Saint-Benoit, Île de La Réunion	Laboratoire de Biologie Médicale, Centre Hospitalier Pierre Oudot, Groupement Hospitalier Nord-Dauphiné
Laboratoires Mlab	Laboratoire Centre Hospitalier de Cholet
Laboratoire Océalab, Vannes	Service de Biologie, Centre Hospitalier d'Antibes Juan Les Pins
Laboratoire du Centre Hospitalier d'Alès-Cévennes, Gard	Laboratoire du Centre Hospitalier de Dax-Côte d'argent
Laboratoire de Biologie Médicale, CH d'Angoulême	Département des agents infectieux, U1070 PHAR2 INSERM, Université de Poitiers, CHU de Poitiers
Laboratoire Inter Hospitalier de Biologie d'Aubagne, La Ciotat	Laboratoire de microbiologie, Centre Hospitalier d'Avignon
Laboratoire de Biologie Médicale du Centre Hospitalier d'Ardèche Méridionale, Aubenas	Synlab Auvergne
Laboratoire d'Avranches, GHT Mont-Saint-Michel	BIOPTIMA
Laboratoire du Centre Hospitalier Bagnols-sur-Cèze, Hôpital Louis Pasteur	Service de microbiologie du centre Hospitalier Intercommunal Aix-Pertuis
Laboratoire de Bactériologie, CHU de Besançon	Laboratoire du Centre Hospitalier d'Albi
Laboratoire de Bactériologie, CHU de Brest	Unité de Bactériologie, Département de Prévention, Diagnostic et Traitement des Infections, GHU Henri Mondor, Créteil
GCS hospitalier Ingres Quercy, CH de Cahors	Unité de Bactériologie et Hygiène hospitalière, Hôpital Trousseau, Service de Bactériologie-Virologie-Hygiène CHRU de Tours
Laboratoire du Centre Hospitalier de Cambrai	GCS Biologie 85
Laboratoire de Biologie Médicale, CH de Grasse	Service de Biologie Clinique, Hôpital Foch, Suresnes
Laboratoire de Biologie Médicale, CH de Guéret	Laboratoire BIOXA
Service de Biologie Médicale CH Sud Gironde - Site de Langon	LBM Bioalliance, réseau SYNLAB France
GCS de la Mayenne	GHT Yvelines Nord, CHI de Poissy
Laboratoire de microbiologie, Pôle Biologie Pathologie, CH Le Mans	Laboratoire de Biologie Médicale - Centre Hospitalier Métropole Savoie
Laboratoire du Groupe Hospitalier Bretagne Sud, Lorient	CHU de Rennes - Hôpital Pontchaillou - Service de Bactériologie - Hygiène hospitalière
Laboratoire de Bactériologie - Virologie - Hygiène, CHU de Limoges	Service de Bactériologie - Hygiène, CHU de Toulouse
Plateau de microbiologie - Instituts des Agents Infectieux - Hospices Civils de Lyon	Laboratoire du Centre Hospitalier des Pays de Morlaix
Laboratoire CH de Mayotte	Laboratoire du Centre Hospitalier d'Abbeville
Laboratoire de Biologie Médicale, Hôpital François Quesnay, Mantes-La-Jolie	Laboratoire de Bactériologie et Contrôles microbiologiques du CHU de Nantes
Laboratoire de Bactériologie, CHU de Montpellier	Laboratoire de Bactériologie-Virologie-Hygiène du CHU de REIMS
Laboratoire de Bactériologie, Hôpital Archet, CHU de Nice	Centre Hospitalier Mémorial France Etats-Unis de Saint-Lô
Laboratoire Inter Hospitalier de Biologie de Vaucluse, CH d'Orange	Laboratoire du Centre Hospitalier de Boulogne-sur-Mer
Laboratoire de microbiologie, CHU d'Orléans	Laboratoire Biogroup SELAS CBM 25
Institut Louis Malardé, Papeete	Service de Bactériologie-Virologie-Hygiène, Hôpital Bretonneau CHRU de Tours
Laboratoire de Bactériologie, Pr L. Armand, CHU Bichat Claude Bernard, Paris	Laboratoire Commun de Biologie du GHT Béarn et Soule, plateau technique de microbiologie Est, CH de Pau
Laboratoire de Biologie Médicale de l'Union Hospitalière de Cornouailles	Laboratoire Unilabs Biolab, Chalon sur Saône
Laboratoire du Centre Hospitalier de Saint-Brieuc, Paimpol et Tréguier	LBM Synlab SYLAB
Service des Agents Infectieux et d'Hygiène, Laboratoire de Bactériologie, CHU de Saint-Etienne	Laboratoire du Centre Hospitalier de Roubaix
Laboratoire de Biologie, CH Tarbes et Lourdes	Laboratoire de microbiologie, Centre Hospitalier de Troyes
Laboratoire de Bactériologie et Hygiène hospitalière, CHU Grenoble Alpes	Laboratoire du Centre Hospitalier de Saumur
Laboratoire de Biologie du Grand Hôpital de l'Est Francilien	Laboratoire de Biologie Médicale, CHI de Créteil
Inovie Labosud Montpellier	Groupement des Hôpitaux de l'Institut Catholique de Lille
Service de Bactériologie-Hygiène, CHU de Bicêtre	Laboratoire de Bactériologie - Centre Hospitalier de Cayenne
Service de Bactériologie, Centre de Biologie, CHU de Clermont-Ferrand	Laboratoire des Hôpitaux Nord-Ouest - Villefranche-sur-Saône
Service de Bactériologie - HvgièneHôpital Antoine Bécère - AP-HP Université Paris Saclav	Laboratoire Varlot. Louhans

1. Annexe 1 : Missions & organisation du CNR

1.1 Missions du CNR et de ses éventuels laboratoires associés

Les missions du CNR n'ont pas évolué par rapport au dossier de candidature de renouvellement du CNR. Le CNR *Campylobacter* et *Helicobacter* s'engage à assurer les missions définies par le décret no. 2016-806 du 16 juin 2016 relatif aux centres nationaux de référence pour la lutte contre les maladies transmissibles et par l'arrêté de mars 2022 fixant le cahier des charges des centres nationaux de référence pour la lutte contre les maladies transmissibles.

Il sera en outre particulièrement demandé à notre CNR les missions suivantes :

1.1.1 Pour *Campylobacter*

1. Expertise

- en développant et en améliorant les techniques de typage moléculaire ;
- en participant à la standardisation des méthodes diagnostiques et de typage par l'implication dans un réseau d'expertise et de surveillance internationale ;
- en identifiant et en typant les souches ;
- en testant la sensibilité des souches de *Campylobacter* aux antibiotiques, en lien avec le CNR des résistances aux antibiotiques ;
- en contribuant au suivi de l'évolution de la résistance aux antibiotiques ;
- en contribuant à l'élaboration de recommandations concernant les techniques d'isolement et de typage ;
- en contribuant à la formation des laboratoires de biologie médicale de ville et hospitaliers ;
- en collaborant avec les organismes nationaux compétents dans le domaine de *Campylobacter* chez l'animal, et notamment le LNR *Campylobacter*.

2. Conseil

- pas d'exigences particulières par rapport au cahier des charges général.

3. Contribution à la surveillance épidémiologique, en lien avec l'agence nationale de santé publique

- en constituant et maintenant un réseau de laboratoires permettant de fournir pour chaque espèce, des données sur l'évolution et les caractéristiques des cas ;
- en contribuant à l'investigation de cas groupés par l'identification et la comparaison des souches isolées chez l'homme et dans le véhicule suspecté à l'origine des cas groupés ;
- en collaborant aux réseaux de surveillance internationaux et en particulier européens notamment dans le cadre de l'application de la directive zoonoses 2003/99/CE.

4. Contribution à l'alerte

- en signalant à l'agence nationale de santé publique tout événement inhabituel : augmentation du nombre de cas, apparition de cas groupés, modification des formes cliniques (répartition, modification de leur expression clinique, formes inhabituelles), apparition d'un nouveau phénotype de résistance, etc.

1.1.2 Pour *Helicobacter*

1. Expertise

- en identifiant et en caractérisant les souches, notamment en termes de résistance aux antibiotiques ;
- en développant, évaluant et/ou aidant à la diffusion des techniques diagnostiques.

2. Conseil

- pas d'exigences particulières par rapport au cahier des charges général.

3. Contribution à la surveillance épidémiologique, en lien avec l'agence nationale de santé publique

- en surveillant la résistance aux antibiotiques des souches.

4. Contribution à l'alerte

- pas d'exigences particulières par rapport au cahier des charges général.

1.2 Organisation du CNR et de ses éventuels laboratoires associés

La responsabilité scientifique du CNR des Campylobacters et des Hélicobacters est portée par le Pr Philippe Lehours. Il est secondé depuis mai 2025 par le Dr Moeava Martin (AHU au laboratoire de Bactériologie du CHU de Bordeaux).

Conformément à notre dossier de candidature :

-la gestion du CNR restera au CHU de Bordeaux ;

-les stratégies de séquençage haut débit de génomes bactériens et l'utilisation d'outils bioinformatiques innovants vont continuer leur développement ;

-la surveillance épidémiologique en lien avec l'agence nationale de santé publique qui a toujours constitué le cœur de l'activité du CNRCH est reconduite grâce au réseau des correspondants de laboratoires privés et hospitaliers historiquement construit.

Notre CNR est administrativement et géographiquement basé sur un site unique, le CHU de Bordeaux, qui assurera l'ensemble des missions.

Ressources humaines

-Responsables scientifiques

Philippe Lehours, 57 ans, Pharmacien Biologiste (PU-PH) (ETPT : 0,2). P Lehours a commencé à s'intéresser aux bactéries des genres *Campylobacter*/*Helicobacter* en novembre 1999 lors de sa prise de fonction au CHU de Bordeaux. Il a été désigné comme responsable adjoint dès 2004 puis est devenu en 2017 directeur scientifique.

-Personnel scientifique et technique affecté au CNR

Lucie Bénéjat, 43 ans, Master 2, Ingénieur hospitalière, (CDI, ETPT : 1), recrutée en 2011. Elle est responsable du développement technologique notamment moléculaire. A ce titre, elle supervise la PCR de routine de détection de *H. pylori*. Elle a développé au cours du dernier contrat une expertise en analyse de spectres obtenus par spectrométrie de masse MALDI-TOF. Elle est la référente biologie moléculaire du CNRCH et référente qualité (CAQ). L Bénéjat encadre les stagiaires au CNR, supervise le personnel technique.

Quentin Jehanne, 35 ans, Ingénieur hospitalier, PhD, bioinformaticien (CDI, ETPT : 1) qui a en charge toutes les analyses bioinformatiques en lien avec les projets de séquençage de génomes bactériens.

Astrid Ducournau, 34 ans, Technicienne hospitalière (CDI, ETPT : 1) a été recrutée en 2013. Elle participe au travail de routine (identification, antibiogramme, biologie moléculaire), aux différents protocoles en cours ainsi qu'au maintien des documents qualité. Elle est depuis 2023 CAQ.

Johanna Aptel, 26 ans, Technicienne hospitalière (CDD, ETPT : 1) a été recrutée en 2022 suite au départ de Marine Bouhier. Elle participe au travail de routine (identification, antibiogramme, biologie moléculaire) ainsi qu'aux différents protocoles en cours.

Marie Taymont, 44 ans, Technicienne hospitalière (CDD, ETPT : 0,5) s'occupe de la qualité pour participer à l'accréditation des activités du CNRCH.

Un(e) technicien(ne) du laboratoire de bactériologie du CHU de Bordeaux (ETPT : 1) participe au travail de routine des souches de *Campylobacters* reçues du réseau hospitalier (Campy.hop) et aux cultures de *H. pylori*. Le cadre du laboratoire de bactériologie du CHU de Bordeaux participe à l'encadrement administratif du personnel du CNRCH (Mme Séverine Larue, ETPT : 0,05). Enfin, une technicienne, Mme Léa Reybard, du pôle de Biologie Pathologie du CHU de Bordeaux, participe à la préparation des milieux de culture « maison » du CNRCH (ETPT : 0,2).

Erick Keisler, 59 ans, Adjoint administratif du CNRCH, CDI (ETPT : 0,8) participe au rendu des résultats du CNR, au suivi des envois extérieurs, aux statistiques d'activités du CNR, à l'écriture des rapports, aux nombreux contacts email et téléphoniques, aux saisies sur Campy-net et à la maintenance de notre site internet. En l'absence du secrétaire, l'ensemble du personnel biologique et technique participe aux réponses des appels téléphoniques. Les appels

concernant les conseils extérieurs en antibiothérapie ou autres types de conseils sont tracés et transmis systématiquement aux biologistes responsables.

L'organigramme du CNR pour la période 2026-2027 est indiqué ci-après.

Fonction	Nom	Qualification	Statut	ETPT
Responsable scientifique	Philippe Lehours	PharmD, PhD	PU-PH	0,2
Biologiste	Moeava Martin	MD	AHU	0,1
Ingénieur hospitalier	Lucie Bénéjat	M2	CDI	1
Ingénieur hospitalier	Quentin Jehanne	PhD	CDI	1
Technicienne	Astrid Ducournau	BTS	CDI	1
Technicienne	Johanna Aptel	BTS	CDD	1
Techniciens(nes)	X pool de 8 techniciens habilités	BTS	Titulaires	1
Technicienne	Léa Reybard	BTS	Titulaire	0,2
Technicienne Qualité	Marie Taymont	BTS	CDD (40%)	0,5
Secrétaire	Erick Keisler	BTS	CDI (80%)	0,8
Cadre de Santé	Séverine Larue	BTS	Titulaire	0,05

X= (pool des techniciens du laboratoire de Bactériologie du CHU Pellegrin)

1.3 Locaux et équipements

Les locaux principaux du CNR (Laboratoire de Bactériologie du CHU Pellegrin) sont composés de deux pièces techniques et du bureau administratif, soit une surface totale proche de 70 m² dont les 2/3 sont destinées aux activités techniques.

S'y ajoutent une pièce contenant 6 congélateurs à -80°C à la disposition du CNR, une laverie, une pièce de préparation des milieux et l'accès à de nombreuses plateformes techniques de l'hôpital (spectrométrie de masse MALDI-TOF, SIROrion, PCR en temps réel, séquençage) mais aussi de l'Université (protéomique, imagerie, animalerie A2). Les locaux de l'équipe 4 de l'U1312 UMR BRIC, à laquelle ce CNR est adossé, sont également utilisés par le personnel du Centre. Ils sont situés sur le site de l'Université (site de Carreire, Bâtiment BBS) à moins de 200 mètres du laboratoire hospitalier principal.

Les équipements au niveau du laboratoire principal du CNRCH sont constitués de :

- une enceinte microaérobie Concept-M400 (Ruskin Technology Ltd.) remplacée en 2017 ;
- un appareil Anoxomat (MART) et des jarres adaptées ;
- un automate d'extraction d'ADN Arrow (NorDiag) ;
- un lecteur de plaque ELISA (acheté en 2020) ;
- un inoculateur multipoint (pour CMI en milieu gélosé) (acheté en 2020) ;
- un appareil de PCR temps réel, le CFX96 Biorad (acheté en 2020 et mis à disposition sur le Plateau de Biologie Moléculaire du CHU de Bordeaux) ;
- un appareil de PCR syndromique, le BD MAX de Becton Dickinson, loué en 2020 pour 2 ans par le CNR et mis à disposition du laboratoire de Bactériologie du CHU Pellegrin ;
- un PSM ThermoFisher (remplacé en 2020) ;

- un microscope équipé d'une caméra (Olympus)
- une étuve à 35°C (remplacée en 2020);
- deux combinés réfrigérateur-congélateur ;
- cinq ordinateurs connectés au SIL et au réseau du CHU de Bordeaux ;
- un photocopieur/imprimante/scan/fax acheté en 2018 et remplacé en 2021 et 2026 ;
- un congélateur à -20°C ;
- 6 congélateurs à -80°C (New Brunswick Scientific).

Les étuves et congélateurs sont reliés au système de surveillance de la température MySirius géré par le CHU de Bordeaux. La cartographie des enceintes est réalisée par le service de Métrologie du CHU de Bordeaux.

Nous avons accès au PTBM du CHU de Bordeaux aux appareils de PCR temps réel dont le LC480 (Roche) sur lequel nous réalisons les PCR temps réel *H. pylori* ainsi qu'un CFX96 (Biorad) acheté par le CNRCH.

Nous avons accès au SIRScan Orion (I2A) aux 2 MALDI-TOF (Bruker) du laboratoire de Bactériologie du CHU de Bordeaux, au plateau de biologie moléculaire du CHU et à celle du Département Sciences Biologiques et Médicales (Université de Bordeaux) pour réaliser nos PCR en temps réel.

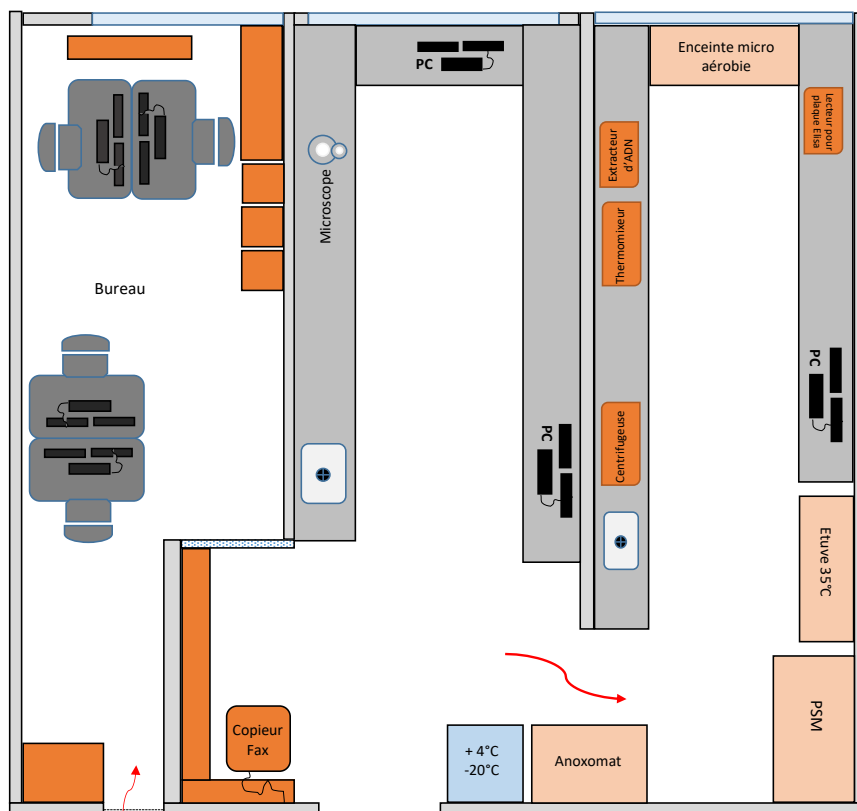


Figure : Plan simplifié des locaux du CNRCH.

Station de travail pour les analyses bioinformatiques

En parallèle d'une augmentation de l'activité de séquençage dès le début de l'année 2024, une augmentation du temps et des besoins d'analyses bioinformatiques a été résolue par l'achat d'une nouvelle station de travail par le CNR, permettant l'exécution automatisée et accélérée du pipeline *Campylobacter* développé par Quentin Jehanne, sollicité chaque semaine, à la réception des fichiers de séquençage. Elle est aussi adaptée aux multiples travaux de recherches actuels et à venir, ainsi qu'à l'hébergement des différentes applications web utilisées au CNR, telles que les plateformes NGS et PCR *Helicobacter pylori*.

Enfin cette station de travail est utilisée conjointement avec le CNR IST (Pr C Bébéar).

1.4 Collections de matériel biologique

Ces collections ont été présentées dans les Activités biologiques, paragraphe 2.4.

En 2025, nous avons transféré 337 souches de *Campylobacter sp* de l'année 2021 vers le Centre de Ressources Biologiques (CRB) du CHU de Bordeaux : 181 issues d'hôpitaux et 156 de laboratoires privés. Elles ont été sélectionnées selon les critères suivants et habituels (cf tableau ci-dessous).

Critères	Laboratoires privés	Hôpitaux
Espèces autres que <i>C. jejuni</i> et <i>C. coli</i>	32	101
<i>C. jejuni</i> et <i>C. coli</i> issus d'hémocultures	1	7
Prélèvements autres que selles et hémocultures	0	6
<i>Campylobacters</i> résistants à l'érythromycine	26	15
Souches séquencées par NGS	97	52
Total	337	

1.5 Démarche qualité du laboratoire

Afin de garantir le bon déroulement de l'activité et le respect des délais de rendu des résultats, le CNRCH réalise régulièrement des extractions informatiques permettant de produire des indicateurs de performance. En 2025, l'ensemble des indicateurs était conforme aux engagements annoncés sur le site internet du CNR.

En revanche, une augmentation du taux de souches mortes, supérieure à la moyenne annuelle habituelle de 7,4 %, a été observée en 2025, atteignant 9,2 %. Cette hausse, constatée dès le mois de juillet, a conduit à la mise en place d'un indicateur qualité supplémentaire pour l'ensemble des correspondants du réseau *Campylobacter* ; le premier calcul a été réalisé en août 2025. Lorsque le taux dépassait 9 %, les correspondants concernés ont été contactés par téléphone et par courriel. Ces échanges ont permis d'identifier d'éventuelles difficultés et de rappeler les modalités de préparation et d'envoi des souches de *Campylobacter spp.*

Le CNR prévoit par ailleurs de reconduire les études sur la viabilité des souches de *Campylobacter* acheminées dans le milieu de conservation Bio-Rad (REF 63683), en portant une attention particulière aux conditions de durée et de température de transport. Enfin, bien que le nombre de souches reçues au CNRCH soit resté stable jusqu'en 2025, les réorganisations et nouvelles procédures mises en place au sein du réseau de laboratoires privés, privilégiant les déclarations via *Campy-net*, laissent envisager une diminution des envois à partir de 2026. Dans ce contexte, chaque souche reçue devient précieuse pour les études et travaux de recherche du CNRCH. Il est donc essentiel d'en maximiser la viabilité, d'autant que leur préparation, leur transport et leur analyse représentent des coûts significatifs.

EEQ/CIL :

Programme EEQ	Examen	Méthode	Nb.	No. conformes
ECDC	*Identification (souche) <i>Campylobacter</i> sp + antibiogramme	MALDI-TOF + diffusion en milieu gélosé	5	5
QCMD	PCR <i>H. pylori</i>	PCR temps réel	10	10
Labquality	PCR <i>H. pylori</i>	PCR temps réel	6	6
INSTAND	PCR <i>H. pylori</i>	PCR temps réel	8	8
Ring Test (CIL)	Culture <i>H. pylori</i> + identification antibiogramme	Milieu sélectif maison, identification conventionnelle, CMI par Etest	7	7
LabQuality	Détection des antigènes de <i>H. pylori</i> dans les selles	Détection immunochromatographique	6	6
INSTAND	Sérologie <i>C. jejuni</i>	ELISA	2	2

Contrôle qualité NGS de l'ECDC

Chaque année, un contrôle qualité du séquençage NGS et du pipeline bioinformatique *Campylobacter* du CNRCH est évalué par le biais du groupe de travail FWD AMR-ReflabCap (<https://www.fwdamr-reflabcap.eu>) de l'ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control). Les laboratoires nationaux de références doivent ainsi analyser une sélection de souches de *Campylobacter* sp. dans le but d'harmoniser, au sein de l'Union Européenne, la détection de l'espèce ainsi que la surveillance de la résistance aux antibiotiques.

En Juin 2025, le contrôle a été réalisé à partir de 5 échantillons, dont 3 *C. coli* et 2 *C. jejuni*.

Tableaux. Résultats du pipeline *Campylobacter* du CNRCH sur les génomes du contrôle qualité ECDC 2025.

ID	Espèce ANI	Score ANI	CC	ST
CQE-2025-01	<i>C. coli</i>	98.833	828	828
CQE-2025-02	<i>C. coli</i>	98.862	828	12073
CQE-2025-03	<i>C. jejuni</i>	98.369	52	52
CQE-2025-04	<i>C. jejuni</i>	98.408	464	464
CQE-2025-05	<i>C. coli</i>	98.837	828	7125

ID	AMP	CIP	ERY	TET	GEN	KAN	STR	SPC
CQE-2025-01	OXA-G57T	GyrA-T86I	23S-A2075G	tet(O-32-O)	APH(2'')-Ib;AAC(6)-Ib	APH(3')-IIIa	SAT-4	
CQE-2025-02		GyrA-T86I		tet(O-32-O)		APH(3')-IIIa	SAT-4;ANT(6)-If-aadE	ANT(9)-Ic-aad9
CQE-2025-03		GyrA-T86I	23S-A2075G					
CQE-2025-04	OXA-G57T	GyrA-T86I		tet(O-32-O)				
CQE-2025-05			23S-A2075G	tet(O)			ANT(6)-Ig	

Haut : données globales; Bas : détection moléculaire de la résistance aux antibiotiques.

Concernant l'identification de l'espèce par séquençage (méthode par Average Nucleotide Identity ou ANI) ainsi que la détermination du typage CC et ST par la méthode MLST (MLST : MultiLocus Sequence Typing; CC : Clonal Complex; ST : Sequence Type), les valeurs obtenues par le CNRCH sont toutes conformes aux attentes.

Concernant les gènes associés aux différentes résistances, une erreur a toutefois été notée et corrigée : l'absence du gène aph(2'')-IIa pour l'échantillon 01 pour la résistance à la gentamicine. Le CNRCH a toutefois rendu la bonne prédiction, "NWT", pour cet antibiotique de par la présence systématique d'un autre gène associé à cette même résistance. Le gène aph(2'')-IIa a été depuis rajouté dans notre base d'analyse du résistome des *Campylobacter*.

Enfin, toutes les mutations identifiées comme associées à la résistance aux antibiotiques ont été également validées. Cependant, l'ECDC attendait que soit rendu la mutation rplV-A103V pour les échantillons 02, 03 et 05. Cette mutation,

associée par quelques publications à la résistance aux macrolides, n'est pas recherchée par le pipeline *Campylobacter*, car l'association mutation/résistance n'est pas prouvée.

Malgré ces deux légers écarts, la qualité du rendu de résultats au CNRCH, que ce soit pour l'identification de l'espèce, le typage moléculaire et la résistance aux antibiotiques, est cette année encore quasi parfaite.

Projets pour l'année 2026 :

L'accréditation se poursuit et sera élargie avec l'ajout de nouveaux examens. Une demande d'extension est prévue pour inclure la culture, l'identification et l'antibiogramme de *H. pylori*, ainsi que l'ajout de la sérologie de *Campylobacter* et des antigènes de *H. pylori* dans les selles. L'objectif est d'atteindre une accréditation de toutes les techniques pour la fin du contrat en cours.

2. Annexe 2 : Capacités techniques du CNR

2.1 Liste des techniques de référence

Les éléments surlignés en gris correspondent aux techniques qui sont ou seront accréditées prochainement.

Pour Campylobacters et bactéries apparentées (Aliarcobacters), les techniques disponibles sont :

- culture, identification standard (Gram, catalase, oxydase, etc...) et par galerie Api Campy ;
- identification au niveau de l'espèce par spectrométrie de masse MALDI-TOF (E. Bessède *et al.*, 2011) ;
- antibiogramme standard par diffusion et détermination des CMI par Etest ou par dilution en milieu gélosé ;
- PCR standard pour *C. jejuni* et *C. coli* ;
- PCR en temps réel pour *C. jejuni*, *C. coli* et *C. fetus* ciblant le gène *gyrA* ainsi que pour *A. butzleri* et *A. cryaerophilus* ;
- PCR syndromiques à partir d'échantillons de selles sur appareil BD MAX (Becton Dickinson) ;
- séquençage de l'ADNr 16S pour identification ;
- PCR en temps réel pour la recherche des mutations à l'origine de la résistance des Campylobacters aux macrolides à partir de souches ou de selles ;
- étude de marqueurs épidémiologiques de typage par RAPD, par MLST ou par séquençage de génome (NGS) ;
- recherche d'antigènes de *Campylobacter sp* dans des prélèvements de selles : tests immunochromatographiques rapides ou test ELISA ;
- sérologie *Campylobacter jejuni* par ELISA ;
- «pipeline» d'analyses bioinformatiques appliquées à l'étude des génomes de Campylobacters.

Pour *H. pylori*, les techniques disponibles sont :

- culture sur milieu gélosé et identification phénotypique standard ;
- PCR en temps réel basée sur le gène de l'ADNr 23S pour détecter *H. pylori* et les mutations à l'origine de la résistance à la clarithromycine selon la technologie développée au laboratoire (Oleastro M *et al.*, 2003). La détection de ces mutations est également disponible si besoin, à l'aide de PCR temps réel commerciales ;
- antibiogramme de *H. pylori* ;
- PCR en point final (puis séquençage) de détection des mutations associées aux résistances aux fluoroquinolones (QRDR du gène *gyrA*), amoxicilline (*pbp1*), rifamycines (*rpoB*) et tétracycline (ADNr 16S) ;
- PCR en point final de détection des principaux facteurs de virulence de *H. pylori* (*cagA*, génotypes de *vacA*, etc..) ;
- PCR en point final puis séquençage de l'ADNr 16S pour le genre *Helicobacter*, idem pour les gènes *gyrA* et *hsp60* dans un but phylogénétique ;
- analyse de genome de *H. pylori* (résistome, virulome, classification MLST) ;
- typage du résistome et du virulome de *H. pylori* par technique DNA Capture au sein de biopsies gastriques et biopsies incluses en paraffine ;
- sérologie par chimioluminescence (LIAISON® *H. pylori* IgG, commercialisé par Diasorin).
- recherche de *H. pylori* dans des prélèvements de selles : tests immunochromatographiques rapides.

2.2 Liste des techniques recommandées par le CNR

- Techniques recommandées pour la recherche d'infection à *Campylobacter sp*

La détection des *Campylobacter sp* fait partie des bactéries à rechercher systématiquement au cours des diarrhées infectieuses de plus de 48h au même titre que la détection de Salmonelles car la fréquence des Campylobacters, à l'origine d'infection intestinale, excède celles des Salmonelles dans notre pays.

Elle est donc indiquée notamment dans le cas de diarrhée aiguë sévère (hémorragique, syndrome dysentérique) ou rebelle (persistant plus de trois jours), aux âges extrêmes de la vie, en cas de terrain fragile, au retour d'un voyage en pays tropical et en cas de toxi-infection alimentaire collective.

La recherche des *Campylobacter sp* est le plus souvent réalisée à partir de selles ou d'hémocultures. D'autres prélèvements peuvent éventuellement permettre la culture de ces bactéries (liquides biologiques, biopsies) de manière fortuite ou orientée par l'examen microscopique.

Méthodes directes

-Coproculture :

Du fait de la fragilité des *Campylobacter sp*, les selles doivent être acheminées en moins de 2h au laboratoire ou conservées dans un milieu de transport de type Cary-Blair modifié avec de l'agar à une température comprise entre + 2°C et + 8°C.

La culture est effectuée sur un milieu riche et sélectif qui absorbe les radicaux oxygénés libres toxiques : milieu au sang (Skirrow, Butzler, par exemple) ou au charbon (Karmali, par exemple). Des milieux commerciaux existent, chromogènes ou non.

Bien que les *Campylobacter* thermotolérants (*C. jejuni* et *C. coli* notamment) aient une température optimale de culture à 42°C, il est recommandé d'incuber les boîtes à environ 35°C. Ceci est extrêmement important car, d'une part, cette température n'a pas de conséquence négative sur la culture de *C. jejuni* et *C. coli* (les 2 principales espèces isolées) et, d'autre part, elle permet la culture de *C. fetus*, de *Aliarcobacter sp* et d'autres espèces de *Campylobacter sp* plus rares.

L'incubation est réalisée impérativement en atmosphère microaérobie (en sachet, en jarre ou en enceinte dédiée) et les géloses doivent être incubées immédiatement après ensemencement. Les cultures sont observées après 24h, 48h et 72h d'incubation.

Les colonies de *Campylobacter* sont petites, lisses, luisantes, souvent étalées ou en nappe. L'identification au niveau du genre peut être faite sur la morphologie incurvée ou spiralée au microscope et sur la présence d'une oxydase.

L'identification au niveau de l'espèce a été historiquement réalisée à l'aide de tests phénotypiques simples (hydrolyse de l'hippurate pour *C. jejuni* par exemple). Cependant, ces tests ont perdu de leur intérêt depuis la généralisation de l'identification bactérienne par spectrométrie de masse de type MALDI-TOF dans les laboratoires. L'identification par spectrométrie de masse MALDI-TOF est particulièrement performante pour l'identification des *Campylobacter*. La spectrométrie de masse MALDI-TOF permet d'identifier des genres et espèces difficilement accessibles par les tests d'identification conventionnels, notamment : *Campylobacter lari*, *Campylobacter upsaliensis*, les *Campylobacter* « anaérobies » (*Campylobacter ureolyticus* notamment), les *Aliarcobacter* et les *Hélicobacter* entérohépatiques dont, pour certains, la pathogénie est proche des *Campylobacter* (notamment *Helicobacter pullorum*, *Helicobacter cinaedi*). L'identification systématique par spectrométrie de masse (méthode rapide et peu coûteuse) de plusieurs colonies (y compris d'aspect atypique) poussant sur les milieux sélectifs, augmente le taux de détection.

-Recherche dans les selles par méthode immunoenzymatique ou moléculaire :

Des tests ELISA et des tests immunoenzymatiques rapides sont maintenant commercialisés pour la détection de *Campylobacter sp* dans les selles. Les tests ELISA disponibles sur le marché ont une bonne concordance avec la PCR en temps réel. Ces tests sont plus sensibles que la culture tout en ayant une bonne spécificité. Leur inconvénient est d'être limité à la seule recherche de *C. jejuni* et *C. coli* et non aux autres *Campylobacter sp* et bactéries apparentées. Aussi, les tests ELISA commercialisés ont été recommandés pour la recherche de *Campylobacter sp* lors de tests réalisés pour des transplantations fécales. Les tests rapides immunoenzymatiques ont également une bonne sensibilité et spécificité (5 à 20% de tests isolément positifs par rapport à la culture). Ils pourraient être utilisés en routine comme tests de dépistage avant culture. Cependant, ces tests sont à réserver à des populations cibles à forte prévalence potentielle d'infection à *Campylobacter* : diarrhées communautaires aiguës fébriles.

La recherche par amplification génique est maintenant commercialisée dans des trousse multiplexées permettant la détection de nombreux entéropathogènes dont *C. jejuni* et *C. coli*. Ce type d'approche est réalisé en routine dans certains laboratoires équipés notamment d'appareil de PCR multiplex syndromiques. L'extraction de l'ADN ne pose en général pas de problème car la charge bactérienne en *Campylobacter spp.* est importante, à condition d'utiliser un kit d'extraction adapté à l'élimination d'inhibiteurs de PCR souvent présents dans les selles. La PCR en temps réel est plus sensible que la culture et permet d'obtenir des résultats rapides. Les tests multiplexés permettent maintenant une stratégie de tri rapide des selles positives. Une interprétation clinico-biologique des résultats peut être réalisée après évaluation des performances de ces tests avec celle de la culture. Aucun test à ce jour n'inclut la détection de *C. fetus* et des *Aliarcobacter*.

-Hémocultures et autres prélèvements :

L'utilisation de flacons d'hémoculture utilisant des systèmes de détection automatiques de la croissance bactérienne a permis d'améliorer la détection des bactériémies à *Campylobacter sp.* Les flacons dont l'examen microscopique évoque la morphologie de *Campylobacter spp.* doivent être repiqués en atmosphère microaérobie.

En dehors des épisodes digestifs, les infections systémiques à *Campylobacter sp* surviennent surtout chez les personnes âgées ou fragiles. Elles sont à l'origine d'une mortalité importante (15%) notamment celles à *C. fetus*.

Méthode indirecte

Le sérodiagnostic n'a d'intérêt qu'en cas de pathologie post-infectieuse de type arthrite ou syndrome de Guillain-Barré. Il peut se faire par ELISA (dosage des IgG ou IgM).

Antibiogramme des *Campylobacters*

L'antibiogramme est réalisé par la méthode de diffusion en milieu gélosé selon les critères proposés par le CA-SFM et harmonisés en fonction des critères proposés par l'EUCAST (CA-SFM/EUCAST 2018) :

-milieu MH-F : Mueller-Hinton + 5% sang de cheval défibriné et 20 mg/L de β -NAD ;

-inoculum : 0,5 McFarland ;

-incubation : atmosphère microaérobie, $35 \pm 2^\circ\text{C}$, 48h ;

-lecture : mesurer les diamètres d'inhibition directement face à la boîte, couvercle retiré, éclairée par une lumière réfléchie. Ne pas tenir compte des images « fantômes » au sein des zones d'inhibition ;

-contrôle de qualité : *Campylobacter jejuni* ATCC 33560.

La résistance aux macrolides reste limitée, celle à l'amoxicilline-acide clavulanique ainsi qu'à la gentamicine est exceptionnelle.

Toute résistance observée à l'amoxicilline-acide clavulanique doit être vérifiée, d'une part, en vérifiant l'identification du genre et de l'espèce (confusion possible avec *Aliarcobacter sp*) et d'autre part en testant la sensibilité sur un autre lot de disques ou, à défaut, par bandelettes à gradient de concentration.

Des valeurs limites spécifiques (diamètre et CMI) doivent être utilisées pour déterminer la sensibilité de *C. fetus* aux fluoroquinolones, celles pour *Aliarcobacter sp* ne sont pas encore disponibles. Pour les *Aliarcobacter* les « cut-offs » utilisés pour les Entérobactéries sont recommandés pour catégoriser la sensibilité à l'ampicilline, amoxicilline-acide clavulanique, ciprofloxacine et gentamicine. Les macrolides et les tétracyclines ne sont plus catégorisés.

Les valeurs critiques sont indiquées dans les recommandations du CA-SFM.

-Techniques recommandées pour le diagnostic d'infection à *H. pylori*

Ces méthodes sont classées en « invasives » ou « non invasives », selon qu'elles nécessitent ou non des biopsies de la muqueuse gastrique antrale et fundique pratiquées au cours d'une fibroscopie gastro-duodénale.

Méthodes invasives

Ce sont les méthodes les plus sensibles et spécifiques. L'association des examens histologiques et des techniques bactériologiques (détection moléculaire ou culture) permet d'une part le dépistage des lésions pré-néoplasiques (atrophie, métaplasie, dysplasie) et néoplasiques (cancer, lymphome) et d'autre part la détection spécifique de la bactérie et la détermination de son profil de résistance aux principaux antibiotiques.

-Test rapide à l'uréase

Cette méthode est adaptée à une recherche rapide en salle d'endoscopie dès les biopsies effectuées. La forte activité uréasique de *H. pylori* est détectée en plaçant un fragment biopsique dans le milieu réactionnel d'une trousse commerciale ad hoc. La lecture doit être effectuée en 1h. Sa sensibilité est de 80%, sa spécificité de 95%. Ce test est réalisé sous la responsabilité de l'endoscopiste et à sa charge. Le principal intérêt de ce test est de permettre la mise en œuvre immédiate d'un traitement probabiliste en cas de résultat positif. Il n'est pas inscrit à la NABM.

-Examen anatomo-pathologique

C'est la méthode de détection la plus répandue. La fixation des biopsies par le formol assure une conservation et un transport simple et pratique vers le laboratoire d'anatomopathologie. La qualité des biopsies obtenues, leur nombre (5 sont recommandées) et l'expertise de l'examineur conditionnent les performances de cet examen. Sa valeur ajoutée est de visualiser la gastrite associée à l'infection et les lésions ou complications associées (atrophie, métaplasie,

dysplasie, cancer, lymphome). Cela permet de classer la gastrite selon le score de Sydney (systèmes OLGA et OLGIM). L'autre avantage est de permettre la visualisation, de par leur morphologie caractéristique, de bactéries du genre *Helicobacter* rattachées au groupe Heilmannii comportant des espèces non ou très difficilement cultivables.

-Examen bactériologique standard

Prélèvement, transport

Au cours de l'endoscopie gastrique, plusieurs biopsies sont prélevées dans l'antré à environ 3 cm du pylore et au niveau du tiers supérieur du fundus. Les échantillons doivent être adressés rapidement au laboratoire en utilisant un milieu de transport spécifique à +4°C (milieu Portagerm Pylori, bioMérieux) : le délai de transport doit être idéalement de 24h. Une autre solution est de congeler les biopsies en Portagerm à -20°C ou -80°C ou immédiatement dans un tube sec à acheminer en carboglace ou en azote liquide.

Broyage des biopsies

Il est conseillé de broyer les biopsies avec du matériel jetable (microtube + pilon) dans un bouillon nutritif.

Examen microscopique

Le produit de broyage est étalé en frottis sur une lame colorée par la méthode de Gram. *H. pylori* apparaît comme un bacille incurvé, ou spiralé à Gram négatif. La sensibilité de l'examen microscopique est de 75%.

Mise en culture

C'est la méthode la plus spécifique. Elle permet de déterminer la sensibilité de la bactérie isolée aux antibiotiques. Sa sensibilité peut atteindre 95% si les étapes de la phase pré-analytique sont optimales. Ses inconvénients sont liés aux exigences du transport des biopsies au laboratoire et au délai prolongé de réponse car cette bactérie a une croissance lente.

Le broyat est ensemencé sur un milieu constitué d'une base gélosée (milieux cœur-cervelle, Columbia, Wilkins-Chalgren ou Brucella, par exemple) additionnée de 10% de sang (mouton, cheval ou humain). Des suppléments sélectifs sont utilisés pour inhiber la croissance de contaminants occasionnels. Des géloses prêtes à l'emploi sont commercialisées par bioMérieux ou par Becton Dickinson, elles présentent une bonne sensibilité et une bonne sélectivité.

L'incubation est réalisée rapidement en atmosphère microaérobie, humide, à environ 37°C +/- 2°C. En primoculture, les colonies n'apparaissent pas avant 3 jours. Les primocultures doivent être incubées 10-12 jours avant d'être déclarées négatives. Dès l'apparition d'une pousse bactérienne, les colonies doivent être repiquées afin d'éviter l'apparition rapide de formes coccoïdes non subcultivables.

L'identification de l'espèce est facile sur les critères d'exigence culturale (microaérobie), de par l'aspect incurvé ou spiralé au Gram et de la présence d'une activité uréasique, oxydasique et catalasique. La spectrométrie de masse MALDI-TOF utilisant les bases de données commerciales ne permet pas de façon certaine l'identification de *H. pylori* du fait de la grande diversité des souches rencontrées.

Selon les recommandations HAS de 2017, la gastroscopie avec envoi des biopsies pour examen histopathologique et culture (+/-PCR) est recommandée en première intention pour les patients avec symptômes orientant vers une pathologie digestive haute notamment :

-syndrome ulcéreux ;

-dyspepsie chez un patient > 40-45 ans et/ou en cas de symptômes d'alarme (dont dysphagie, amaigrissement, anémie) ;

-anémie ferriprive ou carence en vitamine B12 sans cause trouvée ;

-patients avec facteurs de risque de cancer gastrique : personnes > 40-45 ans, apparentées à un patient ayant eu un cancer gastrique ;

-autres facteurs de risque : lymphome gastrique du MALT ;

-intervention bariatrique prévue.

Détermination de la sensibilité aux antibiotiques

L'antibiogramme est réalisé par la méthode de diffusion en milieu gélosé selon les critères proposés par le CA-SFM et harmonisés en fonction des critères proposés par l'EUCAST (CA-SFM/EUCAST 2020) :

-milieu MH-10% sang de cheval, MH-F ou gélose Schaedler vit K1 ;

-inoculum : 3 McFarland ;

-incubation : atmosphère microaérobie, 36°C +/- 1, 48h à 72h. Si la culture est insuffisante après 48h, réincuber

immédiatement et effectuer une lecture après 72h d'incubation ;
-lecture : mesurer les CMI à l'intersection de l'ellipse d'inhibition avec la bandelette de Etest. Ne pas tenir compte des images « fantômes » au sein des zones d'inhibition ;
-contrôle de qualité : *Helicobacter pylori* CCUG 17874.

Selon les recommandations du Groupe d'Etude Français des Hélicobacters, du CNR Helicobacter et du CA-SFM, les antibiotiques qui doivent être testés (en CMI uniquement) sont la clarithromycine et la lévofloxacine. Il n'est pas nécessaire de tester l'amoxicilline car cette résistance est rare, ni le métronidazole du fait du manque de reproductibilité des résultats de CMI et de sa signification clinique limitée. La sensibilité à la tétracycline et aux rifamycines peut être testée en seconde intention bien que les résistances soient rares.

Les valeurs critiques sont indiquées dans les recommandations du CA-SFM.

Détection moléculaire

La PCR en temps réel permet de façon beaucoup plus rapide que la culture la détection spécifique de *H. pylori* à partir des biopsies gastriques. Des trousse diagnostiques, commercialisées et performantes, sont disponibles et donnent un résultat en 2 à 4h. La sensibilité est supérieure à celle de la culture. L'automatisation de l'extraction en facilite la réalisation. Ces trousse renseignent toutes sur la présence de l'infection et des mutations associées à la résistance aux macrolides. La PCR est remboursée depuis décembre 2022.

Une trousse utilisant une PCR multiplex suivie d'une hybridation sur bandelette est aussi disponible et permet la recherche des mutations associées à la résistance aux fluoroquinolones en plus des macrolides.

L'application de stratégies NGS pour la détection du résistome et du virulome de *H. pylori* représente pour les années à venir une révolution dans le diagnostic de cette infection.

Méthodes non invasives

-Test respiratoire à l'urée marquée

Ce test est basé sur l'activité uréasique de *H. pylori*. Il détecte la production de CO₂ marqué au carbone 13 à partir d'urée ¹³C ingérée par le patient. Le test doit être réalisé à jeun, avant tout traitement ou au moins 4 semaines après la fin d'un traitement antibiotique et à 2 semaines de l'arrêt des inhibiteurs de la pompe à protons. Le ¹³CO₂ est détecté dans l'air expiré, juste avant et 30 min après l'ingestion de l'urée marquée, par spectrométrie de masse ou infrarouge. Les prélèvements sont adressés aux laboratoires équipés sans condition particulière de transport. La sensibilité et la spécificité de ce test dépassent 95%. Il est particulièrement recommandé pour le contrôle de l'efficacité du traitement d'éradication. Le ¹³C étant un isotope naturel non radioactif, ce test peut être réalisé sans danger chez l'enfant et les femmes enceintes. Ce test est remboursé depuis décembre 2022 en primo diagnostic et en contrôle de traitement d'éradication.

-Sérologie

De nombreuses trousse diagnostiques utilisant les techniques ELISA, chimiluminescence ou Western-blot sont commercialisées. Cependant, 4 ELISA seulement ont une sensibilité et une spécificité supérieures à 90% selon une étude de l'ANSM (ex-AFSSAPS) et sont donc recommandées. A l'opposé, les tests de diagnostic rapide immunochromatographiques et ceux utilisant de la salive ou des urines ne sont pas recommandés du fait de leurs performances médiocres. La sérologie est peu coûteuse et de réalisation facile. Elle est recommandée comme test diagnostic en cas d'ulcère hémorragique, d'utilisation récente d'inhibiteur de la pompe à protons (IPP), d'antibiotiques ou en cas de charge bactérienne faible (atrophie gastrique et lymphome du MALT) car les autres tests peuvent être faussement négatifs. En outre, elle ne permet pas de distinguer une infection active d'une infection ancienne à cause de la persistance fréquente des anticorps après un traitement antibiotique efficace. Elle n'est donc pas utilisée pour le contrôle d'éradication. L'HAS recommande la sérologie comme test diagnostic de première intention dans les cas suivants :

Personnes ou patients sans symptôme digestif :

-< 40-45 ans, apparentés à un patient ayant eu un cancer gastrique ;

-ou avec antécédent d'ulcère sans preuve d'éradication de *H. pylori* (y compris avant prise d'AINS ou d'aspirine à faible dose) ;

-ou avec purpura thrombopénique immunologique.

En cas de positivité, il est recommandé de pratiquer une endoscopie avec envoi de biopsies pour culture et PCR.

-Recherche de *H. pylori* dans les selles

H. pylori est éliminé dans les selles sous forme non viable, ce qui rend possible la détection de son ADN par amplification génique. La limite de cette recherche est la présence d'inhibiteurs de la Taq polymérase dans les échantillons. A ce jour aucun format de PCR commercial n'est adapté pour la détection sur selles à la fois de la bactérie et des mutations associées à la résistance aux macrolides (Donnars A. Diagn Microbiol Infect Dis. 2025 Feb 25;112(2):116771. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2025.116771. Online ahead of print. PMID: 40043336.)

Une autre méthode de recherche est la détection d'antigènes spécifiques de cette bactérie par technique ELISA ou immunochromatographique dans les selles. Les tests utilisant des anticorps monoclonaux doivent être utilisés. La sensibilité et la spécificité de ces tests sont légèrement inférieures à celles du test respiratoire à l'urée marquée. Ils sont donc recommandés pour le contrôle d'éradication quand le test respiratoire n'est pas disponible ou peu praticable (enfants). La recherche d'antigènes dans les selles est remboursée depuis décembre 2022 en primo diagnostic et en contrôle de traitement d'éradication.

3. Annexe 3 : Autres informations (non destinées à être rendues publiques)

3.1 Permanence du CNR ¹

Cf Annexe 3

3.2 Autorisations MOT ²

Cf Annexe 3

3.3 Autorisations d'exercer la biologie médicale

Cf Annexe 3

3.4 Résultats de recherches non encore publiés ou sous embargo

Cf Annexe 3

3.5 Difficultés rencontrées par le CNR au cours de l'année N, y compris en termes de mise à disposition de la subvention versée par Santé publique France

Cf Annexe 3

3.6 Liste des activités menées par le CNR en lien avec des entreprises ou établissements industriels ou commerciaux dont les produits entrent dans le champ d'expertise du CNR

Cf Annexe 3

1 Ces informations seront conservées exclusivement par Santé publique France aux seules fins de contacter un CNR en cas d'urgence ; elles ne seront pas rendues publiques.

2 Micro-Organismes et Toxines de la liste prévue à l'article R. 5139-1 du code de la santé publique. La liste des MOT est actuellement fixée par l'arrêté du 30 avril 2012 modifié par les arrêtés du 6 novembre 2014 et par l'arrêté du 2 octobre 2015.

3.7 Autres remarques à destination du comité des CNR

Cf Annexe 3