Composante de surveillance de la résistance aux antimicrobiens chez l'humain du PICRA

RAM chez *Salmonella* et *Campylobacter* – Résultats de 2025

Présenté par Kathryn McDonald, MPH

Semaine mondiale de sensibilisation à la résistance aux antimicrobiens

19 novembre 2026

Ordre du jour

- Mise en contexte
- *Salmonella*
- *Campylobacter*
- Questions

Méthodes d'évaluation de la RAM

Méthode principale

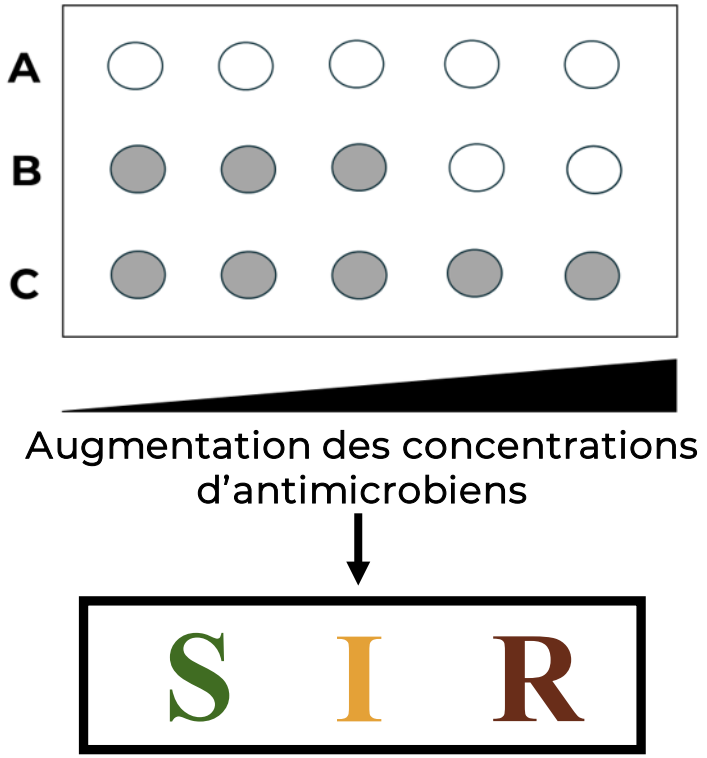
Séquençage du génome entier (SGE)



Phénotypes prédits sur la base des gènes de résistance et/ou des mutations identifiées.

Méthode complémentaire

Microdilution en bouillon



Méthodes d'interprétation de la RAM

Données sur la RAM

(obtenues par SGS ou microdilution en bouillon)

Pour la **CIPROFLOXACINE**: La prédiction génotypique de la résistance aux antimicrobiens ne permet pas de distinguer les isolats résistants des isolats intermédiaires à partir des gènes de résistance et des mutations détectés.

Déclarer comme non sensible

I/R

Pour **TOUS LES AUTRES ANTIMICROBIENS VALIDÉS**: La prédiction génotypique de la résistance aux antimicrobiens permet de distinguer les isolats sensibles/intermédiaires des isolats résistants à partir des gènes de résistance et des mutations détectés.

Déclarer comme résistant

R

Note : Les catégories « non sensible à la ciprofloxacine » et « résistant à la ciprofloxacine » sont toutes deux désignées comme « résistant à la ciprofloxacine » dans le reste de la présentation.

Descriptions de la RAM et des différentes couleurs utilisées tout au long de la présentation

Description	Résistance (%)	Couleur
20 isolats ou moins	N'importe quel pourcentage	
Rare	< 0,1 %	
Très faible	0,1 % à 1 %	
Faible	> 1 % à 10 %	
Modérée	> 10 % à 20 %	
Élevée	> 20 % à 50 %	
Très élevée	50 % à 70 %	
Extrêmement élevée	> 70 %	

https://www.efsa.europa.eu/fr/efsajournal/pub/7867

Définitions de déclaration de la RAM

- Multirésistance aux médicaments(MRM)
  - Résistance à au moins trois classes d'antimicrobiens

- Ultrarésistance (XDR)*
  - *Salmonella* typhique :
    - Résistance à :
      - Ceftriaxone
      - Ciprofloxacine
      - Triméthoprime-sulfaméthoxazole
      - Ampicilline
  - *Salmonella* non typhique :
    - Résistance à :
      - Azithromycine
      - Ceftriaxone
      - Ciprofloxacine
      - Triméthoprime-sulfaméthoxazole
      - Ampicilline

* Les mesures d'ultrarésistance (XDR) sont uniquement déclarées pour les données de la RAM chez *Salmonella*.

Salmonella chez l'humain

Public Health Agency of Canada
Agence de la santé publique du Canada

Canada

La plupart des infections à *Salmonella* non typhique ne nécessitent PAS de traitement antimicrobien.

- Les *Salmonella* non typhiques ont un réservoir animal alors que les *Salmonella* typhiques n'en ont pas

- Les infections à *Salmonella* non typhique provoquent le plus souvent une diarrhée qui guérit spontanément
  - Le traitement par antimicrobiens n'est ni nécessaire ni recommandé

- Un traitement antimicrobien est envisagé :
  - Lorsque les signes cliniques sont graves ou prolongés
    - Plus de six épisodes diarrhéiques par jour, diarrhée sanglante, diarrhée durant plus d'une semaine, fièvre persistante
  - Lorsque le patient est immunodéprimé
  - Lorsque le patient présente un risque accru d'infection invasive

- La culture et le test de sensibilité aux antimicrobiens aident à guider le traitement. Les options de traitement comprennent la ciprofloxacine, la ceftriaxone, l'azithromycine, le triméthoprime-sulfaméthoxazole ou l'ampicilline

bugsanddrugs.org/CFF1EDAF-526D-4B32-852A-25E3E7F1872E
IDSA 2017 Clinical Practice Guidelines for the Diagnosis and Management of Infectious Diarrhea

Les infections invasives à *Salmonella* nécessitent un traitement antimicrobien.

- Les infections à *Salmonella* typhique provoquent le plus souvent des infections sanguines

- Les infections invasives, y compris les infections sanguines, peuvent survenir lors d'infections à *Salmonella* non typhique, mais elles sont moins fréquentes que les infections gastro-intestinales

    - Un traitement aux antimicrobiens est nécessaire

    - La culture et le test de sensibilité aux antimicrobiens aident à guider le traitement. Les options de traitement comprennent la ceftriaxone, la ciprofloxacine, l'azithromycine, l'ampicilline ou le triméthoprime-sulfaméthoxazole

bugsanddrugs.org/67b9e5cb-60f4-4b35-8581-374bd4c4cdbb
IDSA 2017 Clinical Practice Guidelines for the Diagnosis and Management of Infectious Diarrhea

***Salmonella* a le taux d’incidence le plus élevé parmi les agents pathogènes entériques suivis par le PNSME.**

- Taux d’incidence de *Salmonella* au Canada en 2025

	* Taux d’incidence pour 2025 (cas/100 000 habitants)
Total pour *Salmonella*	16,64
Salmonella non typhique	15,34
Salmonella typhique	1,18

* Les taux d’incidence pour 2025 sont préliminaires et susceptibles d’être modifiés lors de la validation finale des données

Source des données – Programme national de surveillance des maladies entériques (PNSME) – Canada.ca

La surveillance passive de *Salmonella* chez l'humain par le PICRA fait état de variations temporelles et régionales dans la prévalence de la RAM.

- La déclaration des infections à *Salmonella* est obligatoire par le biais de notifications par les laboratoires des maladies à déclaration obligatoire au Système national des maladies à déclaration obligatoire
  - Toutefois, l'envoi des isolats de *Salmonella* aux laboratoires de référence provinciaux est volontaire et passif

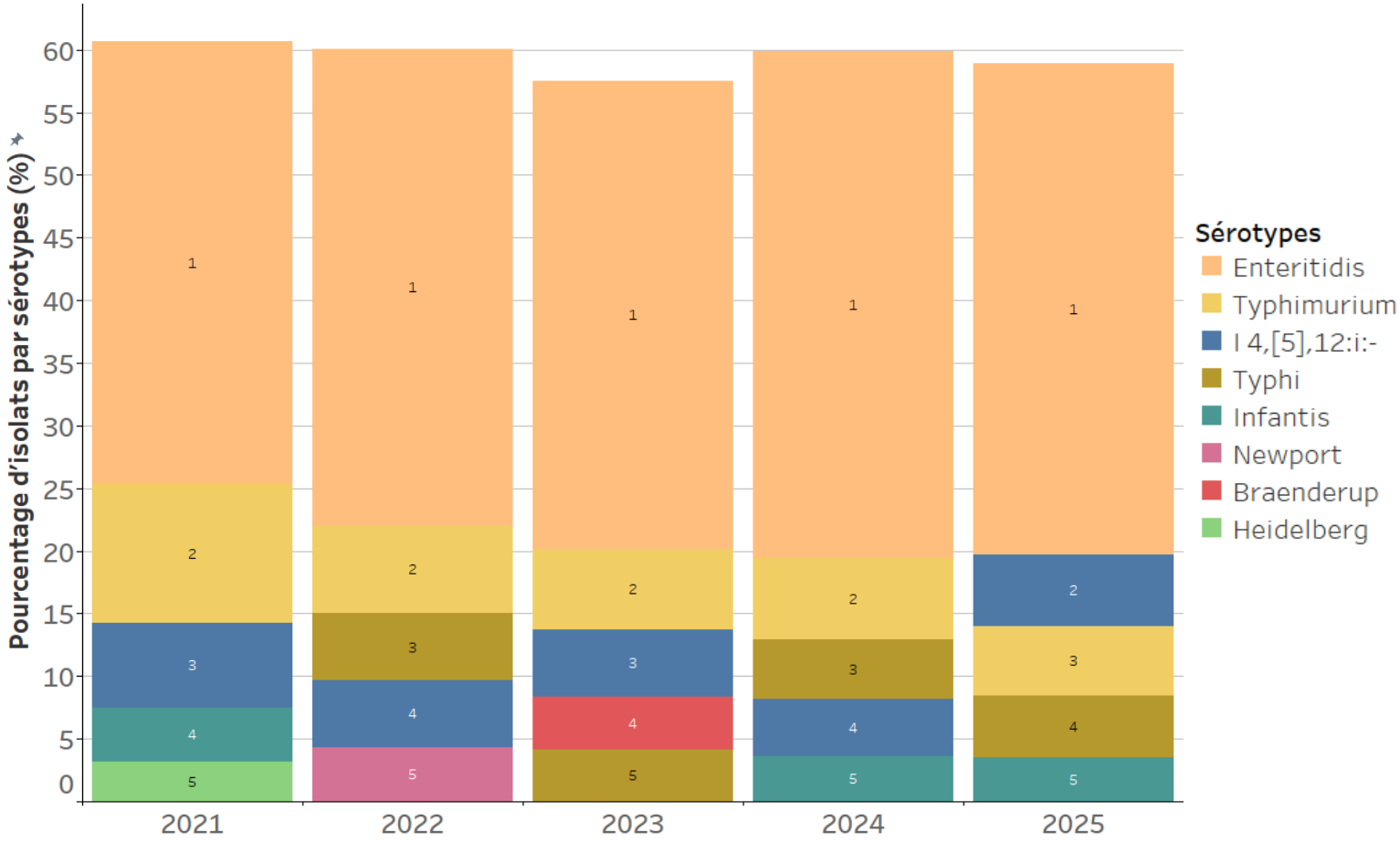
- Les isolats font l'objet d'un séquençage du génome entier
  - Sérotypage prédictif avec SISTR
  - Prédiction de la RAM à l'aide de StarAMR
    - Validé pour 14 antimicrobiens dans 11 classes d'antimicrobiens (2021 à aujourd'hui)

- Les données de 2021 à 2025 sont présentées

S. Enteritidis est le sérotype le plus fréquent au niveau national depuis 2005; le classement des autres sérotypes varie d'une année à l'autre.

- En 2025, 39 % des isolats détectés étaient des *S.* Enteritidis

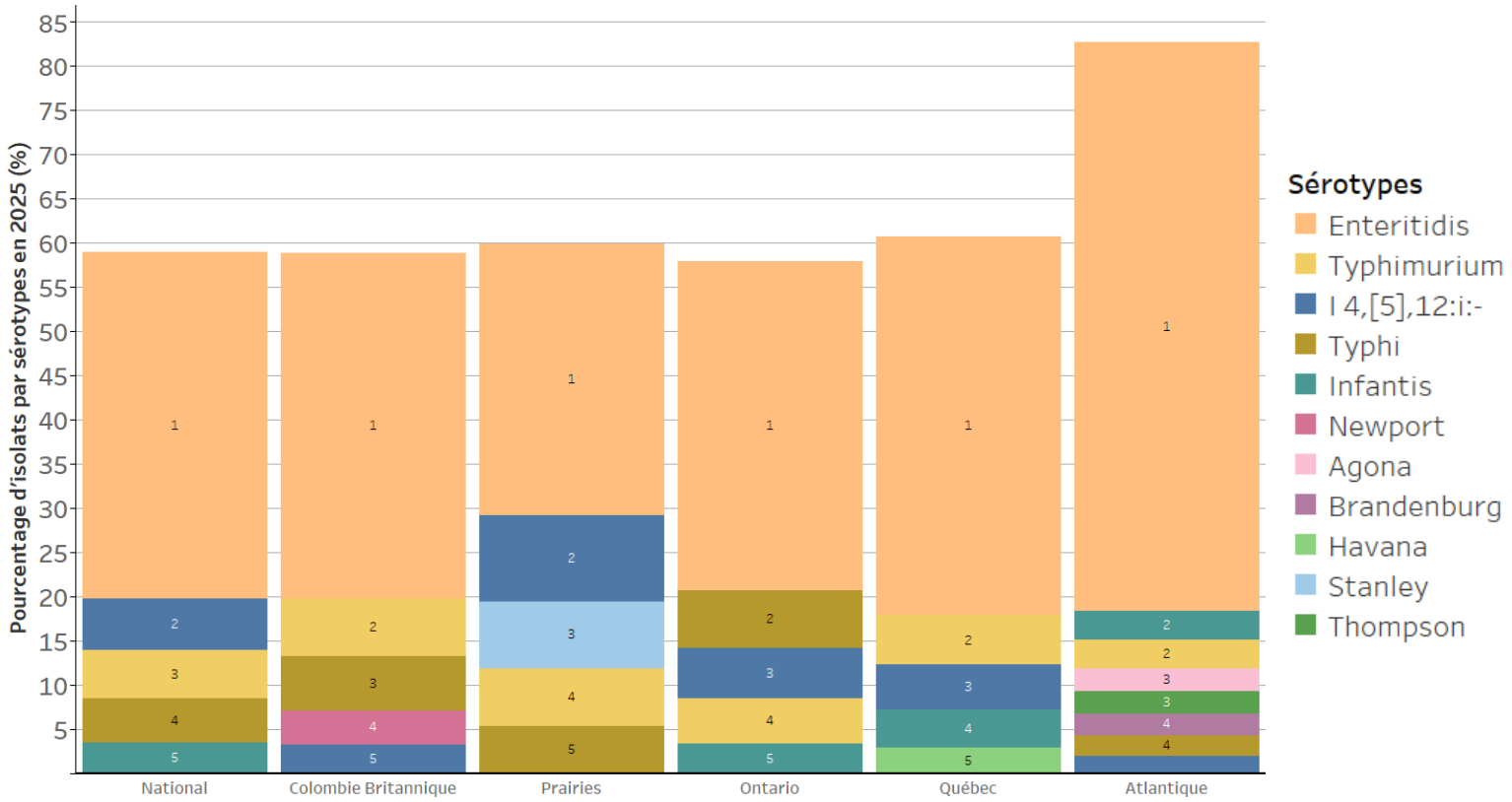
- Il existe des différences temporelles dans la fréquence des sérotypes



S. Enteritidis était le sérotype prédominant dans l'ensemble des régions en 2025; le classement des autres sérotypes variait selon la région.

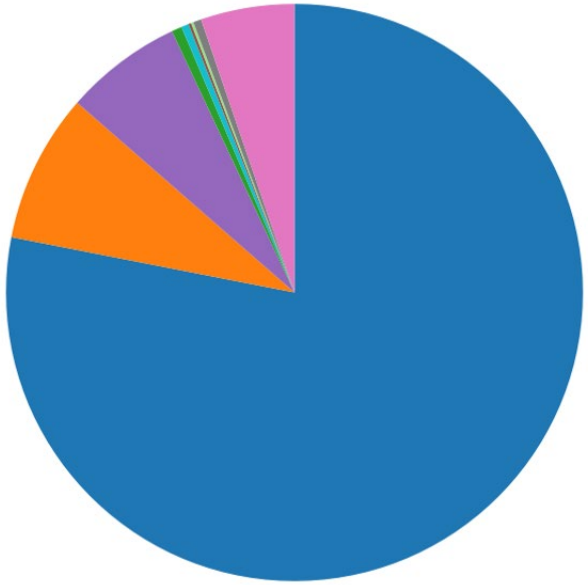
- *S.* Enteritidis était le principal sérotype dans toutes les régions en 2025

- Il existe des différences régionales dans la fréquence des sérotypes



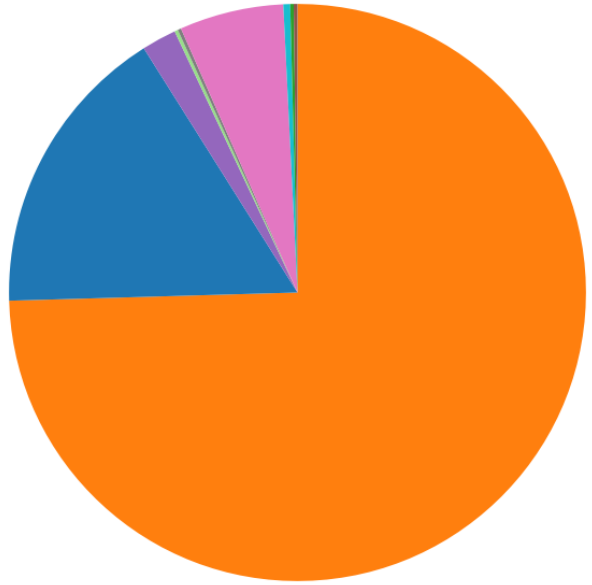
Les *Salmonella* non typhiques proviennent généralement d’infections non invasives, alors que les *Salmonella* typhiques proviennent généralement d’infections invasives.

- Les *Salmonella* non typhiques proviennent principalement d’infections gastro-intestinales (78 % de selles en 2025)





- Les *Salmonella* typhiques proviennent surtout d'infections sanguines (75 % du sang en 2025)



Il y a plus d'infections sanguines invasives à *Salmonella* chez les hommes que chez les femmes.

Répartition du sexe et des types d'échantillons dans les cas de *Salmonella* chez l'humain en 2025

Salmonella	**Sexe**	**Types d'échantillons**			
		Tous les échantillons	**Selles**	**Sang**	**Urine**
Non typhique	Tous les cas	93 %	78 %	8 %	7 %
	Féminin	53 %	53 %	40 %	73 %
	Masculin	46 %	46 %	59 %	26 %
Typhique	Tous les cas	7 %	17 %	75 %	2 %
	Féminin	45 %	45 %	47 %	30 %*
	Masculin	54 %	55 %	52 %	70 %*

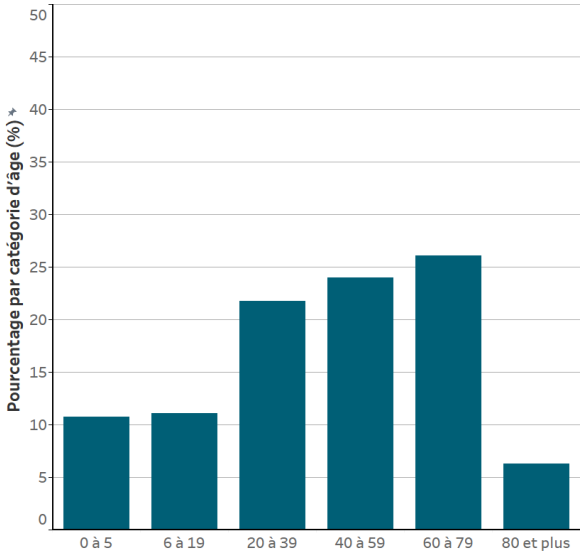
Note : Les types d'échantillons inconnus, les autres types d'échantillons et les sexes inconnus ne sont pas indiqués

* - Nombre d'isolats inférieur à 20

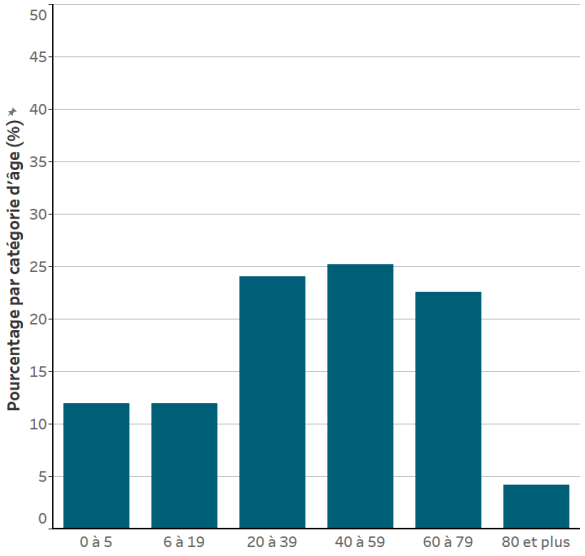
Plus d'infections sanguines et des voies urinaires à *Salmonella* non typhique chez les personnes de plus de 60 ans.

Répartition des catégories d'âge et des types d'échantillons dans les cas de *Salmonella* non typhique chez l'humain en 2025

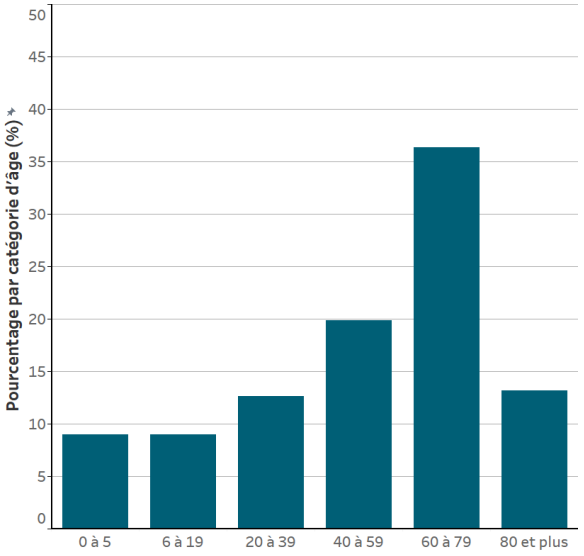
Tous les types d'échantillons



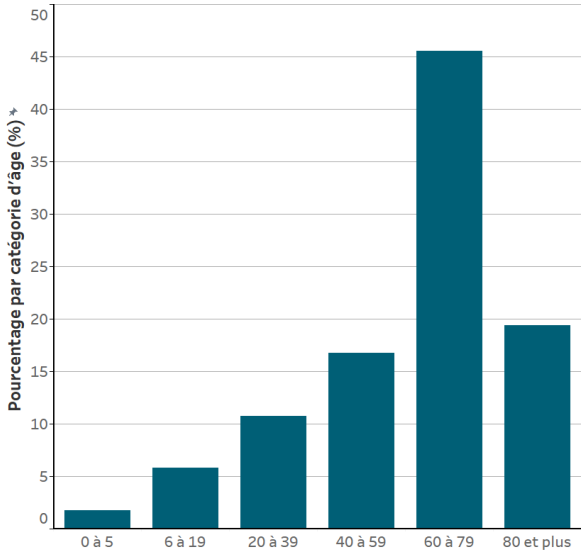
Selles



Sang



Urine

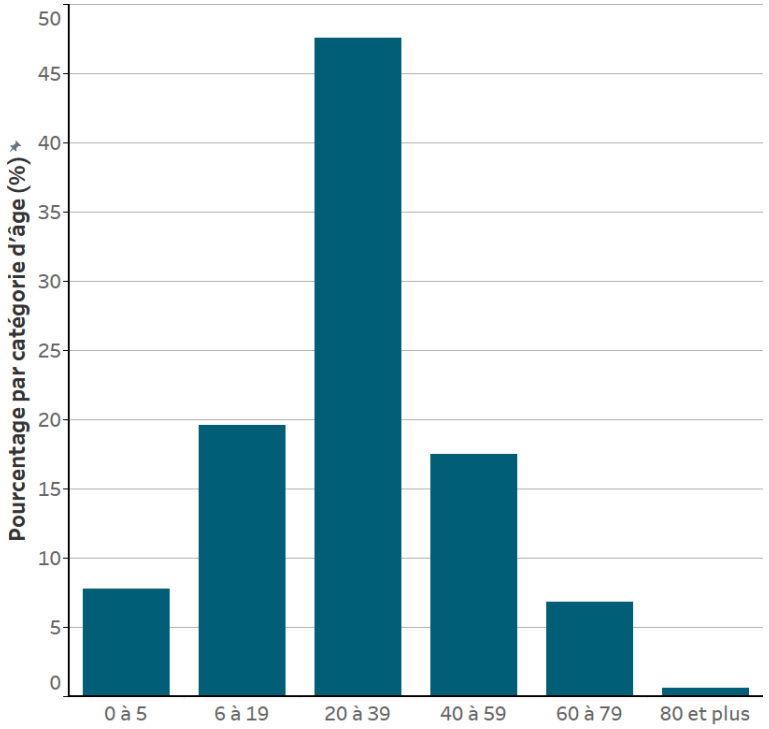


Note : Les types d'échantillons inconnus, les autres types d'échantillons et les âges inconnus ne sont pas indiqués

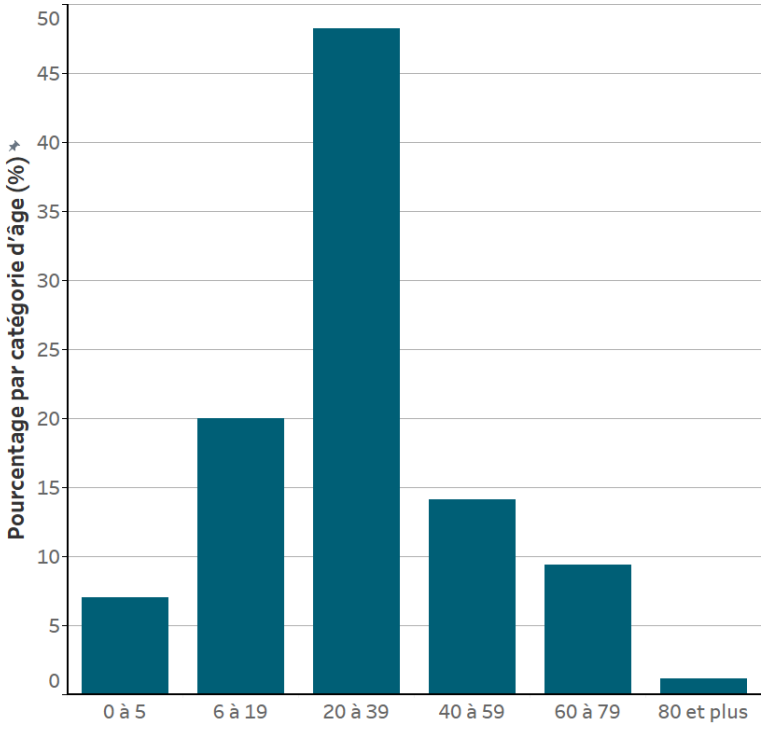
Plus d'infections à *Salmonella* typhique chez les personnes de 20 à 39 ans.

Répartition des catégories d'âge et des types d'échantillons dans les cas de *Salmonella* typhique chez l'humain en 2025

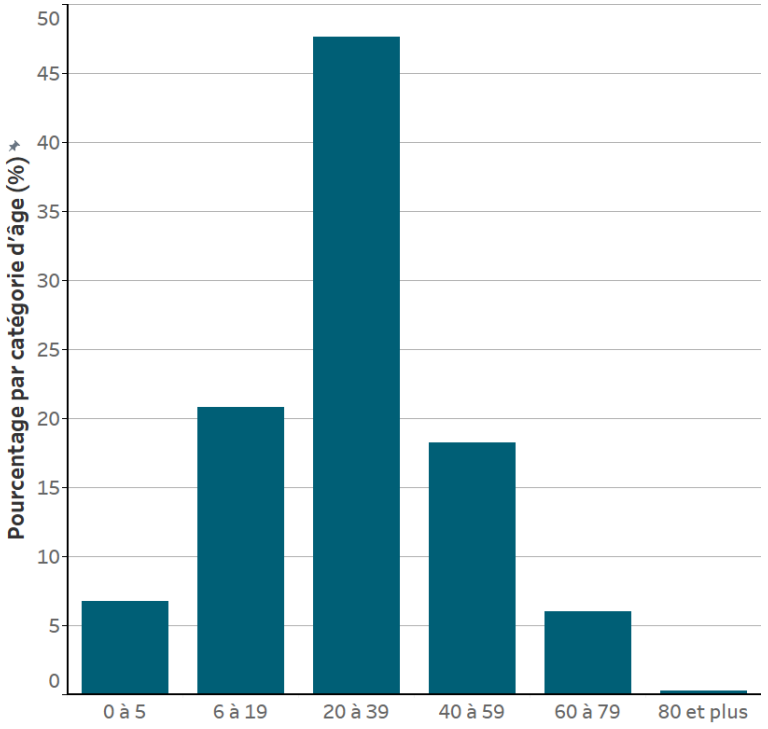
Tous les types d'échantillons



Selles



Sang

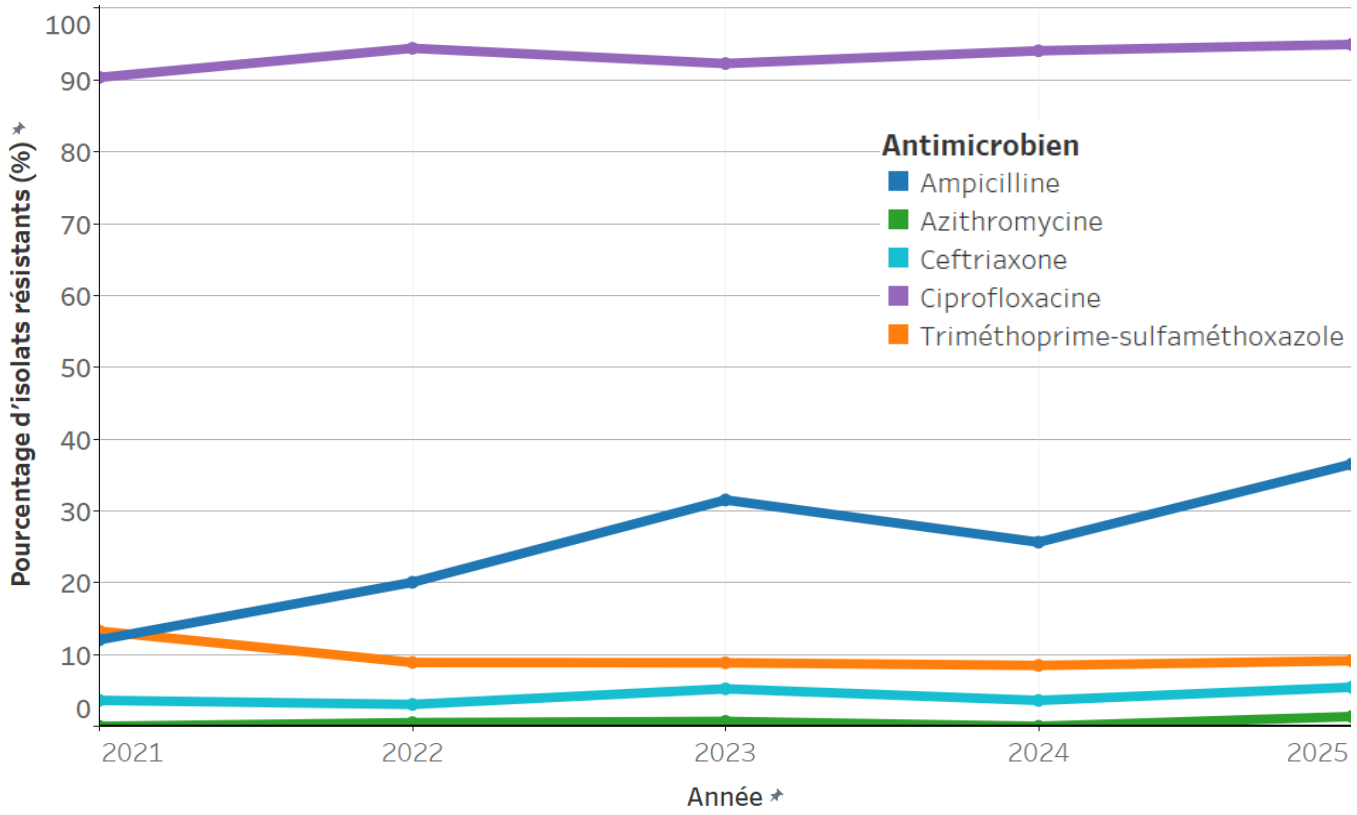


Remarque : Les types d'échantillons inconnus, les autres types d'échantillons et les âges inconnus ne sont pas indiqués

Salmonella typhique chez l'humain

La résistance extrêmement élevée à la ciprofloxacine a des implications pour le choix du traitement.

- Résistance **extrêmement élevée** à la ciprofloxacine (entre 90 % et 95 %)
- Résistance **élevée** à l'ampicilline; augmentation entre 2021 (12 %) et 2025 (37 %)
- Résistance **modérée** au triméthoprime-sulfaméthoxazole en 2021, **diminution vers une faible** résistance en 2022 et est demeurée faible par la suite.



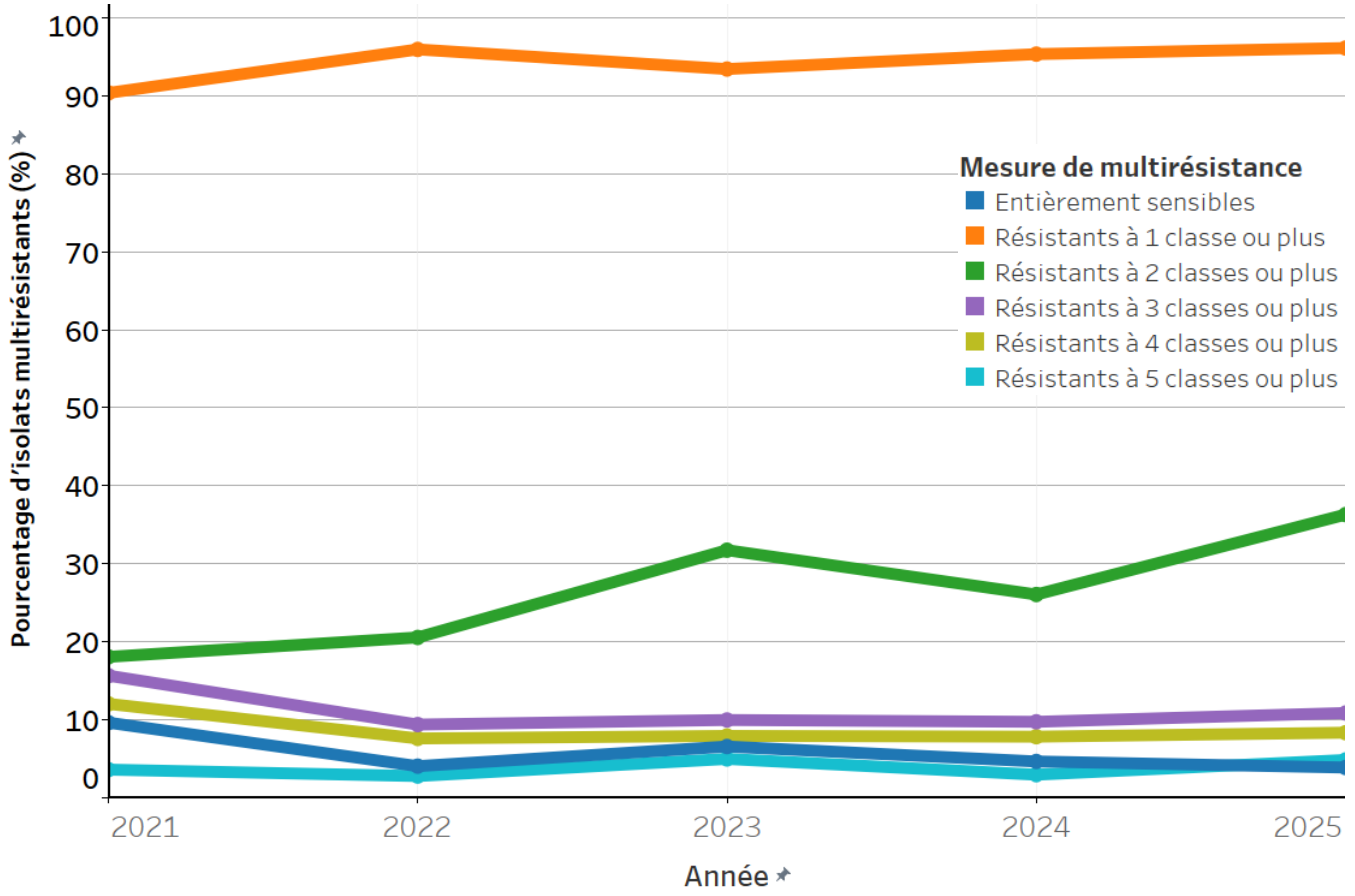
Les variations régionales importantes, les données éparses et le faible nombre d'isolats rendent difficile l'interprétation des différences régionales.

Région	2021		2022		2023		2024		2025	
	% R SXT	Total des isolats	% R SXT	Total des isolats	% R SXT	Total des isolats	% R SXT	Total des isolats	% R SXT	Total des isolats
National	13	83	9	394	9	441	9	472	9	515
Atlantique	0	2	25	8	0	7	8	24	13	15
Colombie-Britannique	11	19	3	76	1	99	4	93	5	92
Ontario	11	46	10	204	9	231	11	219	9	280
Prairies	9	11	8	85	15	79	4	110	5	101
Québec	60	5	14	21	20	25	23	26	41	27

Légende	20 isolats ou moins	Rare 0 à 0,1 %	Très faible 0,1 % à 1 %	Faible > 1 % à 10 %	Modérée > 10 % à 20 %	Élevée > 20 % à 50 %	Très élevée > 50 % à 70 %	Extrêmement élevée > 70 %

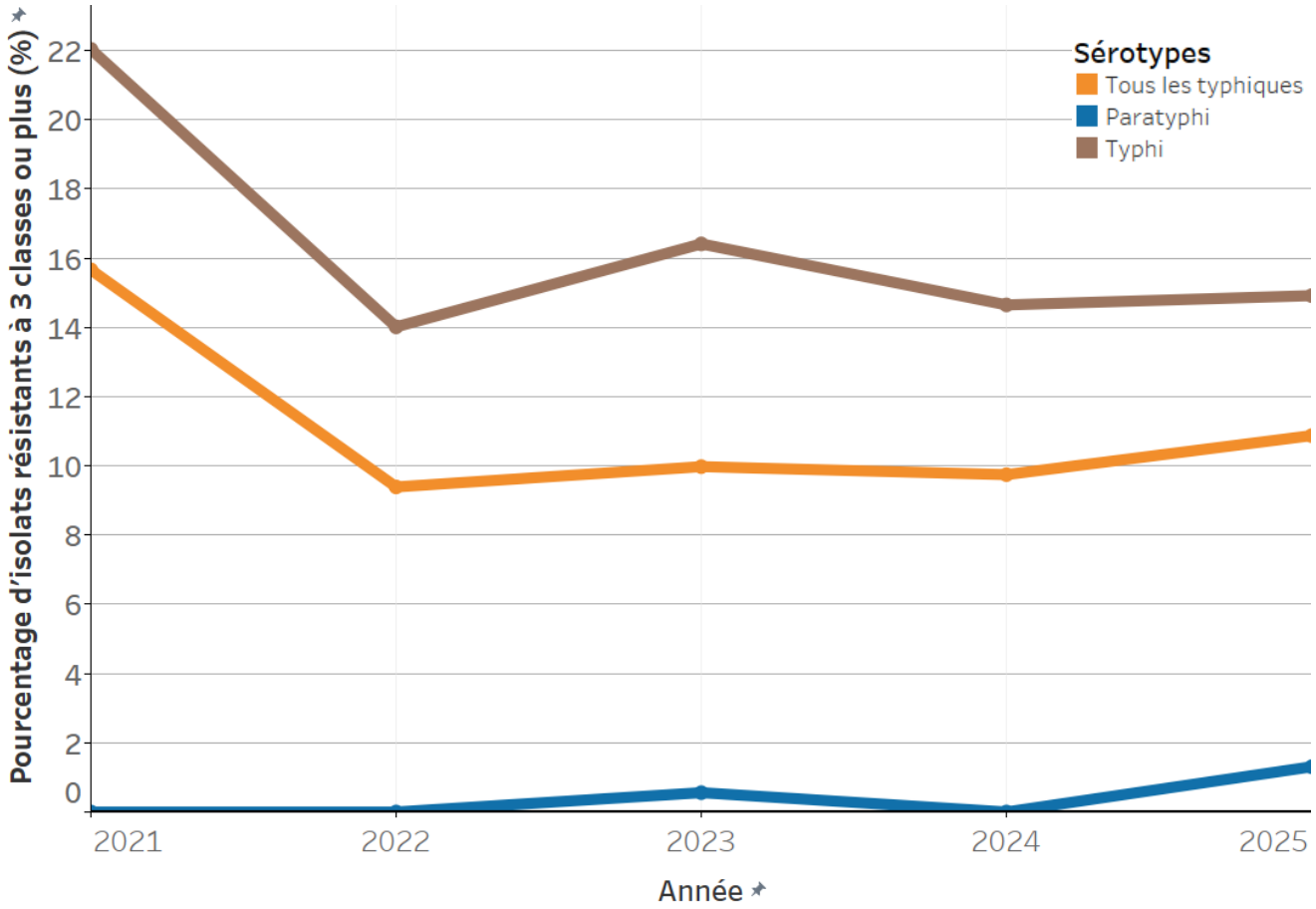
Peu d'isolats entièrement sensibles et isolats principalement résistants à 1 classe d'antimicrobiens.

- Sensibilité totale **variable** (variant entre 4 % et 10 %)
- **Variable** et résistance **élevée** à 2 classes ou plus (2021; 18 % et 2025; 36 %)
- **Variable** avec résistance **modérée à faible** à 3 classes ou plus (2021; 16 % et 2025; 11 %)



Résistance à au moins 3 classes d'antimicrobiens plus fréquente chez les isolats de *Salmonella* Typhi

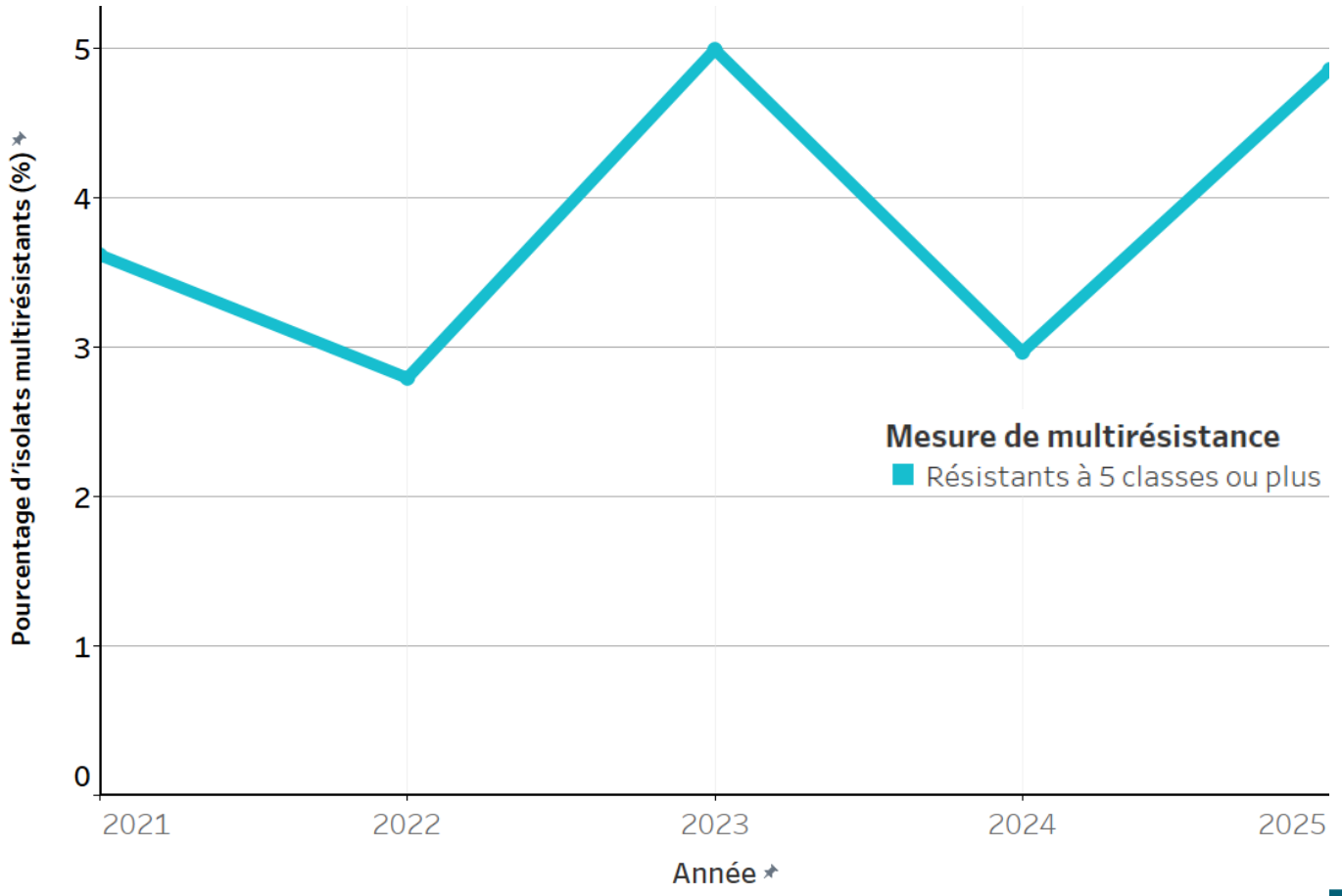
- La multirésistance aux médicaments (MRM) était systématiquement plus fréquente chez *S.* Typhi que chez *S.* Paratyphi.
- Parmi les isolats de *S.* Typhi, la prévalence de la MRM est passée de 22 % en 2021 à 14 % en 2022, puis est demeurée relativement stable par la suite (15 à 16 %).
- La MRM demeurait à un niveau très faible à faible chez les isolats de *S.* Paratyphi, restant inférieure à 2 %.



La résistance maximale entre 2021 et 2025 était la résistance à 5 classes d'antimicrobiens, et sa fréquence était faible.

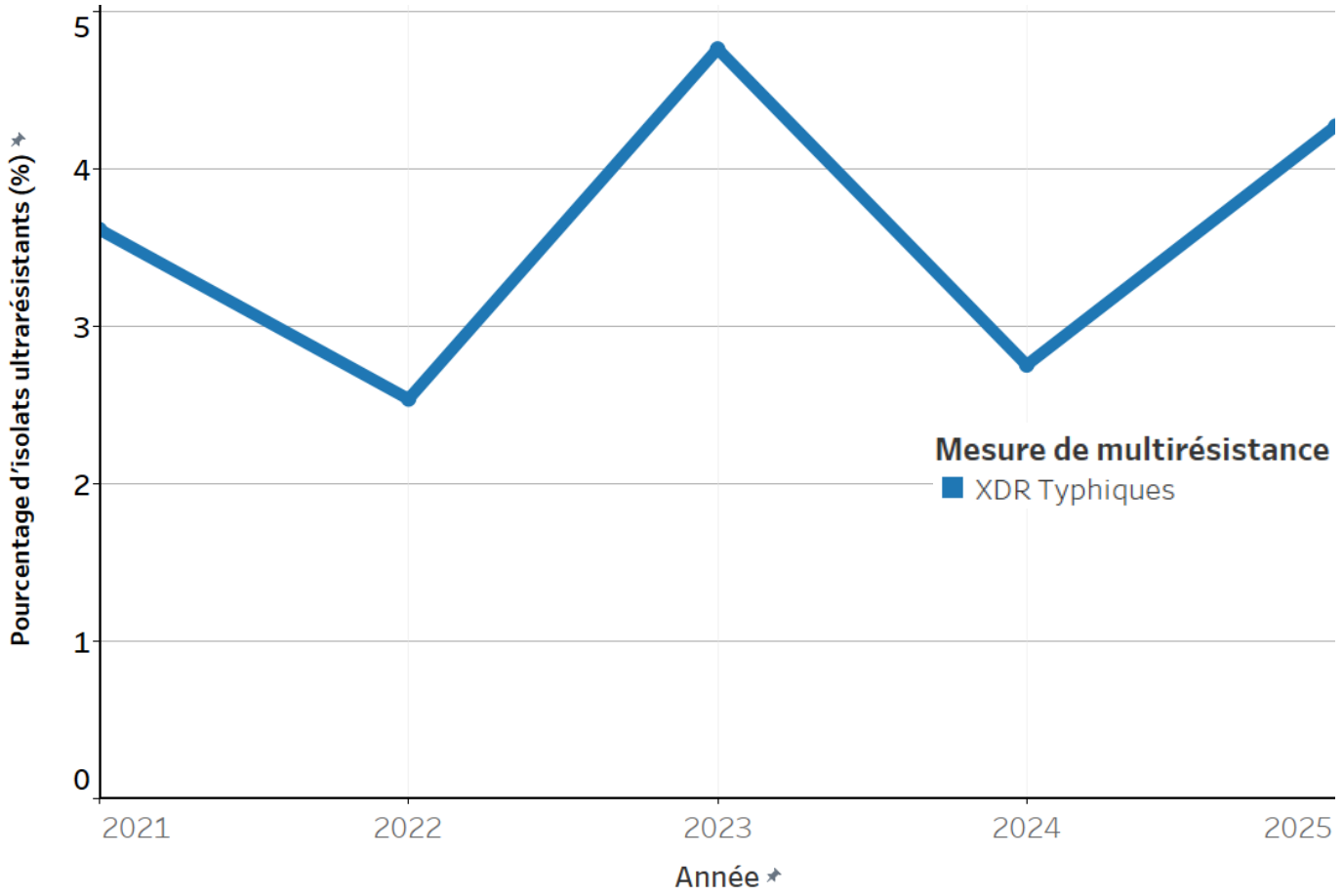
- **Faible** résistance à 5 classes ou plus (2021; 4 % et 2025; 5 %)

- Profils de résistance pour les isolats résistant à 5 classes en 2025 – Tous *S.* Typhi
  - Céphalosporines, inhibiteurs de la synthèse des folates, pénicillines, phénicolés et quinolones (n = 20)
  - Inhibiteurs de la synthèse des folates, macrolides, pénicillines, phénicolés et quinolones (n = 2)
  - Céphalosporines, inhibiteurs de la synthèse des folates, pénicillines, quinolones et tétracyclines (n = 2)
  - Inhibiteurs des bêta-lactamases, inhibiteurs de la synthèse des folates, macrolides, pénicillines et quinolones (n = 1)
- Depuis 2020, **aucune** résistance à 6 classes ou plus



L'ultrarésistance (XDR) a fluctué entre un niveau faible et modéré

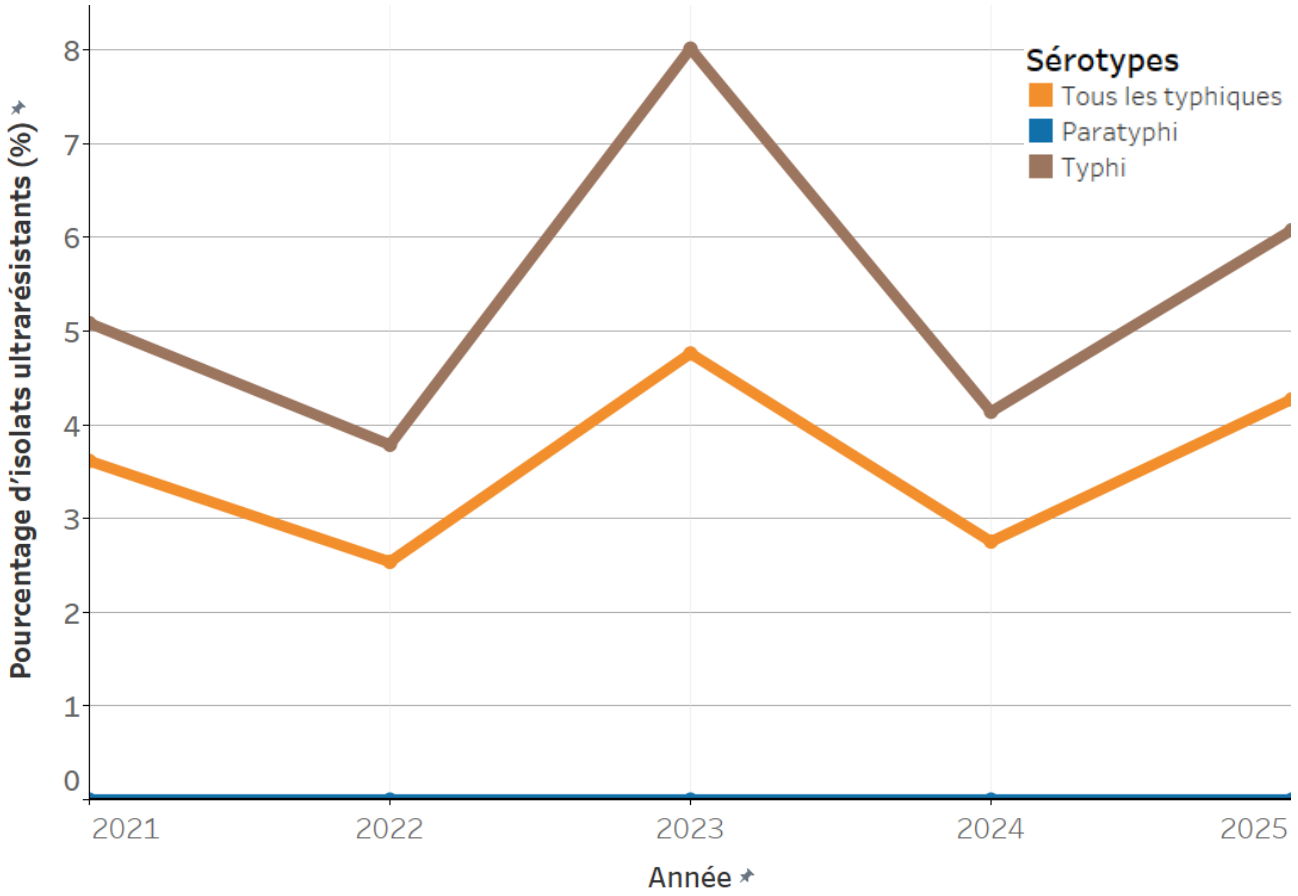
- Des isolats de *Salmonella* typhique ultrarésistants (XDR) ont été détectés chaque année de 2021 à 2025.
- La prévalence des isolats XDR a fluctué au fil du temps, variant de 3 % à 5 % des isolats.



L'ultrarésistance (XDR) n'a été observée que chez *Salmonella* Typhi

- Aucun isolat ultrarésistant (XDR) n'a été détecté parmi les isolats de *S.* Paratyphi entre 2021 et 2025.

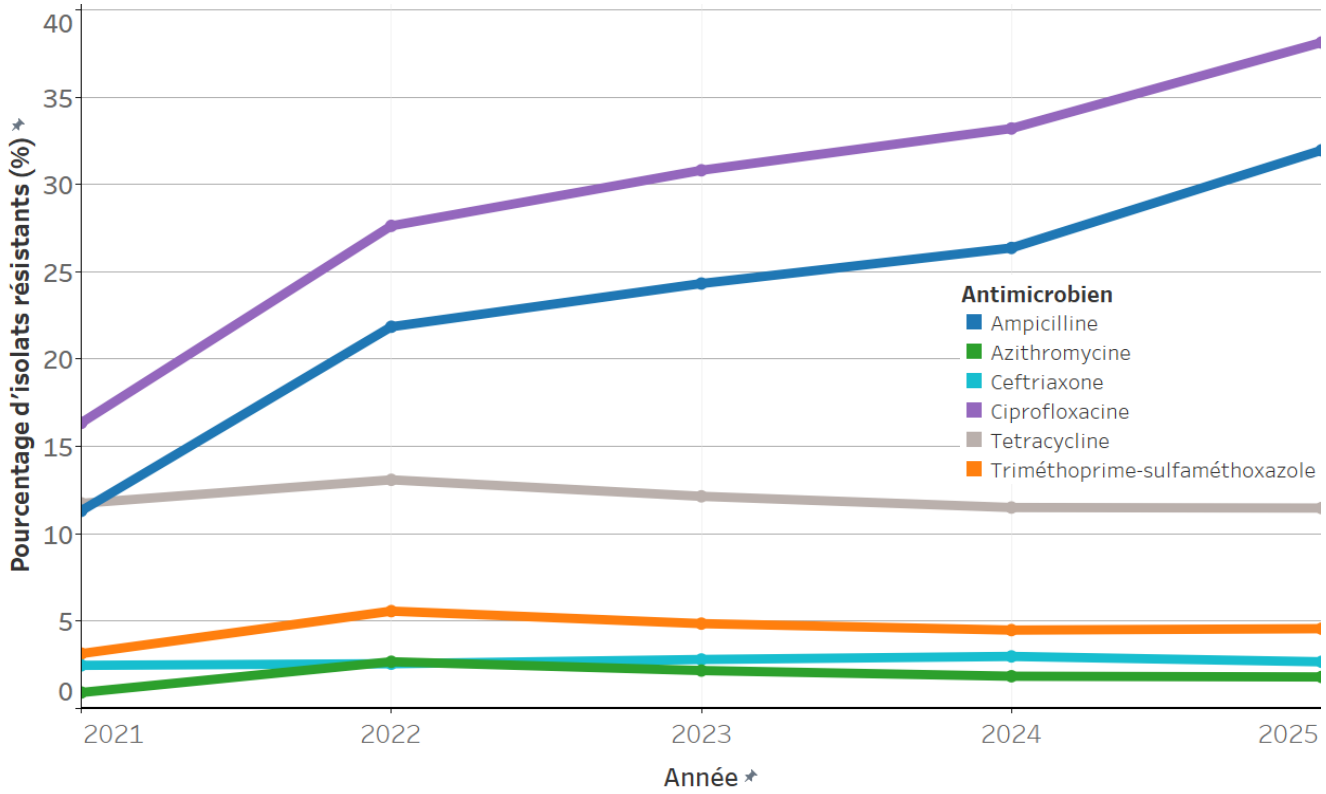
- Parmi les isolats de *S.* Typhi, la prévalence des isolats ultrarésistants (XDR) a fluctué entre environ 4 % et 8 %, atteignant un sommet en 2023.



Salmonella non typhique chez l'humain

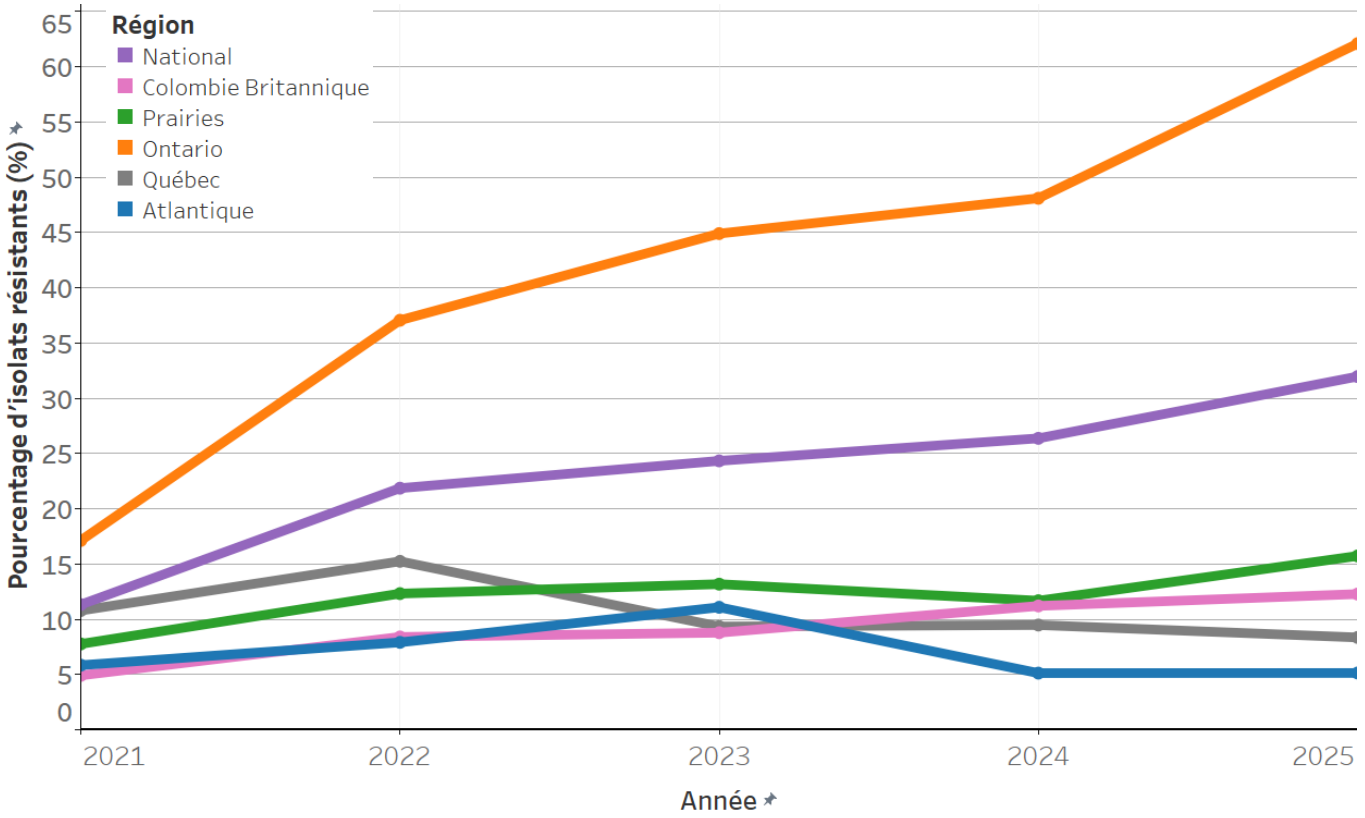
La résistance à la ciprofloxacine et à l'ampicilline a continué d'augmenter

- La résistance **modérée** à la ciprofloxacine et à l'ampicilline a augmenté pour atteindre un niveau **élevé**.
- La résistance à la tétracycline est demeurée **modérée** et relativement stable.
- La résistance à la ceftriaxone, au triméthoprime-sulfaméthoxazole et à l'azithromycine est demeurée **faible** et relativement stable.



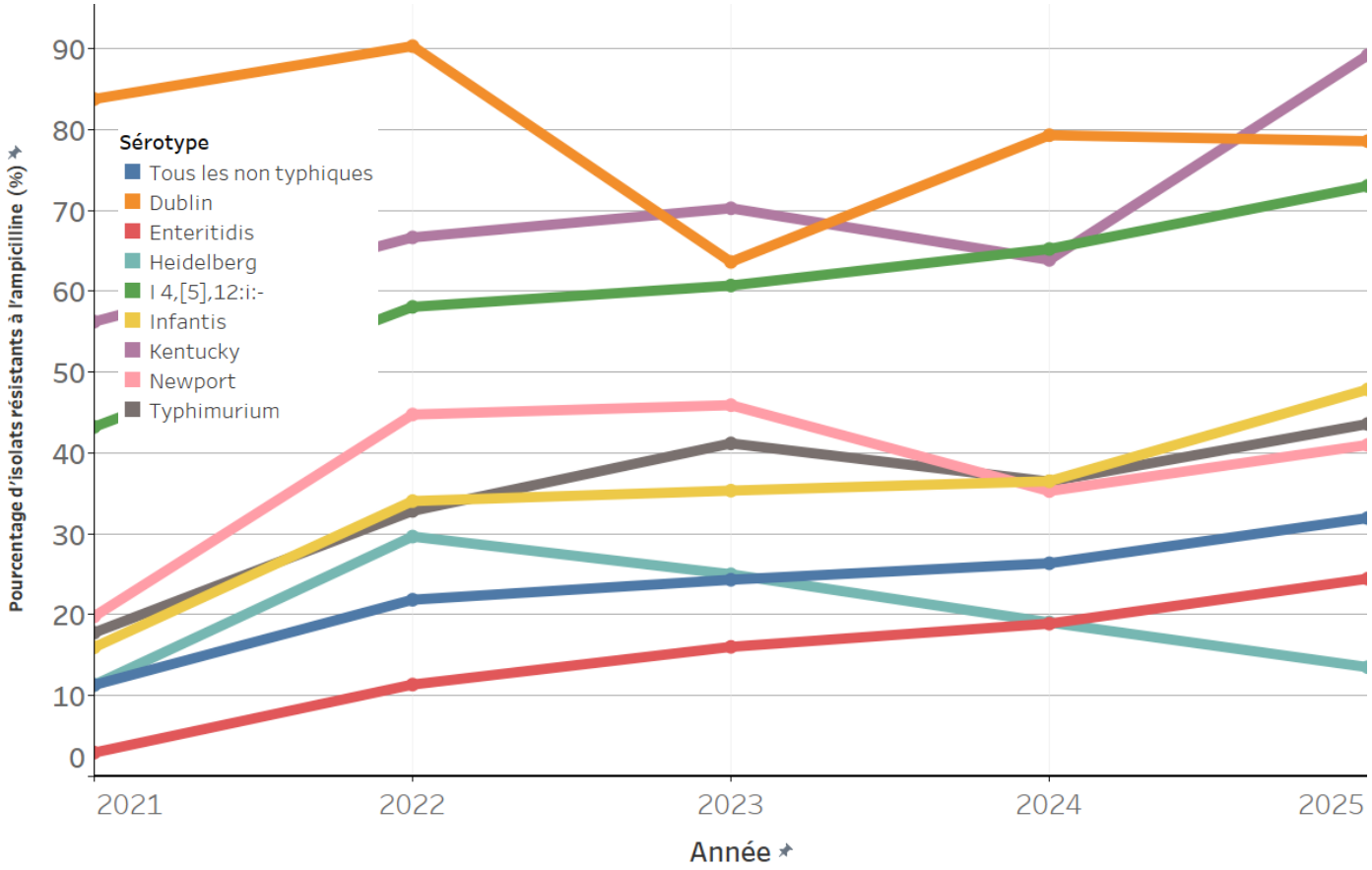
La résistance à l'ampicilline variait considérablement d'une région à l'autre de 2021 à 2025

- Comparativement à la fréquence de la résistance à l'ampicilline observée à l'échelle nationale :
  - L'Ontario a systématiquement présenté la fréquence la plus élevée.
  - Le Québec a dépassé la fréquence nationale uniquement en 2021; par la suite, la résistance est demeurée constamment inférieure à la moyenne nationale dans toutes les régions.



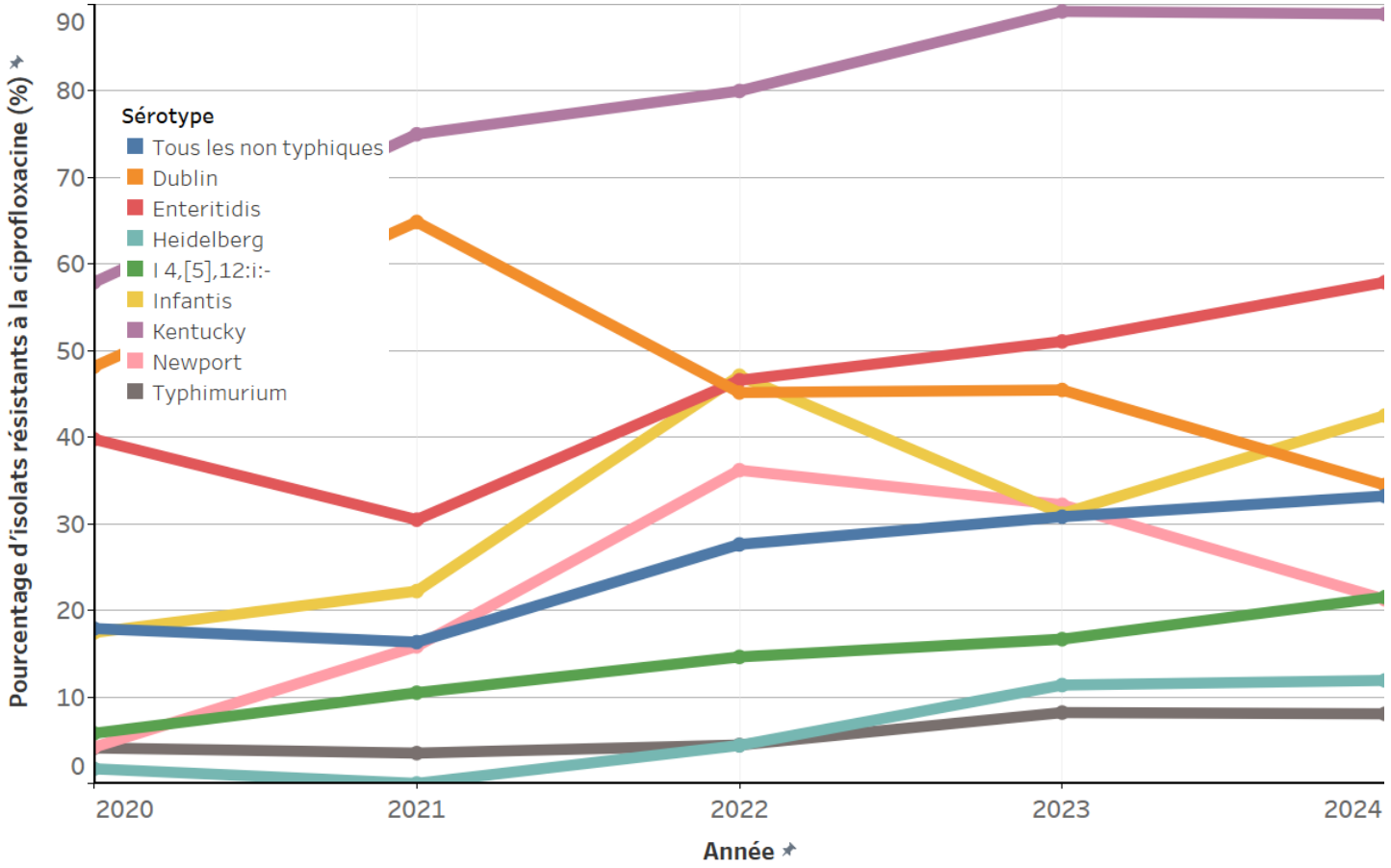
Résistance extrêmement élevée à l'ampicilline chez *S.* Dublin, *S.* Kentucky et *Salmonella* I 4,[5],12:i:- en 2025

- Par rapport à la fréquence de la résistance à l'ampicilline chez tous les sérotypes non typhiques
  - *S.* Dublin, *S.* Kentucky et *Salmonella* I 4,[5],12:i:- ont présenté de façon constante des fréquences **nettement plus élevées**.
  - *S.* Enteritidis a présenté de façon constante des fréquences **plus faibles**.



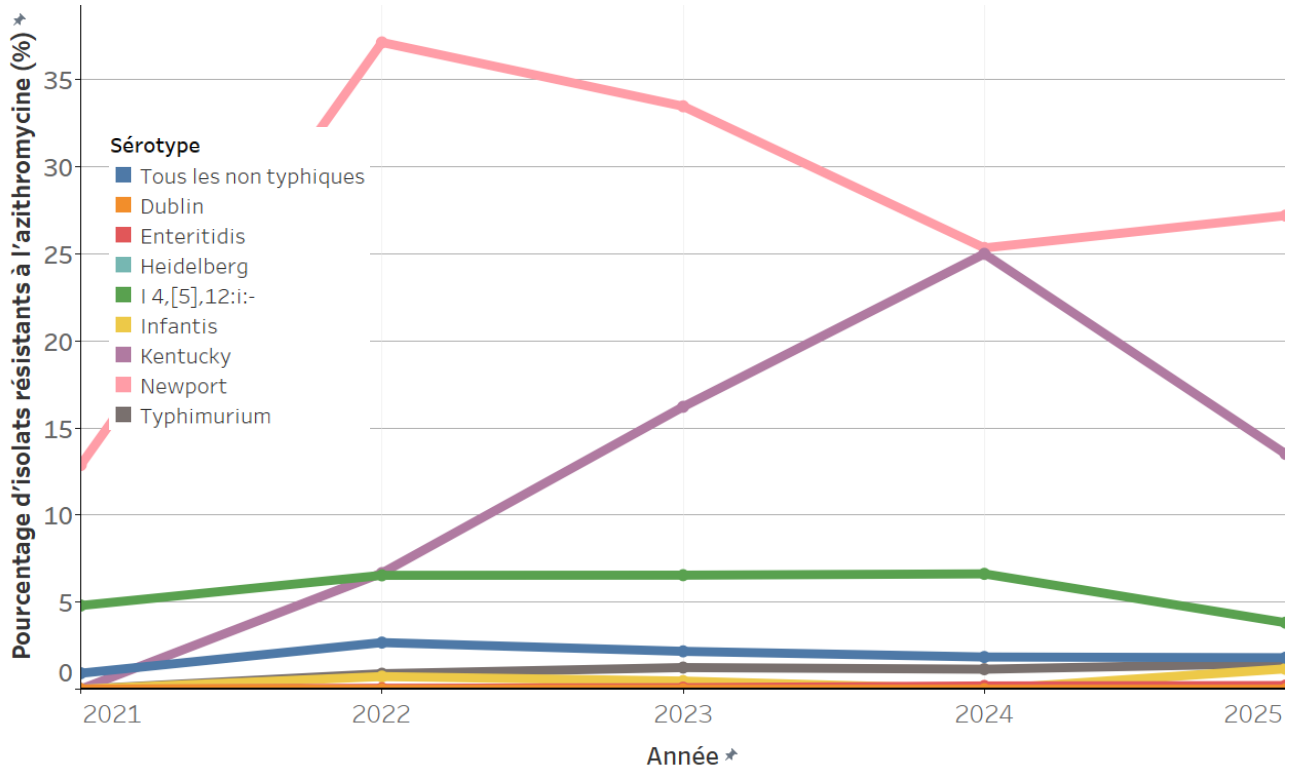
La résistance à la ciprofloxacine est nettement plus élevée chez *S.* Kentucky et *S.* Enteritidis.

- Par rapport à la fréquence de la résistance à la ciprofloxacine chez tous les sérotypes non typhiques
  - *S.* Kentucky et *S.* Enteritidis ont présenté des fréquences de résistance à la ciprofloxacine nettement **plus élevées**
  - *Salmonella* I 4,[5],12:i:-, *S.* Heidelberg et *S.* Typhimurium ont systématiquement présenté des fréquences de résistance à la ciprofloxacine **plus faibles**



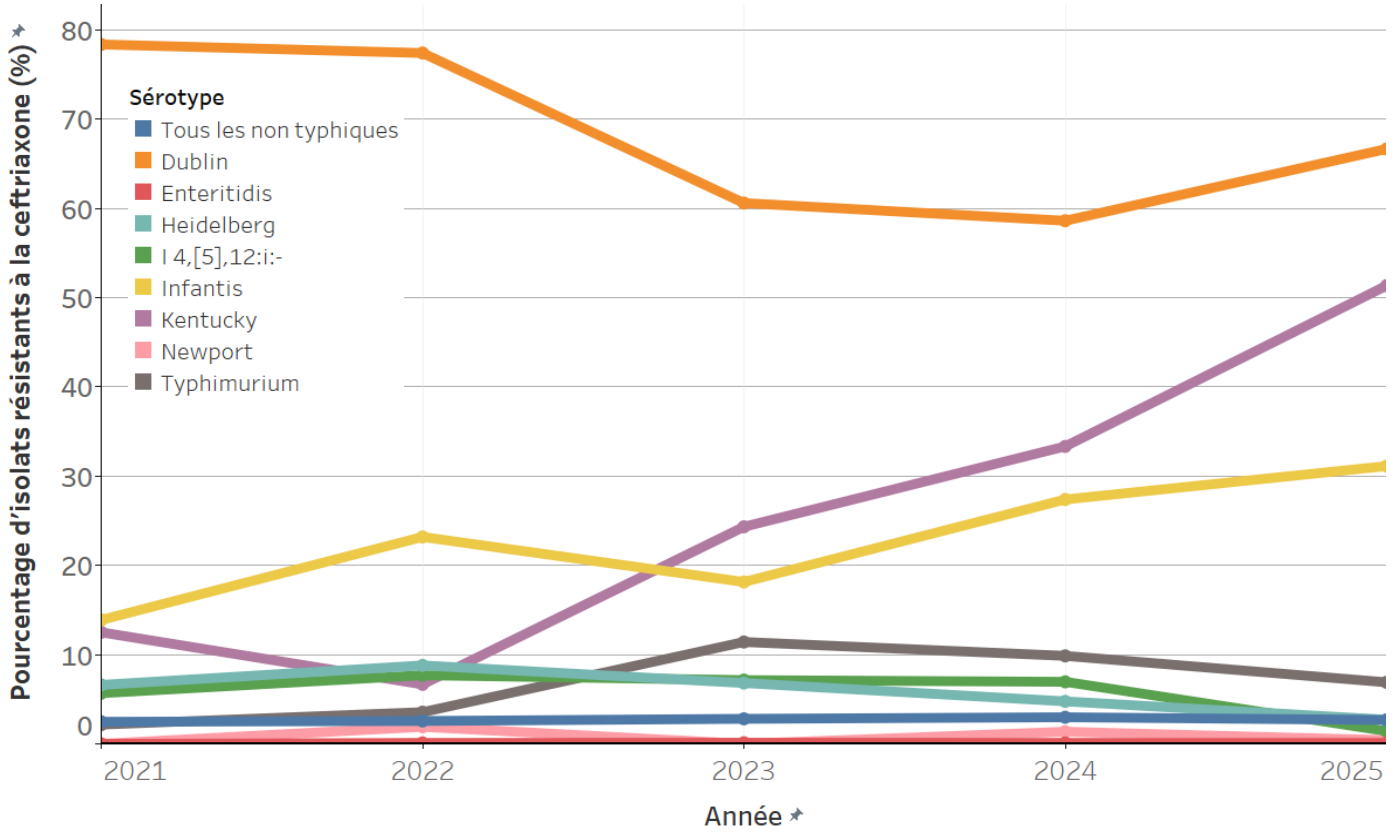
La résistance à l'azithromycine demeurait la plus élevée chez *S.* Newport en 2025

- Par rapport à la fréquence de la résistance à l'azithromycine chez tous les sérotypes non typhiques
  - La résistance chez *S.* Newport est demeurée **élevée**
  - La résistance chez *S.* Kentucky a diminué pour atteindre un niveau **modéré** en 2025
  - La résistance chez *Salmonella* I 4,[5],12:i:- était supérieure à celle observée pour la plupart des autres sérotypes, mais est demeurée à un niveau **faible**



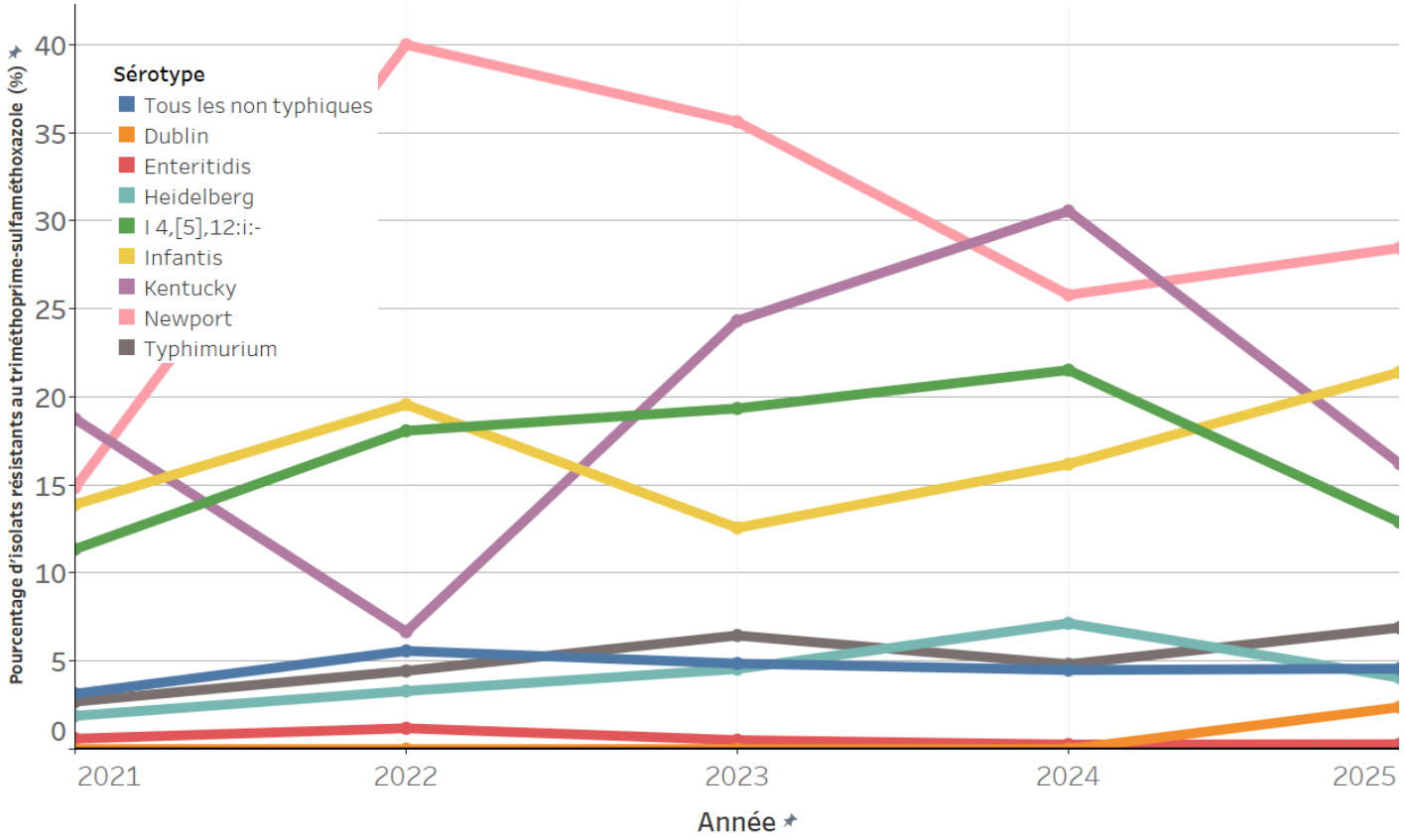
La résistance à la ceftriaxone a augmenté à un niveau élevé chez *S.* Kentucky et *S.* Infantis

- Par rapport à la fréquence de la résistance à la ceftriaxone chez tous les sérotypes non typhiques
  - *S.* Dublin a présenté les fréquences de résistance à la ceftriaxone les plus élevées
  - La résistance à la ceftriaxone chez *S.* Kentucky est passée d'un niveau **élevé** à un niveau **très élevé**
  - La résistance à la ceftriaxone chez *S.* Infantis est demeurée **élevée** et ~~a~~ continue d'augmenter



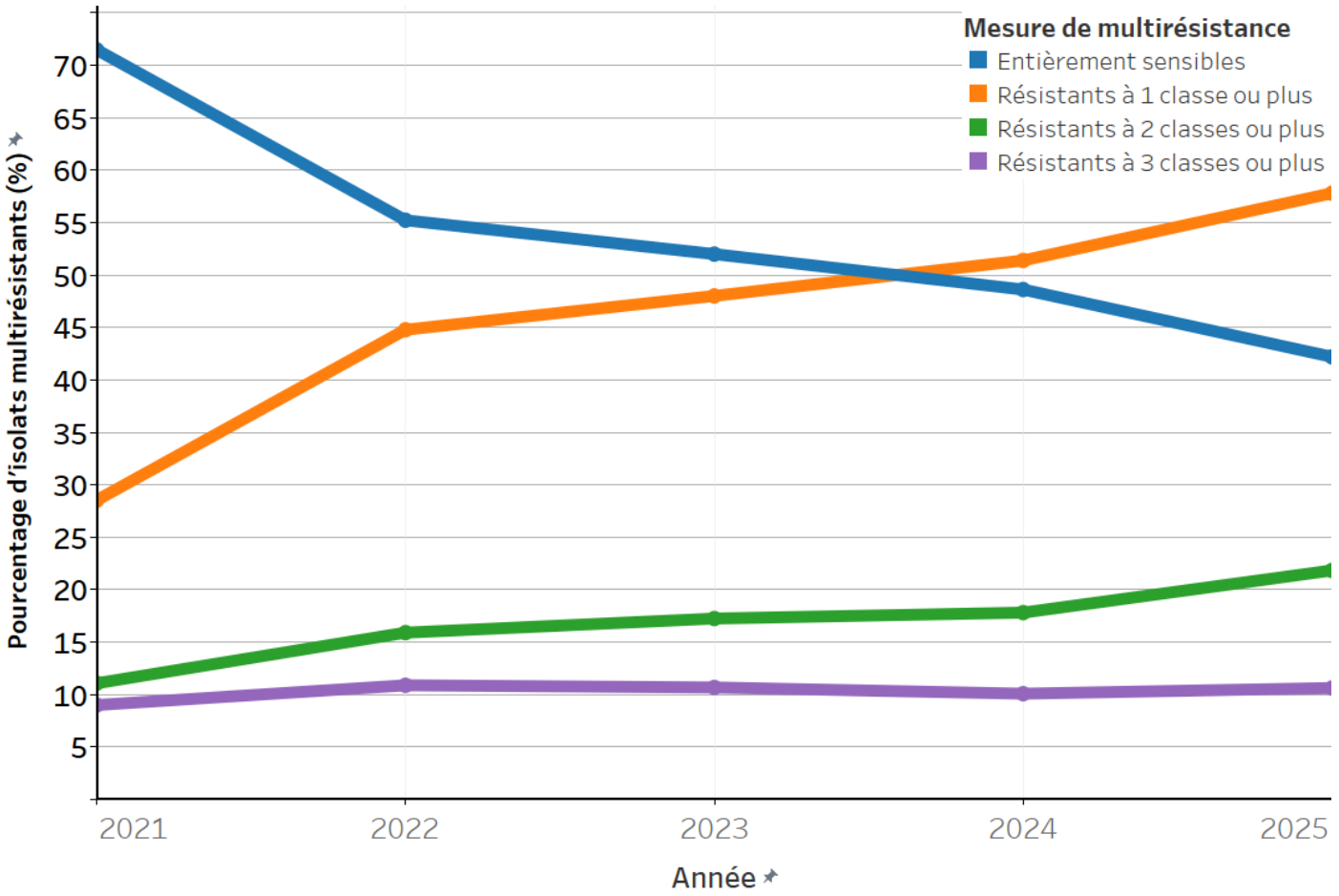
La résistance au triméthoprime-sulfaméthoxazole était élevée chez ~~les~~ *S.* Infantis et *S.* Newport en 2025

- Par rapport à la fréquence de la résistance au triméthoprime-sulfaméthoxazole chez tous les sérotypes non typhiques
  - Les *S.* Kentucky, *S.* Newport, *Salmonella* I 4,[5],12:i:- et *S.* Infantis étaient **nettement plus élevées**
  - Les *S.* Dublin et *S.* Enteritidis étaient plus faibles depuis 2021



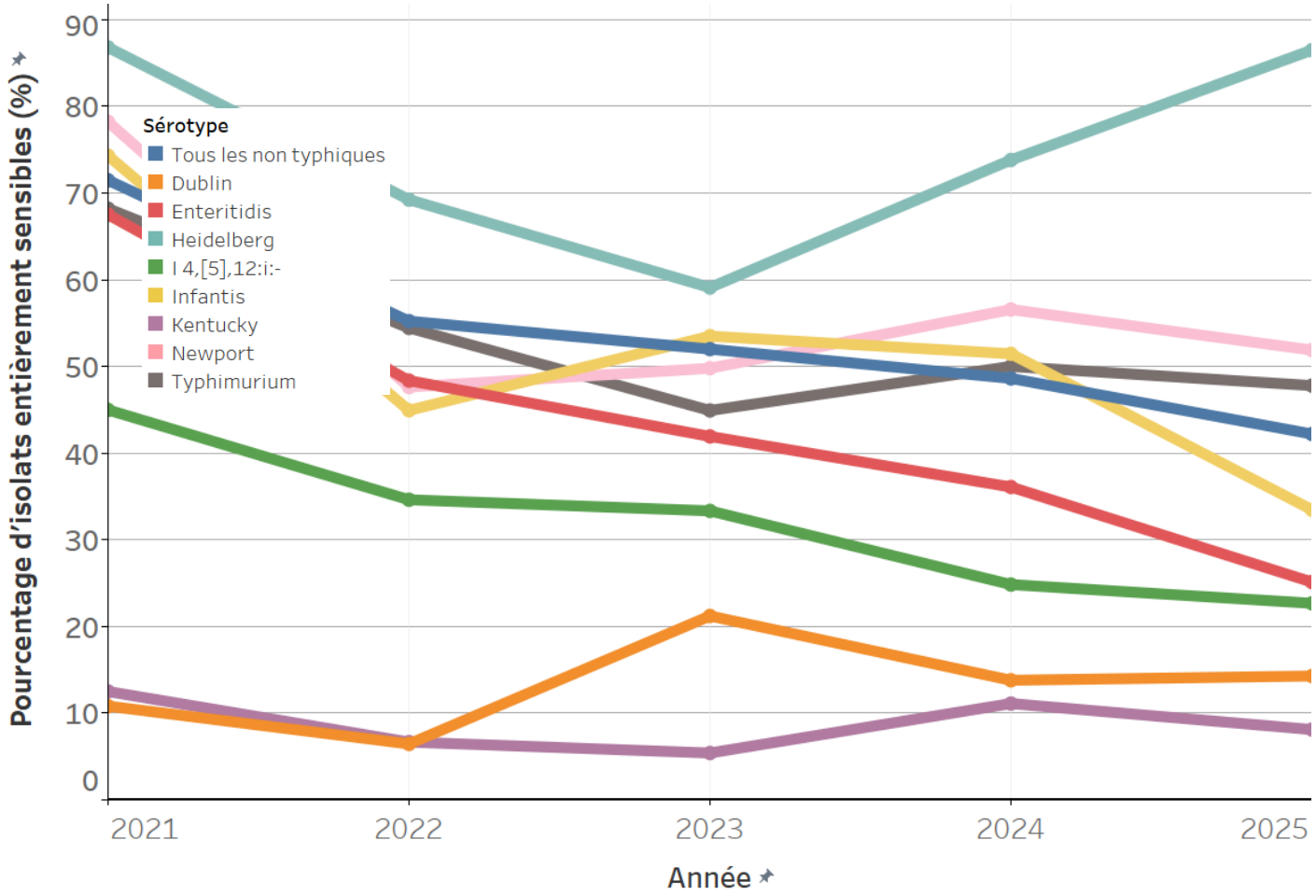
Augmentation de la résistance à 1 ou 2 classes ou plus et diminution de la sensibilité totale.

- La proportion d'isolats entièrement sensibles **a diminué** depuis 2021 (2021 : 71 % et 2025 : 42 %)
- La résistance à 2 classes d'antimicrobiens ou plus est passée d'un niveau **modéré** à un niveau **élevé** en 2025 (2021 : 11 % et 2025 : 22 %)
- La résistance à 3 classes d'antimicrobiens ou plus, est demeurée relativement stable, variant entre un niveau **faible et modéré** (2021 : 9 % et 2025 : 11 %)



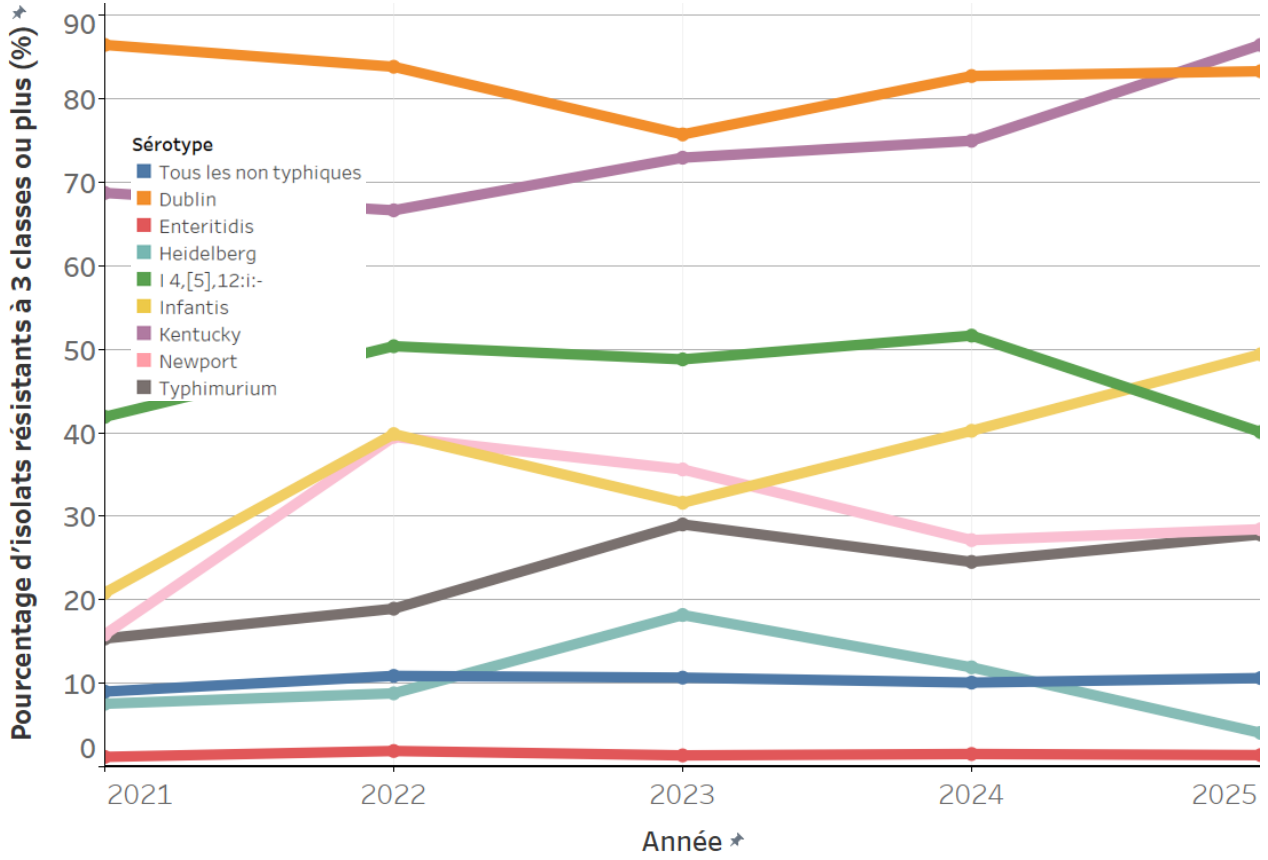
La sensible complète est nettement plus faible chez *S.* Kentucky, *S.* Dublin et *Salmonella* I 4,[5],12:i:-.

- Par rapport à la fréquence de la sensibilité complète chez tous les sérotypes non typhiques
  - *S.* Kentucky et *S.* Dublin ont présenté des fréquences de sensibilité complète **nettement plus faibles**.
  - *S.* Enteritidis et *Salmonella* I 4,[5],12:i:- ont également présenté des fréquences de sensibilité complète **plus faibles**.
  - *S.* Heidelberg a présenté des fréquences de sensibilité complète **plus élevées**.



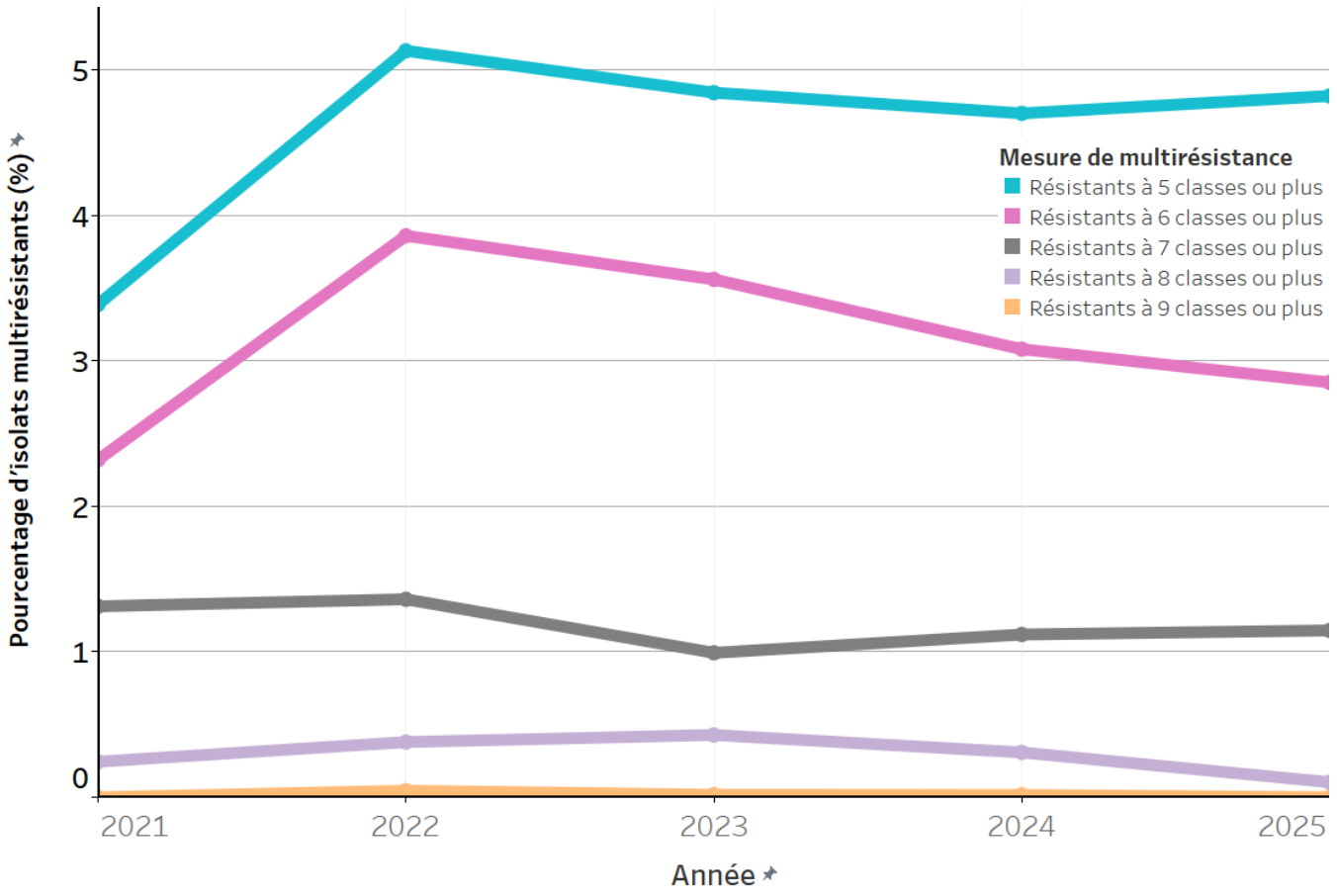
La multirésistance aux médicaments (MRM) variait considérablement selon le sérotype

- *S.* Dublin et *S.* Kentucky ont systématiquement présenté des niveaux de MRM **très élevés** à **extrêmement élevés**
- *Salmonella* I 4,[5],12:i:-, *S.* Infantis, *S.* Newport et *S.* Typhimurium ont également présenté des niveaux **élevés** de MRM en 2025
- La plupart des autres sérotypes ont maintenu des niveaux faibles de MRM



La résistance à 8 classes d'antimicrobiens ou plus a été signalée, mais est demeurée très faible

- La résistance à 5 classes d'antimicrobiens ou plus est demeurée **faible** et relativement stable, se maintenant autour de 5 % de 2022 à 2025
- La résistance à 6 classes d'antimicrobiens ou plus est demeurée **faible**, variant de 2 % à 4 %
- La résistance à 7 classes d'antimicrobiens ou plus est demeurée **faible** et **stable**, variant de 1,0 % à 1,4 %
- La résistance à 8 classes d'antimicrobiens ou plus est demeurée **très faible** et **stable**, variant de 0,1 % à 0,4 %

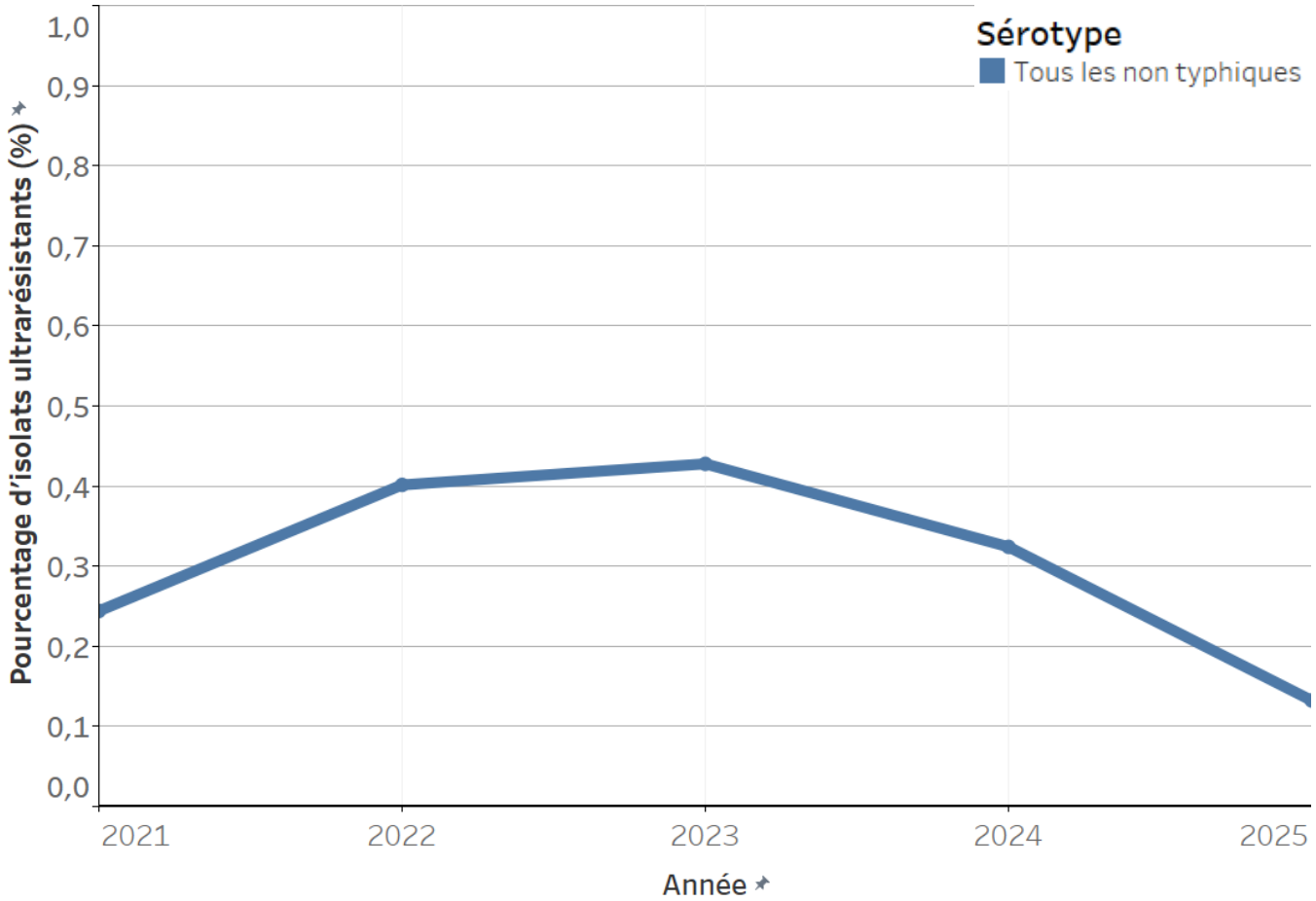


La résistance à 9 classes d'antimicrobiens, incluant des antimicrobiens de catégorie I, était rare et n'a été observée que chez 4 isolats

- Une résistance à 9 classes d'antimicrobiens ou plus a rarement été observée (2 isolats en 2022, 1 isolat en 2023 et 1 isolat en 2024)
- En 2025, le niveau maximal de résistance observé correspondait à une **résistance à 8 classes d'antimicrobiens** (n = 7)
  - Aminoglycosides, céphalosporines, inhibiteurs de la synthèse des folates, macrolides, pénicillines, phénicolés, quinolones et tétracyclines (n = 6)
  - Aminoglycosides, céphalosporines, inhibiteurs de la synthèse des folates, pénicillines, phénicolés, polymyxines, quinolones et tétracyclines (n = 1)
  - Les 7 isolats présentaient une résistance à 9 ou 10 antimicrobiens, incluant de 2 à 3 antimicrobiens de catégorie I
  - Ces isolats correspondaient à *Salmonella* I 4,[5],12:i:- (n = 3), *S*. Infantis (n = 2), *S*. Kentucky (n = 1) et *S*. Corvallis (n = 1)

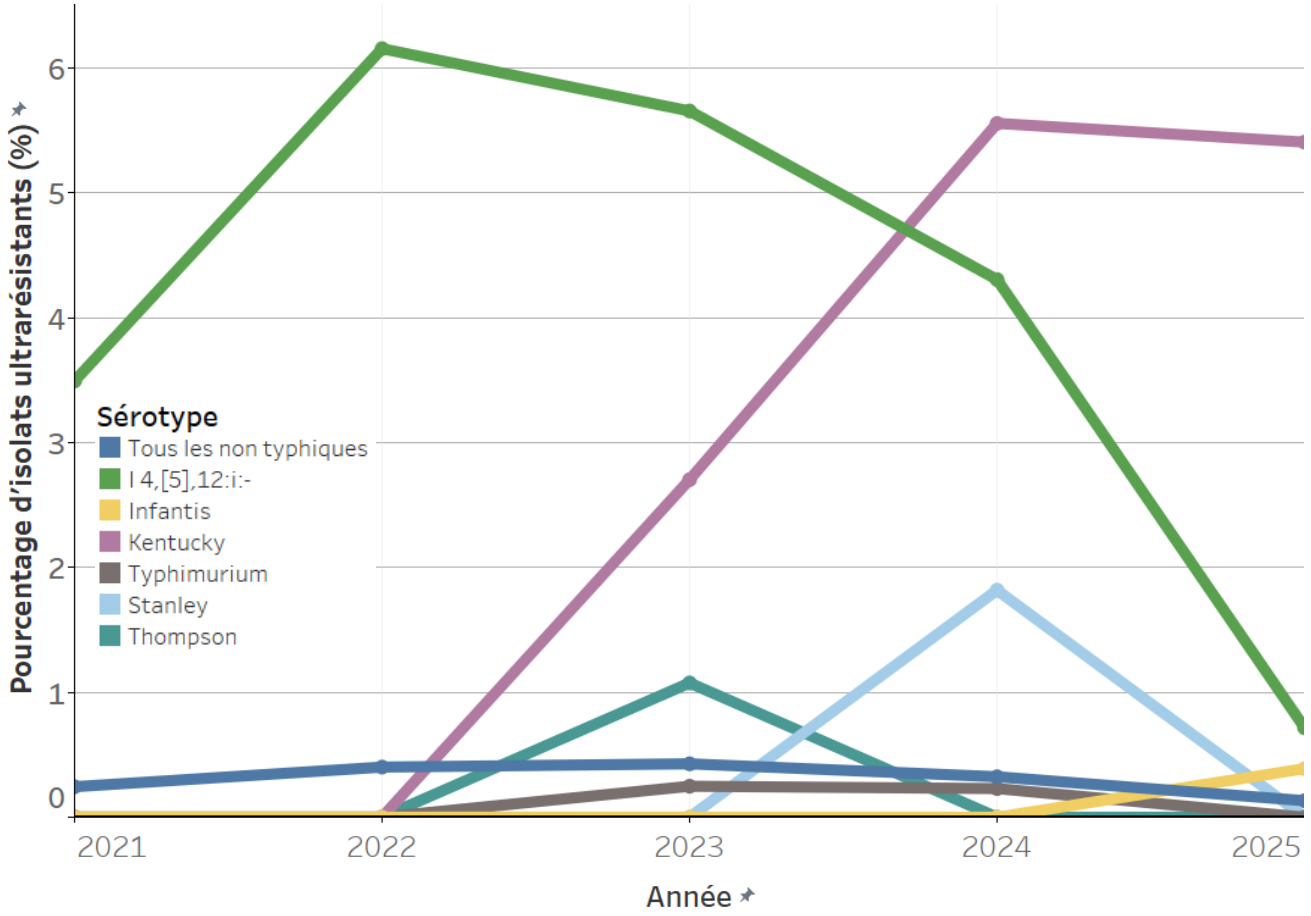
L'ultrarésistance (XDR) demeuraient très faible chez les *Salmonella* non typhiques

- Bien que peu fréquents, des isolats ultrarésistants (XDR) continuent d'être détectés dans le cadre de la surveillance.
- Les isolats XDR représentaient moins de 1 % des isolats au cours de toutes les années de surveillance.
    - À l'échelle nationale, la fréquence des isolats XDR variait de 0,13 % en 2025 à 0,43 % en 2023.



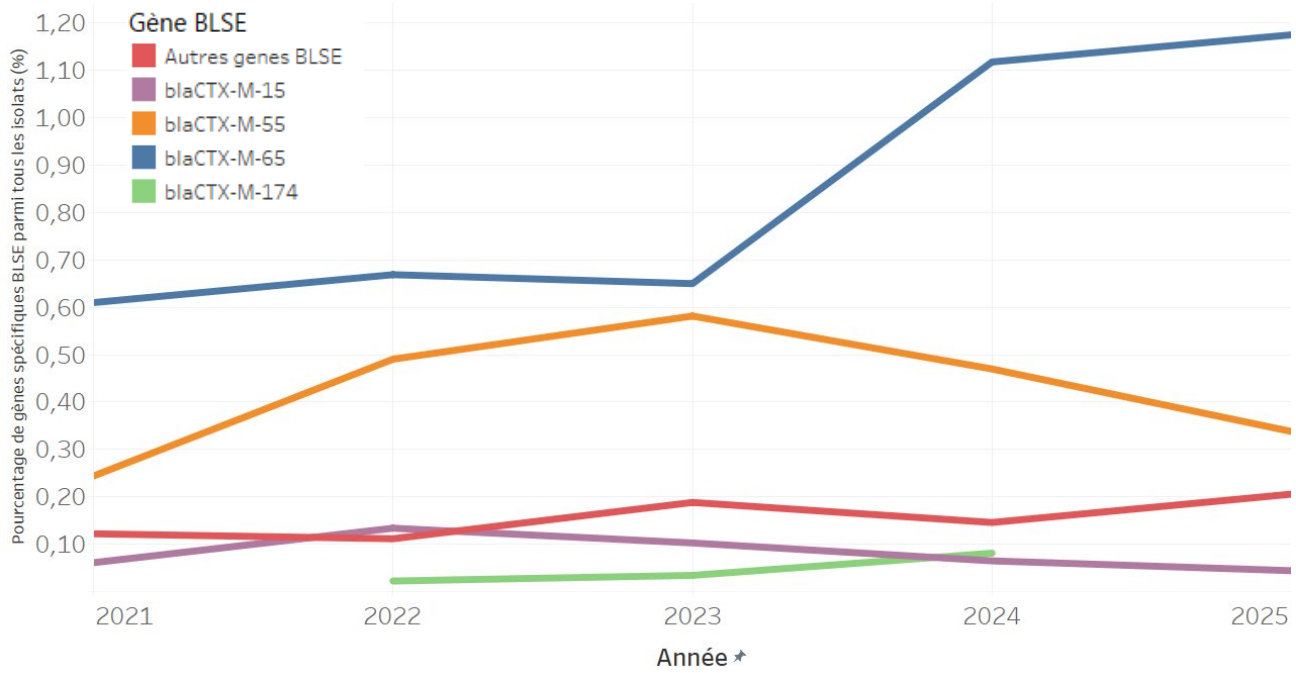
L'ultrarésistance (XDR) demeure plus fréquente chez *S.* Kentucky

- Comparativement à la fréquence des isolats ultrarésistants (XDR) observée parmi l'ensemble des sérotypes non typhiques :
  - Les fréquences d'isolats ultrarésistants (XDR) chez *Salmonella* I 4,[5],12:i:- étaient systématiquement plus élevées.
  - Les fréquences d'isolats ultrarésistants (XDR) chez *S.* Kentucky ont été plus élevées à partir de 2023, malgré un faible nombre d'isolats.



La fréquence globale des gènes de BLSE chez les salmonelles non typhiques humaines a augmenté depuis 2021, principalement en raison de l'augmentation de CTX-M-65

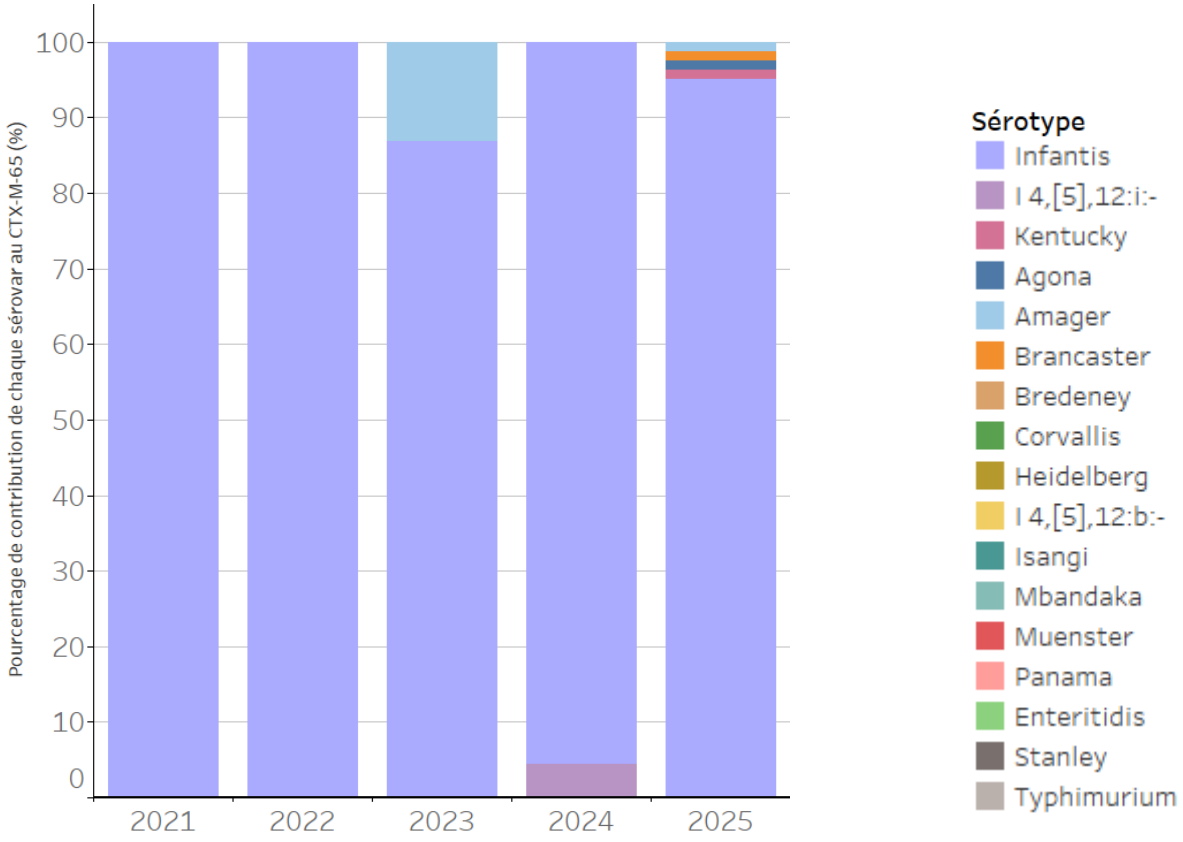
- Les gènes de β-lactamases à spectre étendu (BLSE) sont demeurés peu fréquents.
- La fréquence globale des BLSE chez les isolats de salmonelles non typhiques humaines est passée de 1,0 % en 2021 à 1,9 % en 2024, puis a légèrement diminué à 1,8 % en 2025.



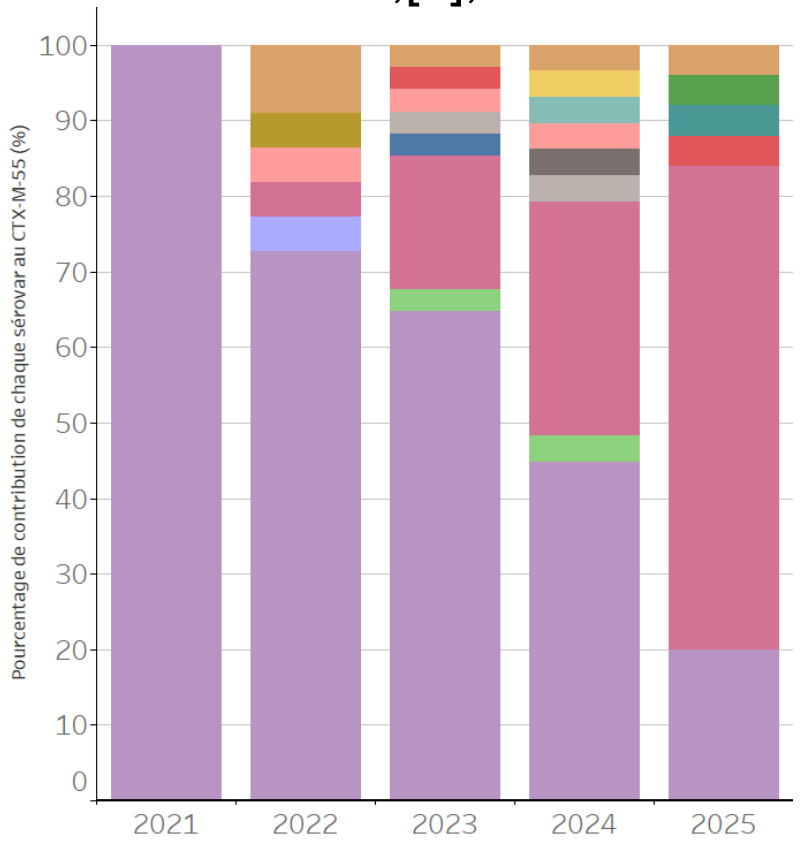
- **CTX-M-65** était le principal gène de BLSE et a augmenté depuis de 2021.
- **CTX-M-55** était le deuxième gène de BLSE le plus fréquent et a présenté une tendance variable au fil du temps.

La distribution des gènes de BLSE était fortement concentrée dans un petit nombre de sérotypes

- Le gène *bla*$_{\text{CTX-M-65}}$ retrouvé principalement chez *S.* Infantis



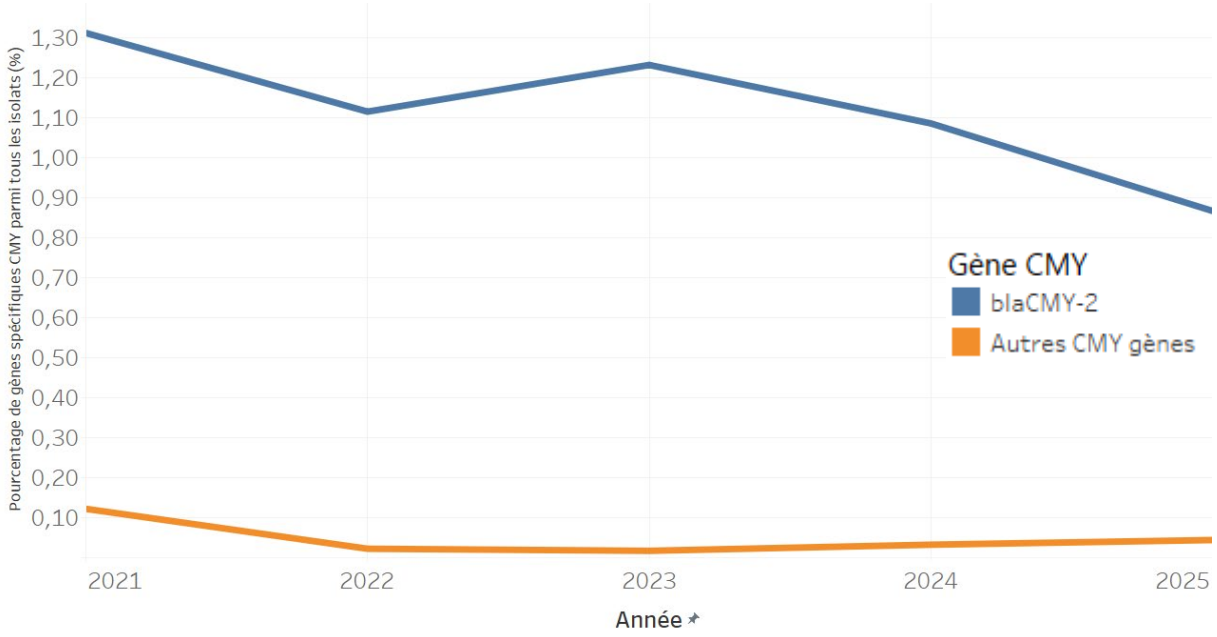
- Le gène *bla*$_{\text{CTX-M-55}}$ retrouvé principalement chez *Salmonella* I 4,[5],12:i:- et *S.* Kentucky



Le gène *bla*$_{CMY-2}$ est demeuré le principal gène CMY malgré une légère diminution entre 2021 et 2025

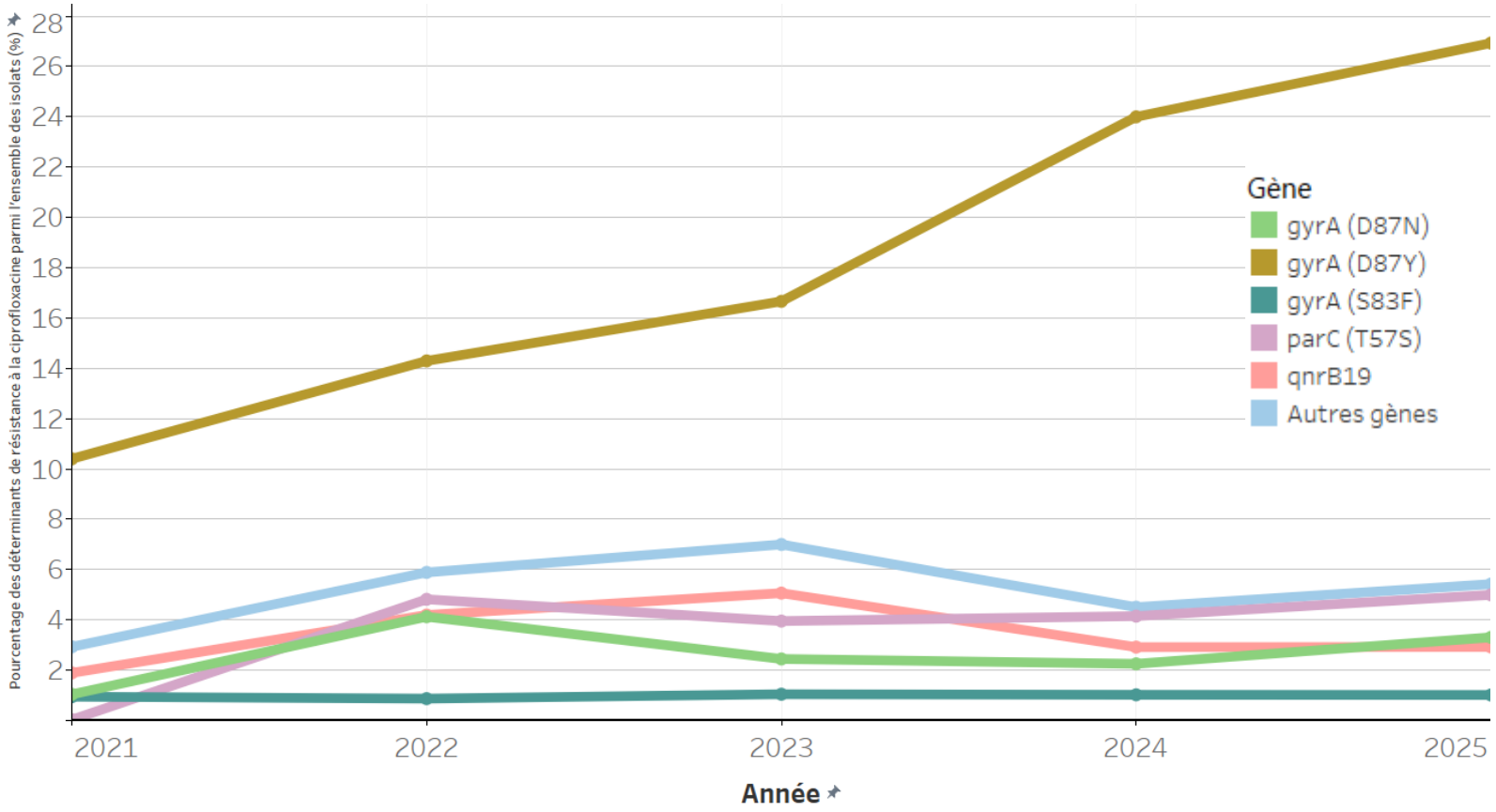
- Les gènes CMY sont demeurés peu fréquents, représentant environ 1,0 % à 1,4 % de l'ensemble des isolats entre 2021 et 2025.
- *bla*$_{CMY-2}$, le principal gène CMY, a légèrement diminué, passant de 1,3 % en 2021 à 0,9 % en 2025.
    - Détecté chez *S*. Dublin, *S*. Heidelberg et *S*. Typhimurium.
- Les autres gènes CMY sont demeurés rares, représentant annuellement de 0,02 % à 0,12 % des isolats :

    bla$_{CMY-4}$ *bla*$_{CMY-44}$ *bla*$_{CMY-54}$ *bla*$_{CMY-61}$



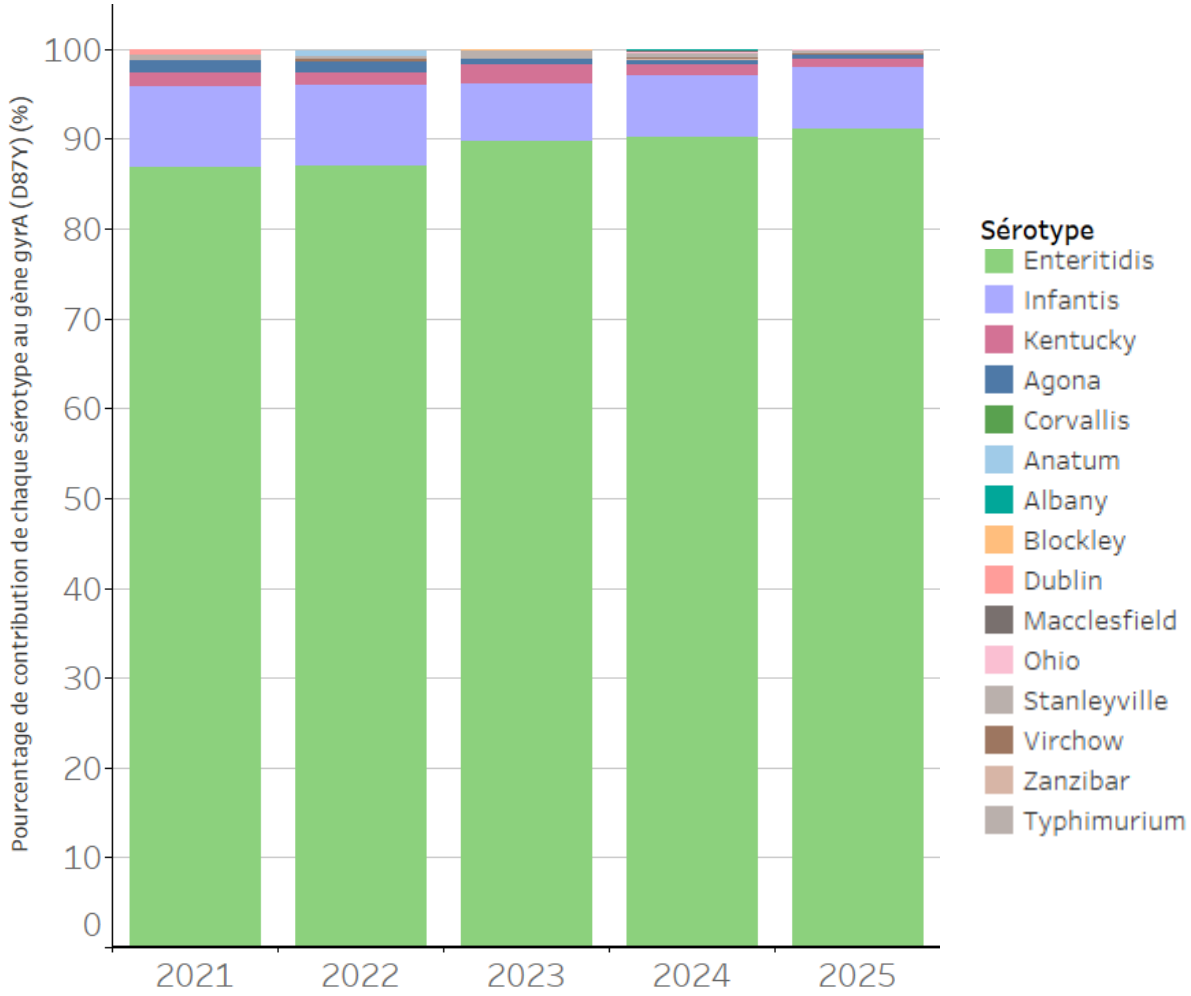
Les déterminants de résistance à la ciprofloxacine étaient dominés par la mutation *gyrA* (D87Y), dont la fréquence a augmenté depuis 2021

- *gyrA* (D87Y) était le principal déterminant de résistance à la ciprofloxacine et sa fréquence a augmenté d'environ 10 % en 2021 à 27 % en 2025.
- Les autres déterminants de résistance aux quinolones, y compris d'autres mutations de *gyrA* et de *parC* ainsi que les gènes de résistance aux quinolones, étaient moins fréquents.



L'augmentation du déterminant *gyrA* (D87Y) était principalement attribuable à *S.* Enteritidis

- *S.* Enteritidis représentait la grande majorité des mutations D87Y, durant toute la période de surveillance, suivie de *S.* Infantis et de *S.* Kentucky



Messages à retenir – *Salmonella* chez l'humain

- Une forte résistance à la ciprofloxacine a persisté chez les salmonelles typhiques.
- La résistance à la ciprofloxacine et à l'ampicilline a augmenté chez les salmonelles non typhiques.
- Les isolats XDR sont demeurés peu fréquents, mais continuent d'être détectés à la fois chez *S.* Typhi et les salmonelles non typhiques.
- Les profils de résistance varient considérablement selon la région et le sérotype.
- Un petit nombre de sérotypes sont responsables d'une part disproportionnée de la résistance aux antimicrobiens :
  - *S.* Dublin, *S.* Kentucky, *Salmonella* I 4,[5],12:i:-, *S.* Newport, *S.* Infantis et *S.* Enteritidis

Campylobacter chez l'humain

Public Health Agency of Canada
Agence de la santé publique du Canada

Canada

La plupart des infections à *Campylobacter* ne nécessitent PAS de traitement antimicrobien.

- Les infections à *Campylobacter* provoquent le plus souvent une diarrhée qui guérit spontanément
  - Le traitement antimicrobien n'est ni nécessaire ni recommandé

- Un traitement antimicrobien est envisagé :
  - Lorsque les signes cliniques sont graves ou prolongés
    - Plus de six épisodes diarrhéiques par jour, diarrhée sanglante, diarrhée durant plus d'une semaine, fièvre persistante
  - Lorsque le patient est immunodéprimé

  - La culture et le test de sensibilité aux antimicrobiens aident à guider le traitement. Les options de traitement comprennent l'azithromycine ou la ciprofloxacine (alternative)

bugsanddrugs.org/CFF1EDAF-526D-4B32-852A-25E3E7F1872E
IDSA 2017 Clinical Practice Guidelines for the Diagnosis and Management of Infectious Diarrhea

Campylobacter a un taux d’incidence élevé chez les Canadiens et Canadiennes.

- Taux d’incidence de *Campylobacter* au Canada en 2024

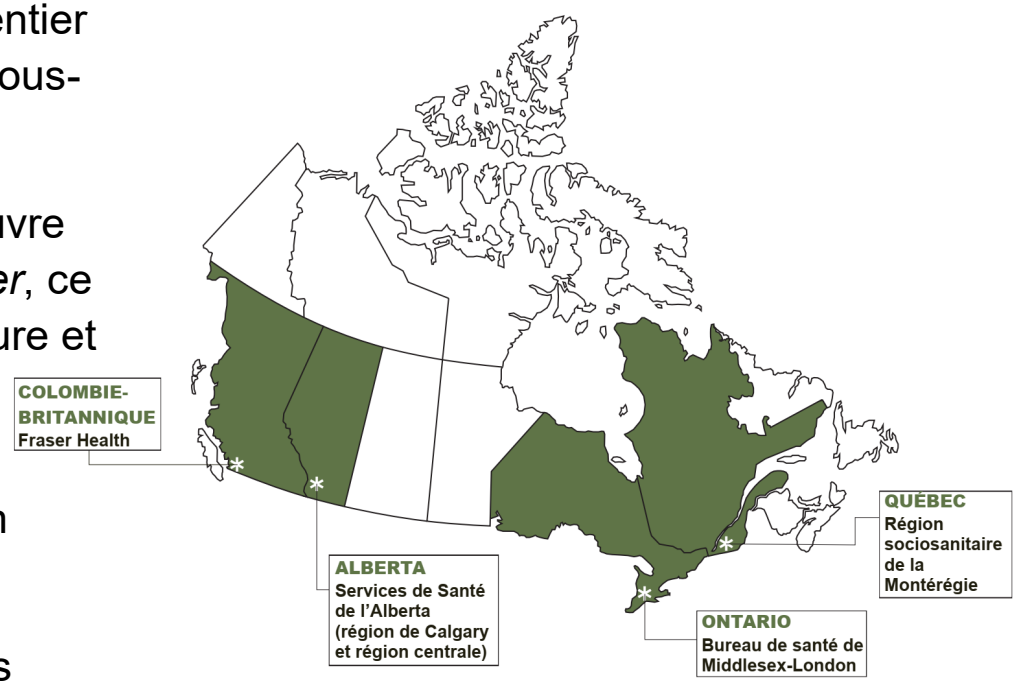
	Taux d’incidence pour 2024 (cas/100 000 habitants)
Campylobacter	17,64

- Source des données – Maladies à déclaration obligatoire en ligne du Système canadien de surveillance des maladies à déclaration obligatoire (SCSMDO)

Réseau aliments Canada (RAC), le réseau intégré de surveillance des sites sentinelles pour les maladies entériques au Canada.

- Les isolats de *Campylobacter* transmis pour séquençage du génome entier (SGE) et tests de sensibilité aux antimicrobiens (TSA) constituent un sous-ensemble de tous les cas de *Campylobacter* au sein du RAC
- Certains laboratoires de divers sites sentinelles du RAC ont mis en œuvre des tests diagnostiques indépendants de la culture pour *Campylobacter*, ce qui peut avoir une incidence sur le nombre d'isolats confirmés par culture et soumis aux SGE et TSA
- <1 % des cas ont été exclus en raison de divergences de données non résolues
- Les données de 2021-2025 sont présentées avec tous sites sentinelles combinés

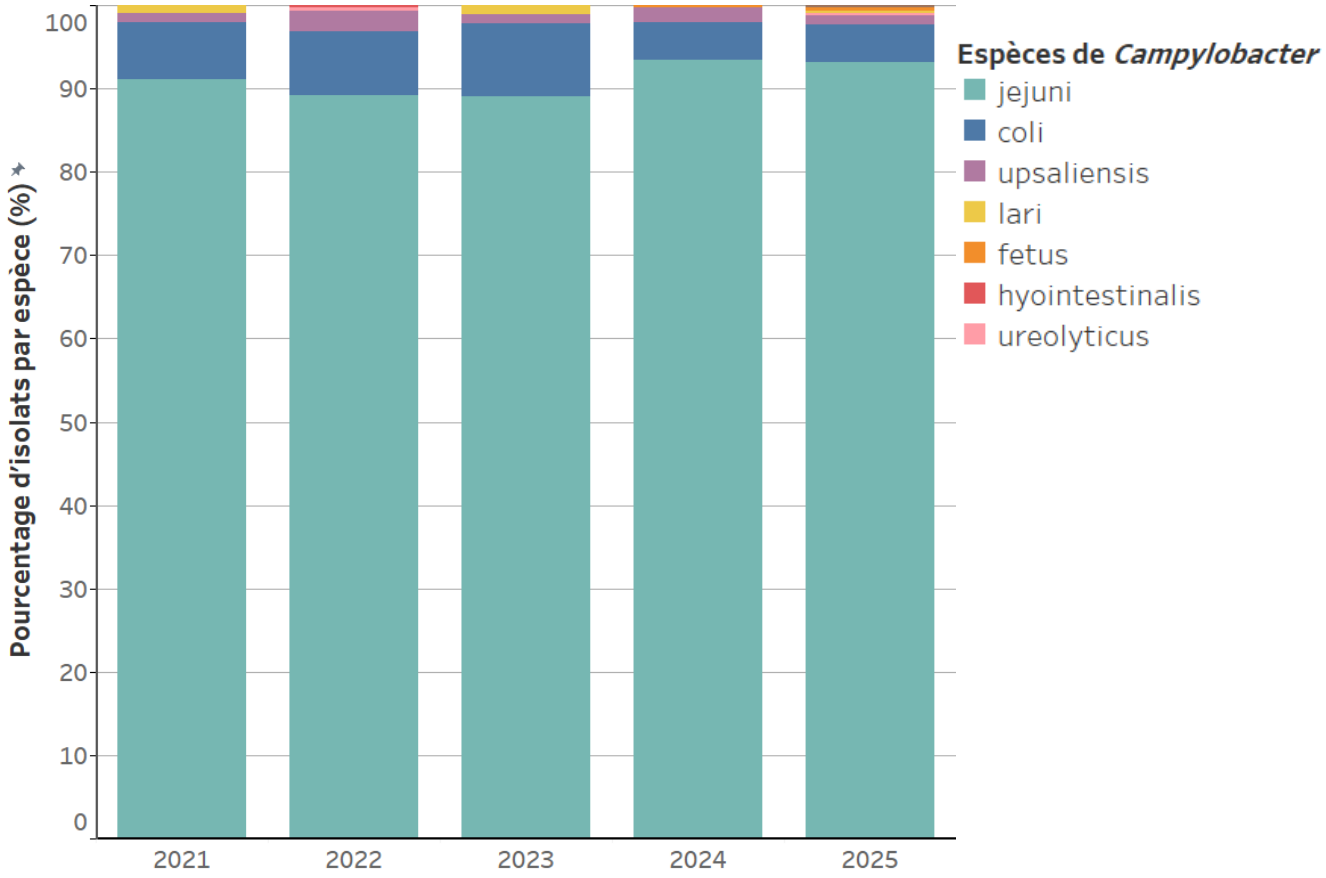
NOTE IMPORTANTE – Les données de 2023, 2024 et 2025 sont préliminaires et sujettes à modification



À propos de Réseau aliments Canada – Canada.ca

C. jejuni est l'espèce prédominante de *Campylobacter* chez l'humain.

- En 2025, 93 % des cas étaient des *C. jejuni*
- Entre 2021 et 2025, *C. jejuni* représentait entre 89 % et 93 % de tous les cas.
- *Campylobacter* provoque principalement des infections gastro-intestinales*



*Les données démographiques et les métadonnées des cas de 2025 n'étaient pas disponibles pour un sous-ensemble des cas; toutefois, les données sur les espèces de *Campylobacter* et la résistance aux antimicrobiens étaient disponibles pour ces cas et ont été incluses dans l'analyse.

Note : seules les souches de *Campylobacter* confirmées par culture sont incluses dans les analyses du PICRA.

Les cas de *Campylobacter* étaient plus fréquents chez les hommes que chez les femmes

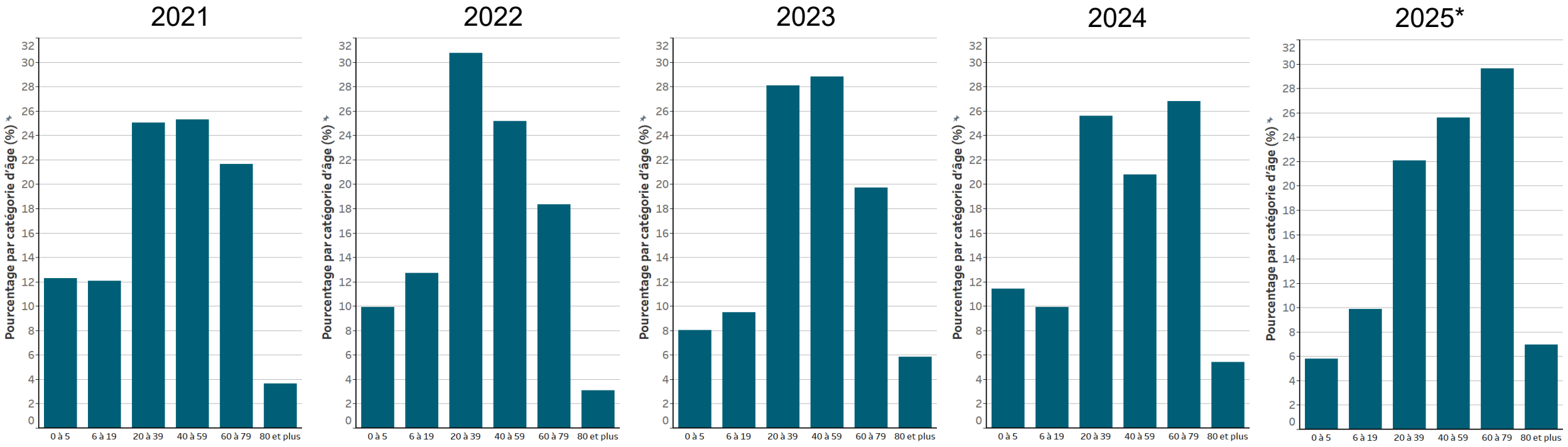
- Entre 2021 et 2025, les hommes représentaient entre 54 % et 59 % de l'ensemble des cas de *Campylobacter* pour lesquels les métadonnées étaient disponibles*

- En 2025, 59 % des cas pour lesquels les métadonnées étaient disponibles étaient des hommes*

*Les données démographiques et les métadonnées des cas de 2025 n'étaient pas disponibles pour un sous-ensemble des cas; toutefois, les données sur les espèces de *Campylobacter* et la résistance aux antimicrobiens étaient disponibles pour ces cas et ont été incluses dans l'analyse.

Répartition variable des catégories d'âge dans les cas de *Campylobacter*.

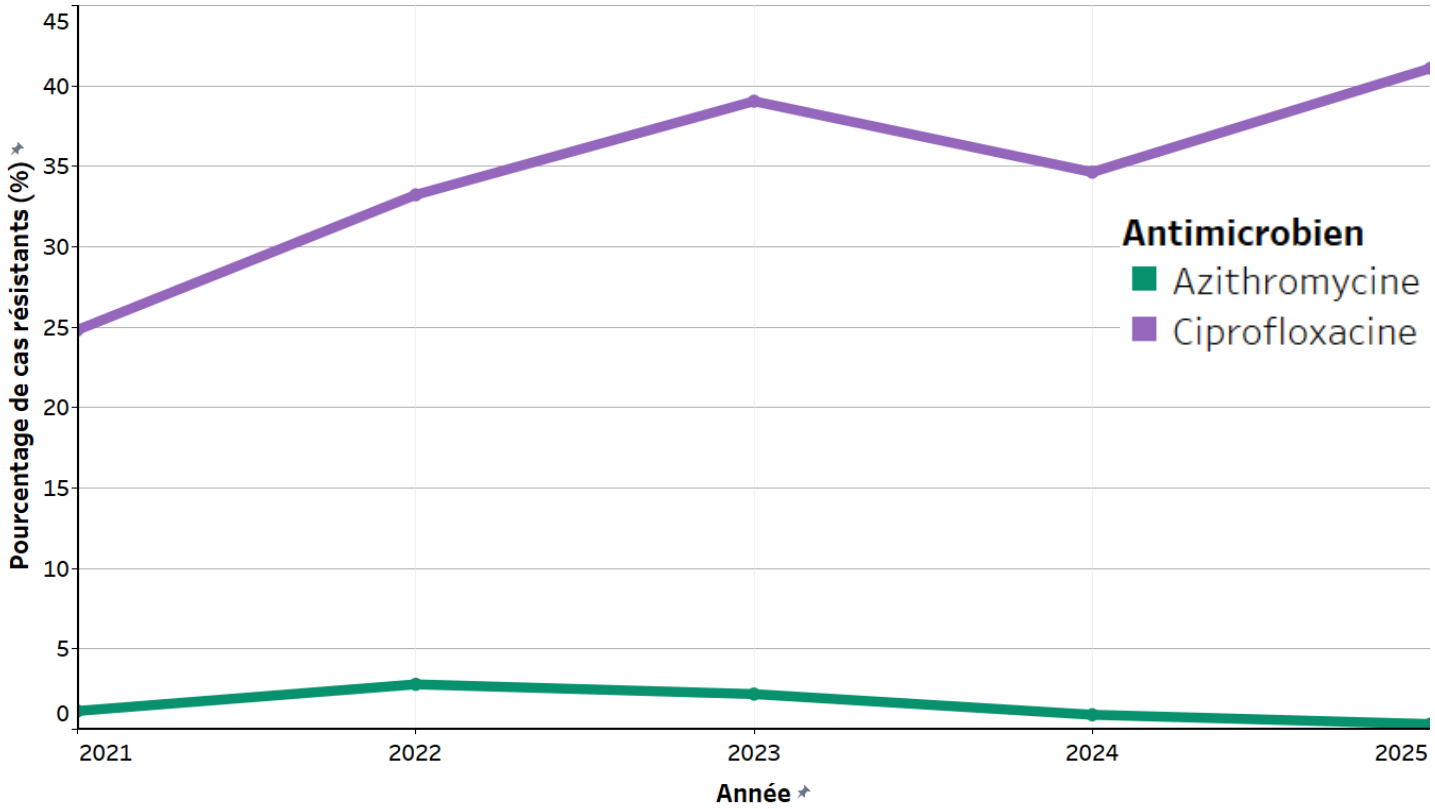
Répartition des catégories d'âge dans les cas de *Campylobacter* chez l'humain



*Les données démographiques et les métadonnées des cas de 2025 n'étaient pas disponibles pour un sous-ensemble des cas; toutefois, les données sur les espèces de *Campylobacter* et la résistance aux antimicrobiens étaient disponibles pour ces cas et ont été incluses dans l'analyse.

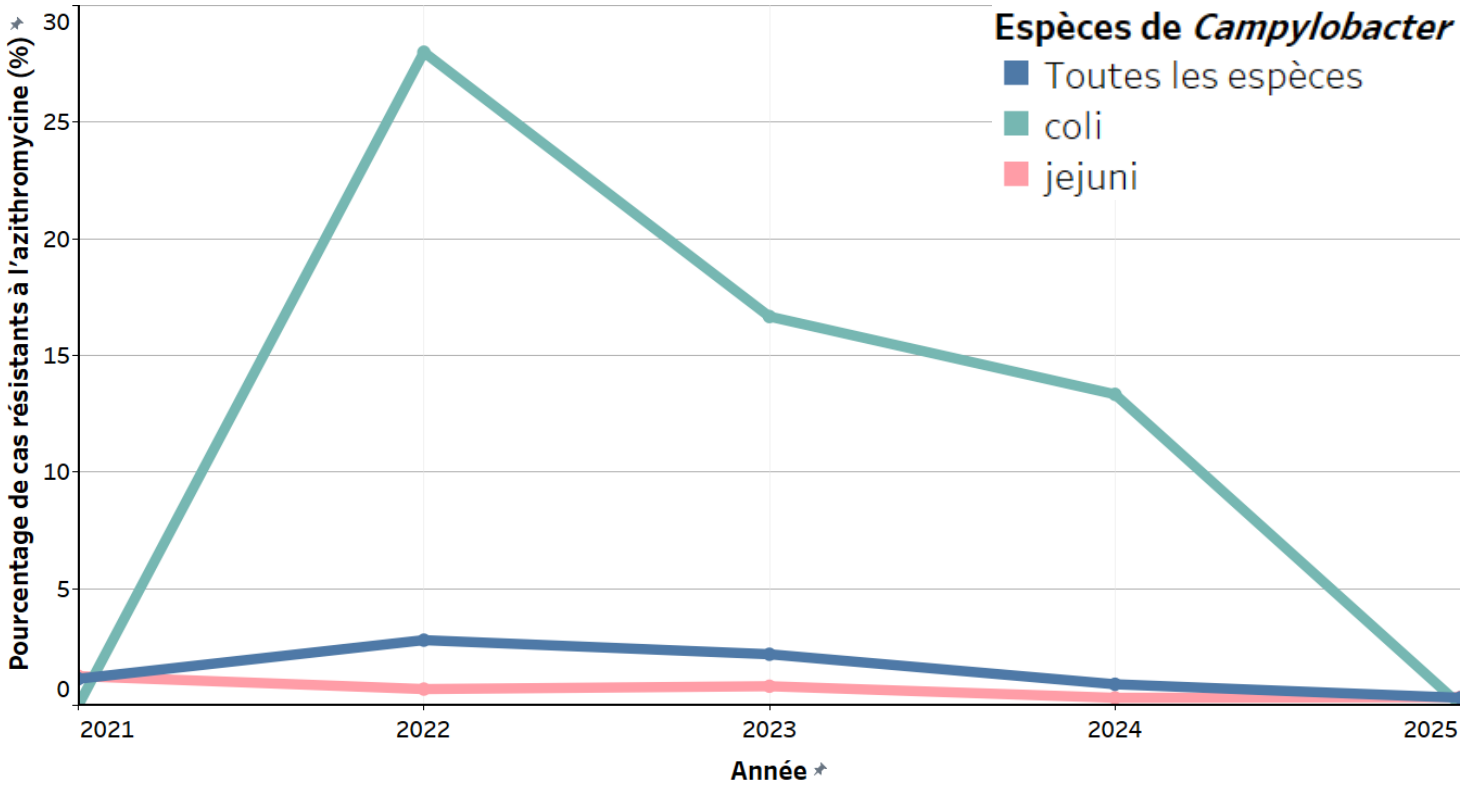
Résistance plus élevée à la ciprofloxacine qu'à l'azithromycine.

- Résistance **variable** et **élevée** à la ciprofloxacine, 41 % en 2025
- Résistance **faible** à **très faible** à l'azithromycine, 0,3 % en 2025



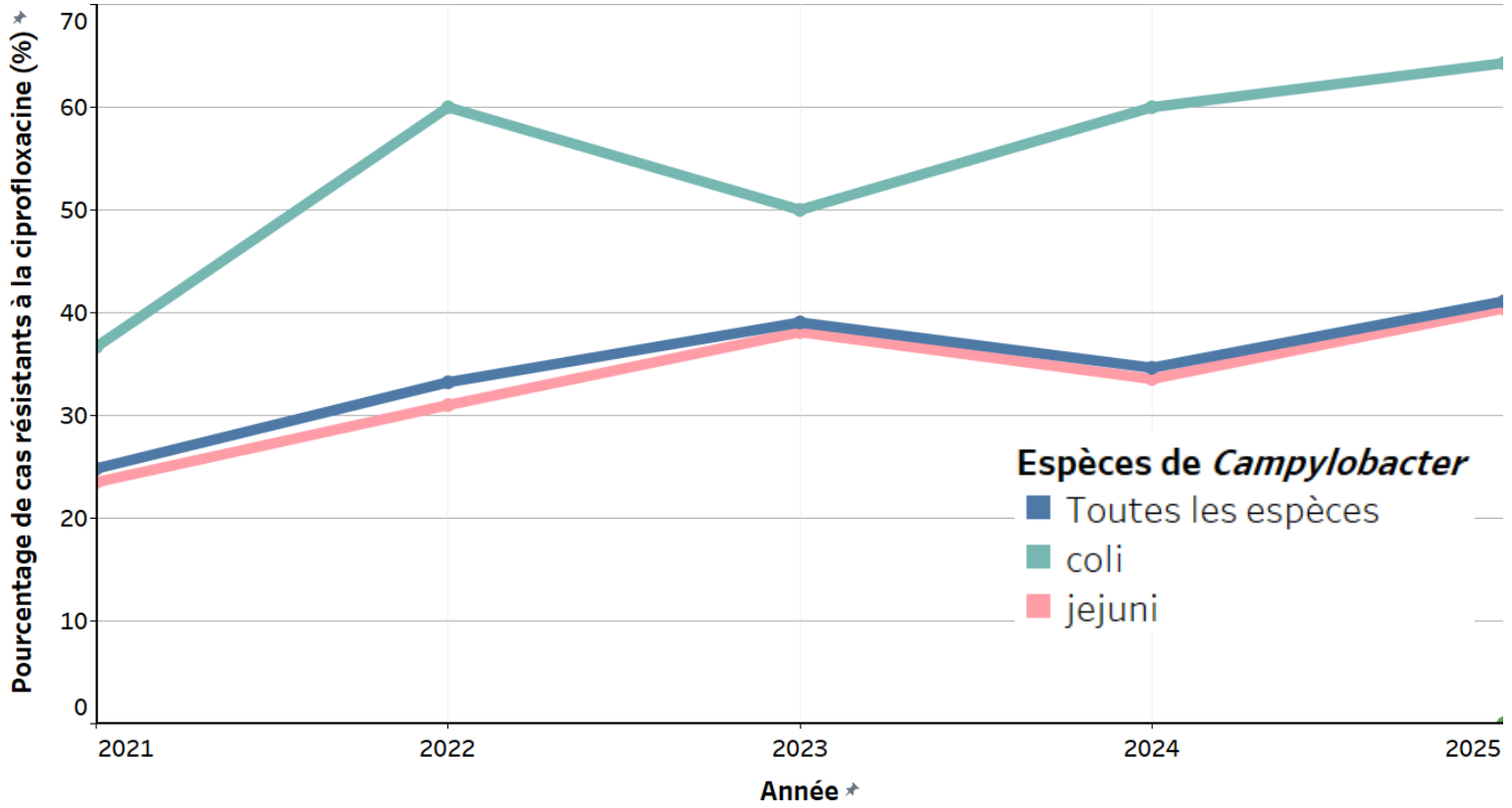
Résistance accrue à l'azithromycine dans *C. coli.*

- Par rapport à la fréquence de la résistance à l'azithromycine chez toutes les espèces de *Campylobacter*
  - *C. coli* était variable et généralement **beaucoup plus élevé** en 2022-2024 (**Note :** plus petit nombre de cas, certaines années <20 cas)
    - Aucun isolat de *C. coli* résistant à l'azithromycine n'a été détecté en 2021 ni en 2025.
  - *C. jejuni* était généralement **plus faible**, 0,35 % en 2025



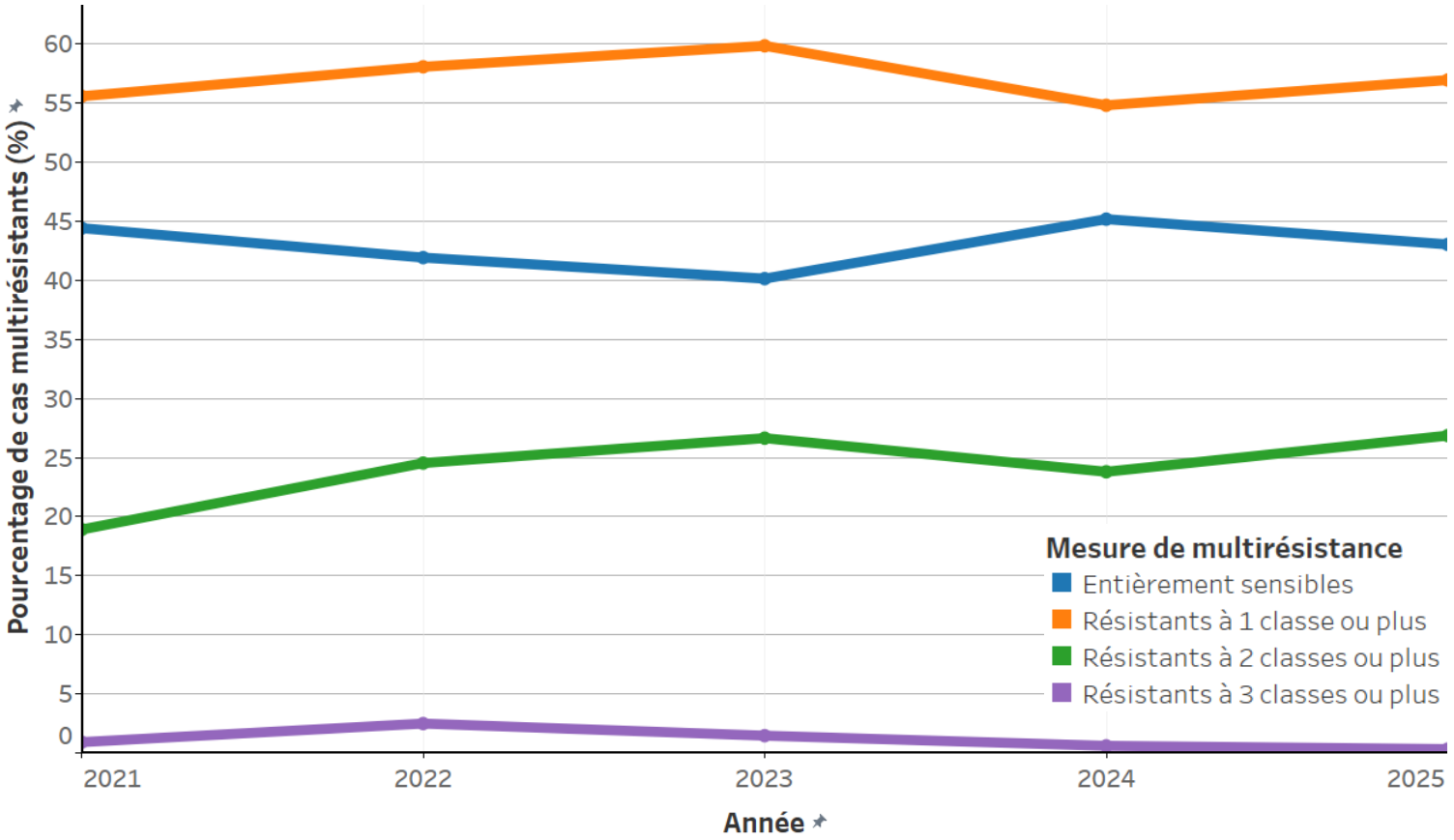
Résistance accrue à la ciprofloxacine dans *C. coli.*

- Par rapport à la fréquence de la résistance à la ciprofloxacine chez toutes les espèces de *Campylobacter*
  - *C. coli* était **variable** et **plus élevé**, 64 % en 2025 (**Note :** plus petit nombre de cas, certaines années <20 cas)
  - *C. jejuni* était **similaire**, 40 % en 2025



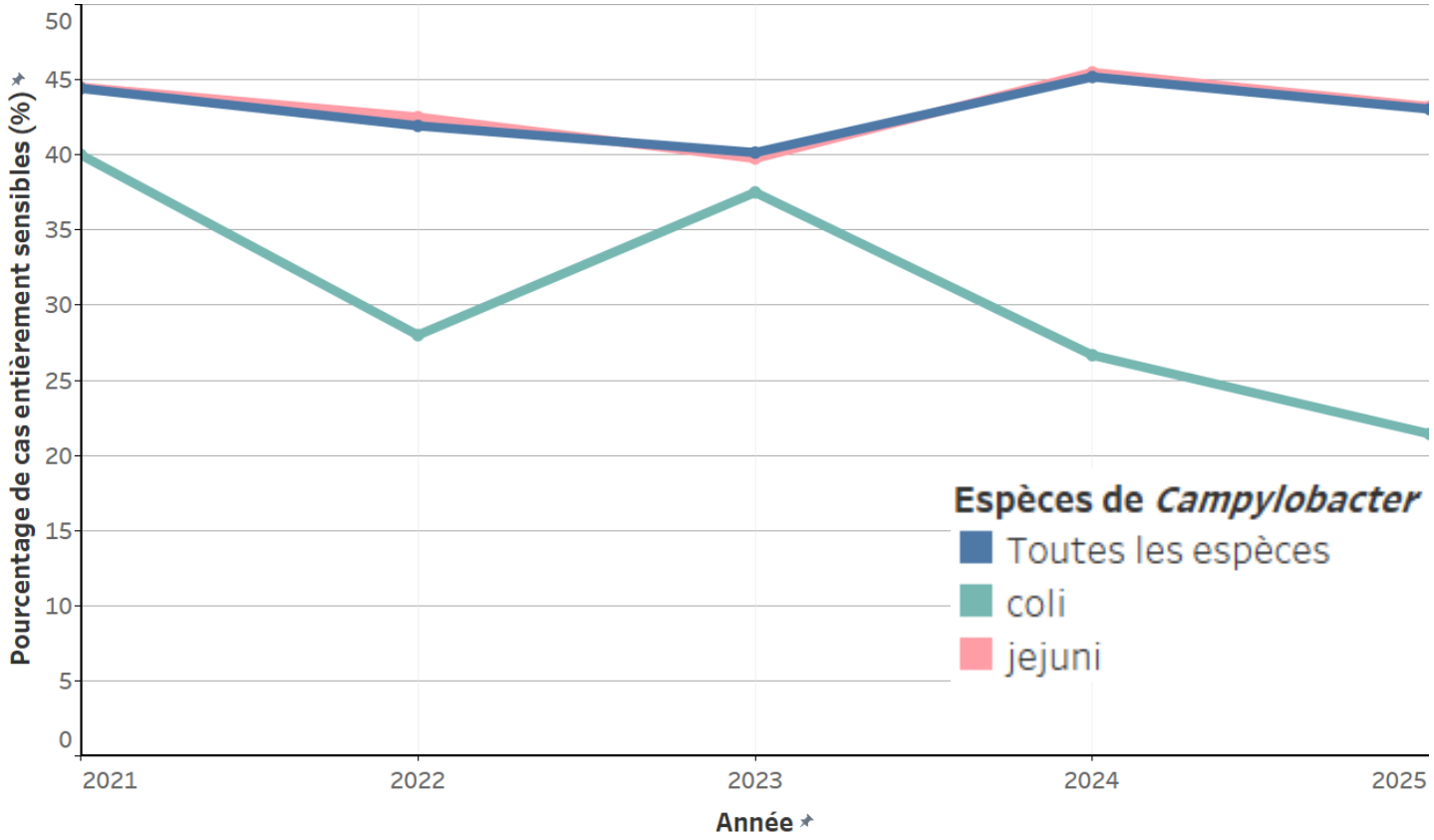
La résistance à au moins 3 classes d'antimicrobiens était faible à très faible.

- Sensibilité complète **variable**, 43 % en 2025
- **Relativement stable** et résistance **faible** à **très faible** à 3 classes ou plus, 0,3 % en 2025



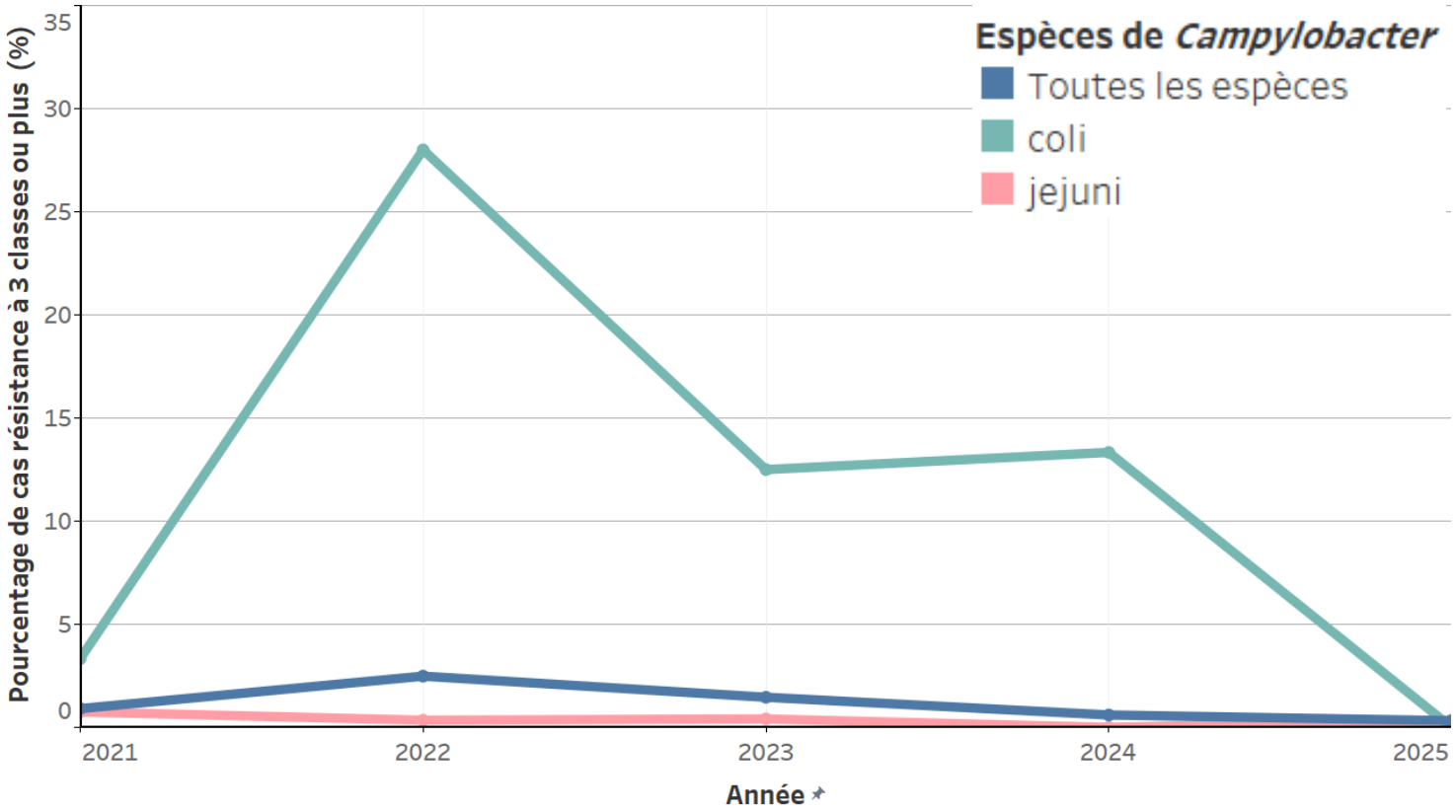
En général, moins de cas de *C. coli* étaient entièrement sensibles.

- Par rapport à la fréquence de sensibilité complète chez toutes les espèces de *Campylobacter*
  - *C. coli* était **variable** et généralement **plus faible** (**Note :** plus petit nombre de cas, certaines années <20 cas)
  - *C. jejuni* était **similaire**, 43 % en 2025



Résistance accrue à 3 classes ou plus dans les cas de *C. coli.*

- Par rapport à la fréquence de la résistance à 3 classes ou plus chez toutes les espèces de *Campylobacter*
  - *C. coli* était **variable**; toutefois, aucun isolat de *C. coli* n'était résistant à 3 classes ou plus en 2025 (**Note :** plus petit nombre de cas, certaines années <20 cas)
  - *C. jejuni* était généralement **plus faible**, avec un seul isolat résistant à 3 classes ou plus en 2025.



Les cas de résistance à 5 classes d'antimicrobiens ou plus sont peu fréquents; ils peuvent compliquer le traitement, le cas échéant.

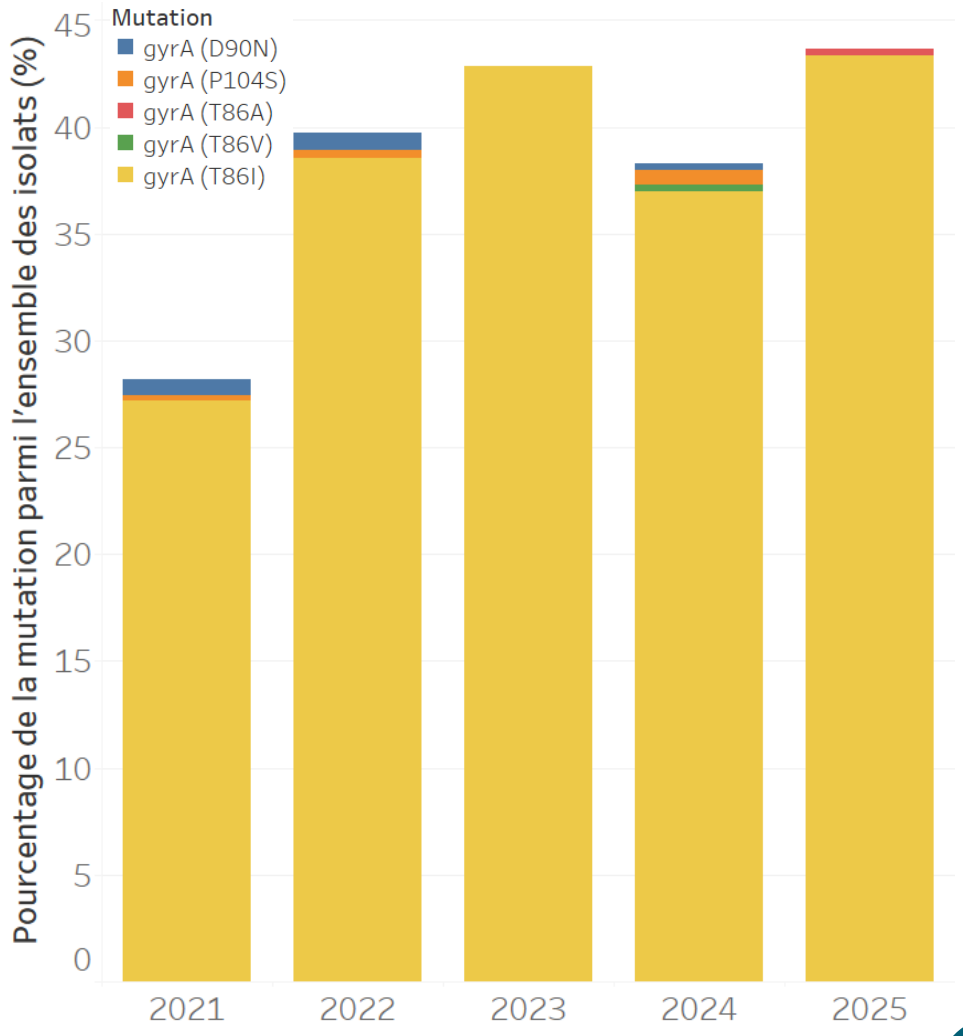
- La résistance maximale observée entre 2021 et 2025 était une **résistance à 5 classes d'antimicrobiens** (n = 3, *C. coli*; n = 1, *C. jejuni*)
  - Résistance aux aminosides, aux lincosamides, aux macrolides, aux quinolones et aux tétracyclines, y compris une résistance à 6 antimicrobiens.

- Le niveau maximal de résistance observé en 2025 était une résistance à 4 classes d'antimicrobiens (n = 1; C. *jejuni*).
  - Résistance aux lincosamides, aux macrolides, aux quinolones et aux tétracyclines, y compris une résistance à 6 antimicrobiens

Les déterminants de résistance à la ciprofloxacine étaient dominés par la mutation *gyrA* (T86I)

- *gyrA* (T86I) était le principal déterminant de résistance à la ciprofloxacine
- D'autres mutations de *gyrA*, notamment *gyrA* (D90N), *gyrA* (P104S), *gyrA* (T86A) et *gyrA* (T86V) ont été détectées peu fréquemment.

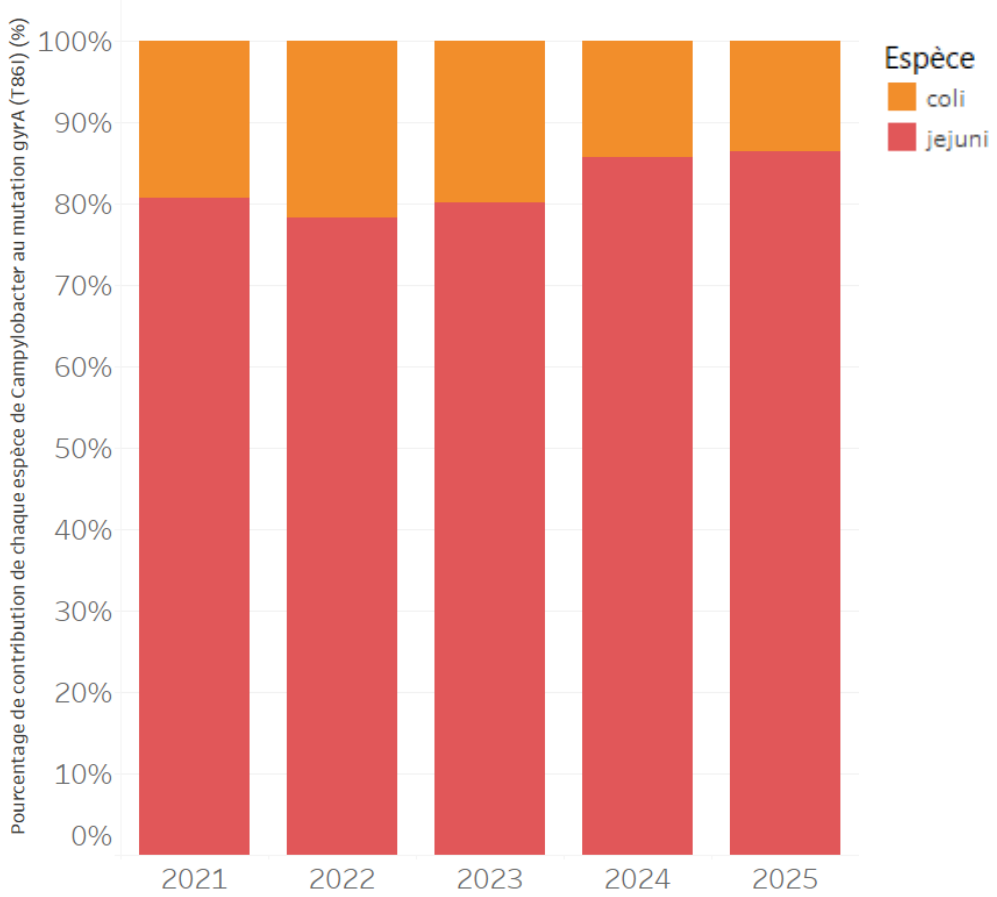
- NOTE : 39 % des isolats résistants à la ciprofloxacine présentaient plus d'une mutation de *gyrA*. Chaque mutation du gène a été comptabilisée séparément.



La mutation *gyrA* (86) a été détecté principalement chez *C. jejuni*

- *C. jejuni* représentait la majorité (78 % à 87 %) des isolats positifs pour *gyrA*(86)

- *C. coli* contribuait à une proportion plus faible des détections chaque année (13 % à 22 %)



Messages à retenir – *Campylobacter* chez l'humain

- *C. jejuni* est demeurée l'espèce de *Campylobacter* prédominante (> 90 % des infections humaines).
- La résistance à la ciprofloxacine est demeurée **élevée** et a augmenté au fil du temps, tandis que la résistance à l'azithromycine est demeurée **très faible**.
- *C. coli* a systématiquement présenté des niveaux de résistance plus élevés que *C. jejuni*.
- Plus de la moitié des cas de *Campylobacter* étaient résistants à au moins une classe d'antimicrobiens.
- La résistance à ≥ 3 classes d'antimicrobiens est demeurée **très faible à faible** et a été observée principalement chez *C. coli*.

Où puis-je obtenir plus de renseignements?

Visualisations de données interactives du PICRA

https://sante-infobase.canada.ca/picra/

Visualisations de données interactives du SCSRA

Salmonella chez l'humain: https://sante-infobase.canada.ca/scsra/

Site internet du PICRA

https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/surveillance/programme-integre-canadien-surveillance-resistance-antimicrobiens-picra.html

Site internet du Réseau aliments Canada (RAC)

https://www.canada.ca/fr/sante-publique/services/surveillance/foodnet-canada.html

Visualisations de données interactives du RAC

https://sante-infobase.canada.ca/reseau-aliments-canada/

Remerciements

- Division Bactériologie et maladies entériques du LNM et PulseNet Canada
- Laboratoires provinciaux de santé publique
- Sites sentinelles du Réseau aliments Canada (*Campylobacter*)
- Programme national de surveillance des maladies entériques (PNSME)

Questions

Coordonnées pour la composante humaine du PICRA

Dre Melissa MacKinnon
melissa.mackinnon@phac-aspc.gc.ca