

Date : 15/01/2026

Offre de stage	Surveillance des souches multirésistantes de <i>Salmonella</i> Infantis isolées de la chaîne agroalimentaire en France – Unité <i>Salmonella</i> et <i>Listeria</i> (H/F)
Période du stage	Stage conventionné de 5 à 6 mois, à temps plein. A pourvoir dès que possible
Localisation	Maisons-Alfort (94700)

L'AGENCE

L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses) assure des missions de veille, d'expertise, de recherche et de référence sur un large champ couvrant la santé humaine, la santé et le bien-être animal, et la santé végétale. Elle offre une lecture transversale des questions sanitaires et appréhende ainsi, de manière globale, les expositions auxquelles l'Homme peut être soumis à travers ses modes de vie et de consommation ou les caractéristiques de son environnement, y compris professionnel.

L'Anses informe les autorités compétentes, répond à leurs demandes d'expertise. L'Agence exerce ses missions en étroite relation avec ses homologues européens.

L'Anses en chiffres

- 1400 agents et 800 experts extérieurs
- Budget annuel : 141 millions d'euros
- Plus de 14 000 avis émis depuis l'origine (1999)
- 66 mandats de référence nationale
- 394 publications scientifiques par an
- Plus de 100 doctorants et post-docs

Pour en savoir plus : www.anses.fr

DESCRIPTION DU STAGE

Entité d'accueil

L'unité est composée de trois équipes chargées de développer des activités de référence, de surveillance et de recherche sur deux pathogènes bactériens impliqués dans les infections humaines d'origine alimentaire : *Salmonella* et *Listeria*.

L'activité de référence consiste à apporter un appui scientifique et technique aux laboratoires officiels, aux pouvoirs publics et aux instances normatives. L'activité de surveillance vise à apprécier l'évolution des contaminations de la chaîne agro-alimentaire. L'activité de recherche vise à comprendre l'adaptation de ces bactéries à leurs niche écologiques. Ces trois activités sont mises en œuvre en interaction au sein de l'unité et contribuent *in fine* à produire des données utiles pour l'évaluation et la gestion des risques.

Contexte

Les contaminations par *Salmonella* constituent une préoccupation majeure pour la sécurité sanitaire des aliments. En Europe, au cours de la dernière décennie, *Salmonella* Infantis s'est imposée comme l'un des sérovars dominants dans la filière avicole notamment chez les poulets de chair et dans la viande de poulet. En 2023, ce sérotype figurait parmi les sérovars les plus reportés en France, en santé humaine, et se classait en 4^{ème} position (derrière *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* et son variant monophasique). De nombreuses études génomiques récentes (Allemagne, Italie, Slovaquie, Turquie, Corée, USA, Israël) portant sur des isolats d'origine animale, alimentaire ou humaine lient la hausse de *S. Infantis* à l'émergence et à la diffusion de clones multirésistants souvent porteurs de plasmides pESI ou pESI-like, intégrant fréquemment des déterminants de résistance aux antibiotiques, aux biocides et aux métaux lourds, ainsi que des déterminants de virulence. L'acquisition de ces plasmides peut conférer des avantages adaptatifs au sein de la chaîne alimentaire, en particulier dans les environnements d'élevage et d'abattage. En France, la surveillance des salmonelles est en partie assurée par le réseau *Salmonella* (RS, Maisons-Alfort) constitué de 115 laboratoires publics et privés. Créé en 1997, ce réseau contribue à surveiller les souches de *Salmonella* d'origine non humaine isolées tout au long de la chaîne agro-alimentaire et dans l'environnement naturel. Les données de surveillance du réseau montrent que *S. Infantis* fait partie des sérotypes les plus fréquemment isolés sur la chaîne agro-alimentaire (4^{ème} rang).

Afin d'optimiser l'activité de surveillance et de vigilance, le réseau *Salmonella* (RS) a mis en place un outil d'analyses de séries temporelles appliqué aux données de surveillance et permettant de déclencher des alarmes statistiques en cas de dépassement du nombre de souches d'un sérotype donné par rapport aux prévisions calculées sur les données antérieures. Cet outil a détecté, 19 alarmes statistiques pour *S. Infantis* émises entre août et novembre 2023, puis entre janvier et octobre 2024. Sur cette période, 400 souches de *S. Infantis* ont été enregistrées dans la base de données du RS. Sur les 400 souches, 31 ont été séquencées. Les résultats préliminaires ont montré la présence chez certaines souches de gènes associés à la résistance aux antibiotiques (*lnu(G)_1*, *qnrB19_1*, *blaTEM-1B_1*, *qnrS1_1*, *blaTEM-1B_1*, *blaCTX-M-3_1*), ainsi que des gènes de virulence codant pour des sidérophores, notamment la yersiniabactine. Toutefois, ces données restent insuffisantes pour apprécier le danger que représente la circulation des souches *S. Infantis* multirésistantes dans les filières alimentaires en particulier celles porteuses de plasmides pESI ou pESI-like. La co-présence dans une même souche de déterminants génétiques de résistance aux antibiotiques et de facteurs de virulence est susceptible de représenter un enjeu majeur en matière de santé publique du fait de la possible émergence et diffusion de souches combinant multirésistance et virulence accrue.

Objectif

Le présent stage propose de poursuivre l'exploration des souches de *S. Infantis* enregistrées par le RS en combinant l'utilisation d'approches de biologie moléculaire et de génomique pour (i) identifier les origines et les trajectoires d'acquisition des plasmides pESI ou pESI-like par *S. Infantis*, (ii) identifier les facteurs favorisant l'émergence et la sélection de ces plasmides dans les environnements agro-alimentaires et (iii) comprendre les modes de diffusion de ces clones dans la chaîne alimentaire et dans l'environnement naturel.

Dans ce cadre, le/la stagiaire sera amené(e) à :

- Décrire les données épidémiologiques associées aux souches de *S. Infantis* enregistrées par le RS ;
- Rechercher par qPCR dans les souches de *S. infantis* disponibles au RS, la présence de gènes codant pour la résistance aux antibiotiques, de plasmides pESI ou pESI-like, et de gènes codant pour la yersiniabactine, un facteur de virulence favorisant la colonisation intestinale de l'hôte ;
- Séquencer les génomes entiers d'une sous collection de souches principalement les souches porteuses de plasmide pESI ou pESI-like afin d'étudier leur contenu et le contexte génétique favorisant leur acquisition ;
- Effectuer une analyse génomique comparative avec les isolats cliniques.

PROFIL RECHERCHÉ

Diplôme en cours Master 2 ou 5ème année d'école d'ingénieur en microbiologie, biotechnologie, bioinformatique, épidémiologie, biostatistique, ou équivalent.

Compétences

- Connaissances en microbiologie et en génomique bactérienne
- Première expérience dans la mise en œuvre des techniques de biologie moléculaire
- Connaissances en épidémiologie
- Rigueur scientifique, esprit de synthèse et capacité d'organisation
- Capacité à communiquer, à travailler en équipe et à rendre compte de son travail
- Qualités rédactionnelles
- Maîtrise de l'anglais scientifique.

POUR POSTULER

Date limite de candidature : 10/02/2026

Renseignements sur le stage : Landry TSOUMTSA MEDA, chargée de projet de recherche au sein de l'unité *Salmonella* et *Listeria* (SEL) (landry.tsoumtsamed@anses.fr) , Nibangue Lare, chargée de projet en surveillance épidémiologique au sein de l'unité *Salmonella* et *Listeria* (SEL) (nibangue.lare@anses.fr) .

Adresser les candidatures par courriel (lettre de motivation + cv) en indiquant la référence Stage-2026-002 à : landry.tsoumtsamed@anses.fr; nibangue.lare@anses.fr