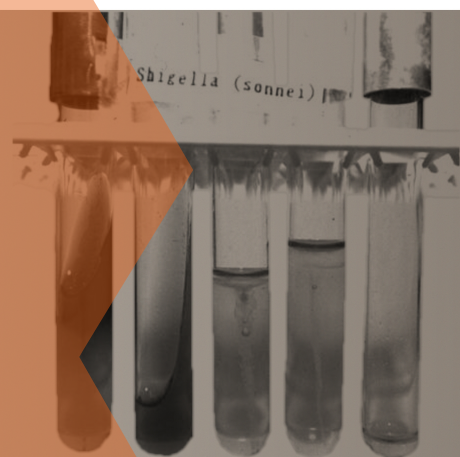
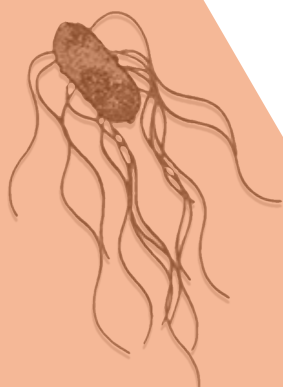


2015

RAPPORT ANNUEL

Centre National de Référence des *Salmonella* et *Shigella*



Souches de *Salmonella* et *Shigella*
isolées en Belgique en 2015

Données de surveillance du Centre National de Référence des *Salmonella* et *Shigella*, Belgique 2015

RAPPORT 2015

DO Maladies transmissibles et
infectieuses
Maladies Bactériennes

Rue J. Wytsman 14
1050 Bruxelles | Belgique

www.wiv-isp.be



Maladies Bactériennes | septembre 2016 | Bruxelles, Belgique

N° de référence interne : CNRSS 2016

N° de dépôt : D/2016/2505/19

ISSN : Version imprimée: 2506-8385 Online : 2506-8393

Auteurs

Réalisé par le Dr Sc. S. Bertrand, Dr. P-J Ceyssens, Dr R. Vanhoof et Dr W. Mattheus
Avec la collaboration technique de D. Baeyens, F., C. Wildemauwe, J. Dewit, H. Steenhaut, et G Dupont, G.

Zahra Boukouchi, Maïté Boutry et M. Thirionet (CNRSS - Epidémiologie moléculaire, Bruxelles).

Traduction et mise en page : S. Bertrand

Tél : +32 642 50 82

Fax : +32 642 52 40

e-mail : sophie.bertrand@wiv-isp.be

Le rapport est aussi disponible en format pdf à l'adresse : <http://bacterio.wiv-isp.be/>

Le projet est financièrement soutenu par

SPF Santé publique, Sécurité de la Chaîne alimentaire et Environnement – Communautés





Remerciements

Nous adressons nos remerciements aux Inspecteurs d'Hygiène qui mènent les enquêtes auprès des patients, ainsi qu'aux laboratoires de microbiologie qui, par l'envoi des souches, contribuent à la surveillance de ces pathogènes.

Nous remercions également l'Agence pour la Sécurité de la Chaîne Alimentaire (AFSCA).



Sommaire

POINTS ESSENTIELS POUR LES <i>SALMONELLA</i> HUMAINES	5
POINTS ESSENTIELS POUR LES <i>SHIGELLA</i>	5
1. Introduction	6
1.1. Objectifs	6
1.2. Qualité	6
2. Méthodologie et matériel	7
2.1. Définition de cas	7
2.2. Collecte des isolats	7
2.3. Taxonomie des genres <i>Salmonella</i> et <i>Shigella</i>	7
2.4. Le sérotypage	7
2.5. Résistance aux antibiotiques	8
2.6. Le typage par la technique MLVA	8
3. Résultats	10
3.1. <i>Salmonella</i> d'origine humaine	10
3.1.1. <i>Salmonella</i> : Collecte des isolats	10
3.1.2. <i>Salmonella</i> : Souches et nature des prélèvements	10
3.1.3. <i>Salmonella</i> : Répartition par séro groupe et principaux sérovars	11
3.1.4. <i>Salmonella</i> : Distribution par arrondissement et taux d'incidence pour 2014	16
3.1.5. <i>Salmonella</i> : Répartition par âge et par sexe	17
3.1.6. <i>Salmonella</i> : Présence saisonnière	19
3.1.7. <i>Salmonella</i> : Bactériémies	20
3.1.8. <i>Salmonella</i> : Notion de séjour récent à l'étranger	21
3.1.9. <i>Salmonella</i> : Tendances (1995-2015)	22
3.1.10. <i>Salmonella</i> : Surveillance de la résistance aux antibiotiques	24
3.1.11. <i>Salmonella</i> : Typage par la technique MLVA	28
3.2. <i>Shigella</i>	30
3.2.1. <i>Shigella</i> : Collecte des isolats	30
3.2.2. <i>Shigella</i> : Souches et nature des prélèvements	30
3.2.3. <i>Shigella</i> : Répartition par sérotype	31
3.2.4. <i>Shigella</i> : Distribution par arrondissement et taux d'incidence pour 2015	32
3.2.5. <i>Shigella</i> : Répartition par âge et par sexe	33
3.2.6. <i>Shigella</i> : Présence saisonnière	34
3.2.7. <i>Shigella</i> : Tendances (1999-2015)	34
3.2.9. <i>Shigella</i> : Notion de séjour récent à l'étranger	36
3.2.10. <i>Shigella</i> : Résistance aux antibiotiques	37
Références	40



POINTS ESSENTIELS POUR LES *SALMONELLA* HUMAINES

- En 2015, 3330 souches de *Salmonella* humaines isolées de 3120 patients ont été reçues par le CNRSS en Belgique.
- Le nombre de salmonelloses s'est stabilisé par rapport à celui de l'année dernière.
- Enteritidis est le deuxième sérovar le plus fréquent (14,7% des souches de *Salmonella*), le premier étant Typhimurium (59,5% des souches).
- Le sérotype le plus fréquent, *S. Typhimurium* présentent de moins en moins de profile R-ACSSuT: Néanmoins, 28,8% des isolats présentent une résistance multiple (MDR), ce qui est défini ici par une résistance vis à vis de plus de 3 antibiotiques.
- En 2015, les sérotypes présentant le plus de résistances sont les *Salmonella* Chester (81,5% MDR), Kentucky (78,8%), Virchow (44,4%) et Infantis (23,8%).
- Parmi les souches *Salmonella* Enteritidis, 33,7% présentent le profil MLVA 2-10-7-3-2. Le profil majoritaire rencontré les années précédentes (3-10-5-4-1) a régressé jusqu'à 8.4% parmi les isolats testés.
- Parmi le sérovar Typhimurium, 174 profils MLVA différents ont été détectés en 2015 sur 487 souches testées. Le profil majoritaire est le 3-12-14-NA-0211 (7,8% des souches testées).

POINTS ESSENTIELS POUR LES *SHIGELLA*

- En 2015, 392 souches de *Shigella* ont été répertoriées par le CNRSS en Belgique.
- 75 % des cas sont dus à l'espèce *sonnei*.
- 17,8 % des isolats de *Shigella* sont résistants à la ciprofloxacine.



1. Introduction

1.1. Objectifs

La principale mission du Centre National de Référence des *Salmonella* et *Shigella* (CNRSS) est d'assurer une surveillance épidémiologique des infections humaines à *Salmonella* / *Shigella*. Cette surveillance s'effectue dans le but de détecter le plus rapidement possible les épidémies, ainsi que leur(s) foyer(s), et sur le plus long terme, d'évaluer les tendances évolutives spatiales et temporelles de ces deux germes.

D'autres salmonelles, notamment celles isolées des denrées alimentaires à destination humaine, sont également sérotypées, ce qui permet d'établir un lien éventuel entre la source de contamination et l'épidémie humaine. La surveillance épidémiologique des 2 sérotypes prédominants (*S. Enteritidis* et *S. Typhimurium*) est complétée par le sous-typage Multi Locus Variable Analyses (MLVA).

Le CNRSS effectue également la surveillance de la sensibilité des germes isolés aux agents antimicrobiens.

L'ensemble de ces missions de surveillance est assuré conjointement avec le programme « Maladies Infectieuses au sein de la population générale » de l'ISP qui reçoit mensuellement du CNRSS le relevé des infections humaines confirmées à salmonelles et shigelles. Ces données sont ensuite transmises au réseau Foodborne and Water Diseases (Réseau européen des infections entériques subventionné par la Commission européenne, ECDC, Fisher *et al.* 1999). Les données épidémiologiques sont également accessibles aux inspecteurs de santé des Communautés sur un serveur de l'ISP à accès restreint.

D'autre part, dès qu'une épidémie est suspectée, le Centre en informe le programme « Maladies Infectieuses au sein de la population générale » qui se charge d'obtenir les autorisations nécessaires afin de mener une enquête auprès des patients affectés et prévient également l'AFSCA pour la recherche d'aliments contaminés. Cette surveillance permet de contrôler les épidémies, d'adapter les mesures de prévention et finalement d'évaluer les différentes actions entreprises en faveur de la santé humaine et de la protection du consommateur.

1.2. Qualité

Depuis plus de 40 ans, le Centre a toujours poursuivi le maintien d'un haut standard de qualité tant au niveau de ses analyses, que dans ses études épidémiologiques et sa production de rapports dans un esprit de satisfaction de ses correspondants et clients. Afin d'officialiser ce standard de qualité, le Centre a introduit en 2003 un système de qualité officiel sur base de la norme NBN en ISO/IEC 17025 et est accrédité depuis le 22 juin 2004. Depuis juin 2013, l'ensemble des tests de typage et de sous-typage moléculaires sont également accrédités selon la norme ISO 15189.

Ce système garantit la rigueur et la validité des protocoles appliqués, la traçabilité des résultats d'analyse, la confidentialité des résultats et l'indépendance technique du laboratoire de toute influence externe sur les tests et résultats d'analyse.

Le système contribue également à l'établissement d'un climat de confiance entre le Centre, ses correspondants et ses clients grâce à la qualité des analyses réalisées.

Outre l'introduction de ce système de qualité officiel, le Centre a introduit l'utilisation des nouvelles technologies (biologie moléculaire, réseaux de communication) afin d'assurer et renforcer la compétence du Centre dans ses missions nationales et internationales de santé publique et de protection du consommateur.



2. Méthodologie et matériel

2.1. Définition de cas

Un cas de salmonellose ou de shigellose est un cas où une *Salmonella* ou une *Shigella* est isolée d'un prélèvement humain. Les cas peuvent être des malades ou des porteurs sains.

2.2. Collecte des isolats

Chaque isolement de *Salmonella* humaine et de *Shigella* effectué dans les laboratoires de biologie clinique du pays est envoyé sur base volontaire au CNRSS avec la fiche de renseignements sur la souche et son épidémiologie. Les caractères antigéniques déjà recherchés doivent être aussi mentionnés. En cas d'épidémie ou de toxi-infection alimentaire collective, seulement quelques souches provenant de différents malades doivent être envoyées en indiquant qu'il s'agit d'une épidémie et en mentionnant le nombre total de cas recensés.

2.3. Taxonomie des genres *Salmonella* et *Shigella*

Le genre *Salmonella* appartient à la famille des *Enterobacteriaceae* et contient deux espèces:

S. enterica (2557 sérovars) qui se subdivise en 6 sous espèces:

- 1) *S. enterica* sous espèce *enterica* (1531 sérovars) ou sous espèce I
- 2) *S. enterica* sous espèce *salamae* (505 sérovars) ou sous espèce II
- 3) *S. enterica* sous espèce *arizonae* (99 sérovars) ou sous espèce IIIa
- 4) *S. enterica* sous espèce *diarizonae* (336 sérovars) ou sous espèce IIIb
- 5) *S. enterica* sous espèce *houtenae* (73 sérovars) ou sous espèce IV
- 6) *S. enterica* sous espèce *indica* (13 sérovars) ou sous espèce VI

S. bongori (22 serovars)

Nombre de sérovars (2579) officiellement publiés dans la référence: Formules antigéniques des sérovars de *Salmonella* (2007) 9ème édition (Grimont *et al.* 2007).

Le genre *Shigella* appartient à la famille des *Enterobacteriaceae* et contient quatre espèces : *S. dysenteriae*, *S. flexneri*, *S. boydii* et *S. sonnei*. L'identification de ces quatre espèces est basée sur des caractères biochimiques et antigéniques (Ewing *et al.* 1971). Chaque espèce est subdivisée en sérovars sur la base d'un facteur O caractéristique ; ceux-ci sont désignés par des chiffres arabes (parfois suivi d'une lettre ou simplement par une lettre chez certains variants de *S. flexneri*).

2.4. Le sérotypage

La détermination du sérotype des *Salmonella* se fait par la recherche des antigènes somatiques O, flagellaires H et de surface (Vi) selon le schéma de Kauffmann et White (Kauffmann F. 1996). En cas de nécessité, des tests biochimiques complémentaires sont effectués pour confirmer l'identification ou différencier les différentes sous-espèces.



Tableau 1. Désignation des groupes O

Alphabétique	Actuelle	Alphabétique	Actuelle	Alphabétique	Actuelle
A	2	G1-G2	13	Q	39
B	4	H	6,14	R	40
C ₁ -C ₄	6,7	I	16	S	41
C ₂ -C ₃	8	J	17	T	42
D ₁	9	K	18	U	43
D ₂	9,46	L	21	V	44
D ₃	9,46,27	M	28	W	45
E ₁ -E ₂ -E ₃	3,10	N	30	X	47
E ₄	1,3,19	O	35	Y	48
F	11	P	38	Z	50

Les groupes O les premiers individualisés furent initialement désignés par les lettres de l'alphabet. Ayant utilisé toutes les lettres, il fut nécessaire de poursuivre par des chiffres (de 51 à 67). L'usage des chiffres est recommandé par rapport à l'usage des lettres qui sont encore provisoirement conservées entre parenthèses. Ex O:4 (B) ; O:18 (K) (*Tableau 1*).

La détermination du sérotype des *Shigella* se fait par la recherche des antigènes somatiques O. Des tests biochimiques complémentaires sont également effectués pour confirmer l'identification et différencier les différentes espèces et variétés (Le Minor *et al.*, 1993).

2.5. Résistance aux antibiotiques

En 2015, un échantillonnage aléatoire a été effectué sur les 6 sérovars de salmonelles d'origine humaine les plus fréquents. Toutes les souches d'autres sérovars connus pour être plus invasifs (ex : Typhi, Paratyphi) ou dont les données de la littérature démontrent qu'un suivi de l'antibiorésistance doit être mis en place (exemple : Infantis, Kentucky et Newport) ont été sélectionnés. Les échantillonnages aléatoires ont été réalisés selon le schéma présenté dans le *Tableau 2*.

La sensibilité à 14 antibiotiques a été mesurée par la méthode de diffusion de Kirby-Bauer selon les recommandations de la norme EU-CAST ou à défaut celles du CLSI (Clinical and Laboratory Standards Institute) pour l'ensemble des souches sélectionnées.

Tableau 2. Schéma d'échantillonnage pour la réalisation d'antibiogrammes (2015)

Sérovar	Semaines				
	1-24	25-29	30-41	42-47	48-53
Enteritidis	5	10	20	10	5
Typhimurium	5	10	10	5	5
Hadar	Toutes les souches isolées				
Infantis	Toutes les souches isolées				
Virchow	Toutes les souches isolées				
Brandenburg	Toutes les souches isolées				
Derby	Toutes les souches isolées				
Typhi	Toutes les souches isolées				
Paratyphi A, B et C	Toutes les souches isolées				
Dublin	Toutes les souches isolées				
Kentucky	Toutes les souches isolées				
Newport	Toutes les souches isolées				

2.6. Le typage par la technique MLVA

Le typage par la technique MLVA a été réalisé par le CNRSS selon l'article de Hopkins pour les souches de *Salmonella* Enteritidis (Hopkins *et al.* 2011) et selon l'article de Lindstedt (*et al.* 2004) pour les *Salmonella* Typhimurium. Les souches ont été échantillonnées suivant le schéma repris dans le *Tableau 3*.



Tableau 3. Schéma d'échantillonnage pour la MLVA

Sérovar	Semaines				
	1-24	25-29	30-41	42-47	48-53
Enteritidis	5	10	20	10	5
Typhimurium	5	10	10	5	5



3. Résultats

3.1. *Salmonella* d'origine humaine

3.1.1. *Salmonella* : Collecte des isolats

En 2015, les laboratoires qui avaient soumis des isolats humains de *Salmonella* pour sérotypage étaient au nombre de 157. Le nombre moyen d'isolats envoyés par les laboratoires au CNRSS est de 21,4 par an.

3.1.2. *Salmonella* : Souches et nature des prélèvements

En 2015, 3330 souches de salmonelles humaines représentant 3120 cas de Salmonellose ont été enregistrées par le CNRSS. Ceci représente une diminution de 67,3 et 36,5% respectivement par rapport à 2004 et 2005, années au cours desquelles 9543 et 4916 souches avaient été isolées. Cette chute est essentiellement liée à la diminution du sérovar Enteritidis (-92,5% par rapport à 2004 et -79,4 % par rapport à 2005). En 2015, le nombre de *Salmonella* Enteritidis était 458.

La majorité des souches (94,01%) étaient isolées à partir de selles. La nature des prélèvements pour les 5,9 % restant est présentée dans le Tableau 4.

Tableau 4. Nature des prélèvements (N= 3120)

	N	%
Selles	2933	94.01
Sang	79	2.53
Urines	53	1.70
Autre	18	0.58
Selles + sang	5	0.16
Pus	3	0.10
Expectorations	2	0.06
inconnu	20	0.64
Selles + urine	1	0.03
Bile	1	0.03
Urine + selle +sang	1	0.03
Liquide du genou	1	0.03
Liquide vaginal	1	0.03
Liquide céphalorachidien	1	0.03
Abcès	1	0.03

La majorité des souches adressées au CNRSS concerne des cas isolés de salmonellose survenus en dehors d'un contexte de cas groupés. Pour ces cas groupés, veuillez consulter le rapport du Laboratoire National de Référence des TIA (toxi-infections alimentaires).

En 2015, 22 souches envoyées pour sérotypage n'étaient pas des *Salmonella* : celles-ci ont été écartées sur base des réactions biochimiques (Kligler-Hajna, uréase) et de l'absence d'agglutination avec des sérums omnivalents.



3.1.3. *Salmonella* : Répartition par séro groupe et principaux sérovars

Le Tableau 5 reprend les fréquences relatives des principaux sérovars en 2015 et la Figure 1 reprend la fréquence relative des 10 principaux sérovars de *Salmonella* en 2015. En 2015, le séro groupe O4 (B), le plus important (68,2 %), était constitué d'une majorité de souches du sérovar Typhimurium (N=1857) représentant à elles-seules 87,3 % du séro groupe O4 (B) (*Tableau 6*). Ce sérotype était suivi par Stanley (N=57), Derby (N=49) et Chester (N=33). Les salmonelles du groupe O9,12 (D1) constituaient 16,9 % de l'ensemble des salmonelles d'origine humaine. Le sérovar le plus important de ce groupe était Enteritidis (N=458). Les 5 sérovars les plus fréquents appartenant au groupe O7 et O8 (C1, C2, C3) étaient Infantis (N=68) Kentucky (N=34), Livingstone (N= 31) Newport (N=23) et Hadar (N=15).

Tableau 5. *Salmonella* d'origine humaine : Fréquence des principaux sérovars en 2015

Sérovar	N	%
Typhimurium	1857	59,52
Enteritidis	458	14,68
Infantis	68	2,18
Stanley	57	1,83
Derby	49	1,57
Kentucky	34	1,09
Chester	33	1,06
Livingstone	31	0,99
Agona	23	0,74
Newport	23	0,74
Autres	487	15,61
Total	3120	100

Figure 1. Les dix principaux sérovars de *Salmonella* d'origine humaine en 2015



Top dix des sérotypes de *Salmonella* humaine répertoriés en 2015

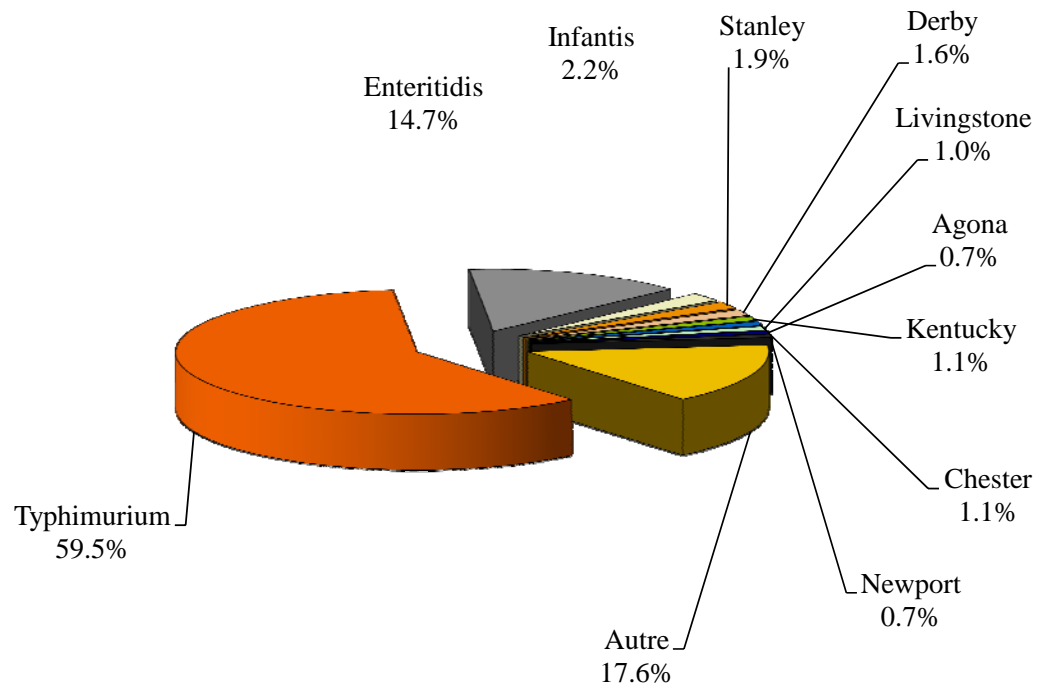




Tableau 6 : Salmonelles d'origine humaine: répartition par séroroupe (N = 3120; 2015)					
Salmonelles d'origine humaine					
Nombre total de souches	3120				
	O:2(A)			O:7 (C1)	
Sérovar	Nombre	%	Sérovar	Nombre	%
Paratyphi A	5	0.16	Infantis	68	2.18
Total	5	0.16	Livingstone	31	0.99
			Rissen	13	0.42
	O:4(B)		Braenderup	12	0.38
Sérovar	Nombre	%	Montevideo	9	0.29
Typhimurium	644	20.64	Virchow	9	0.29
Typhimurium var. O:5-	366	11.73	Oranienburg	8	0.26
Monophasic Typhimurium 4,5,12:I-	847	27.15	Tennessee	7	0.22
Stanley	57	1.83	SubspI [I 7:d:-]	2	0.06
Derby	49	1.57	SubspI [I 7:-:-]	2	0.06
Chester	33	1.06	SubspI [I 7:r:-]	1	0.03
SubspI [I 4,5:b:-]	9	0.29	SubspI [I6.7:-:enz15]	1	0.03
SubspI [I 4,5:-:1,2]	5	0.16	SubspI [I 6,7:-:1,5]	1	0.03
SubspI [I 4:b:-]	4	0.13	Mbandaka	5	0.16
SubspI [I 4:l,v:-]	3	0.10	Bareilly	5	0.16
SubspI [I 4:d:-]	2	0.06	Thompson	4	0.13
SubspI [I 4:-:1,2]	2	0.06	Kambole	2	0.06
SubspI [I 4:eh:-]	1	0.03	Isangi	2	0.06
SubspI [I 4:-:1,w]	1	0.03	Mikawasima	2	0.06
Agona	23	0.74	Jerusalem	1	0.03
Saintpaul	14	0.45	Colindale	1	0.03
Brandenburg	14	0.45	Nigeria	1	0.03
Paratyphi B	9	0.29	Larochelle	1	0.03
Coeln	6	0.19	SubspII [II 6,7:z:-]	1	0.03
Indiana	5	0.16	Richmond	1	0.03
Bredeney	5	0.16	Galiema	1	0.03
Abony	4	0.13	Cholerasuis Var. Kunzendorf	1	0.03
Sandiego	3	0.10	Obogu	1	0.03
Paratyphi B var. L(+) Tartrate+	3	0.10	Singapore	1	0.03
Brancaster	2	0.06	Total	194	6.22
Agama	2	0.06			
Schwarzengrund	2	0.06		O:9, 46 (D2)	
Stanleyville	2	0.06	Sérovar	Nombre	%
Bispebjerg	2	0.06	Baidon	1	0.03
Banana	1	0.03	Louisiana	1	0.03
Haifa	1	0.03	Hillingdon	1	0.03
Hessarek	1	0.03	Total	3	0.10
Heidelberg	1	0.03			
Reading	1	0.03		O:6, 14 (H)	
Remo	1	0.03	Sérovar	Nombre	%
Ituri	1	0.03	Blijdorp	1	0.03
Kingston	1	0.03	Total	1	0.03
Total	2127	68.17		Non classés	
			Sérovar	Nombre	%
			Auto-agglutinable	5	0.16
			Species	8	0.26
			Total	13	0.42



Tableau 6 (Suite1) : Salmonelles d'origine humaine: répartition par sérotype (N = 3120; 2015)					
O:8(C2-C3)			O:3,10 (E1)		
Sérovar	Nombre	%	Sérovar	Nombre	%
Kentucky	34	1.09	SubspI [I 3,10:r:-]	2	0.06
Newport	23	0.74	SubspI [I 3.10:-:z6]	1	0.03
Hadar	15	0.48	Anatum	5	0.16
Bovismorbificans	15	0.48	Give	3	0.10
Muenchen	12	0.38	Muenster	2	0.06
Corvallis	7	0.22	Weltevreden	2	0.06
Manhattan	5	0.16	Lexington	2	0.06
Litchfield	4	0.13	London	2	0.06
Kottbus	3	0.10	Total	19	0.61
Goldcoast	4	0.13	O:1,3,19 (E4)		
Utah	2	0.06	Sérovar	Nombre	%
SubspI [I 6.8:d:-]	1	0.03	Senftenberg	4	0.13
SubspI [I 8,20:-:z6]	1	0.03	Kouka	1	0.03
SubspI [I 6.8:eh:-]	1	0.03	Parkroyal	1	0.03
Albany	3	0.10	Total	6	0.19
Bardo	3	0.10	O:11(F)		
Stourbridge	2	0.06	Sérovar	Nombre	%
Gatuni	1	0.03	Kisarawe	4	0.13
Blockley	1	0.03	SubspIIb [IIIb 11:k:z,53]	1	0.03
Apeyeme	1	0.03	Woodinville	1	0.03
Altona	1	0.03	SubspI [I 11:i:-]	1	0.03
Total	139	4.46	Heerlen	1	0.03
O:9 (D1)			Total	8	0.26
Sérovar	Nombre	%	O:13 (G)		
Enteritidis	458	14.68	Sérovar	Nombre	%
Panama	17	0.54	Kedougou	2	0.06
Typhi	16	0.51	Idikan	3	0.10
Dublin	12	0.38	Poona	2	0.06
SubspI [I 9:l,v:-]	2	0.06	Worthington	1	0.03
SubspI [I 9:-:1,5]	2	0.06	Leiden	1	0.03
SubspI [I 9:-:-]	1	0.03	Telekebir	1	0.03
SubspI [I 9:-:e,n,x]	1	0.03	Putten	1	0.03
Durban	5	0.16	Durham	1	0.03
Javiana	5	0.16	Agbeni	1	0.03
Napoli	4	0.13	SubpII [II:13.22:z29]	1	0.03
SubspII [II 9:l,w:enx]	1	0.03	Mishmarhaemek	1	0.03
SubspII [II 9:l,v:-]	1	0.03	Agoueve	1	0.03
Eastbourne	1	0.03	Okatie	1	0.03
Kapemba	1	0.03	Havana	1	0.03
Total	527	16.89	Total	18	0.58
O:28 (M)			O:17 (J)		
Sérovar	Nombre	%	Sérovar	Nombre	%
Cotham	4	3.97	Carmel	3	0.10
Pomona	3	2.97	SubspII [II 17: gt]	1	0.03
Nima	1	0.97	Kinondoni	1	0.03
Umbilo	1	0.97	Total	5	0.16
Chicago	1	0.97			
Total	10	9.97			



Tableau 6 (Suite 2) : Salmonelles d'origine humaine: répartition par séro groupe (N = 3120; 2015)

O:16(I)			O:43 (U)		
Sérovar	Nombre	%	Sérovar	Nombre	%
SubspI [I16:k:-]	1	0.03	Ahuza	1	0.03
SubspI [I 16:-:enz,15]	1	0.03	Total	1	0.03
Hvittingfoss	2	0.06			
Amunigun	1	0.03	O:44 (V)		
Total	5	0.16	Sérovar	Nombre	%
O:30 (N)			SubspIV [IV 44:z4,z23]	1	0.03
Sérovar	Nombre	%	Koketime	1	0.03
Ago	2	0.06	Total	2	0.06
Urbana	2	0.06			
SubspII [II 30:l,z28:z6]	1	0.03	O:45 (W)		
Total	5	0.16	Sérovar	Nombre	%
O:35 (O)			Dugbe	2	0.06
Sérovar	Nombre	%	Total	2	0.06
Ebrie	3	0.10			
Monschaui	1	0.03	O:47 (X)		
Adelaide	1	0.03	Sérovar	Nombre	%
Alachua	1	0.03	Kaolack	1	0.03
Total	6	0.19	Total	1	0.03
O:38 (P)					
Sérovar	Nombre	%	O:48 (Y)		
Mgulani	1	0.03	Sérovar	Nombre	%
Kasenyi	1	0.03	SubspIIIb [IIIb 48:i,z,53]	1	0.03
Total	2	0.03	SubspII [II 48:z,10:1,5]	1	0.03
O:39 (Q)			Total	2	0.06
Sérovar	Nombre	%			
SubspI [I 39:-:-]	1	0.03	O:50 (Z)		
Total	1	0.03	Sérovar	Nombre	%
O:40 (R)			SubspIIIb [IIIb 50:k:z]	1	0.03
Sérovar	Nombre	%	SubspIIIb [IIIb 50:i:z]	1	0.03
SubspV [V 40:z,35:-]	1	0.03	Total	2	0.06
SubspIV [IV 1,40:z4,z23:-]	1	0.03			
Total	2	0.06	O:55		
O:41 (S)			Sérovar	Nombre	%
Sérovar	Nombre	%	SubspI [I 55:-:-]	1	0.03
Waycross	2	0.06	Total	1	0.03
SubspII [II 41:z10:1,2]	1	0.03			
SubspII [II 41:z:1,5]	1	0.03	O:56		
Offa	1	0.03	Sérovar	Nombre	%
Total	5	0.16	SubspIIIa [IIIa 56:z4z32]	1	0.03
O:58			Total	1	0.03
Sérovar	Nombre	%			
SubspIIIb [IIIb 65:z10:-]	1	0.03	O:58		
SubspIIIb [IIIb 65:z,10:enz,15]	1	0.03	Sérovar	Nombre	%
Total	2	0.06	SubspII [II 58:lz13,z28:z6]	1	0.03
O:58			SubspII [II 58:lz13,z28]	1	0.03
Sérovar	Nombre	%	Total	2	0.06
SubspIIIb [IIIb 60:r:-]	1	0.03			
Total	1	0.03	O:60		
			Sérovar	Nombre	%



3.1.4. *Salmonella* : Distribution par arrondissement et taux d'incidence pour 2014

Les Figures 2, 3 et 4 donnent respectivement un aperçu du taux d'incidence (N/100.000 habitants) par arrondissement des *Salmonella* totales, *Salmonella* Enteritidis et *Salmonella* Typhimurium, y compris les variants Copenhagen et monophasiques pour l'année 2015.

En 2015, pour tous les sérotypes confondus, c'étaient les arrondissements de Eeklo, Ieper, Tielt, Kortrijk, St Niklaas, Oudenaarde et Dendermonde qui présentaient un taux d'incidence de 39,4 à 48,8 cas/100.000 habitants. Venaient ensuite les arrondissements de Halle-Vilvoorde, Aalst ; Mechelen, Gent, Brugge, Diksmuide, Tournai et Roeselare avec un taux d'incidence compris entre 28,1 et 39,4 cas/100.000 habitants.

En ce qui concerne *Salmonella* Enteritidis, c'étaient les arrondissements de Mechelen, Tournai, Oudenaarde, Turnhout, Maaseik, Neufchâteau et Bastogne qui présentaient le plus haut taux d'incidence (entre 4,7 et 11,3 cas/100.000 habitants).

Les infections à *Salmonella* Typhimurium étaient principalement recensées dans les arrondissements de Oudenaarde, Eeklo, Dendermonde, Tielt, St Niklaas, Ieper et Kortrijk avec un taux d'incidence compris entre 26,6 et 39,1 cas /100.000 habitants.

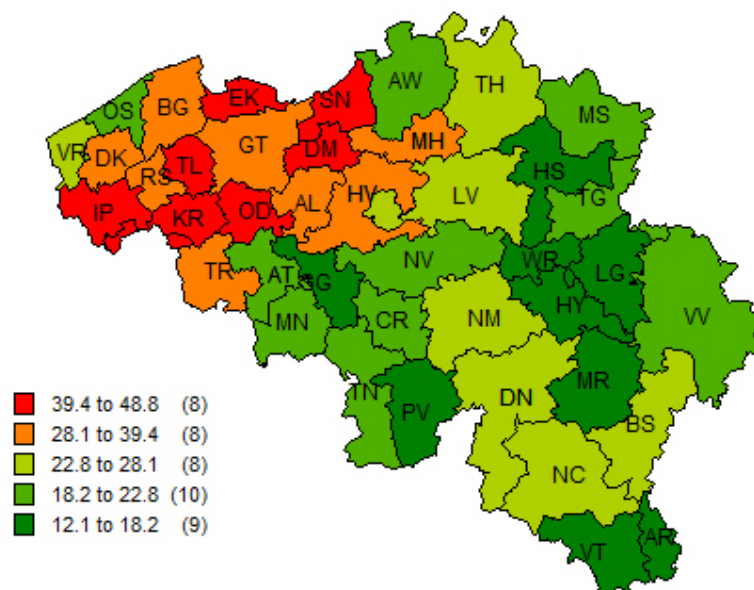


Figure 2. *Salmonella* totales d'origine humaine, distribution par arrondissement et taux d'incidence (nombre de cas confirmés par le CNRSS/100.000 habitants ; Belgique, 2015)

AL: Aalst, AR: Arlon, AT: Ath, AW: Antwerpen, B: Bruxelles, BG: Brugge, BS: Bastogne, CR: Charleroi, DK: Diksmuide, DM: Dendermonde, DN: Dinant, EK: Eeklo, GT: Gent, HS: Hasselt, HV: Halle-Vilvoorde, HY: Huy, IP: Ieper, KR: Kortrijk, LG: Liège, LV: Leuven, MC: Mouscron, MH: Mechelen, MN: Mons, MR: Marche-en-Famenne, MS: Maaseik, NC: Neufchâteau, NM: Namur, NV: Nivelles, OD: Oudenaarde, OS: Oostende, PV: Philippeville, RS: Roeselare, SG: Soignies, SN: St Niklaas, TG: Tongeren, TH: Turnhout, TL: Tielt, TN: Thuin, TR: Tournai, VR: Veurne, VT: Virton, VV: Verviers, WR: Waremmes.

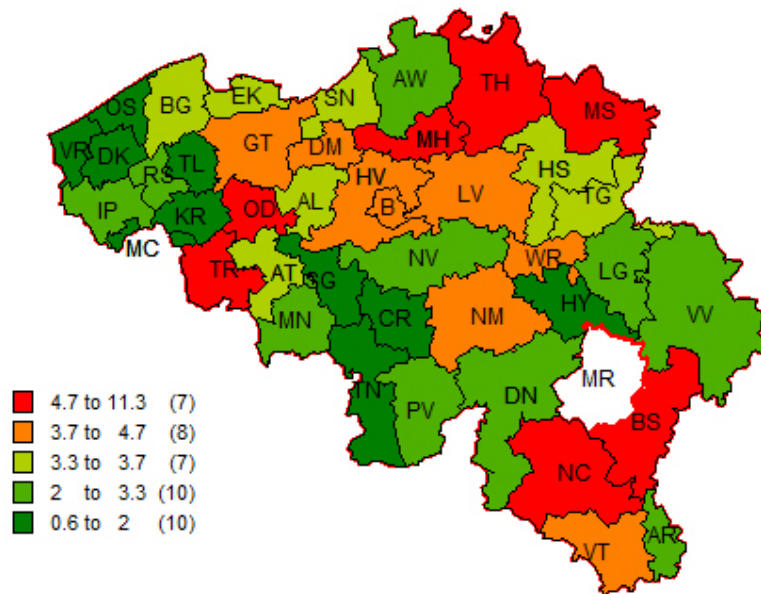


Figure 3. *Salmonella* Enteritidis d'origine humaine, distribution par arrondissement et taux d'incidence (nombre de cas confirmés par le CNRSS /100.000 habitants ; Belgique, 2015)

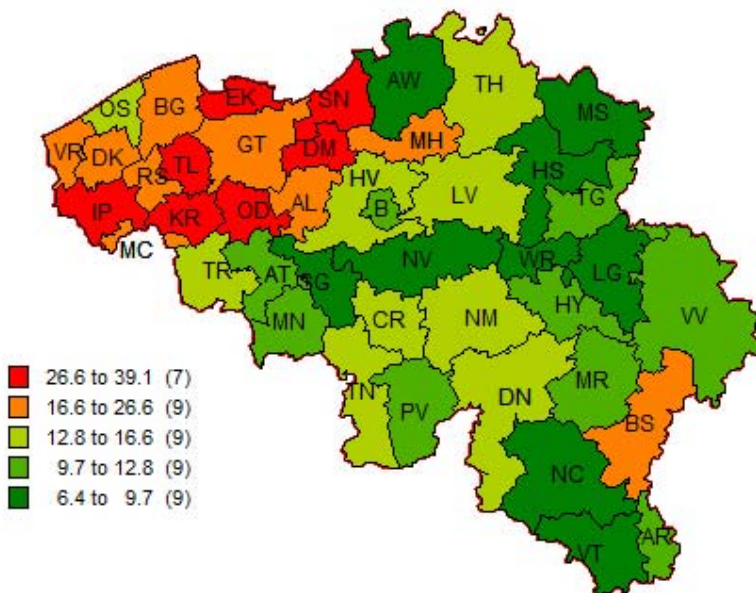


Figure 4. *Salmonella* Typhimurium d'origine humaine, distribution par arrondissement et taux d'incidence (nombre de cas confirmés par le CNRSS /100000 habitants ; Belgique, 2015)

3.1.5. *Salmonella* : Répartition par âge et par sexe

La plus grand nombre de cas (*Tableau 7* et *Figure 5*) de salmonelloses confirmées après sérotypage a été constaté chez les enfants de moins de 5 ans (35,3 % des cas). Il n'y a pas de différences importantes dans la distribution entre la population masculine et féminine (*Tableau 7*).



La différence marquée entre le taux d'incidence des *Salmonella* Enteritidis et des *Salmonella* Typhimurium dans les tranches d'âge supérieures à 15 ans observée les années précédentes s'estompe (Figure 6).

Tableau 7. *Salmonella* d'origine humaine : Répartition des cas par âge et par sexe (2015)

Age	<i>Salmonella</i>				<i>Salmonella</i> Enteritidis				<i>Salmonella</i> Typhimurium			
	Total	M	F	SR	Total	M	F	SR	Total	M	F	SR
< 1 an	185	95	88	1.1	9	7	2	3.5	87	42	45	0.9
1 à 4 ans	917	436	459	0.9	104	49	50	1.0	657	306	336	0.9
5 à 14 ans	768	386	364	1.1	122	68	50	1.4	554	275	266	1.0
15 à 24 ans	253	115	131	0.9	35	17	17	1.0	132	63	68	0.9
25 à 44 ans	296	132	153	0.9	70	37	31	1.2	117	47	64	0.7
45 à 64 ans	300	135	157	0.9	65	23	40	0.6	117	58	57	1.0
≥ 65 ans	364	167	193	0.9	45	26	18	1.4	172	79	91	0.9
Inconnu	37	12	10	1.2	8	0	4	0.0	21	9	6	1.5
Total	3120	1478	1555	1.0	458	227	212	1.1	1857	879	933	0.9

H : Hommes, F : Femmes, SR: sex ratio [H/F]

Figure 5. *Salmonella* d'origine humaine : Nombre de cas par tranche d'âge (2015)

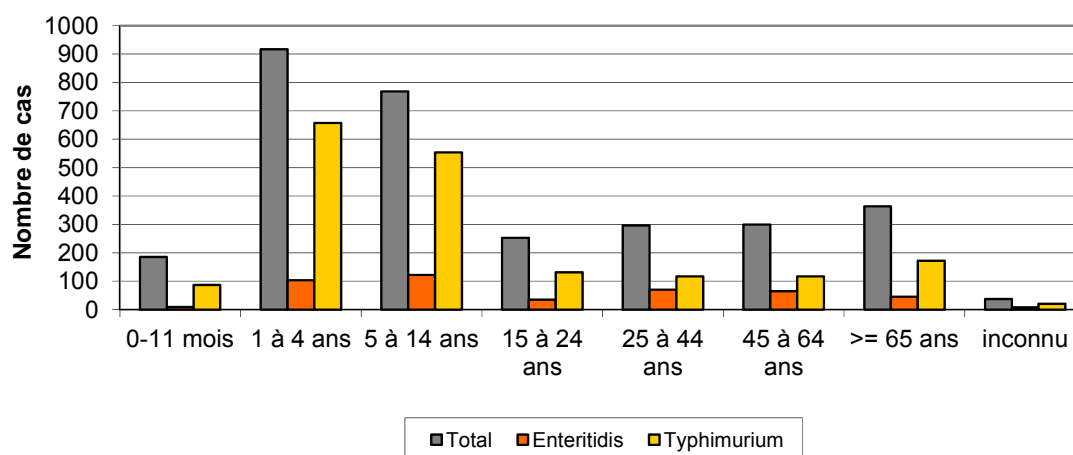
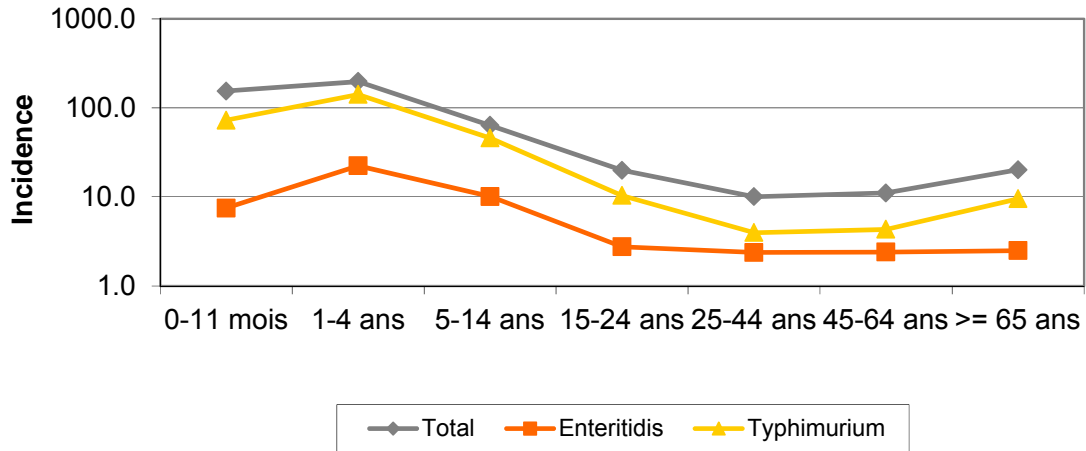




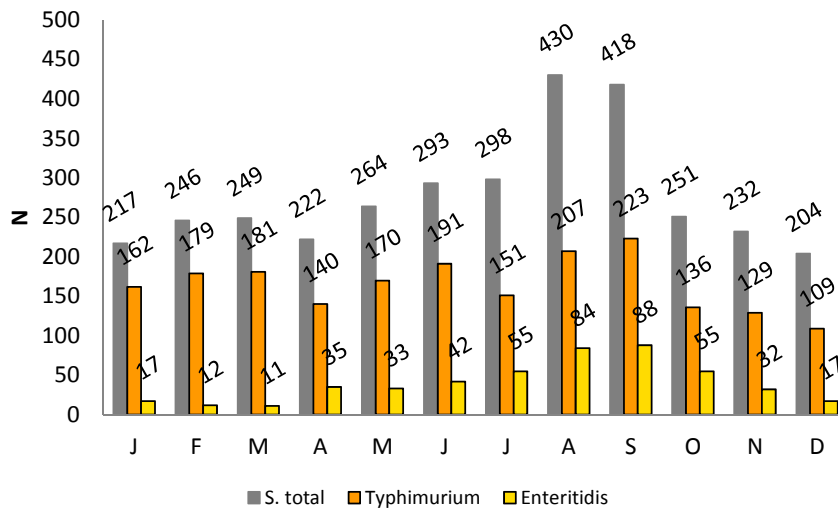
Figure 6. *Salmonella* d'origine humaine: Taux d'incidence par tranche d'âge (N /100.000 habitants ; 2015)



3.1.6. *Salmonella* : Présence saisonnière

Le nombre de salmonelloses fluctue en fonction de la saison (Figure 7). Une faible augmentation du nombre d'isolats a été constatée à partir des mois d'août et de septembre, ce qui correspondait au pic saisonnier.

Figure 7. *Salmonella* d'origine humaine : Répartition par mois (2015)





3.1.7. *Salmonella* : Bactériémies

En 2015, 86 cas de bactériémies à *Salmonella* ont été rapportés. Parmi les bactériémies (*Tableau 8*), la majorité est constituée de cas à Typhimurium, Enteritidis, Typhi et Dublin (65,1% des cas). Parmi les sérovars les plus invasifs, on retrouve Typhi, Paratyphi (A et B) et Dublin (Wollin *et al.*, 2007). D'autres sérovars (ex : Colindale) ayant causé des bactériémies sont cependant en nombre trop faible pour tirer une conclusion.

Tableau 8. *Salmonella*, cas de bactériémies: Fréquence des sérovars (N= 86, 2015)

Sérovar	Nombre d'isolats responsables d'une bactériémie	% du Nb total de bactériémies	Nb d'isolats totaux/sérotype	%(bactériémies/total prélèvements)
Typhimurium	21	24.4	1857	1.1
Enteritidis	18	20.9	458	3.9
Typhi	11	12.8	16	68.8
Chester	7	8.1	33	21.2
Dublin	6	7.0	12	50.0
Paratyphi B	4	4.7	9	44.4
Paratyphi A	2	2.3	5	40.0
Carmel	1	1.2	3	33.3
Subspl [I 4:l,v:-]	1	1.2	3	33.3
Stanleyville	1	1.2	2	50.0
Leiden	1	1.2	1	100.0
Colindale	1	1.2	1	100.0
Livingstone	1	1.2	31	3.2
Schwarzengrund	1	1.2	2	50.0
Auto-agglutinable	1	1.2	5	20.0
Subspl [I 4,5:b:-]	1	1.2	9	11.1
SubsplIIIa [IIIa 56:z4z32]	1	1.2	1	100.0
Cholerasuis var. Kunzendorf	1	1.2	1	100.0
Corvallis	1	1.2	7	14.3
Pomona	1	1.2	3	33.3
Brandenburg	1	1.2	14	7.1
Braenderup	1	1.2	12	8.3
Saintpaul	1	1.2	14	7.1
Dugbe	1	1.2	2	50.0
Total	86	100	3120	2.8



3.1.8. *Salmonella* : Notion de séjour récent à l'étranger

Au moins dans 2,6 % des cas de salmonellose, il y avait signalement d'un séjour récent à l'étranger. Remarquons que 31,25 % des cas de Typhi sont signalés comme importés (*Tableaux 9*). 11 cas importés du Maroc (dont 6 *S. Chester* liée à l'épidémie détectée en septembre 2014 et 2015).

Tableau 9. *Salmonella* après un séjour à l'étranger. (N=80 ; 2015)
par pays

11	Maroc	Chester	6	2	Nigéria	Typhi	1
		Typhimurium	3			Brancaster	1
		Infantis	1	2	Indonésie	Subspl [I 3.10:-:z6]	1
		Enteritidis	1			Schwarzengrund	1
10	Turquie	Enteritidis	8	2	Italie	Typhimurium var. O:5-	1
		Typhimurium	1			Albany	1
		Paratyphi B	1	2	Népal	Typhi	2
8	Espagne	Enteritidis	3	1	Soudan	Agona	1
		Typhimurium	2	1	Seychelles	Typhimurium	1
		Monophasic Typhimurium	1	1	Togo	Kingston	1
		Mbandaka	1	1	Egypte	Enteritidis	1
		Monophasic Typhimurium	1	1	Afrique du sud	Enteritidis	1
4	Cameroun	Enteritidis	2	1	Malaisie	Enteritidis	1
		Waycross	1	1	Tanzanie	Enteritidis	1
		Stanleyville	1	1	Cuba	Infantis	1
3	Pakistan	Typhi	2	1	Australie	Enteritidis	1
		Typhimurium	1	1	Singapour	Livingstone	1
3	Inde	Brancaster	1	1	Gabon	Typhimurium	1
		Kentucky	1	1	Chine	Typhimurium	1
		Infantis	1	1	RDC	Bareilly	1
3	Algérie	Typhimurium	2	1	Suisse	Enteritidis	1
		Typhimurium var. O:5-	1	1	Ghana	Obogu	1
2	Thaïlande	Stanley	1	1	Bolivie	Typhimurium	1
		Monophasic Typhimurium	1	1	Cap vert	Monophasic Typhimurium	1
2	Myanmar	Paratyphi A	1	1	Congo	Enteritidis	1
		Infantis	1	1	Pérou	Paratyphi B	1
2	Vietnam	Corvallis	1	1	République Dominicaine	Corvallis	1
		Chester	1	1	Pologne	Enteritidis	1
2	France	Typhimurium	2	1	Mauritanie	Mishmarhaemek	1



3.1.9. *Salmonella* : Tendances (1995-2015)

La croissance du nombre de salmonelloses entamée dès la fin des années 80 jusqu'à 1999 était essentiellement due à une augmentation drastique du nombre d'infections par le sérovar Enteritidis (*Tableau 10, Figure 8 et 9*). Durant l'année 2003, 9118 souches de *Salmonella* Enteritidis avaient été enregistrées, ce qui représentait une augmentation en nombre de cas de 42,5 % par rapport à l'année précédente (2002).

En 2015, le nombre de *Salmonella* Enteritidis a encore diminué par rapport à l'année 2013 : 575 souches isolées en 2013 par rapport à 458 isolées en 2015 (*Tableau 10*) (Collard *et al.*, 2005). Ce sérovar ne représente plus que 14,7 % de la population des Salmonelles alors qu'il représentait plus de 70 % des cas de salmonellose en 2003 (*Tableau 11*).

En 2015, le nombre d'isolements de *Salmonella* Typhimurium reste stationnaire autour des 1857 cas/an. *Salmonella* Typhimurium représente maintenant 59,5 % de la population des Salmonelles alors que ce sérovar représentait moins de 20 % des cas de salmonellose en 2003.

Le nombre d'infections par *Salmonella* Virchow atteint également le taux le plus bas jamais enregistré depuis plus de 20 ans.

Tableau 10. *Salmonella* d'origine humaine : Evolution du nombre de cas des six sérovars les plus importants de 1995 à 2015. Les valeurs les plus élevées se situent en 1999 (valeurs mises en évidence sur fond gris)

	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Total	10754	12008	14239	14514	15774	14088	11065	10075	12792	9543	4916	3693	3975	3944	3208	3660	3231	3170	2874	2969	3120
Enteritidis	5138	6145	8284	9003	10492	9503	7112	6398	9118	6075	2226	1052	987	824	587	823	481	663	575	460	458
Typhimurium	3623	3522	3347	3221	3348	2799	2370	2438	2486	2459	1659	1826	2233	2279	1862	1969	2030	1703	1556	1780	1857
Autres	1226	1564	1778	1559	1262	1028	956	793	818	684	765	633	596	685	668	744	627	703	623	596	665
Derby	107	118	157	162	138	169	158	92	100	64	67	52	64	44	42	25	31	34	36	36	49
Brandenburg	241	214	296	274	279	322	200	148	66	63	76	47	29	36	8	16	16	16	20	32	14
Virchow	245	178	114	115	86	147	143	132	152	91	65	46	28	29	18	24	14	13	20	10	9
Infantis	174	267	263	180	169	120	126	74	52	107	58	37	38	47	23	59	32	38	44	55	68

Tableau 11. *Salmonella* d'origine humaine : fréquences (pourcentage du nombre de cas/an) des *Salmonella* Enteritidis et *Salmonella* Typhimurium sur la période 1995-2015

	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Enteritidis	47,8%	51,2%	58,2%	62,0%	66,5%	67,5%	64,3%	63,5%	71,3%	63,7%	45,2%	28,5%	24,8%	20,9%	18,3%	22,5%	14,9%	20,9%	20,0%	15,5%	14,7%
Typhimurium	33,7%	29,3%	23,5%	22,2%	21,2%	19,9%	21,4%	24,2%	19,4%	25,7%	33,7%	49,5%	56,2%	57,7%	58,0%	53,8%	62,8%	53,7%	55,1%	59,9%	59,5%
Autres	18,5%	19,5%	18,3%	15,8%	12,3%	12,7%	14,3%	12,3%	9,3%	10,6%	21,0%	22,0%	19,0%	21,4%	23,6%	23,7%	22,3%	25,4%	25,8%	24,6%	25,8%



Figure 8. *Salmonella* d'origine humaine : Evolution du nombre de cas enregistrés de *Salmonella* Enteritidis et *Salmonella* Typhimurium sur la période 1980-2015

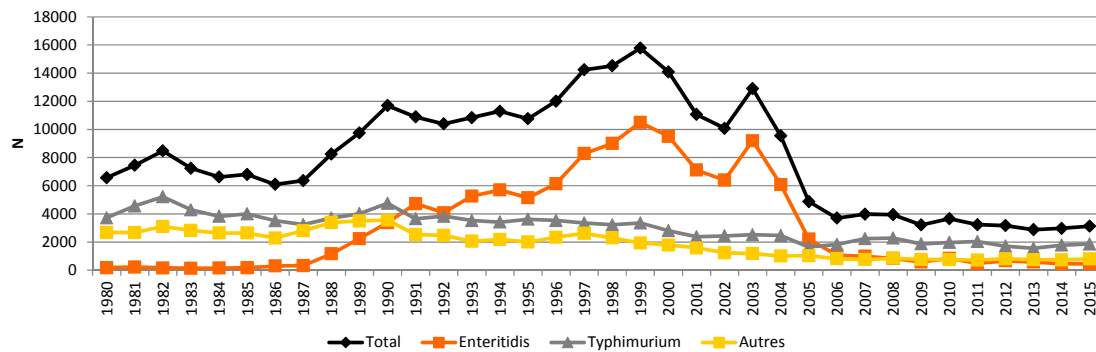
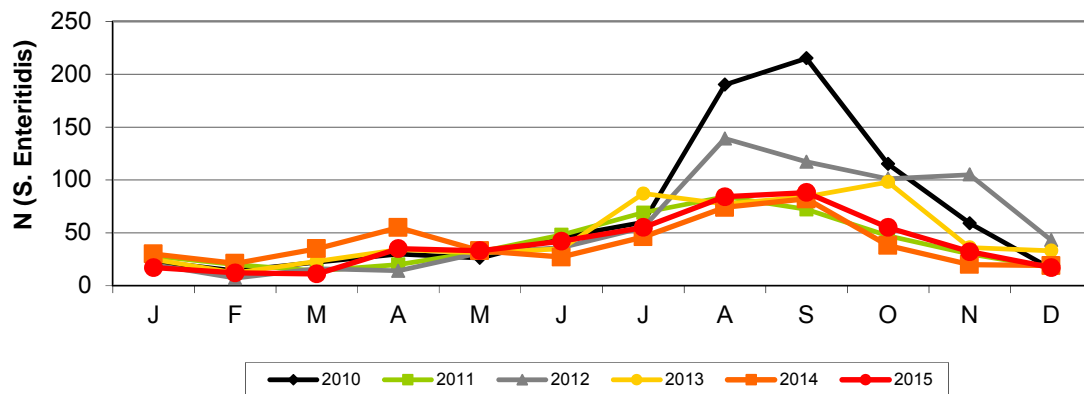


Figure 9. *Salmonella* Enteritidis d'origine humaine : Répartition mensuelle pour les années 2010 à 2015





3.1.10. *Salmonella* : Surveillance de la résistance aux antibiotiques

Bien qu'une antibiothérapie ne soit pas recommandée pour traiter une salmonellose non-typhoïde, un traitement devient essentiel en cas d'infection invasive extra-intestinale chez les patients à risque ou chez les patients présentant des symptômes sévères ou prolongés (Moss *et al.*, 1995). Le traitement standard actuel est basé sur l'utilisation de ciprofloxacine (500 mg), de cotrimoxazole ou de ceftriaxone (1g IV) pendant 5-7 jours.

L'augmentation de la résistance aux antibiotiques chez les *Salmonella* est devenue un réel problème de santé publique. Jusqu'à il y a peu, cette résistance était essentiellement liée à un élément génétique chromosomique appelé « Salmonella Genomic Island » (SGI-1) (Threlfall *et al.*, 2000). Cet élément, responsable de la pentarésistance [R-type ACSSuT : résistance contre l'ampicilline, le chloramphénicol, la streptomycine, les sulfamides et la tétracycline] est apparu au début des années 80 en Angleterre et au Pays de Galle et était principalement associé au sérotype Typhimurium DT104. Dans les années 90, elle était répandue dans le monde entier et détectée dans de multiples sérotypes mais depuis elle est en forte régression. Dans les années 2011, seulement 20% des *S. Typhimurium* isolés d'un prélèvement humain portait ce type de résistance (CDC 2013). Plus récemment, les tendances globales montrent (i) une augmentation de la résistance contre les fluoroquinolones (FQ) comme la ciprofloxacine, (ii) une émergence de la résistance contre les céphalosporines à large spectre et (occasionnellement) les carbapénèmes et (iii) une résistance plasmidique contre la colistine provoquée par la présence du gène *mcr-1* (Liu *et al.*, 2016).

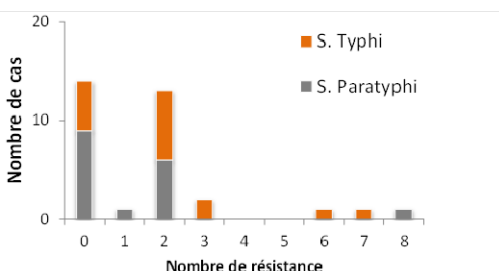
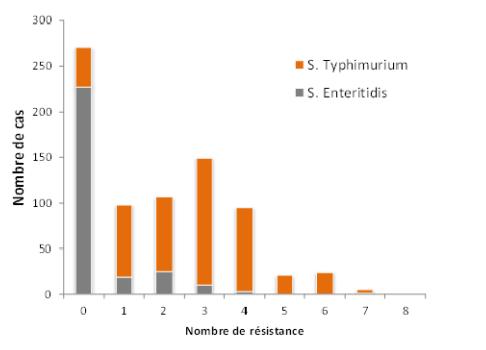
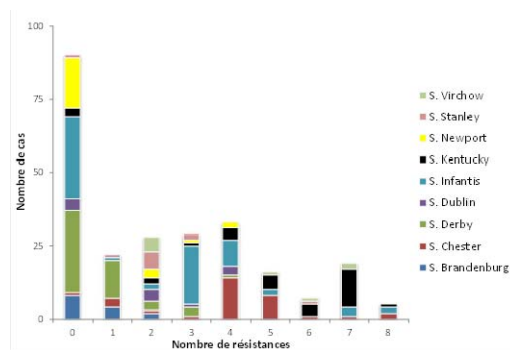


Figure 10 : Fréquence de résistance contre 0-8 antibiotiques, groupée par sérotype

Depuis 2000, une surveillance systématique de la sensibilité aux antibiotiques est réalisée par le Centre national de référence sur les souches de *Salmonella* isolées de prélèvements humains. Une première évaluation a été rédigée pour les années 2000 à 2002 (Wybo *et al.*), une étude complémentaire couvrant les années 2009-2013 a été publiée l'année dernière dans *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* (Ceyssens *et al.*).

En 2015, 1082 *S. enterica* isolées de prélèvement humain ont été analysées pour déterminer leur sensibilité vis à vis de 14 antibiotiques par la méthode de disque diffusion de Kirby-Bauer (Figure 10). Des changements importants dans le protocole d'analyse ont été apportés par rapport à 2014 en accord avec les lignes directrices EU-CAST: Ainsi l'acide nalidixique, la kanamycine, la streptomycine et le cotrimoxazole ont été supprimés du schéma. La céfotaxime, le méropénème, la péfloxacin et l'azithromycine ont été ajoutés au schéma aussi bien pour toutes les *Salmonella* que pour les *Shigella*.

L'ajout de la péfloxacin est basé sur une étude récente qui a montré que cet antibiotique était plus efficace que l'acide nalidixique pour la détection des gènes de résistance contre les FQ associés à des plasmides (Skov 2015).



Table 12. Pourcentage de souches résistantes pour tous les sérotypes vis à vis de chaque antibiotique (2015). AMP, ampicilline; CTX, céfotaxime; COX, ceftazidime; MEM, méropénème; NAL, acide nalidixique; PEF, péfloxacin; CIP, ciprofloxacine; GEN, gentamicine; CHL, chloramphénicol; TET, tétracycline; SSS, sulfamides; TMP, triméthoprim, AZM, azithromycine.

	Total	N	AMP	CTX	COX	MEM	NAL	PEF	CIP	GEN	CHL	TET	SSS	TMP	AZM
Salmonella spp.	3120	1082	43.3	1.6	0.6	0.0	15.5	20.6	2.9	3.4	7.9	37.8	45.0	16.9	0.4
S. Brandenburg	14	14	7.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	7.1	7.1	21.4	7.1	0.0
S. Chester	33	32	12.5	6.3	3.1	0.0	25.0	93.8	0.0	3.1	18.8	84.4	84.4	84.4	0.0
S. Derby	49	48	6.2	0.0	2.1	0.0	2.1	2.1	0.0	0.0	2.1	8.3	18.8	20.8	0.0
S. Dublin	12	12	8.3	0.0	0.0	0.0	41.7	41.7	0.0	0.0	50.0	0.0	50.0	0.0	0.0
S. Enteritidis	458	285	4.2	0.4	0.4	0.0	10.5	12.3	0.0	0.4	0.7	1.8	6.3	3.5	0.0
S. Hadar	15	12	25.0	0.0	0.0	0.0	66.7	83.3	0.0	0.0	0.0	16.7	16.7	75.0	0.0
S. Infantis	68	67	7.5	6.0	0.0	0.0	35.8	35.8	0.0	3.0	4.5	29.9	53.7	43.3	0.0
S. Kentucky	34	33	72.7	0.0	0.0	0.0	81.8	84.8	84.8	45.5	0.0	12.1	57.6	75.8	3.0
S. Newport	23	23	17.4	0.0	0.0	0.0	4.3	13.0	0.0	4.3	0.0	8.7	8.7	17.4	0.0
S. Paratyphi	17	17	5.9	0.0	0.0	0.0	41.2	41.2	0.0	5.9	0.0	5.9	5.9	5.9	5.9
S. Stanley	57	11	27.3	0.0	0.0	0.0	72.7	72.7	0.0	0.0	9.1	9.1	36.4	0.0	0.0
S. Typhi	16	16	12.5	0.0	0.0	0.0	68.8	68.8	18.8	0.0	12.5	12.5	12.5	0.0	0.0
S. Typhimurium	1857	485	82.3	2.1	0.8	0.0	5.6	9.3	11.5	2.1	12.8	22.7	72.0	55.9	0.4
S. Virchow	9	7	44.4	0.0	0.0	0.0	100.0	100.0	0.0	44.4	0.0	33.3	44.4	22.2	0.0

Les observations suivantes ont été faites:

- En 2015, les résistances les plus fréquentes sont celles contre les sulfamides (45%), l'ampicilline (43,3%), la tétracycline (37,8%) et le triméthoprim (16,9%), avec de grandes différences entre les sérotypes (Tableau 12). Les résistances globales contre la ciprofloxacine et les céphalosporines restent stables, la résistance contre le triméthoprim augmente à nouveau après plusieurs années de baisse (Figure 11).

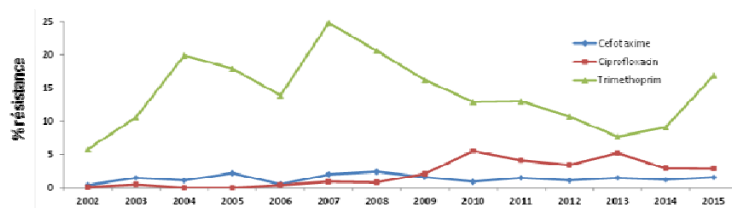


Figure 11. Evolution du pourcentage de *Salmonella* résistantes aux céfotaxime, la ciprofloxacine et triméthoprim (2002-2015).

- Le sérotype le plus fréquent, **S. Typhimurium** (n testés=485; N=1857), présente de moins en moins de profil **R-ACSSuT**: En 2015, ce profil ne représente plus que 10,3% des isolats belges. Néanmoins, 28,8% des isolats présentent une résistance multiple (MDR), ce qui est défini ici par une résistance vis à vis de plus de 3 antibiotiques.
- En 2015, les sérotypes présentant le plus de résistances sont les *Salmonella* Chester (81,5% MDR), Kentucky (78,8%), Virchow (44,4%) et Infantis (23,8%). Un autre sujet de préoccupation est le fait que 6% des cas liés à *Salmonella* Chester et Infantis sont associés à une production de BSLE (Figure 11 et Tableau 13).
- En ce qui concerne les *Salmonella* typhoides, une proportion (40-68%) de ces isolats présente une sensibilité diminuée aux fluoroquinolones. Seulement une *Salmonella* Paratyphi sur 17 (Paratyphi A) et 2 Typhi sur 16 sont MDR; les souches Typhi présentent d'ailleurs le phénotype R-ACSSuT. La souche Paratyphi A MDR est, en plus, la seule souche typhoïde à présenter une résistance complète contre azithromycine, un antibiotique souvent utilisé dans les cas de MDR et de résistance aux fluoroquinolones. Ces souches restent cependant sensibles aux céphalosporines.
- La majorité des *S. Enteritidis* (79,6%), *S. Newport* (73,9%), *S. Derby* (58,3%) et *S. Brandenburg* (57,1%) analysées sont sensibles pour tous les antibiotiques testés. Seulement une *S. Stanley* (9,1%) était MDR.
- Grâce à l'introduction de la péfloxacin dans la liste des antibiotiques testés, **20.3%** (à la place de 15,5% sur base de l'acide nalidixique) des *Salmonella* spp. testées ont été identifiées comme



présentant une **résistance légère vis à vis des fluoroquinolones** (Figure 12). Dans certains sérotypes comme Chester (93,8%), Hadar (83,3%), Stanley (72,7%) et Virchow (100%), la majorité des souches isolées en 2015 présentent cette sensibilité diminuée aux FQ (Tableau 12). Dans seulement deux sérotypes (*S. Kentucky* (84,8%) et *S. Typhi* (18,8%)) une résistance complète contre la ciprofloxacine a été détectée. La raison de cette résistance complète n'est pas à imputer à la présence d'un plasmide mais à une mutation supplémentaire dans la partie ciblée par l'antibiotique à savoir Ser80 dans la protéine ParC (Ceyssens *et al.*, 2015). Une des limitations du test de diffusion pefloxacine est qu'il ne permet pas la détection de la protéine Aac(6')-Ib-cr capable de dégrader des FQ présentant une piperazinyll amine secondaire (comme la ciprofloxacine). La présence de cette enzyme ne peut donc pas être détectée par notre méthode de travail.

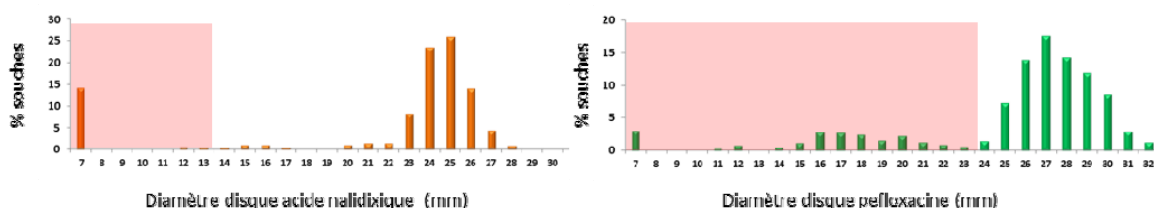


Figure 12. Distribution des zones d'inhibition (diamètre en mm) pour l'acide nalidixique (gauche) et la pefloxacine (droite), pour les 1082 souches de *Salmonella*. Les valeurs seuils cliniques sont représentées par les zones rosées.

Un nouveau test complémentaire a été développé au sein du CNR *Salmonella/Shigella*. Il s'agit d'un test basé sur la technologie LUMINEX capable de caractériser les gènes responsables de la production de **ESBL et de Carbapénémase** (Ceyssens *et al.*, 2016). L'identification de ces gènes de résistance est très important parce que ces β -lactames à large spectre sont souvent utilisés dans le traitement des infections surtout chez les enfants chez lesquels l'utilisation des FQ est souvent évitée.

Tableau 13. Souches de *Salmonella* (2015) productrices de BSLE.

Id.	Sérotype	CTX (mm)	CAZ (mm)	phénotype	Génotype
S15BD07307	Chester	7	7	AmpC	<i>bla_{CMY}</i>
S15BD07525	Chester	9	9	AmpC	<i>bla_{CMY}</i>
S15BD00641	Enteritidis	14	10	ESBL	<i>bla_{TEM}</i>
S15BD06320	Infantis	7	20	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD07518	Infantis	7	22	ESBL	<i>bla_{CTX-M-1}</i>
S15BD10379	Infantis	7	23	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD05742	Typhimurium	7	7	AmpC	<i>bla_{TEM}, bla_{CMY}</i>
S15BD07253	Typhimurium	7	20	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD07459	Typhimurium	7	24	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD07923	Typhimurium	7	20	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD10528	Typhimurium	8	24	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD09586	Typhimurium	9	21	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD09614	Typhimurium	9	22	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD06347	Typhimurium	10	23	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}</i>
S15BD01306	Typhimurium	12	24	ESBL	<i>bla_{CTX-M-9}, bla_{TEM}</i>
S15BD08898	Typhimurium var. O:5-	7	18	AmpC	<i>bla_{CTX-M-1}, bla_{TEM}</i>

In 2015, 16 (1.5%) souches présentaient une sensibilité diminuée vis à vis des antibiotiques indicateurs cephotaxime en ceftazidime. Ces souches ont été soumises (i) au test phénotypique permettant la confirmation (du phénotype) grâce à l'utilisation d'inhibiteurs comme l'acide clavulanique pour les BSLE et la cloxacilline pour les AmpC (ii) au génotypage par essai LUMINEX (Tableau 13). De cette analyse ressort le fait que le gène *bla_{CTX-M-9}* est associé aux Typhimurium et Infantis, et que *bla_{CMY}* est présent dans les souches Chester.

Une souche de *Salmonella* Infantis et une Chester présentaient aussi une sensibilité diminuée vis à vis du méropénème (diamètre de la zone d'inhibition de 22/23 mm, alors que la valeur seuil EUCAST est de 24 mm). Dans le cas de la souche Chester (S15BD06807), le gène *bla_{OXA-48}* a été identifié. Il s'agit de la première détection d'une souche de *Salmonella* productrice de carbapénémase en Belgique.

Suite à la publication de la découverte en Chine de plasmide porteur du gène *mcr-1* responsable de la résistance contre la colistine (Liu *et al.*, 2016), une analyse PCR permettant la détection de ce type de résistance a été réalisée sur 480 souches choisies au hasard dans la



collection des isolats 2015. Il découle de cette analyse que 1,04% des souches 2015 testées sont porteuses de ce gène de résistance et présentent une résistance à la colistine ($MIC > 2 \mu g/mL$). Toutes les souches positives appartiennent au sérotype Typhimurium monofasique. A partir de 2017 cet antibiotique fera partie du panel standard des antibiotiques testés dans le CNR.

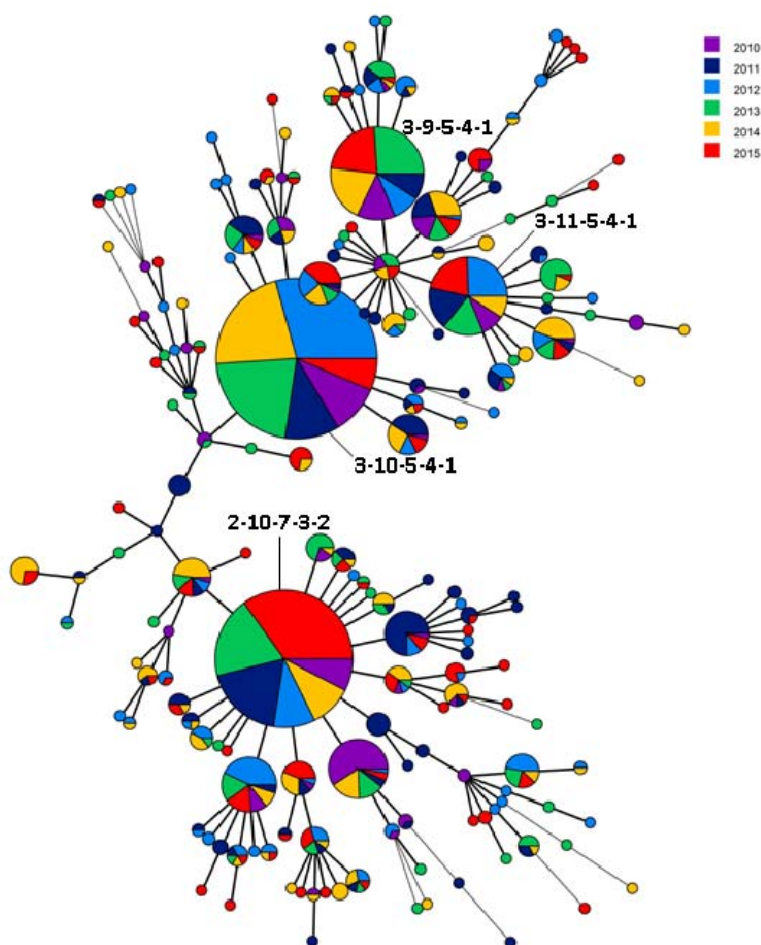


3.1.11. *Salmonella* : Typage par la technique MLVA

3.1.11.1. *Salmonella* Enteritidis

Le profil MLVA a été déterminé pour 62,7% (N=287) des isolats de *Salmonella* Enteritidis isolées de patients en 2015 (Figure 13). Le profil 2-10-7-3-2 était le profil le plus fréquemment observé en Belgique (33,1%). Le profil dominant depuis plusieurs années (3-10-5-4-1) a régressé en 2015 et représentait 8,4% des profils, prévalence comparable à des profils proches 3-9-5-4-1 (9,4%) et 3-11-5-4-1 (6,6%). En 2015, les 5 profils les plus fréquemment observés représentaient 53,4% de toutes les souches testées.

Figure 13. *Salmonella* Enteritidis. Minimal Spanning Tree (MST) des profils MLVA observés entre 2010 et 2015.

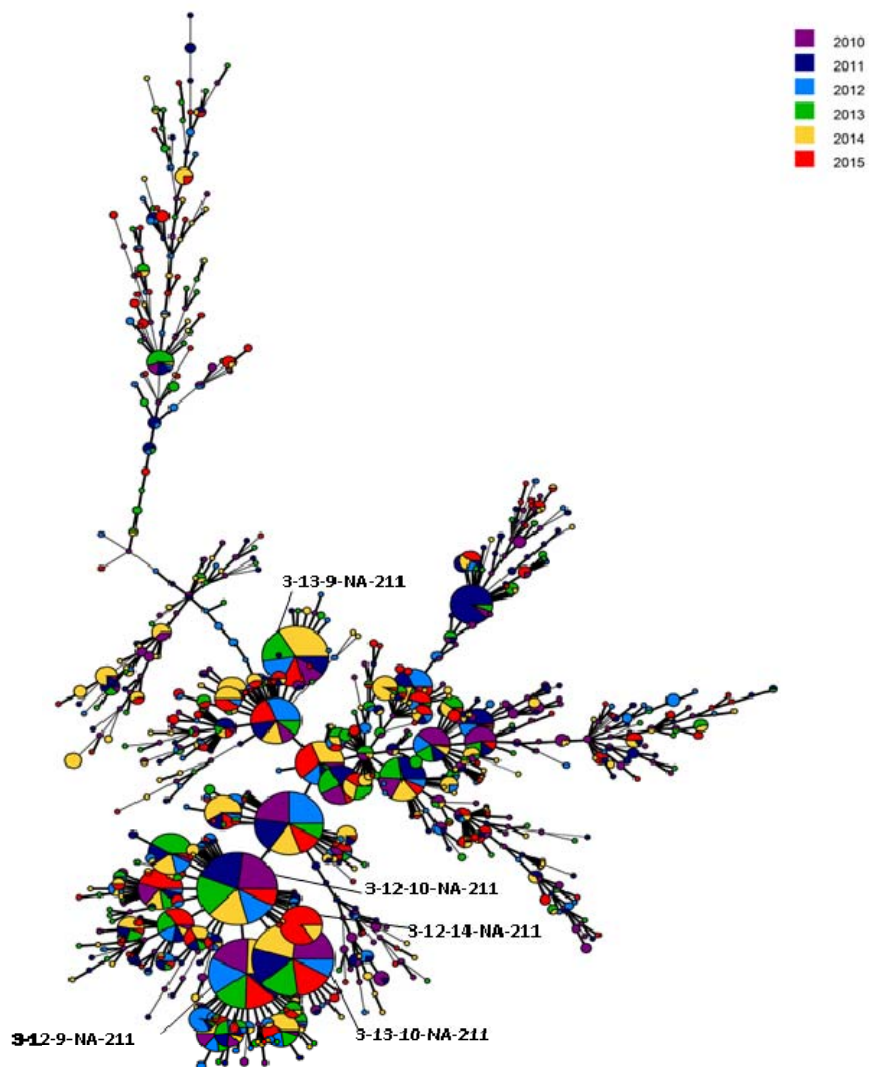




3.1.11.2. *Salmonella* Typhimurium

Chez *Salmonella* Typhimurium (N=487), plus de 174 profils différents ont été détectés. Le profil MLVA le plus représenté est le 3-12-14-NA-0211 (7,8%) (Figure 14). Au cours de la période 2010-2015, ce profil n'avait été observé qu'en 2014 (N=7) et en 2015 (N=38). Cependant, les cas observés en 2015 ne semblent pas liés au niveau spatio-temporel. En 2015, les 5 profils les plus fréquemment observés représentaient 25,4% de toutes les souches testées.

Figure 14. *Salmonella* Typhimurium. Minimal Spanning Tree (MST) des profils MLVA entre 2010 et 2015.





3.2. *Shigella*

Les shigelloses sont un problème global de santé publique. L'homme est l'hôte naturel des *Shigella*. Il existe 4 espèces de shigelles capables de causer cette maladie : *S. dysenteriae*, *S. flexneri*, *S. boydii* et *S. sonnei* (Grimont, *et al.* 2000).

3.2.1. *Shigella* : Collecte des isolats

Le nombre de laboratoires qui a soumis des isolats de *Shigella* pour sérotypage était au nombre de 85 pour l'année 2015. Le nombre moyen d'isolats envoyés par les laboratoires au CNRSS est de 5,26 par an.

3.2.2. *Shigella* : Souches et nature des prélèvements

En 2015, le centre a typé 447 souches représentant 392 cas de shigellose. La majorité des souches (93,1 %) étaient isolées à partir de selles. La nature des autres prélèvements est indiquée dans le Tableau 14.

En 2015, 41 souches envoyées pour sérotypage n'étaient pas des *Shigella* : celles-ci ont été écartées sur base des réactions biochimiques et moléculaires (Kligler-Hajna, uréase, mobilité, PCR spécifique...) et/ou sérologique (absence d'agglutination). Certaines de ces souches ont été identifiées; on retrouve majoritairement des *Escherichia coli*.

Tableau 14. *Shigella*: nature des prélèvements (N=392, 2015)

	N	%
Fèces	365	93,1
Inconnu	3	0,8
Sang	2	0,5
Urine	1	0,3
Autres	21	5,4
Total	392	100



3.2.3. *Shigella* : Répartition par sérotype

Tableau 15. *Shigella* : répartition par sérotype (N=392, 2015)

Sérotype	N	%
<i>Shigella dysenteriae</i>:	7	1.79
2	2	
4	1	
12	1	
7	1	
11	1	
3	1	
<i>Shigella flexneri</i>:	79	20.15
2a	28	
1b	14	
3a	11	
3b	7	
6	6	
x	6	
2b	3	
Polyvalent	2	
y	2	
4	2	
<i>Shigella boydii</i>:	9	2.30
4	6	
2	2	
16	1	
<i>Shigella sonnei</i>:	294	75
<i>Shigella sp.</i>	3	0.77
Total	392	100

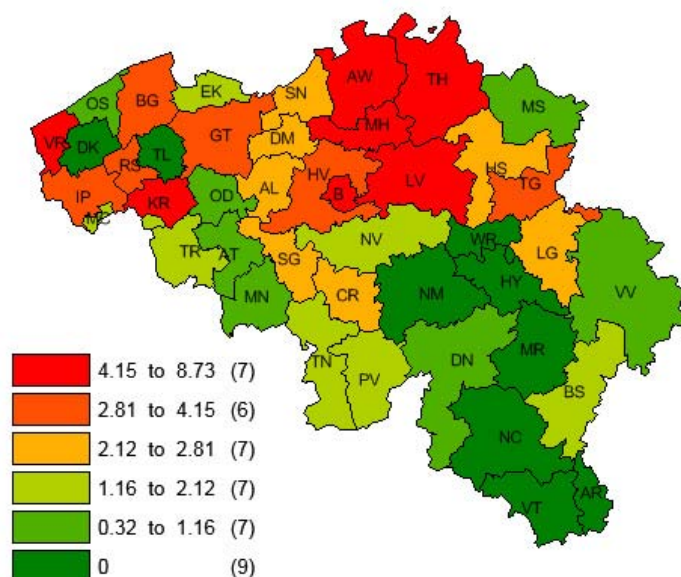


3.2.4. *Shigella* : Distribution par arrondissement et taux d'incidence pour 2015

La Figure 15 donne un aperçu du taux d'incidence (N/100.000 habitants) par arrondissement des *Shigella* totales, pour l'année 2015.

En 2015, pour tous les sérotypes confondus, c'étaient les arrondissements d'Antwerpen, Leuven, Bruxelles-Brussel, Veurne, Maline, Kortrijk qui présentaient un taux d'incidence de 4,15 à 8,73 cas/100.000 habitants.

Figure 15. Incidence de *Shigella* par arrondissement (nombre de cas confirmés par le CNRSS/100.000 habitants; Belgique, 2015)



AL: Aalst, AR: Arlon, AT: Ath, AW: Antwerpen, B: Bruxelles, BG: Brugge, BS: Bastogne, CR: Charleroi, DM: Dendermonde, DN: Dinant, DK: Diksmuide, EK: Eeklo, GT: Gent, HS: Hasselt, HV: Halle-Vilvoorde, HY: Huy, IP: Ieper, KR: Kortrijk, LG: Liège, LV: Leuven, MC: Mouscron, MH: Mechelen, MN: Mons, MR: Marche-en-Famenne, MS: Maaseik, NC: Neufchâteau, NM: Namur, NV: Nivelles, OD: Oudenaarde, OS: Oostende, PV: Philippeville, RS: Roeselare, SG: Soignies, SN: St Niklaas, TG: Tongeren, TH: Turnhout, TL: Tielt, TN: Thuin, TR: Tournai, VR: Veurne, VT: Virton, VV: Verviers, WR: Waremmme



3.2.5. *Shigella* : Répartition par âge et par sexe

Le plus grand nombre de cas de shigelloses confirmées après sérotypage a été constaté chez les adultes de la tranche d'âge 25-44 ans (30,6 %) (*Tableau 16*).

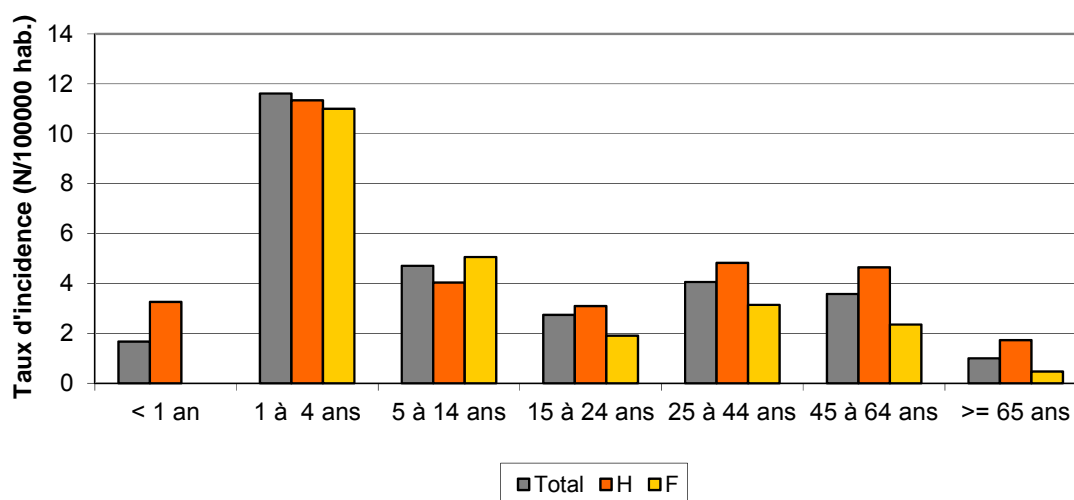
Les taux d'incidence sont cependant les plus élevés dans la tranche d'âge de 1 à 4 ans (*Figure 16*).

Tableau 16. *Shigella*: Répartition des cas par âge et par sexe (N=392; 2015)

Age	Total	H	F	ND	SR
< 1 an	2	2	0	0	0.0
1 à 4 ans	54	27	25	2	1.1
5 à 14 ans	57	25	30	2	0.8
15 à 24 ans	35	20	12	3	1.7
25 à 44 ans	120	72	46	2	1.6
45 à 64 ans	97	63	32	2	2.0
≥ 65 ans	18	13	5		2.6
Inconnu	9	3	1	5	3.0
Total	392	225	151	16	1.5 (??)

H : Hommes, F : Femmes, SR: sex ratio [H/F]

Figure 16. Taux d'incidence des shigelloses par tranches d'âge (N/100.000 habitants ; 2015)

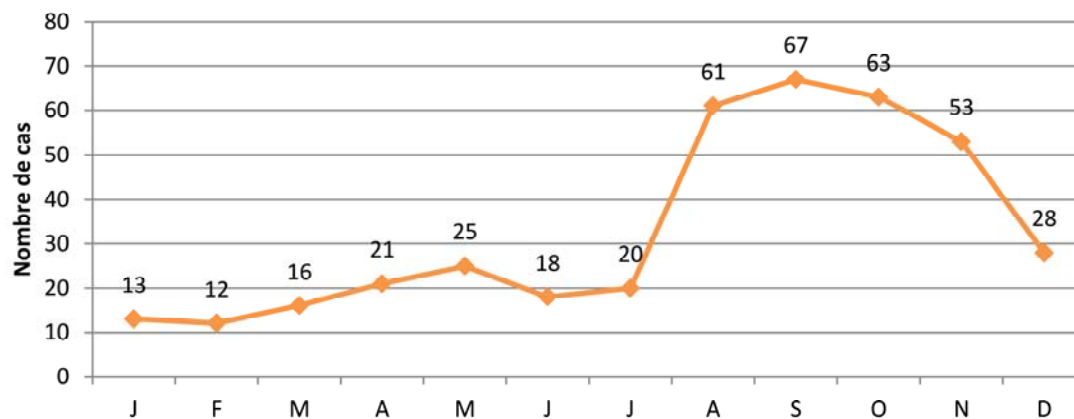




3.2.6. *Shigella* : Présence saisonnière

La répartition saisonnière des shigelloses est représentée dans la Figure 17. Le pic a été observé, durant le mois de septembre avec 67 cas confirmés (6 *S. flexneri*, 1 *S. boydii*, 59 *S. sonnei* et 1 *Shigella* sp.).

Figure 17. *Shigella* : Répartition par mois (N=392, 2015)



3.2.7. *Shigella* : Tendances (1999-2015)

Le nombre total de cas de shigelloses sur la période de 1999 à 2015 oscillait entre 316 et 500 cas par an. Une augmentation du nombre de cas a été observée jusqu'en 1999 (jusqu'à 500 cas en 1999). Entre 2002 et 2004 et entre 2006 et 2007, le nombre de cas est passé en dessous des 400 cas par an.

En 2008 comme en 2005, on a observé une faible augmentation du nombre de shigelloses (respectivement 417 et 425 cas sur l'année). Depuis 2009, le nombre de shigelloses repasse en-dessous de 400 cas.

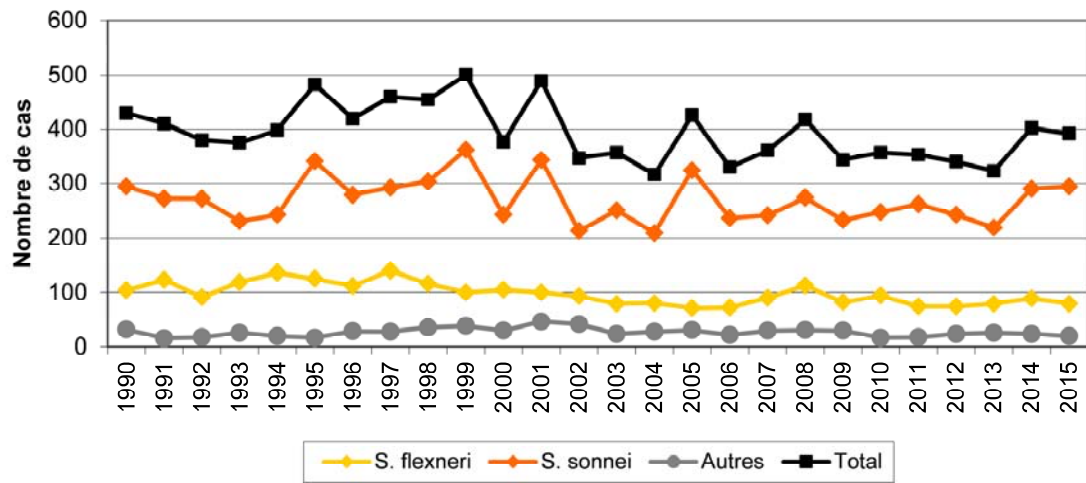
Les variations observées sont essentiellement dues à la variation du nombre de *Shigella sonnei* ainsi qu'à la diminution des *Shigella flexneri* de 100 cas en 1999 à 72 en 2006 et 90 en 2007 (Tableau 17, Figure 18). En 2008, on observait également une augmentation du nombre des cas liés à *Shigella flexneri* (113 cas par année), depuis 2011 ce nombre diminue à 74 cas.

Tableau 17. *Shigella* : Evolution des quatre espèces sur la période 1999-2015 (Nombre de cas/an)

	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
<i>S. dysenteriae</i>	15	9	5	5	6	5	10	9	8	11	4	3	4	9	4	7	7
<i>S. flexneri</i>	100	105	100	93	79	80	71	72	90	113	83	94	74	74	79	89	79
<i>S. boydii</i>	21	14	8	14	17	20	19	12	20	19	24	12	13	13	20	15	9
<i>S. sonnei</i>	362	243	343	213	251	209	324	237	242	274	233	248	262	243	219	290	294
<i>Shigella</i> sp. autoagglutinable	2	6	8	21	2	2	1		1		1				1	1	3
Total	500	377	487	347	357	316	425	330	361	417	345	357	353	340	323	402	392



Figure 18. *Shigella* : Evolution depuis 1990 (Nombre de cas/an)





3.2.9. *Shigella* : Notion de séjour récent à l'étranger

Dans 8,9% des cas de shigellose, un séjour récent à l'étranger a été rapporté. Parmi les pays les plus fréquemment cités (≥ 3), on retrouvait Sénégal, l'Ouzbékistan, la Thaïlande et le Congo (*Tableau 18*).

Tableau 18. *Shigelles : après séjour à l'étranger ou chez des immigrés (N=35; 2015)*

5	Sénégal	1	<i>Shigella flexneri</i> 1b
		1	<i>Shigella flexneri</i> 2a
		3	<i>Shigella sonnei</i>
3	Ouzbékistan	3	<i>Shigella sonnei</i>
3	Thaïlande	3	<i>Shigella sonnei</i>
3	Congo	1	<i>Shigella dysenteriae</i> 3
		1	<i>Shigella flexneri</i> 1b
		1	<i>Shigella sonnei</i>
3	Maroc	2	<i>Shigella boydii</i> 4
		1	<i>Shigella sonnei</i>
2	Inde	2	<i>Shigella sonnei</i>
2	Ethiopie	1	<i>Shigella flexneri</i> 3a
		1	<i>Shigella flexneri</i> 6
2	Népal	2	<i>Shigella sonnei</i>
	République		
1	Dominicaine	1	<i>Shigella boydii</i> 2
1	Mali	1	<i>Shigella sonnei</i>
1	Indonésie	1	<i>Shigella sonnei</i>
1	Egypte	1	<i>Shigella flexneri</i> 4
1	Cap Vert	1	<i>Shigella sonnei</i>
1	Guinée	1	<i>Shigella flexneri</i> 1b
1	RDC	1	<i>Shigella</i> sp.
1	Géorgie	1	<i>Shigella sonnei</i>
1	Togo	1	<i>Shigella sonnei</i>
1	Ghana	1	<i>Shigella sonnei</i>
1	Cameroun	1	<i>Shigella sonnei</i>
1	Guatemala	1	<i>Shigella sonnei</i>



3.2.10. *Shigella* : Résistance aux antibiotiques

Les *Shigella* sont des bactéries entéro-invasives, capables de pénétrer dans les cellules épithéliales de la muqueuse du colon (International note 2004). Le traitement d'une shigellose inclut une réhydratation ainsi qu'un traitement antibiotique. Les antibiotiques permettent généralement une guérison rapide et sans séquelles. Normalement, un grand nombre d'antibiotiques peut être utilisé efficacement pour le traitement des shigelloses, mais en pratique le spectre des antibiotiques utilisables se restreint d'année en année. L'augmentation de la résistance aux antibiotiques chez les *Shigella* est devenue un réel problème de santé publique, notamment par l'augmentation de fréquence du phénotype de multi-résistance. La tétracycline, l'ampicilline et le cotrimoxazole qui étaient utilisés comme antibiotiques de premier choix dans les années 90 ne sont actuellement plus efficaces (Miron *et al.* 2004, CDC 2013).

A l'heure actuelle, les antibiotiques recommandés pour le traitement des shigelloses sont identiques à ceux utilisés pour le traitement des Salmonelloses à savoir la ciprofloxacine (500 mg), le ceftriaxone (1g IV) ou l'azithromycine¹. Une augmentation mondiale de la résistance contre la ciprofloxacine et l'azithromycine a été rapportée récemment principalement et respectivement dans les isolats de *S. sonnei* et *S. flexneri* sérotype 3a (Heiman *et al.*, 2014; Nüesch-Inderbinen *et al.*, 2016).

Par conséquent, une surveillance constante de la résistance est nécessaire au niveau national. Cette surveillance a été occasionnelle dans le passé mais depuis 2004, le Centre National de Référence effectue une surveillance régulière de la sensibilité des germes isolés aux agents antimicrobiens.

Pour l'année 2015, un total de 392 souches de *Shigella* appartenant aux sérotypes *sonnei* (300 souches), *flexneri* (76 souches), *dysenteriae* (7 souches) et *boydii* (9 souches) ont été examinées par la méthode de diffusion de Kirby-Bauer (Tableau 19 et figure 19). Le panel de 13 antibiotiques a été adapté aux lignes directrices de l'EU-CAST et est identique à celui utilisé pour tester les *Salmonella* cf paragraphe 3.1.10.

En ce qui concerne la multirésistance, 51,3% des isolats *Shigella flexneri* présentent une résistance au moins vis-à-vis de 4 antibiotiques contre 23,6% des *S. sonnei*. Ceci est pour *sonnei* particulièrement bas en comparaison des chiffres de 2014 (72%), mais est probablement dû au changement du panel d'antibiotiques testés. En 2014, plus de 75% des isolats de *sonnei* présentaient une résistance contre le cotrimoxazole et la streptomycine et ces deux antibiotiques ne sont plus testés en 2015. Une tendance à une susceptibilité diminuée et/ou une résistance accrue est à noter pour la ceftazidime (*sonnei* et *flexneri*), l'azithromycine (*flexneri*) et le chloramphénicol (*flexneri*) (figure 19).

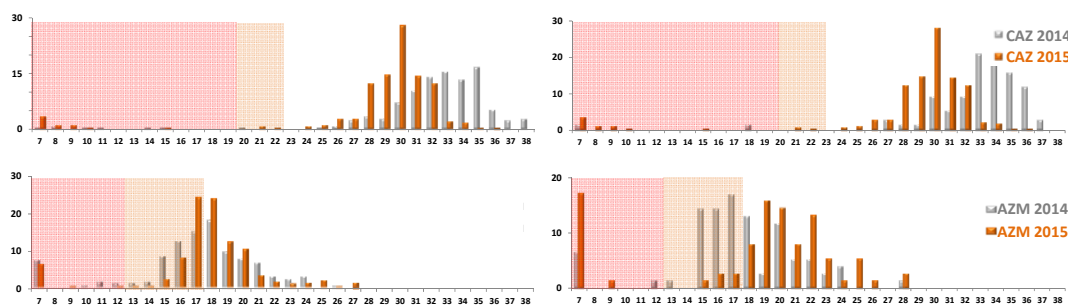
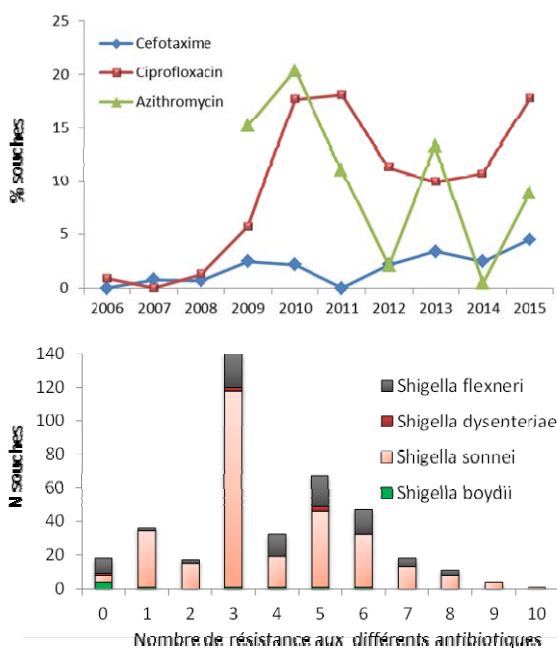


Figure 19. Distribution des zones d'inhibition des isolats testés de *S. sonnei* (à gauche) et *flexneri* (à droite) vis-à-vis de la ceftazidime (CAZ) et l'azithromycine (AZM) (2014-2015). Les zones de résistance et de profil intermédiaire sont représentées respectivement en rose vif et rose sale/gris par antibiotique.



Tableau 19. Fréquence de résistance dans les différentes espèces de *Shigella* contre le panel d'antibiotiques testés (2015).

Sérotype	N	AMP	AZM	CTX	COX	MEM	NAL	CIP	CHL	GEN	TET	TMP
<i>S. sonnei</i>	300	21.3	7.3	6.0	2.0	0.0	36.7	20.0	2.0	2.3	68.7	94.7
<i>S. flexneri</i>	76	78.9	18.4	1.3	1.3	0.0	17.1	14.5	69.7	1.3	81.6	51.3
<i>S. boydii</i>	9	44.4	0.0	0.0	0.0	0.0	11.1	0.0	0.0	0.0	55.6	33.3
<i>S. dysenteriae</i>	7	42.9	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	28.6	0.0	71.4	71.4



En 2015, la résistance contre la ciprofloxacine augmente par rapport à l'année précédente jusqu'à 17,8%, et se retrouve à nouveau au niveau de 2010-2011 (Figure 20). Ceci est essentiellement dû à l'augmentation de cette résistance dans les souches de *S. flexneri* 2a (34,6%) et *S. sonnei* (20%). L'analyse moléculaire montre que cette résistance est essentiellement due à une mutation spécifique du sérotype dans le site actif des topoisomérases (GyrA83/87, ParC80 et ParE408), et à la présence du gène plasmidique *qnrB* dont la protéine masque le site actif de l'antibiotique.

Le niveau de résistance de l'azithromycine (8,9%) est fort variable et est surtout détectée dans *flexneri* (Tableau 19).

Figure 20. du dessus. Evolution de la résistance contre 3 antibiotiques importants en thérapeutique (2006-2015). La résistance à l'azithromycine n'a été testée qu'à partir de 2009. **En dessous.** Distribution du nombre de résistance par espèce.

En 2015, 23 isolats (5,8%) ont été identifiés avec une sensibilité diminuée vis à vis des antibiotiques indicateurs, cefotaxime et ceftazidime. A l'exception d'une souche de *flexneri* 1b, toutes les souches appartiennent à l'espèce *sonnei*. Ces échantillons ont été soumis à (i) un test phénotypique visant à la confirmation du diagnostic grâce à l'utilisation d'inhibiteur d'ESBL comme l'acide clavulanique ou d'AmpC comme la cloxacilline et (ii) ainsi qu'à un génotypage selon la méthode décrite dans le paragraphe 3.1.10 (Tableau 20). De ces analyses, il apparaît que le gène *bla*_{CTX-M-15} est le plus prévalent mais que des gènes codant pour des ESBLs moins fréquentes comme *bla*_{DHA} et *bla*_{ACC} ont également été détectés. Une observation importante réside dans le fait que ces souches restent sensibles à l'indicateur- carbapénème méropénème.



Tableau 20. Souches de *Shigella* productrices d'ESBL (2015).

Id.	Sérotype	CTX (mm)	CAZ (mm)	Phéno-type	Génotype	Id.	Séro-type	CTX (mm)	CAZ (mm)	Phéno-type	Génotyp e
S15BD00281	<i>flexneri</i> 1b	7	7	AmpC	ND	S15BD08205	<i>sonnei</i>	15	16	AmpC	<i>bla_{CMY}</i>
S15BD02407	<i>sonnei</i>	10	20	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>	S15BD08240	<i>sonnei</i>	7	20	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>
S15BD03051	<i>sonnei</i>	7	24	ESBL	<i>bla_{CTX-M-32}</i>	S15BD08296	<i>sonnei</i>	9	20	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>
S15BD04031	<i>sonnei</i>	21	18	AmpC	<i>bla_{DHA}</i>	S15BD08691	<i>sonnei</i>	7	7	ND	ND
S15BD06181	<i>sonnei</i>	9	25	ESBL	<i>bla_{CTX-M-1}</i>	S15BD08759	<i>sonnei</i>	7	19	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i> , <i>bla_{TEM-1}</i>
S15BD06648	<i>sonnei</i>	8	21	ESBL	<i>bla_{ACC}</i> , <i>bla_{CTX-M-1}</i>	S15BD08835	<i>sonnei</i>	7	18	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i> , <i>bla_{TEM-1}</i>
S15BD06969	<i>sonnei</i>	9	25	ESBL	<i>bla_{CTX-M-32}</i>	S15BD09162	<i>sonnei</i>	7	14	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>
S15BD07164	<i>sonnei</i>	8	20	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>	S15BD09164	<i>sonnei</i>	7	14	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>
S15BD07250	<i>sonnei</i>	7	21	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>	S15BD09165	<i>sonnei</i>	7	15	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>
S15BD07413	<i>sonnei</i>	7	15	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i> , <i>bla_{TEM-1}</i>	S15BD09964	<i>sonnei</i>	7	19	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i> , <i>bla_{TEM-1}</i>
S15BD08049	<i>sonnei</i>	8	22	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>	S15BD10177	<i>sonnei</i>	9	21	ESBL	<i>bla_{CTX-M-15}</i>



Références

Centers for Disease Control and Prevention. 2013. National Antimicrobial Resistance Monitoring System for Enteric Bacteria (NARMS); human isolates final report, 2011. Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, GA

Ceyssens PJ, Garcia-Graells C, Fux F, Botteldoorn N, Mattheus W, Wuyts V, De Keersmaecker S, Dierick K, Bertrand S. Development of a Luminex xTAG® assay for cost-effective multiplex detection of β -lactamases in Gram-negative bacteria. J Antimicrob Chemother. 2016, 2016 Sep;71(9):2479-83.

CLSI, Performance Standards for Antimicrobial Disk Susceptibility Testing: Eight International Supplement. M2A6, Table 2A, Vol. 18, NO. 1, 1998, pp.10-13.

Collard, J.-M., S. Bertrand, K. Dierick, C. Godard, C. Wildemaue, K. Vermeersch, J. Duculot, F. Van Immerseel, F. Pasman, H. Imberechts and C. Quinet. Drastic decrease of human *Salmonella* Enteritidis in Belgium in 2005, shift in phage types and influence on food-borne outbreaks. Epidemiol. Infect. Jul 24;:1-11.

Ewing W.H. October 1971. Biochemical Reactions of *Shigella*, méthodes de laboratoire pour l'identification des Entérobactéries. Institut Pasteur, Le Minor L., Richard C

Fisher, I.S.T. (1999) Le réseau de surveillance internationale Enter-Net : objectifs et organisation. Eurosurveillance 4 :58-62.

Grimont P.AD. and Weill F-X (2007) Antigenic Formulae of the *Salmonella* Serovars 9th edition, WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella*

Grimont P.A.D., Grimont F., and Bouvet P.J.M. 2000. *Shigella*. In Précis de Bactériologie clinique. Ed. J. Freney, F. Renaud, W. Hansen, C. Bollen. Eska, Paris, pp. 1129-1135.

Heiman KE, Karlsson M, Grass J, Howie B, Kirkcaldy RD, Mahon B, Brooks JT, Bowen A; Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Notes from the field: *Shigella* with decreased susceptibility to azithromycin among men who have sex with men - United States, 2002-2013. MMWR Morb Mortal Wkly Rep. 2014 Feb 14;63(6):132-3.

Hopkins KL, Peters TM, de PE, Wain J (2011) Standardisation of multilocus variable-number tandemrepeat analysis (MLVA) for subtyping of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis. Euro Surveill 16:pil = 19942 PMID: [22221498](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22221498/)

International Note - Antibiotics in the management of shigellosis. 2004. WHO Weekly Epidemiological Record, Vol 79, N° 39, pp 355-356 <http://www.who.int/wer/2004/en/wer7939.pdf>

Jain, S.K., A. Gupta, B. Glanz, J. Dick, and G.K. Siberry. 2005. Antimicrobial-resistant *Shigella sonnei*: limited antimicrobial treatment options for children and challenges of interpreting *in vitro* azithromycin susceptibility. Pediatr. Infect. Dis. J. 24(6):494-497.

Kauffmann F. (1966) The bacteriology of Enterobacteriaceae. Munksgaard, Copenhagen.

Le Minor L. et Richard C. Méthodes de laboratoire pour l'identification des entérobactéries. 1993, Ed. Institut Pasteur, Paris, pp. 217.

Lindstedt BA, Vardund T, Aas L, Kapperud G. Multiple-locus variable-number tandem-repeats analysis of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Typhimurium using PCR multiplexing and multicolor capillary electrophoresis. J Microbiol Methods 2004;59(2):163-72.

Liu YY, Wang Y, Walsh TR, Yi LX, Zhang R, Spencer J, Doi Y, Tian G, Dong B, Huang X, Yu LF, Gu D, Ren H, Chen X, Lv L, He D, Zhou H, Liang Z, Liu JH, Shen J. Emergence of plasmid-mediated colistin resistance mechanism MCR-1 in animals and human beings in China: a microbiological and molecular biological study. Lancet Infect Dis. 2016 Feb;16(2):161-8.

Miron, D., M. Torem, R. Merom, and R. Colodner. 2004. Azithromycin as an alternative to nalidixic acid in the therapy of childhood shigellosis. Pediatr. Infect. Dis. J. 23(4):367-368.

Moss, P.J., and R.C. Read. 1995. Empiric antibiotic therapy for acute diarrhea in the developed world. J. Antimicrob. Chemother. 35:903-913.



NCCLS, Performance Standards for Antimicrobial Disk Susceptibility Testing: Eight International Supplement. Zone diameter interpretative standards and equivalent minimum inhibitory concentration (MIC) breakpoints for Enterobacteriaceae (M2A6, Table 2A, pp.10-13, Vol. 18, NO. 1, 1998).

Nüesch-Inderbinen M, Heini N, Zurfluh K, Althaus D, Hächler H, Stephan R. Shigella Antimicrobial Drug Resistance Mechanisms, 2004-2014. Emerg Infect Dis. 2016 Jun;22(6):108

Skov R, Matuschek E, Sjölund-Karlsson M, Åhman J, Petersen A, Stegger M, Torpdahl M, Kahlmeter G. Development of a Pefloxacin Disk Diffusion Method for Detection of Fluoroquinolone-Resistant Salmonella enterica. J Clin Microbiol. 2015 Nov;53(11):3411-7.

Threlfall, E. J. 2000. Epidemic *Salmonella* Typhimurium DT104- a truly international multiresistant clone. J. Antimicrob. Chemother. 46:7-10.

R Wollin on the behalf of the Enter-net participants. A study of invasiveness of different Salmonella serovars based on analysis of the Enter-net database. Eurosurveillance weekly release: 27 September 2007. <http://www.eurosurveillance.org/ew/2007/070927.asp#3>







Responsable du CNR

Dr. S. Bertrand et Dr. W. Mattheus

T + 32 2 642 50 82 et 50 89

F + 32 2 642 52 40

Salmonella@wiv-isp.be |

<http://bacterio.wiv-isp.be/>

SIÈGE CENTRAL

Rue Juliette Wytsman 14

1050 Bruxelles | Belgique

T + 32 2 642 51 11

F + 32 2 642 50 01

SITE UCCLE

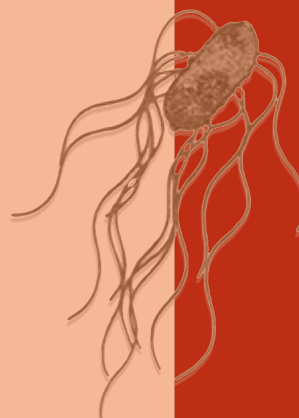
Rue Engeland 642

1180 Bruxelles | Belgique

T + 32 2 373 31 11

F + 32 2 373 32 82

info@wiv-isp.be | www.wiv-isp.be



**Maladies Transmissibles et
Infectieuses
Service: Maladies Bactériennes**

**Editeur responsable
Dr Johan Peeters,
Directeur général**

