

NATIONAAL REFERENTIE CENTRUM YERSINIA

Jaarverslag 2022

—

Sciensano
Infectieziekten mens - Bacteriële ziekten
NRC Yersinia

July 2023 • Brussel • België

MATTHEUS, WESLEY

•

CEYSSENS, PIETER-JAN

•

VAN DEN BOSSCHE, AN

Wesley Mattheus, Ph.D. • T+32 (0)2 373 32 24 • wesley.mattheus@siensano.be

Met de financiële steun van



Flanders
State of the art



Gelieve te citeren als: Nationaal Referentie Centrum voor Salmonella en Shigella, Jaarverslag 2018. Sciensano, Brussel, België.

Dankbetuigingen

We betuigen onze dank aan de gezondheidsinspecteurs die de enquêtes bij de patiënten uitvoeren, alsook aan de klinische laboratoria, die door het sturen van hun stammen, meewerken aan het toezicht op deze pathogenen. We bedanken eveneens het Federaal Agentschap voor de Veiligheid van de Voedselketen (FAVV).

HOOFDPUNTEN

- In 2022 typeerde het NRC 1081 unieke *Yersinia* isolaten (waarvan 933 *Y. enterocolitica* en 27 *Y. pseudotuberculosis*) in opdracht van 112 klinische laboratoria. Deze staalaantallen zijn een **stijging met 19%** ten opzichte van 2021, met voornamelijk hogere aantallen in de winter-en lentemaanden. Van de toegezonden stalen waren 9.9% afkomstig van gehospitaliseerde patiënten, maar dit percentage lag hoger voor *Y. pseudotuberculosis* (6/27, 22%).
- In tegenstelling tot in 2021, observeerden we voor *Y. enterocolitica* proportioneel evenveel stammen afkomstig van jonge mannelijke als vrouwelijke patiënten (0-4 jaar, M/F ratio 1.1 tov. 1.4 in 2021), net zoals er globaal geen verschillen zijn in de distributie tussen de mannelijke en vrouwelijke patientenpopulaties (M/F ratio 0.96). Voor *Y. pseudotuberculosis* is er wel een onevenwicht (M/F ratio 3.5), voornamelijk in de leeftijdscategorie 5-15 jarigen.
- In totaal waren 35.4% (330/933) van de toegezonden *Y. enterocolitica* humane pathogenen, met als grote meerderheid (293/330) *Y. enterocolitica* biotype 4/O:3. Onder de niet-pathogene *Yersinia* spp. was de *Y. enterocolitica* biotype 1A (603/933) het meest prevalent.
- De huidige aanbeveling voor behandeling van Yersinioses zijn ciprofloxacine en levofloxacine (eerstelijns), en doxycycline, TMP-SX, cefotaxime, ceftriaxone, ceftazidime or cefepime (tweedelijns). In 2022 blijven pathogene *Yersinia* spp. over het algemeen erg gevoelig voor de huidige gebruikte antibiotica. In 2022 werden 5 isolaten met verlaagde gevoeligheid voor ciprofloxacine ($MIC \geq 0.25 \mu\text{g/ml}$) geobserveerd, allen behorend tot het type *Y. enterocolitica* biotype 4/O:3. Eén staal met biotype 2/O9 was resistent tegen indicator cephalosporines.

INHOUDSTAFEL

● 1. INLEIDING	6
1.1. Historische prevalentie en trends	6
1.2 Doelstelling	6
1.3. Kwaliteit	6
● 2. METHODOLOGIE	7
2.1 Verzamelen van stammen en metadata	7
2.2 workflow	7
2.3 Antibioticumresistentie	7
● 3. RESULTATEN	9
3.1 Staalcollectie: Aantal en specimen	9
3.2 Leeftijds- en genderdistributie	9
3.3. Species, Bio-en serotype distributie	10
3.4. Geografische spreiding	10
3.5. Antibioticumresistentie	11

1. INLEIDING

1.1. HISTORISCHE PREVALENTIE EN TRENDS

Binnen het genus *Yersinia* zijn er drie species erkend als humaan pathogeen: *Y. enterocolitica* (biotypes 1B, 2-5), *Y. pseudotuberculosis*, and *Y. pestis*. Deze laatste maakt geen deel uit van het NRC, maar wordt gediagnosticeerd in de bioterrorisme eenheid van Sciensano.

In 2017 werden binnen de EU 6,240 gevallen van humane pathogene *Y. enterocolitica* infecties gediagnosticeerd, hetgeen overeenkomt met 2.2 notificaties per 100,000 inwoners.

In België wordt de meerderheid van de yersiniosen veroorzaakt door *Y. enterocolitica* bioserotype 4/O:3, en in mindere mate door 2/O:9 en 2/O:5,27. De relatieve proportie van de serotypen varieert volgens leeftijd, waarbij serotype O:3 het meest prevalent is bij jonge en bij mannelijke patiënten. Serotype O:9 wordt gewoonlijk vaker aangetroffen bij invasieve yersiniosen, waarbij het pathogeen wordt geïsoleerd uit bloed- en extraintestinale stalen (Verhaegen et al, 1998).

Y. pseudotuberculosis is minder prevalent, maar veroorzaakt meer invasieve infecties in vergelijking met *Y. enterocolitica*. In België fluctueert de incidentie van infecties met *Y. pseudotuberculosis* tussen de 0.08 en 0.36/100.000 inwoners¹. Hoewel er meer dan 20 serotypen bestaan, worden 90% van de humane (en ook dierlijke) infecties met *Y. pseudotuberculosis* veroorzaakt door serotype O:1.

Er is momenteel geen wettelijke verplichting om infecties met *Yersinia* te melden aan de overheid, uitgezonderd voor voedselgerelateerde uitbraken. Desalniettemin organiseert het FAVV sinds 1997 een monitoring van pathogene *Y. enterocolitica* bij varkens, en dit in het kader van EU Directive 2003/99/EC.

1.2 DOELSTELLING

De belangrijkste opdrachten van het Nationaal Referentiecentrum (NRC) voor *Yersinia enterocolitica* en *Y. pseudotuberculosis* zijn (i) het **onderscheiden van pathogene van niet-pathogene dragerschap** van *Y. enterocolitica*, en (ii) het verzekeren van een **epidemiologisch toezicht** op humane infecties van *Yersinia spp.* Dit toezicht heeft als doel zo snel mogelijk epidemieën te detecteren, alsook hun oorsprong en op lange termijn de ruimtelijke en tijdelijke tendensen in de evolutie van deze twee kiemen te evalueren. Specifieke gevallen zoals multidrugresistente of invasieve stammen worden onderzocht door Whole-Genome Sequencing (WGS). Het NRC houdt eveneens toezicht op de antibiotica-gevoeligheid van de geïsoleerde kiemen.

Wanneer er een epidemie vermoed wordt, waarschuwt het NRC de gezondheidsinspecteurs van de betrokken regio (AVIQ, Agentschap Zorg & Gezondheid of CoCom) die vervolgens het nodige doet om een onderzoek in te stellen bij de patiënten. Dit toezicht laat toe epidemieën te controleren, preventiemaatregelen uit te stippelen en de genomen maatregelen ten gunste van de volksgezondheid en voor de bescherming van de consument te evalueren. Indien nodig, contacteren de gezondheidsinspecteurs vervolgens het Federale Agentschap voor Veiligheid van de Voedingsketen (FAVV) voor verder onderzoek naar de mogelijk bron van besmetting.

Het NRC brengt zijn subtyperingsdata over naar het nationale EpiStat surveillance systeem, en jaarlijks naar het Europese netwerk van Food and Waterborne Diseases and Zoonoses (een organisatie voor enterische infecties van het European Centre for Disease Prevention and Control, ECDC). Deze epidemiologische gegevens zijn te raadplegen door de gezondheidsinspecteurs van de Gemeenschappen, het netwerk van de peillaboratoria en de referentiecentra via https://www.sciensano.be/nl/nationale-referentiecentra-voor-humane-microbiologie#nrc_nrl-block_1-1 en <https://epistat.sciensano.be/dashboard/>.

1.3. KWALITEIT

Sinds 2020 werd het NRC ondergebracht in de dienst humane bacteriële ziekten van Sciensano, samen met het NRC Salmonella en Shigella. Sinds meer dan 40 jaar streeft dit laboratorium een hoge kwaliteitsstandaard na, zowel op het vlak van de analyses en de epidemiologische studies als op het vlak van communicatie met de correspondenten en opdrachtgevers.

Zoals weergegeven in sectie 4.2, werd in 2020 de kwaliteitsstandaard ISO/IEC 15189 verkregen voor de uitgevoerde analyses die in dit rapport worden beschreven. Dit systeem garandeert de nauwkeurigheid en geldigheid van de toegepaste protocollen, de traceerbaarheid van de onderzoeksresultaten, de juistheid van de uitslagen en de technische onafhankelijkheid van het laboratorium. Dit kwaliteitssysteem schept eveneens een band van vertrouwen tussen het Centrum en zijn correspondenten en klanten dankzij de kwaliteit van de uitgevoerde analyses.

¹ https://www.sciensano.be/nl/nationale-referentiecentra-voor-humane-microbiologie#nrc_nrl-block_1-1

2. METHODOLOGIE

2.1 VERZAMELEN VAN STAMMEN EN METADATA

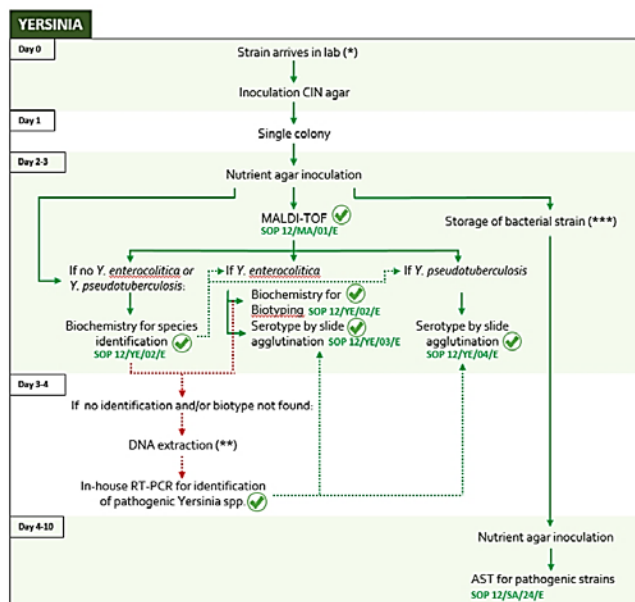
Isolaten van *Yersinia* worden door klinische laboratoria op vrijwillige basis opgestuurd naar het NRC, samen met het formulier met inlichtingen over de stam en de epidemiologie.

De gevraagde metadata bevatten de leeftijd, geslacht en postcode van de patiënt, het specimen waaruit de stam werd opgezuiverd, het geassocieerd ziektebeeld, informatie omtrent een mogelijks gestarte antibioticum behandeling en de evolutie van de ziekte en informatie i.v.m. recente reizen en hospitalisatie van de patiënt. Indien er al vastgestelde antigeenkenmerken zijn, worden deze ook gevraagd.

Na ontvangst krijgt elk staal een uniek nummer in de vorm S22BD0000x, en wordt de opgenomen metadata digitaal ingebracht in het STARLIMS systeem. Het staal wordt na analyse bewaard in 20% glycerol op -80°C.

2.2 WORKFLOW

De workflow van het NRC wordt schematisch weergegeven in Figuur 1.



Figuur 1. Workflow in het NRC Yersinia, 2022. Testresultaten met een vinkje worden gecommuniceerd naar het indienende labo. (*) bewaring voor 1 maand op 2°C-8°C, (**) bewaard op -20°C±5°C, (***) bewaard op -80°C±5°C. In plaats van RT-PCR kan ook whole genome sequencing worden toegepast op indiv

Op aanvraag van het laboratorium kan op het (primaire) staal een RT-PCR worden uitgevoerd ter bepaling van de pathogeniciteit van de stam. Deze PCR richt zich op de identificatie van het chromosomale virulentiegen *ail*, *yopM* (YE/YP), *inV* (specifiek voor YP and *Y. pestis*) and *yihN* (specifiek voor *Y. pestis*). Niet-pathogene *Yersinia* spp. zijn negatief voor alle probes.

Alle stammen worden in cultuur gebracht op CIN agar (Cefsulodine-Irgasan-Novobiocin, Oxoid) op 30°C. Hierop volgt species confirmatie met MALDI-TOF (Biotyper, Bruker) en – voor species anders dan *Y. enterocolitica* - parallel biochemische testen met de volgende suikers: ornithine, pyrazinamidase, rhamnose, sucrose, Voges-Proskauer, Ureum, Simmons citrate, Raffinose, Melibiose, Sorbose en Indole. Bij identificatie van *Y. enterocolitica* wordt deze gebiotypeerd volgens het conventionele schema van Wauters (Tabel 1). Het serotype van de stam van de belangrijkste serogroepen wordt vervolgens onderzocht voor *Y. enterocolitica* en *Y. pseudotuberculosis* via klassieke slide agglutinaties met behulp van commerciële antilichamen (Sifin and Staten Serum Institute, Elitech).

Tabel 1. Wauters' schema for Biotyping of *Y. enterocolitica*

Biotype	1A	1B	2	3	4	5
Tween Esterase	+	+	-	-	-	-
Esculine	+/-	-	-	-	-	-
Salicine	+/-	-	-	-	-	-
Indole	+	+	(+)	-	-	-
Xylose	+	+	+	+	-	+/-
Trehalose	+	+	+	+	+	-
Pyrazinamidase	+	-	-	-	-	-

() vertraagde reactie

In geval van onduidelijke resultaten, wordt de stam verder onderzocht met behulp van Next-Generation Sequencing (NGS). In dit geval wordt Genomisch DNA geëxtraheerd met de MgC Bacterial DNA Kit™ met 60 µl elutie volume (Atrida, NL), volgens instructies van de fabrikant. Sequencing libraries worden gemaakt met de Illumina Nextera XT DNA sample preparation kit, en vervolgens gesequeneerd met een Illumina MiSeq instrument met een 250-bp paired-end protocol (MiSeq v3 chemistry), volgens instructies van de fabrikant. Species identificatie wordt uitgevoerd op basis van Ribosomale (rMLST²) en genoomwijde (cgMLST³) Multilocus Sequence Typing.

2.3 ANTIBIOTICUMRESISTENTIE

Aan het NRC wordt de antibioticagevoeligheid van *Yersinia* spp. bepaald door broth microdilutie (Sensititre™, Thermo Fisher), waarbij de Minimale Inhibitorische Concentratie (MIC) waarde voor elk antibioticum wordt bepaald en wordt geïnterpreteerd met de aanbevelingen van EUCAST (Tabel 2). Omwille van pragmatische redenen wordt hetzelfde panel van antibiotica gebruikt voor *Salmonella*, *Shigella* en *Yersinia* spp, gezien de huidige SOP 12/SA/24/E geaccrediteerd is (ISO 15189) voor alle *Enterobacteriaceae*. Tetracycline wordt gebruikt voor het

² Jolley KA, et al. Ribosomal multilocus sequence typing: universal characterization of bacteria from domain to strain. Microbiology (Reading). 2012 Apr;158(Pt 4):1005-1015.

³ Savin C, et al. Genus-wide *Yersinia* core-genome multilocus sequence typing for species identification and strain characterization. Microb Genom. 2019 Oct;5(10):e000301.

voorspellen van gevoeligheid voor doxycycline, met MIC \leq 4 mg/L voor wild-type isolaten. Voor azithromycine gebruiken we de ECOFF waarde van MIC \leq 8 μ g/ml voor wild-type isolaten.

Omwille van budgetaire limitaties worden alle *Y. pseudotuberculosis* stammen, en een selectie van pathogene *Y. enterocolitica* getest.

Tabel 2. Antibiotica getest via broth microdilutie. Cut-offs voor CHL, AZM, SMX en TGC resistentie worden in dit rapport en op basis van ECOFF waarden gezet op 8 μ g/ml, 16 μ g/ml, 256 μ g/ml en 1 μ g/ml, respectievelijk.

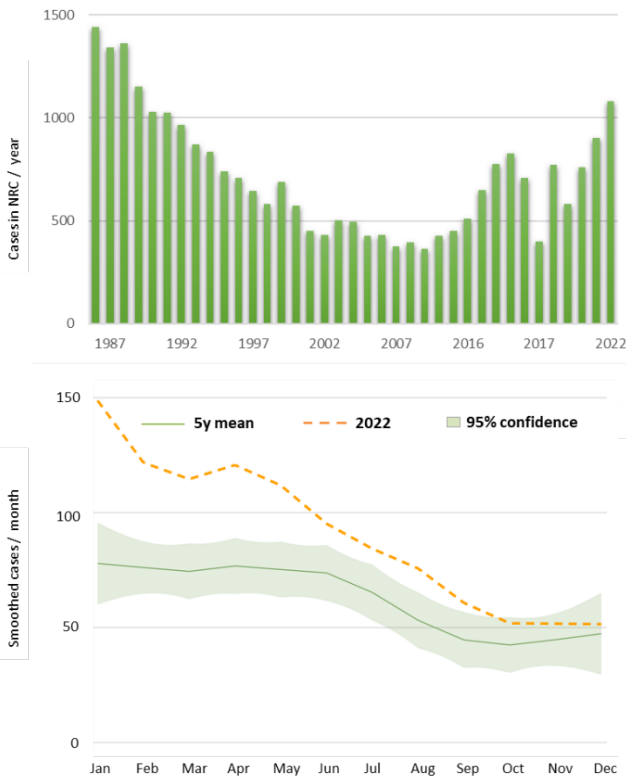
Antibioticum	CODE	Geteste conc. (mg/L)	Gevoeligheids-breekpunt (mg/L)
AMPICILLINE	AMP	1-64	8.0
AZYTHROMYCINE	AZI	2-64	ND
CEFOTAXIME	FOT	0.25-4	1.0
CEFTAZIDIME	TAZ	0.5-8	1.0
CHLORAMPHENICOL	CHL	8-64	ND
CIPROFLOXACINE	CIP	0.015-8	0.25
COLISTINE	COL	0.5-8	2.0
ERTAPENEM	ETP	0.015-2	0.5
GENTAMICINE	GEN	0.5-16	2.0
MEROPENEM	MER	0.03-16	2.0
SULFAMETHOXAZOLE	SMX	32-1024	ND
TETRACYCLINE	TET	2-64	4.0
TIGECYCLINE	TGC	0.25-8	ND
TRIMETHOPRIM	TMP	0.5-16	4.0

In dit rapport wordt multidrugresistentie (MDR) gedefinieerd als resistent tegen meer dan drie klassen antibiotica.

3. RESULTATEN

3.1 STAALCOLLECTIE: AANTAL EN SPECIMEN

In 2022 typeerde het NRC 1081 unieke *Yersinia* isolaten (waarvan 933 *Y. enterocolitica* en 27 *Y. pseudotuberculosis*) in opdracht van 112 klinische laboratoria. Deze stalaantallen zijn een **stijging met 19%** ten opzichte van 2021, met voornamelijk hogere aantallen in de winter- en lentemaanden (Figuur 2). In tegenstelling tot andere gastro-intestinale pathogenen, werd er tijdens de Covid-19 pandemie geen significante vermindering van stalaantallen waargenomen aan het NRC.



Figuur 2. Boven: Totaal aantal bevestigde *Yersinia* spp. onderzocht aan het NRC, weergegeven per jaar voor de periode 1986-2022. **Onder:** Overzicht van de maandelijks bevestigde yersiniosen in 2022, in vergelijking met de 5 voorbije jaren.

Van de toegezonden stalen waren 9.9% (107/1081) afkomstig van gehospitaliseerde patiënten, maar dit percentage lag hoger voor *Y. pseudotuberculosis* (6/27, 22.2%). Het merendeel van de *Yersinia* stammen (89.7%) werd geïsoleerd uit faeces, terwijl 0.6% uit bloedculturen afkomstig waren: 3 *Y. pseudotuberculosis* stammen, 2 *Y. enterocolitica* bioserotype 4/O:3 stammen, en 1 *Yersinia kristensenii*. Een overzicht van de oorsprong van de stammen wordt weergegeven in Tabel 3.

Tabel 3. Oorsprong van de isolaten, 2022.

Specimen	N	%
FAECES	939	89.7
BLOED	6	0.6
URINE	2	0.2
PUS	1	0.1
BRONCHUSASPIRAAT	1	0.1
ANDERE/ONBEKEND	98	9.4

Slechts acht (niet-gehospitaliseerde) patiënten rapporteerden een recente reis naar het buitenland; in 4/8 gevallen ging het bovendien om stammen behorend tot (het niet-pathogene) *Y. enterocolitica* biotype 1A. De vier patiënten met infectie van het pathogene *Y. enterocolitica* bioserotype 4/O:3 rapporteerden reizen naar Frankrijk, Italië, Peru en Turkije.

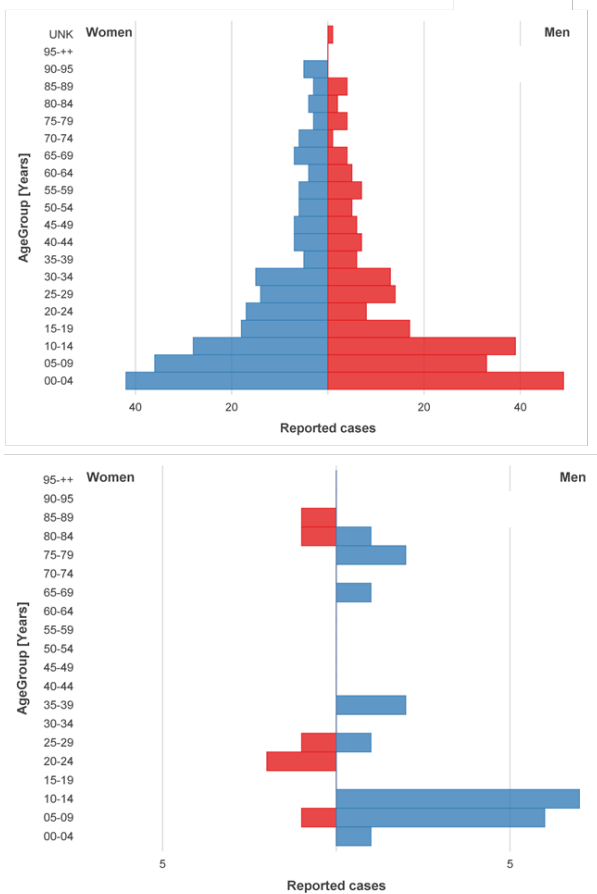
In totaal werd in 11 stalen geen *Yersinia* spp. aangetroffen. In 3/11 gevallen betrof dit een isolaat van *Citrobacter* spp., drie andere isolaten waren *Serratia* spp.

3.2 LEEFTIJD- EN GENDERDISTRIBUTIE

De grootste proportie van ontvangen pathogene *Yersinia* stalen werd geïsoleerd bij kinderen jonger dan 15 jaar. Deze groep vertegenwoordigt 48% van het totale aantal stammen (Figuur 3).

In tegenstelling tot 2021, observeerden we voor *Y. enterocolitica* proportioneel evenveel stammen afkomstig van jonge mannelijke als vrouwelijke patiënten (0-4 jaar, M/F ratio 1.1 tov. 1.4 in 2021), net zoals er globaal geen verschillen zijn in de distributie tussen de mannelijke en vrouwelijke patientenpopulaties (M/F ratio 0.96). Voor *Y. pseudotuberculosis* is er wel een onevenwicht (M/F ratio 3.5), voornamelijk in de leeftijdscategorie 5-15 jarigen (Figuur 3b). De achterliggende reden hiervoor is nog onbekend, maar zou interessant zijn voor verder onderzoek.

Voor 6 stammen (0.5%) was er geen informatie over het geslacht van de patiënt.



Figuur 3. Leeftijdspiramide gegenereerd voor pathogene *Y. enterocolitica* (boven) en *Y. pseudotuberculosis* (onder), periode 2022.

3.3. SPECIES, BIO-EN SEROTYPE DISTRIBUTIE

Een overzicht van de geïdentificeerde species, biotypen en serovars is weergegeven in tabellen 4 en 5. In totaal waren 35.4% (330/933) van de toegezonden *Y. enterocolitica* humane pathogenen, met als grote meerderheid (293/330) *Y. enterocolitica* biotype 4/O:3. Onder de niet-pathogene *Yersinia* spp. was de *Y. enterocolitica* biotype 1A (603/933) het meest prevalent. Van 11/1081 ingezonden stammen kon op basis van biochemische testen geen species worden bepaald.

Tabel 4. Overzicht van de verschillende geïdentificeerde pathogene *Yersinia* spp., in relatie tot het totaal aantal getypeerde *Yersinia* spp. NT, niet typeerbaar door autoagglutinatie.

Pathogeen	Biotype	Serotype	N	%
<i>Y. enterocolitica</i>	4	O:3	293	27.1
		O:9	1	0.1
		NT	1	0.1
	2	O:9	10	1.1
		O:8	2	0.2
		O:3	15	1.7
	NT	1	0.1	

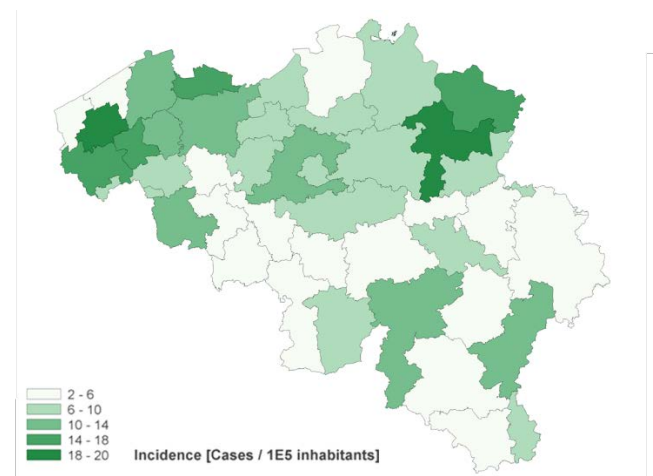
5	O:3	2	0.2
3	O:3	1	0.1
	NT	2	0.2
1B	O:8	2	0.2
	NT	2	0.2
<i>Y. pseudotuberculosis</i>		1	17
	2	1	0.1
	NT	9	0.8

Tabel 5. Overzicht van de verschillende geïdentificeerde niet-pathogene *Yersinia* spp., 2022. NT, niet typeerbaar.

Pathogeen	Biotype	Serotype	N	%
<i>Y. Enterocolitica</i>	1A	NT	374	34.6
		O:8	144	13.3
		O:5,27	60	5.6
		O:9	20	1.9
		O:3	5	0.5
<i>Y. frederiksenii</i>			42	3.9
<i>Y. bercovieri</i>			18	1.7
<i>Y. mollaretii</i>			6	0.6
<i>Y. kristensenii/Y. aleksiciae</i>			8	0.7
<i>Y. intermedia</i>			12	1.1
<i>Y. kristensenii</i>			1	0.1
<i>Y. massiliensis</i>			3	0.3
<i>Y. rohdei</i>			7	0.6
<i>Y. species</i>			11	1.0

3.4. GEOGRAFISCHE SPREIDING

Een overzicht van de geografische spreiding van de humane pathogene yersiniosen is weergegeven in Figuur 4. In 2022 was de meerderheid van de stammen (74.4%) afkomstig uit Vlaanderen, een vermeerdering met 10% in vergelijking met 2021; Waalse en Brusselse patiënten zorgden voor 19.0% en 6.5% van de stammen, respectievelijk. Op niveau van de individuele arrondissementen (Figuur 4), werden de hoogste incidenties gemeten in Tielt (13 gevallen/10⁵ bewoners) en Ieper (10.4 gevallen/10⁵).



Figuur 4. Incidentie van het aantal ontvangen pathogene *Yersinia* stalen per arrondissement. Weergegeven per 100.000 inwoners.

3.5. ANTIBIOTICUMRESISTENTIE

De huidige aanbeveling voor behandeling van Yersinioses zijn ciprofloxacine en levofloxacine (eerstelijns), en doxycycline, TMP-SX, cefotaxime, ceftriaxone, ceftazidime of cefepime (tweedelijns).

Hoewel de antibioticagevoeligheid verschilt tussen de verschillende serogroepen, is *Y. enterocolitica* gewoonlijk gevoelig voor aminoglycosiden, cotrimoxazole, chloramphenicol, tetracycline, 3^{de} generatie cephalosporins en fluoroquinolones. Ook *Y. pseudotuberculosis* stammen zijn voorlopig pan-gevoelig voor de huidig gebruikte antibiotica, hoewel het species intrinsiek resistent is voor polymixin B/ colistin.

In 2022 werd het resistentieprofiel bepaald voor een willekeurige selectie van pathogene *Y. enterocolitica* (n=73) en *Y. pseudotuberculosis* (n=14) stammen, en de resultaten worden weergegeven in tabel 6. Om de Belgische prevalentie van de verschillende biotypes te weerspiegelen, selecteerden we stammen van Biotype 4/O:3 (n=64), 2/O:9 (n=4), 2/NT (n=4) en 2/O:8 (n=1).

Tabel 6. Globale niet-gevoeligheid (%) van pathogene *Y. enterocolitica* (YERSENT) en *Y. pseudotuberculosis* (YERSPS) stammen in België. Zie Tabel 2 voor betekenis van afkortingen. Cut-offs voor CHL, AZM, SMX en TGC resistentie werden op basis van ECOFF waarden gezet op 8 µg/ml, 16 µg/ml, 256 µg/ml en 1 µg/ml, respectievelijk.

Class	Antibiotic	YERENT	YERSPS
<i>B-lactams</i>	AMPICILLINE	91.7	0.0
	CEFOTAXIME	1.4	0.0
	CEFTAZIDIME	1.4	7.6
	MEROPEM	0.0	0.0
	ERTAPENEM	0.0	0.0
<i>Protein synthesis inhibitors</i>	CHLORAMPHENICOL	16.4	7.6
	GENTAMICINE	0.0	0.0
	TETRACYCLINE	5.4	0.0
	TIGECYCLINE	0.0	0.0
	AZYTHROMYCINE	0.0	0.0
<i>Gyrase inhibitors</i>	CIPROFLOXACINE	0.0	0.0
<i>Cell wall inhibitor</i>	COLISTINE	0.0	100
<i>Folate Synthesis</i>	SULFA-METHOXAZOLE	16.4	0.0
	TRIMETHOPRIM	0.0	0.0

In 2022 blijven pathogene *Yersinia* spp. over het algemeen erg gevoelig voor de huidige gebruikte antibiotica. Resistentie tegen vroegere generaties β-lactams (91% in 2022) is gerelateerd aan differentiële expressie van twee natuurlijk gecodeerde genen *blaA* (Class A β-lactamase, constitutief tot expressie gebracht), en *blaB* AmpC-type β-lactamase, induceerbaar), hetgeen het niveau en spectrum

van β-lactam resistentie bepaalt⁴. In 2022 werden 5 isolaten met verlaagde gevoeligheid voor ciprofloxacine (MIC≥0.25 µg/ml) geobserveerd, allen behorend tot het type *Y. enterocolitica* biotype 4/O:3. Eén staal met biotype 2/O9 was resistent tegen indicator cephalosporines, en draagt allicht een ESBL gen.

⁴ Bent ZW, Young GM. Contribution of BlaA and BlaB beta-lactamases to antibiotic susceptibility of *Yersinia enterocolitica* biovar 1B. *Antimicrob Agents Chemother.* 2010; 54:4000-2.

CONTACT

Wesley Mattheus • Wesley.Mattheus@sciensano.be • T +32 (0)2 373 32 24

VRAGEN, OPMERKINGEN OF
MEER INFORMATIE :

WWW.SCIENSANO.BE



Sciensano • Juliette Wytsmanstraat 14 • 1050 Brussel • België • T + 32 2 642 51 11 • T pers + 32 2 642 54 20 • info@sciensano.be
• www.sciensano.be

Verantwoordelijke uitgever(s): Myriam Sneyers, Algemeen directeur • Juliette Wytsmanstraat 14 • 1050 Brussel • België •