

CENTRE NATIONAL DE RÉFÉRENCE SALMONELLA

Rapport annuel 2024

—

Sciensano
Maladies infectieuses humaines - Maladies bactériennes
CNR Salmonella & Shigella

Juillet 2025 • Bruxelles • Belgique

MATTHEUS, WESLEY

•

CEYSSENS, PIETER-JAN

•

VAN DEN BOSSCHE, AN

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

Avec le support financier de:



Flanders
State of the art



Veuillez citer comme suit: Centre National de Référence pour Salmonella, Rapport annuel 2020. Sciensano, Bruxelles, Belgique.

Remerciements

Nous voudrions exprimer notre gratitude aux inspecteurs de la santé qui réalisent les enquêtes auprès des patients, ainsi qu'aux laboratoires cliniques, qui participent à la surveillance de ces agents pathogènes en envoyant leurs souches. Nous remercions également l'Agence Fédérale pour la Sécurité de la Chaîne Alimentaire (AFSCA).

POINTS PRINCIPAUX.

- En 2024, le Centre national de référence a reçu un total de 2713 isolats de *Salmonella* provenant de 2514 patients uniques, soit une augmentation de 19,7 % par rapport à 2023, atteignant à nouveau le niveau prépandémique.
- La majorité des souches de *Salmonella* (89,5 %) ont été isolées à partir de matières fécales. En 2024, 167 (6,6%) des souches ont été isolées à partir du sang, ce qui est similaire à 2023 (6,4%) mais représente une augmentation par rapport aux années précédentes (4,1% en 2022).
- Bien qu'aucun changement significatif dans la distribution des sérotypes parmi les souches humaines de *Salmonella* n'ait été observé pendant la pandémie, c'est le cas depuis 2022. Depuis 2022, le sérotype dominant dans notre pays est *S. enterica* serovar Enteritidis (872/2514, 34,7%), appartenant au sérotype O:9 (D1), qui représente au total 38,7% des souches. L'augmentation observée de ce sérotype en 2021 et 2022 est donc confirmée en 2024. Cette augmentation s'accompagne d'une diminution frappante de la prévalence du sérovar Typhimurium depuis la pandémie, passant de 21,3% en 2019 à 14,2% en 2024.
- Dans le groupe des sérotypes moins courants, la plupart des sérotypes présentent une prévalence stable. Pendant la pandémie, nous avons observé une forte diminution de la prévalence des souches typhoïdes et des sérotypes Chester (O:4) et Kentucky (O:8), probablement en raison de la nature liée aux voyages de ces infections. En 2024, ces types sont à nouveau au niveau prépandémique avec 1,7 % et 1,4 % pour Chester et Kentucky, respectivement.
- Les souches typhoïdiques représentent au total 1,7 % (43/2514) de l'ensemble des souches, contre 1,1 % en 2022. Elles se répartissent entre Typhi (1,2%), Paratyphi A (0,3%) et Paratyphi B (0,3%). Cette prévalence reste stable.
- Le CNR a reçu un total de 167 isolats uniques isolés à partir d'hémocultures en 2024, une proportion plus élevée par rapport aux années précédentes. Comme prévu, la majorité des isolats de typhoïde sont invasifs (>70%). Parmi les salmonelloses invasives non typhoïdiques (iNTS, n>2), les sérovars les plus invasifs (n>2) sont Dublin (62%), Okatie (60%) et Chester (23%). Une observation frappante au sein de ce groupe iNTS est également le nombre absolu élevé d'infections invasives par ser. Enteritidis (39/872).
- Depuis 2023, 50 % des souches Enteritidis et Typhimurium reçues ont fait l'objet d'un criblage prospectif par séquençage du génome entier (WGS), ainsi que tous les isolats invasifs et liés à des épidémies. Cette opération est actuellement financée par un projet ad hoc. Cela nous a permis de suivre de près 3 foyers nationaux et 5 foyers internationaux de *Salmonella*, décrits en détail à la section 3.3.
- Au moins un antibiotique a été prescrit dans 19,5 % des cas de salmonellose confirmés en 2024, principalement de l'azithromycine empirique. La résistance à cette dernière est <5%.
- Après une baisse de quatre ans (2018-2021), la résistance à la ciprofloxacine a de nouveau fortement augmenté après 2022. La proportion de *Salmonella* spp peu résistantes ($0,06 < \text{CMI} < 2 \mu\text{g/ml}$) est passée de 11,7 % en 2021 et 26,0 % en 2023 à 28,6 % en 2024. En outre, le groupe d'isolats hautement résistants est passé de 1,5 % en 2021 et 3,8 % en 2022 à 6,8 % du total des *Salmonella* spp. testées en 2024.
- Le CNR a publié deux articles évalués par des pairs sur la surveillance nationale et internationale des infections à *Salmonella*. Ces publications sont disponibles gratuitement, via le lien figurant à la section 4.2.

TABLE DES MATIERES

CONTENU

● 1. INTRODUCTION	5
1.1. Objectif	5
1.2. Qualité	5
● 2. METHODOLOGIE	6
2.1 Définitions	6
2.2 Collections des souches et métadonnées	6
2.3 Taxonomie et flux de travail du CNR	6
2.4 (Géno-) sérotypage	6
2.5 Résistance aux antibiotiques	7
2.6 Typage MLVA	8
2.7 Séquençage du génome entier	8
● 3. RESULTATS DES ANALYSES DE ROUTINE	9
3.1 Collection de souches: nombre et origine	9
3.2. Distribution des sérovars	10
3.3. Répartition géographique et épidémie	14
3.4. Salmonella spp. invasives	16
3.5. Infections liées au voyage	16
3.6. Résistance aux antibiotiques	18
3.7. Typage MLVA	20
● 4. RESEARCH & DEVELOPMENT (ENG)	22
4.1 Ongoing research projects at the NRC Salmonella	22
4.2 Peer-reviewed publications (2022)	23

1. INTRODUCTION

1.1. OBJECTIF

La mission principale du Centre national de référence (CNR) pour les salmonelles est d'assurer la surveillance épidémiologique des infections humaines à *Salmonella*. Cette surveillance vise à détecter le plus rapidement possible les épidémies ainsi que leur origine et à évaluer les tendances spatiales et temporelles à long terme de l'évolution de ce germe.

En outre, les souches de *Salmonella*, principalement isolées des denrées alimentaires, sont également sérotypées. Cela permet d'identifier un lien éventuel entre la source de contamination et l'épidémie humaine. La surveillance épidémiologique des deux sérotypes les plus importants (*Enteritidis* et *Typhimurium*) était traditionnellement effectuée en réalisant un sous-typage, à savoir le Multi Locus Variable Number of Tandem Repeats Analyses (MLVA), mais depuis 2023, 50 % des souches *Enteritidis* et *Typhimurium* reçues sont également examinées par séquençage du génome entier (WGS), de même que tous les isolats invasifs. Le CNR surveille également la sensibilité aux antibiotiques des germes isolés.

Lorsqu'une épidémie est suspectée, le CNR alerte le programme « Maladies infectieuses dans la population générale » qui prend alors les mesures nécessaires pour investiguer les patients et informe l'AFSCA pour un examen des denrées alimentaires potentiellement contaminées. Cette surveillance permet de suivre les épidémies, de formuler des mesures préventives et d'évaluer les mesures prises en faveur de la santé publique et de la protection des consommateurs.

Toutes les données de sous-typage sont transférées mensuellement au système de surveillance national EpiStat et sont transmises annuellement au Réseau européen des maladies d'origine alimentaire et hydrique et des zoonoses (une organisation de lutte contre les infections entériques du Centre européen de prévention et de contrôle des maladies, ECDC). Ces données épidémiologiques sont accessibles aux inspecteurs sanitaires des Communautés, au réseau de laboratoires et aux centres de référence sur le site <https://epistat.sciensano.be/pro/analytics.aspx>. Les autres tendances générales sont accessibles au public à l'adresse suivante: <https://epistat.sciensano.be/dashboard/>

1.2. QUALITÉ

Depuis plus de 40 ans, le CNR s'efforce d'atteindre un niveau de qualité élevé, tant en termes d'analyses et d'études épidémiologiques qu'en termes de communication avec les correspondants et les clients.

En 2003, le Centre a introduit un système de qualité officiel,

NBN et ISO/IEC 17025, pour officialiser la norme de qualité. Depuis le 22 juin 2004, le centre est accrédité. Les techniques de typage moléculaire et de sous-typage sont accréditées depuis juin 2013 selon la norme ISO15189.

Ce système garantit la précision et la validité des protocoles appliqués, la traçabilité des résultats de recherche, la justesse des résultats et l'indépendance technique du laboratoire. Ce système qualité crée également un lien de confiance entre le Centre, ses correspondants et ses clients grâce à la qualité des analyses effectuées.

En plus de l'introduction de ce système qualité officiel, le CNR encourage également activement l'introduction de techniques de biologie moléculaire, telles que le séquençage de nouvelle génération (NGS) et le typage multiplex. Ceux-ci permettent au Centre d'assurer et de mettre en œuvre son expertise dans les domaines de la santé publique et de la protection des consommateurs aux niveaux national et international.

2. METHODOLOGIE

2.1 DÉFINITIONS

La salmonellose est définie comme une infection humaine pour laquelle *Salmonella* est isolé. Cela peut être à la fois pour une personne en bonne santé ou une personne malade.

2.2 COLLECTIONS DES SOUCHES ET MÉTADONNÉES

Tout isolement de souches humaines de *Salmonella* provenant de laboratoires cliniques est envoyé au CNR sur une base volontaire, avec le formulaire d'informations sur les souches et l'épidémiologie.

Les métadonnées demandées contiennent l'âge, le sexe et le code postal du patient, ainsi que le syndrome associé et les informations en rapport avec des voyages récents et hospitalisations des patients. S'il existe déjà des caractéristiques d'antigène établies, celles-ci sont également demandées. En cas d'épidémie ou d'intoxication alimentaire collective, seules quelques souches de patients différents doivent être envoyées avec l'indication du nombre total de cas établis.

Dès réception, chaque échantillon reçoit un numéro unique sous la forme S24BD0000x, et les métadonnées enregistrées sont insérées numériquement dans le système STARLIMS (figure 1 pour le flux de travail du CNR). Après l'analyse, l'échantillon est stocké dans du glycérol à 20 % à -80°C.

Le CNR signale également des infections à *Salmonella* spp. aux inspecteurs de la santé dans toutes les régions de Belgique.

2.3 TAXONOMIE ET FLUX DE TRAVAIL DU CNR

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

- *S. enterica* (2557 sérotypes), subdivisé en 6 sous-espèces:
 - *S. enterica* sous-espèce *enterica* (1531 serovars) ou sous-espèce I
 - *S. enterica* sous-espèce *salamae* (505 serovars) ou sous-espèce II
 - *S. enterica* sous-espèce *arizonae* (99 serovars) ou sous-espèce IIIa
 - *S. enterica* sous-espèce *diarizonae* (336 serovars) ou sous-espèce IIIb
 - *S. enterica* sous-espèce *houtenae* (73 serovars) ou sous-espèce IV
 - *S. enterica* sous-espèce *indica* (13 serovars) ou sous-espèce VI
- *S. bongori* (22 serovars)

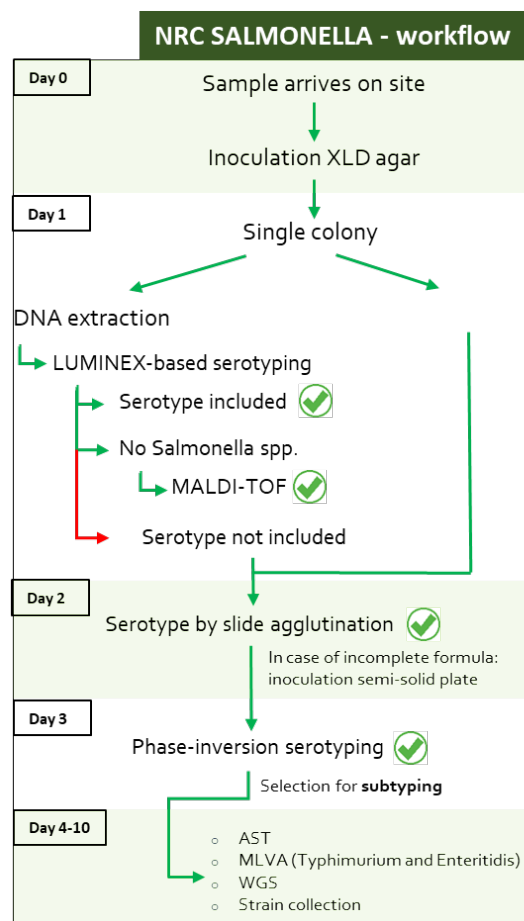


Figure 1. Flux de travail au CNR Salmonella, 2024. AST, antibioticum Susceptibility Testing. WGS, Whole-Genome Sequencing.

2.4 (GÉNO-) SÉROTYPAGE

Le sérotype d'une *Salmonella* est déterminé par une combinaison d'antigènes O somatiques, d'antigènes H flagellaires et d'antigènes de surface (Vi) selon le schéma de Kauffmann et White. Si nécessaire, des tests biochimiques supplémentaires sont effectués pour confirmer l'identification ou pour distinguer les différentes sous-espèces.

Depuis fin 2018, le CNR est passé au **géno-sérotypage développé en interne et accrédité ISO15189**, basé sur des billes Luminex xTAG (Figure 2). Cette méthode permet d'identifier les sérotypes les plus courants de *Salmonella* à l'aide de marqueurs génétiques spécifiques du sérotype, à partir d'un thermolysat issu d'une culture pure. Le test est divisé en quatre réactions multiplex pour maximiser la

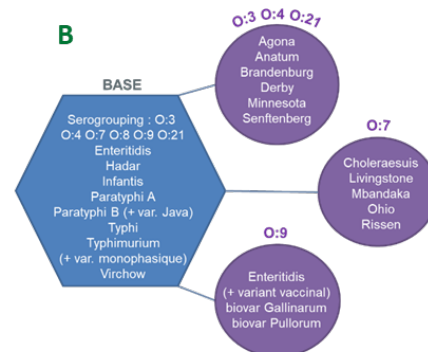
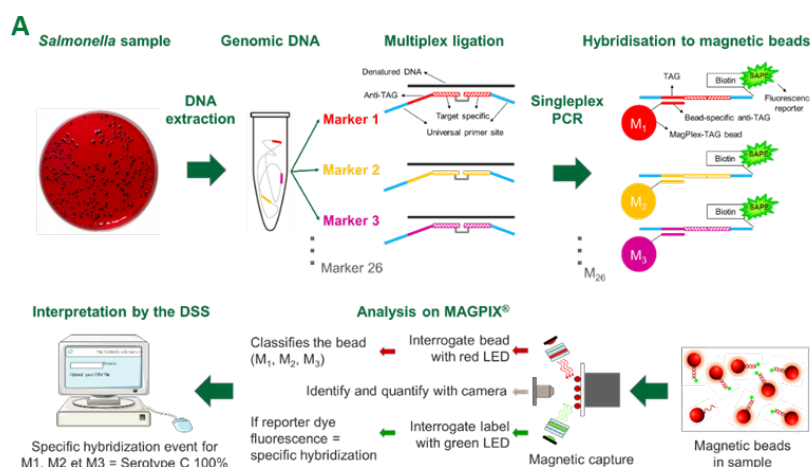


Figure 2. Géo-serotypage des *Salmonelles* par la méthode Luminex.

entabilité (Figure 2). Le module BASE peut identifier tous les sérotypes qui doivent être légalement suivis (cf. règlement UE n° 2160/2003 et conseil Belge 03-2012), et peut simultanément orienter tout échantillon inconnu de *Salmonella* vers un groupe d'antigènes O. Le contexte technique de cette méthode est décrit en détail dans Gand *et al.* (2020), Food Microbiol. 87:10339.

2.5 RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES

Le CNR teste la sensibilité aux antibiotiques des souches humaines de *Salmonella* pour les 20 sérovars les plus fréquents, conformément à l'échantillon présenté dans la table 1. Dans le présent rapport, la multirésistance aux médicaments est définie comme résistant à plus de trois classes d'antibiotiques.

Tableau 1. Schéma de la testes de sensibilité par sérovar.

Sérovar	Semaines				
	1-24	25-29	30-41	42-47	48-53
ENTERITIDIS	5	5	10	5	5
TYPHIMURIUM	5	5	10	5	5
AGONA	Tous les échantillons reçus				
ANATUM					
BRANDENBURG					
CHESTER					
CORVALIS					
DERBY					
DUBLIN					
HADAR					
HEIDELBERG					
INFANTIS					
KENTUCKY					
LIVINGSTONE					
PANAMA					
PARATYPHI					
SAINTPAUL					
STANLEY					
TYPHI					
VIRCHOW					

Depuis 2017, l'antibiogramme est préparé par microdilution en bouillon (Sensititre™, Thermo Fisher), déterminant la valeur de la concentration minimale inhibitrice (CMI) pour chaque antibiotique et interprété selon les recommandations de l'EUCAST. En l'absence de paramètres EUCAST, une interprétation est donnée via les valeurs ECOFF (tableau 2).

Tableau 2. Antibiotiques testés par microdilution en bouillon

Antibiotique	CODE	Conc. Testée (mg/L)	Point limite de sensibilité (mg/L)
AMPICILLINE	AMP	1-64	8.0
AZITHROMYCINE	AZI	2-64	ND*
CEFOTAXIME	FOT	0.25-4	2.0
CEFTAZIDIME	TAZ	0.5-8	1.0
CHLORAMPHENICOL	CHL	8-64	ND*
CIPROFLOXACINE	CIP	0.015-8	0.06
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	ND*
TIGECYCLINE	TGC	0.25-8	ND*
TRIMETHOPRIM	TMP	0.5-16	4.0

* Pour l'interprétation, ce rapport utilise les valeurs ECOFF pour AZM (wt ≤ 16 µg/ml), CHL (wt ≤ 8 µg/ml), TCY (wt ≤ 4µg/ml), SMX (wt ≤ 256 µg/ml) et TGV (S ≤ 1µg/ml).

Les observations suivantes peuvent être faites lors de la sélection des antibiotiques et des points d'arrêt :

1. Les données brutes sont interprétées conformément aux tableaux de points de rupture cliniques de l'EUCAST v.14.0.

2. L'azithromycine est utilisée dans le traitement des infections intestinales, principalement chez *Salmonella* Typhi. Bien que la distribution des types sauvages puisse varier légèrement, les isolats dont la CMI est supérieure à 16 µg/mL sont susceptibles de présenter des mécanismes de résistance à l'azithromycine.

3. Il existe des preuves cliniques suggérant une faible réponse au traitement des infections systémiques par la ciprofloxacine lorsqu'elles sont causées par des *Salmonella* spp présentant des mécanismes de résistance aux fluoroquinolones (CMI > 0,06 mg/L). Les données disponibles concernent principalement *Salmonella* Typhi, mais il existe également des rapports de cas de mauvaise réponse avec d'autres sérovars de *Salmonella*.

4. Conformément à l'EUCAST, les résultats concernant les souches non résistantes aux aminoglycosides et à la colistine doivent être mis entre parenthèses. Les commentaires suivants doivent être ajoutés au rapport : « cet antibiotique ne doit pas être utilisé en monothérapie pour les infections systémiques sans mesures thérapeutiques supplémentaires ».

5. Dans le cas de la méningite, EUCAST recommande des seuils cliniques de 0,125 µg/mL, 1 µg/mL et 2 µg/mL pour la ciprofloxacine, le céfotaxime et le méropénem, respectivement.

2.6 TYPAGE MLVA

Le typage des souches de *Salmonella enterica* sérovar Enteritidis avec la technique MLVA est effectué par le CNR conformément à l'article de Hopkins, tandis que le sérovar Typhimurium de *Salmonella enterica* est typé selon la méthode de Lindstedt. En 2020, cette technique a été appliquée à toutes les souches d'Enteritidis et Typhimurium.

2.7 SÉQUENÇAGE DU GÉNOME ENTIER

Depuis 2023, 50% des souches Enteritidis et Typhimurium reçues sont également examinées par séquençage du génome entier (WGS), ainsi que tous les isolats invasifs. Dans ce cas, l'ADN génomique est extrait à l'aide du MgC Bacterial DNA KitTM avec un volume d'élution de 60 µl (Atrida, NL), conformément aux instructions du fabricant. Les bibliothèques de séquençage sont préparées à l'aide du kit de préparation d'échantillons d'ADN Illumina Nextera XT, puis séquencées à l'aide d'un instrument Illumina MiSeq avec un protocole paired-end de 250 pb (chimie MiSeq v3), conformément aux instructions du fabricant. Les prédictions in silico ont été réalisées avec AbitAMR 1.0.14, Resfinder 4.4.2, SeqSero2 1.2.1 et SISTR 1.1.1.

3. RESULTATS DES ANALYSES DE ROUTINE

3.1 COLLECTION DE SOUCHES: NOMBRE ET ORIGINE

3.1.1 NOMBRES DE SOUCHES

Au cours de l'année écoulée, le CNR a procédé au typage d'isolats humains de *Salmonella* pour le compte de 136 laboratoires. En 2024, le CNR a reçu 2713 souches humaines de *Salmonella* pour typage, ce qui représente 2514 cas uniques de salmonellose, soit une augmentation de 19,7% par rapport à 2023, atteignant à nouveau le niveau prépandémique (Figure 3, ci-dessus). Par rapport aux cinq années précédentes, le CNR a reçu davantage d'échantillons de *Salmonella*, principalement au cours de l'été 2024 (figure 3, panneau 3).



Figure 3. En haut : Nombre total de *Salmonella* spp. uniques examinées au CNRC, indiqué pour la période 2006-2024. En dessous : Résumé des nombres d'échantillons hebdomadaires et mensuels/quotidiens au CNR au cours de la période 2010-2024 et

2024, respectivement, avec le pic notable en 2018 lié à la grande épidémie de *S. enterica* serovar Typhimurium en mai 2018.

Le Résumé hospitalier minimum est un système d'enregistrement anonymisé de données administratives, médicales et infirmières relatives à toutes les hospitalisations et auquel tous les hôpitaux non psychiatriques de Belgique sont tenus de contribuer. Les maladies sont codées selon la Classification internationale des maladies, 10e version (ICD-10). Les données (Figure 4) présentées montrent le nombre annuel de personnes hospitalisées pour lesquelles le diagnostic primaire¹ était une Salmonellose non typhoïde (code ICD-10 A02).

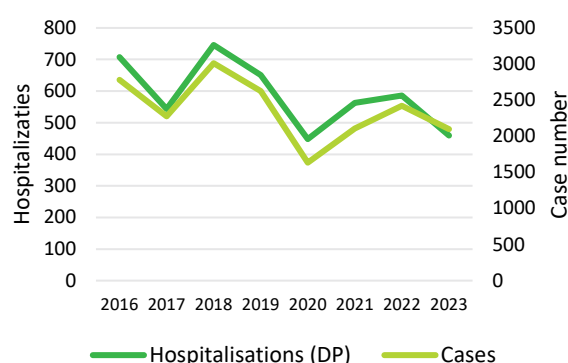


Figure 4. Nombre de cas de *Salmonella* rapportés par le NRC et nombre d'hospitalisations pour une salmonellose non typhoïde (diagnosti primaire), 2016-2023.

L'année dernière, 12 (0,5%) des souches soumises n'étaient pas des *Salmonella* spp. Ceci a été décidé sur base des réactions biochimiques (Kligler-Hajna, uréase), de l'absence d'agglutination lors du sérotypage avec le sérum omnivalent et/ou du résultat du géosérotypage Luminex. Après vérification par MALDI-TOF, la majorité a été identifiée comme d'autres entérobactéries (*E. coli* ou *Citrobacter* spp.).

3.1.2 DISTRIBUTION EN FONCTION DE L'ÂGE ET DU SEXE

Comme les autres années, l'incidence la plus élevée de salmonellose, confirmée après sérotypage, a été observée chez les enfants de moins de 5 ans (20,6 % des cas), suivis par le groupe d'âge entre 5 et 10 ans (13 %) (figure 5). L'importance relative de ces groupes a légèrement diminué par rapport aux années précédentes. Il n'y avait pas de différence de prévalence entre la population masculine et féminine (M/F 0,97).

¹ Le diagnostic primaire est l'affection principalement responsable de l'admission du patient pour une prise en charge à l'hôpital.

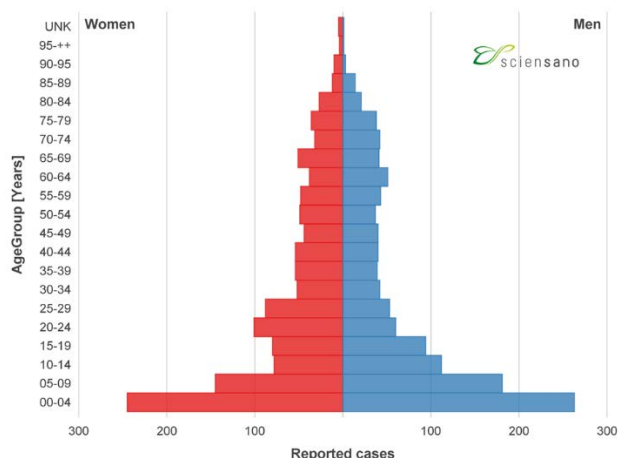


Figure 5. Pyramide des âges générée pour les souches confirmées de Salmonella en 2024.

3.1.3 SPÉCIMENS

La majorité des souches de Salmonella (89,5%) ont été isolées dans les fèces. En 2024, 6,6% des souches ont été isolées à partir du sang, ce qui représente une augmentation par rapport aux années précédentes (4,1% en 2022). L'origine de toutes les souches est présentée dans le tableau 3.

Tableau 3. Origine des isolats.

Specimen	N	%
FAECES	2250	89,5
SANG	155	6,2
URINE	59	2,3
AUTRE	12	0,5
PUS	12	0,5
FAECES+SANG	12	0,5
FAECES+URINE	4	0,2
LCR	1	0,0
ABCES	1	0,0
ASPIRATION BRONCHIQUE	12	0,5
OREILLE	1	0,0
LIQUIDE ACITES	1	0,0
LIQUIDE GENOU	1	0,0
LIQUIDE PERITONEALE	1	0,0
INCONNU	4	0,2

3.2. DISTRIBUTION DES SÉROVARS

La table 4 présente les fréquences absolues et relatives de tous les **218 sérovars** identifiés en 2024.

Table 4. Sérovars identifiés en 2024.

O:2 (A)		
SEROVAR	N	%
PARATYPHI A	7	0,28

O:4 (B)		
SEROVAR	N	%
MONOPHASIC TM 4,12:-	395	15,71
TYPHIMURIUM	358	14,24
CHESTER	43	1,71
PARATYPHI B VAR. L(+) TARTRATE+	26	1,03
AGONA	22	0,88
DERBY	23	0,91
BALL	15	0,60
STANLEY	10	0,40
HEIDELBERG	10	0,40
SAINTPAUL	9	0,36
COELN	8	0,32
SANDIEGO	8	0,32
BREDENEY	6	0,24
BRANDENBURG	6	0,24
PARATYPHI B	7	0,28
SCHWARZENGRUND	6	0,24
STANLEYVILLE	6	0,24
KINGSTON	6	0,24
ABONY	4	0,16
AGAMA	3	0,12
READING	2	0,08
EPPENDORF	1	0,04
LAGOS	1	0,04
HAIFA	1	0,04
AYTON	1	0,04
HESSAREK	1	0,04
INDIANA	1	0,04
SUBSPI [I 4:eh:-]	10	0,40
SUBSPI [I 4:-:1,7]	6	0,24
SUBSPI [I 4:-:-]	6	0,24
SUBSPI [I 4,5:-:1,2]	5	0,20
SUBSPI [I 4,5:b:-]	3	0,12
SUBSPI [I 4:-:enx]	2	0,08
SUBSPI [I 4,5:d:-]	1	0,04
SUBSPI [I 4:-:e,n,z15]	1	0,04
SUBSPI [I 4,5:y:-]	7	0,28
SUBSPI [I 4.5: -: enx]	1	0,04
SUBSPI [I 4,5:r:-]	1	0,04
SUBSPII [II 4: -:-]	1	0,04
O:7 (C1)		
SEROVAR	N	%
INFANTIS	56	2,23
MIKAWASIMA	14	0,56
RISSEN	14	0,56
VIRCHOW	13	0,52
MBANDAKA	10	0,40
ORANIENBURG	6	0,24
LIVINGSTONE	7	0,28
BRAENDERUP	7	0,28
THOMPSON	4	0,16
MONTEVIDEO	3	0,12
OHIO	3	0,12
STRATHCONA	3	0,12
COLINDALE	2	0,08
BAREILLY	3	0,12

LAROCHELLE	2	0,08
TENNESSEE	2	0,08
OSLO	2	0,08
KENYA	2	0,08
POTSDAM	1	0,04
SINGAPORE	1	0,04
RICHMOND	1	0,04
PARATYPHI C	1	0,04
BONN	1	0,04
SUBSPI [I 7: y: -]	10	0,40
SUBSPI [I 7:-:-]	2	0,08
SUBSPI [I 7:e,h:-]	1	0,04
SUBSPI [I 6,7:y:-]	1	0,04
SUBSPI [I 7:k:-]	1	0,04
SUBSPI [I 7:r:-]	1	0,04
SUBSPI [I 7:-:1,5]	1	0,04
SUBSPI [I 7: -: 1,7]	2	0,08
SUBSPI [I 7:-:1,2]	1	0,04
SUBSPI [I 7: -:e,n,z15]	1	0,04
SUBSPI [I 7:b:-]	1	0,04
SUBSPI [I 7:d:-]	1	0,04
SubspIV [IV 6,7:z36:-]	1	0,04
O:8 (C2-C3)		
SEROVAR	N	%
KENTUCKY	34	1,35
NEWPORT	32	1,27
KOTTBUS	15	0,60
BOVISMORBIFICANS	13	0,52
MUENCHEN	10	0,40
CORVALLIS	8	0,32
GOLDCOAST	4	0,16
HADAR	6	0,24
EBOKO	3	0,12
MANHATTAN	3	0,12
ALBANY	3	0,12
BARDO	2	0,08
TAKORADI	2	0,08
HERSTON	2	0,08
BLOCKLEY	2	0,08
DABOU	1	0,04
CHAILEY	1	0,04
BONARIENSIS	1	0,04
LITCHFIELD	1	0,04
GLOSTRUP	1	0,04
EMEK	1	0,04
UTAH	1	0,04
APEYEME	1	0,04
NAGOYA	1	0,04
SUBSPI [I 6,8:k:-]	5	0,20
SUBSPI [I 6,8:-:-]	2	0,08
SUBSPI [I 8,20:y:-]	1	0,04
SUBSPI [I 6.8:eh:-]	1	0,04
SUBSPI [I 8:z4,z23:-]	1	0,04
O:9 (D1)		
SEROVAR	N	%
ENTERITIDIS	872	34,69

Typhi	29	1,15
NAPOLI	22	0,88
DUBLIN	21	0,84
EASTBOURNE	6	0,24
GUEULETAPEE	2	0,08
WANGATA	1	0,04
SENDAI	1	0,04
JAVIANA	1	0,04
DURBAN	1	0,04
MIYAZAKI	1	0,04
KAPEMBA	1	0,04
ZAIMAN	1	0,04
LOME	1	0,04
MIAMI	1	0,04
SUBSPI [I 9:-:1,5]	5	0,20
SUBSPI [I 9:l,v:-]	3	0,12
SUBSPI [I 9:-:-]	2	0,08
SUBSPI [I 9:-:e,n,x]	1	0,04
SUBSPI [I 9:-:1,7]	1	0,04
SUBSPIII [II 9:l,v:-]	1	0,04
O:9,46 (D2)		
SEROVAR	N	%
HILLINGDON	11	0,44
WAEDENSWIL	1	0,04
PLYMOUTH	1	0,04
O:3,10 (E1)		
SEROVAR	N	%
WELTEVREDEN	11	0,44
MUENSTER	5	0,20
LONDON	4	0,16
ANATUM	4	0,16
GIVE	3	0,12
GBADAGO	1	0,04
SUBSPI [I 3,10:-:1,7]	2	0,08
SUBSPI [I 3.10: -: 1,6]	2	0,08
SUBSPI [I 3,10:-:-]	1	0,04
O:1,3,19 (E4)		
SEROVAR	N	%
SENFTEMBERG	3	0,12
CARNO	2	0,08
KORLEBU	2	0,08
TILBURG	2	0,08
LIVERPOOL	2	0,08
RIDEAU	1	0,04
SUBSPI [I 3,19:d:-]	2	0,08
SUBSPI [I 3,19:-:-]	1	0,04
SUBSPI [I 3,19:-:1,6]	1	0,04
SUBSPI [I 3.19: - 1.5]	1	0,04
O:11 (F)		
SEROVAR	N	%
PRETORIA	1	0,04
RUBISLAW	1	0,04

	ABUJA	1	0,04
	MARSEILLE	1	0,04
O:13 (G)			
SEROVAR		N	%
	OKATIE	5	0,20
	AJOBO	3	0,12
	POONA	4	0,16
	AGBENI	3	0,12
	TELELKEBIR	1	0,04
	DURHAM	3	0,12
	HAVANA	3	0,12
	TANZANIA	2	0,08
	IBADAN	2	0,08
	BRON	1	0,04
	MISHMARHAEMEK	1	0,04
	CUBANA	1	0,04
	PUTTEN	1	0,04
	IDIKAN	1	0,04
	SUBSPI [I 13.23: y: -]	1	0,04
	SUBSPI [I 13.23:z: -]	1	0,04
O:17 (J)			
SEROVAR		N	%
	CARMEL	2	0,08
O:16 (I)			
SEROVAR		N	%
	GAMINARA	2	0,08
	MALSTATT	2	0,08
	LINGWALA	2	0,08
	SZENTES	1	0,04
	AMINA	1	0,04
	GLASGOW	1	0,04
	HVITTINGFOSS	1	0,04
	SUBSPI [I 16:k: -]	1	0,04
	SubspIV [IV 16:z4,z32]	1	0,04
O:18 (K)			
SEROVAR		N	%
	CERRO	2	0,08
O:21 (L)			
SEROVAR		N	%
	MINNESOTA	1	0,04
	SUBSPII [II 21:g,t]	1	0,04
O:28 (M)			
SEROVAR		N	%
	HERMANNSWERDER	2	0,08
	CHICAGO	1	0,04
	POMONA	1	0,04
	OSKARSHAMN	1	0,04

	DIEUPPEUL	1	0,04
	UMBILO	1	0,04
	AMOUTIVE	1	0,04
	KIBUSI	1	0,04
O:30 (N)			
SEROVAR		N	%
	AGO	1	0,04
O:35 (O)			
SEROVAR		N	%
	ADELAIDE	2	0,08
	MONSCHAUI	1	0,04
	ANECHO	1	0,04
O:39 (Q)			
SEROVAR		N	%
	ABIDJAN	2	0,08
O:40 (R)			
SEROVAR		N	%
	TILENE	1	0,04
	OMIFISAN	1	0,04
O:41 (S)			
SEROVAR		N	%
	SUBSPII [II 41:z10:z6]	1	0,04
O:42 (T)			
SEROVAR		N	%
	KANESHIE	2	0,08
	SUBSPI [I 1.42:z4,z23]	1	0,04
	SUBSPI [I 42:k:z35]	1	0,04
O:43 (U)			
SEROVAR		N	%
	MBAO	1	0,04
	SUBSPII [II 43:-:1,5]	1	0,04
O:44 (V)			
SEROVAR		N	%
	CARSWELL	1	0,04
	FISCHERSTRASSE	1	0,04
O:45 (W)			
SEROVAR		N	%
	DUGBE	1	0,04
O:47 (X)			
SEROVAR		N	%
	MESBIT	1	0,04
	SUBSPII [II 47:b:e,n,z15]	2	0,08
	SUBSPII [II 47:gt:enx]	1	0,04

O:48 (Y)		
SEROVAR	N	%
SubspIIIb [IIIb 48:z52:z]	1	0,04
SubspIIIb [IIIb 48:i:z]	1	0,04
SUBSPII [II 48:z10:-]	1	0,04
O:60		
SEROVAR	N	%
SubspIIIb [IIIb 60:z10:z]	1	0,04
O:61		
SEROVAR	N	%
SubspIIIb [IIIb 61:k:-]	3	0,12
SubspIIIb [IIIb 61:-:1,5]	1	0,04
SubspIIIb [IIIb 61:-1,5,7]	1	0,04
SubspIIIb [IIIb 61:k:z35]	1	0,04
NOT TYPABLE		
NOT TYPABLE	N	%
NOT TYPABLE	13	0,52

Les figures 6 et 7 présentent les fréquences relatives des principaux sérovars de Salmonella par rapport aux six années précédentes (2016-2024).

Bien qu'aucun changement significatif dans la distribution des sérotypes parmi les souches humaines de Salmonella n'ait été observé pendant la pandémie, c'est le cas depuis 2022. Depuis 2022, le sérotype dominant dans notre pays est *S. enterica* serovar Enteritidis (872/2514, 34,7%), appartenant au sérogroupe O:9 (D1), qui représente au total 38,7% des souches. L'augmentation observée de ce sérotype à partir de 2022 a donc été confirmée en 2024. Nous renvoyons à la section 3.3 pour une discussion sur cette prévalence élevée.

Cette augmentation s'est accompagnée d'une nette diminution de la prévalence du sérovar Typhimurium depuis la pandémie, passant de 21,3 % en 2019 à 10,4 % en 2022 et 14,2 % en 2024. La prévalence du variant monophasique continue également de diminuer pour atteindre 15,7 % (395/2514) en 2024 (Figure 6).

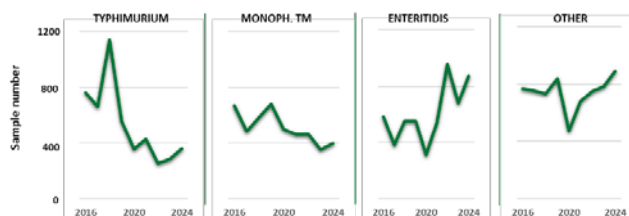


Figure 6. Évolution du nombre absolu d'échantillons des trois principaux sérovars de Salmonella pour la période 2016-2024.

Dans le groupe des sérotypes moins courants, la plupart des sérotypes affichent une prévalence stable, à l'exception du suivant (figure 7) :

- L'augmentation marquée du ser. Newport (2021-2022) n'a plus été observée en 2023 et 2024, revenant à son niveau basal (1,3 %) en 2024.
- La prévalence du ser. Derby a diminué de manière significative au cours des 5 dernières années, pour atteindre 0,9% en 2024.
- L'augmentation de la prévalence du ser. Braenderup en 2022-2023 n'a plus été observée en 2024, avec seulement 0,2% (7/2514) des échantillons transmis.

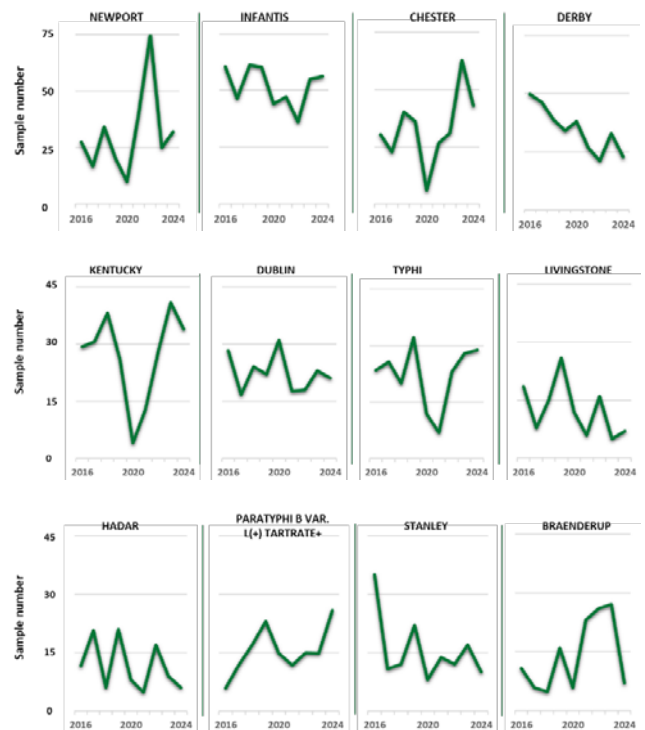


Figure 7. Fréquence absolue des sérovars de Salmonella dont la prévalence est supérieure à 0,5 %, pour la période 2016-2024.

Au cours de la pandémie, nous avons observé une forte diminution des prévalences des souches typhoïdiques et des sérotypes Chester (O:4) et Kentucky (O:8), vraisemblablement en raison du caractère lié aux voyages de ces infections. En 2024, ces types sont de nouveau au niveau pré-pandémique avec 1,7 % et 1,4 % pour Chester et Kentucky, respectivement.

Les souches typhoïdiques représentent au total 1,7 % (43/2514) de l'ensemble des souches, contre 1,1 % en 2022. Elles se répartissent entre Typhi (1,2%), Paratyphi A (0,3%) et Paratyphi B (0,3%). Cette prévalence reste stable. Enfin, 13/2514 (0,5%) des souches soumises ont été identifiées comme Salmonella mais classées comme non typables. Pour ces souches, aucun sérotype n'a pu être identifié par auto-agglutination avec les sérums.

3.3. RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE ET ÉPIDÉMIE

3.3.1 NIVEAU NATIONALE

La figure 8 donne un aperçu de la répartition géographique des salmonelloses humaines. Pour 137 souches (5,5%), l'origine était inconnue. En 2024, tous sérotypes confondus, le nombre moyen de cas confirmés était plus élevé en Flandre, avec 24,5 infections/100 000 habitants, contre 18,5/100 000 à Bruxelles et 15,9/100 000 en Wallonie. Au niveau municipal (avec >6 infections signalées), des prévalences remarquablement élevées en 2024 ont été observées à Olen (122/100 000), Gooik (97/100 000), Hoeselt (93/100 000) et Westerlo (80/100 000).

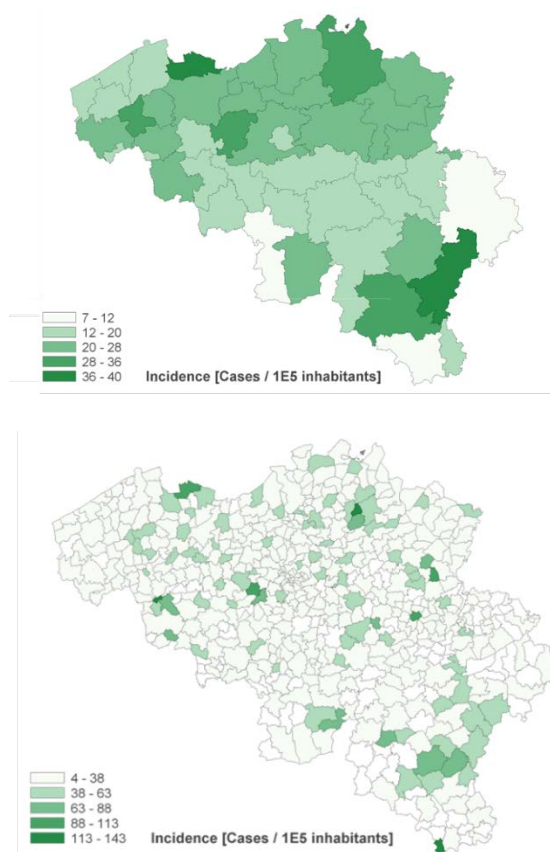


Figure 8. Incidence de l'ensemble des salmonelloses humaines par district (en haut) et par municipalité (en bas), sur la base du nombre de cas confirmés par le CNR. Pour 100 000 habitants, période 2024.

Depuis 2023, 50 % des souches Enteritidis et Typhimurium (monophasique) ont été analysées par NGS. Sur la base des analyses cgMLST selon le schéma Enterobase, une analyse de cluster a ensuite été réalisée. Les données ont été reliées par une matrice de distance, avec notification lorsqu'au moins 5 souches étaient regroupées avec jusqu'à 5 différences alléliques au cours d'une période de 2 mois. Les groupes sont nommés par l'année au cours de laquelle ils ont été notifiés pour la première fois, suivie d'une lettre A, B, C, ... Toutes les souches supplémentaires liées au groupe par la matrice de distance appartiennent à ce même groupe. S'il existe des sous-groupes dans le groupe, un chiffre romain leur est attribué. La figure 8 et la figure 9 donnent un

aperçu des groupes identifiés pour Enteritidis et Typhimurium, respectivement.

En utilisant les données du CNR, des augmentations notables des sérotypes et/ou des profils MLVA, ainsi que des grappes sur une courte échelle de temps ont été observées en 2024.

- En août, nous avons été informés d'un foyer de **S. enterica serovar Enteritidis** (SE_2022_A_I) lors d'une fête privée au sein d'une communauté étrangère, avec environ 50 personnes impliquées. Comme il s'agissait d'un type de MLVA fréquent (2-12-7-3-2), une analyse plus poussée par WGS a dû être réalisée. Cette analyse a révélé un lien évident entre les participants à la fête, mais aucun autre cas lié n'a été détecté dans le cadre de la surveillance de routine. Sur la base des enquêtes épidémiologiques, le tiramisu fait maison a été suspecté d'être à l'origine de l'infection. Cependant, aucun résidu ou donnée de traçage des ingrédients n'était disponible pour le confirmer.
- À la mi-octobre, un foyer de **S. enterica serovar Enteritidis** (SE_2020_A_I) est apparu à Diepenbeek après un dîner spaghetti organisé par un mouvement de jeunesse. Un questionnaire anonyme en ligne a été utilisé pour identifier les cas et une source possible de l'épidémie. Au total, 46 cas ont été identifiés, dont 6 ont été hospitalisés. Le questionnaire indiquait que le tiramisu maison était la source probable et le séquençage complet du génome a confirmé que les œufs utilisés dans sa préparation étaient à l'origine de l'épidémie. Le traçage a permis d'identifier les élevages de poules pondeuses et d'effectuer des contrôles supplémentaires. Ceux-ci ont tous été jugés conformes et aucun autre cas n'a été identifié par la suite.
- **S. enterica serovar Napoli** : Un nombre anormalement élevé de cas du sérovar Napoli (N=19) a été observé en octobre-novembre 2024. L'analyse WGS a permis de démontrer que 16 cas étaient génétiquement liés. Une enquête épidémiologique nationale et une alerte EpiPulse internationale ont été lancées (2024-FWD-00120). Malgré l'existence possible d'épisodes d'alimentation communs lors des recherches, aucune cause n'a pu être trouvée.

3.3.2 NIVEAU INTERNATIONAL

En 2024, un grand nombre d'alertes concernant d'éventuelles épidémies ont été publiées sur la plateforme internationale EpiPulse de l'ECDC. Pour 29 alertes, une enquête sur des cas potentiellement liés en Belgique a pu être menée. Pour 5 alertes, des cas liés (historiques ou non) ont été trouvés :

- 2024-FWD-00021 : Les Pays-Bas signalent une augmentation du nombre de cas de **S. enterica serovar Enteritidis** (N=100) depuis janvier 2024. Les antécédents de voyage ne sont pas signalés plus fréquemment cette année que les années précédentes, ce qui indique que l'augmentation est principalement due à des infections contractées aux Pays-Bas. Dans le même temps, une augmentation des élevages de poules pondeuses positifs à **S. enterica serovar Enteritidis** a été

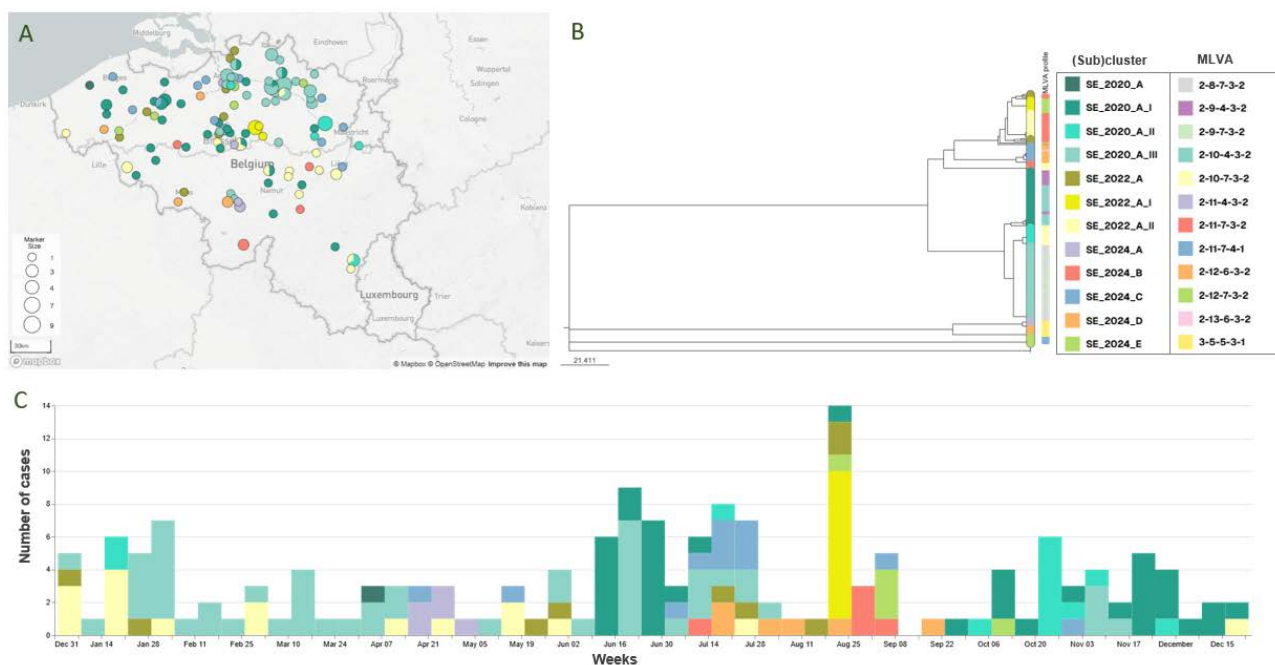


Figure 9. Clusters de Salmonella ser. Enteritidis a trouvé l'article 2024 sur la base de cgMLST (schéma Enterobase). Le cluster est connecté via une matrice de distance avec paramètre : min 5 souches, pendant une période de 2 mois et un maximum de 5 allèles de différence. Les sous-groupes sont des groupes de avec moins de AD. Pour tous les clusters dans la cartographie géographique (liens ci-dessus), le boom phylogénétique (droits ci-dessous) (ci-dessous) et la courbe épidémiologique (ci-dessous) sont générés.

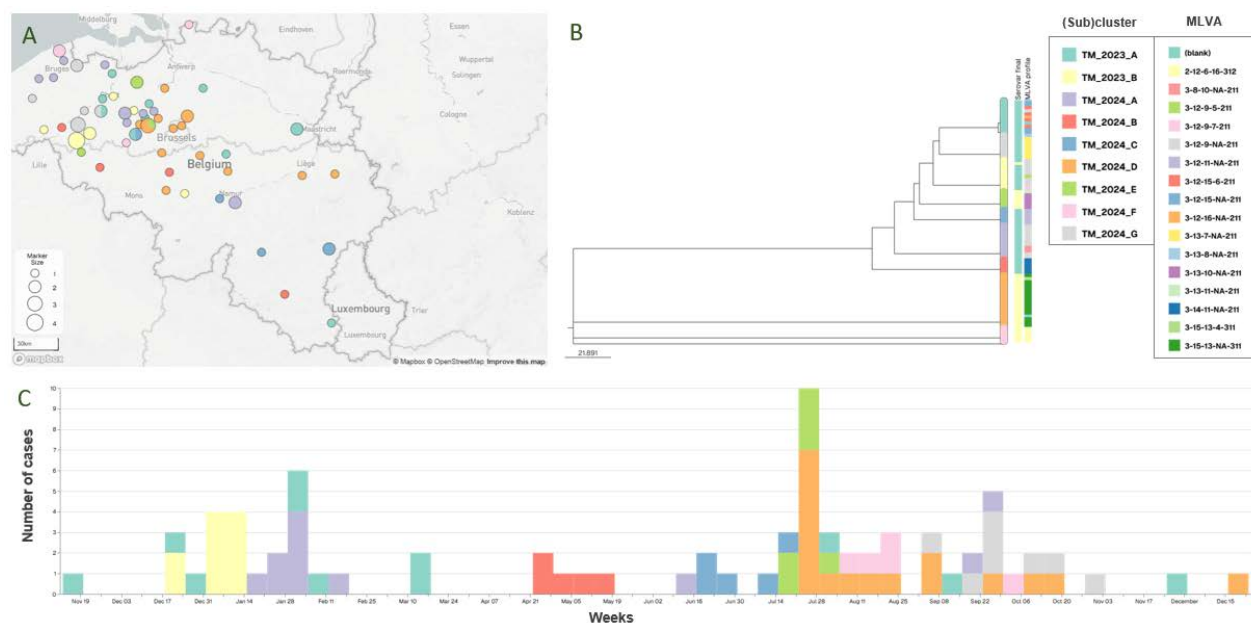


Figure 10. Clusters de Salmonella ser. Typhimurium (incl. monophasique) sur la base de cgMLST (schéma Enterobase). Le cluster est connecté via une matrice de distance avec paramètre : min 5 souches, pendant une période de 2 mois et un maximum de 5 allèles de différence. Les sous-groupes sont des groupes de avec moins de AD. Pour tous les clusters dans la cartographie géographique (liens ci-dessus), le boom phylogénétique (droits ci-dessous) (ci-dessous) et la courbe épidémiologique (ci-dessous) sont générés..

signalée aux Pays-Bas. Les cas appartiennent à de nombreux groupes différents qui sont relativement petits. Une tendance similaire a été observée en Belgique, mais seuls un cas en 2022, deux cas en 2023 et aucun cas en 2024 y ont été associés.

- 2024-FWD-00028** : Il s'agit d'un cluster en développement de 362 cas de *S. enterica* serovar Typhimurium ST19 depuis février 2023, affectant la Belgique (N=1), le Danemark (N=69), l'Allemagne (N=1), la France (N=1), l'Irlande (N=2), les Pays-Bas (N=24) et le Royaume-Uni (N=264). D'après les informations disponibles, il n'y a pas de différence entre les hommes et les femmes. Les populations touchées vont des nourrissons (<12 mois) aux personnes âgées (90 ans). La plupart des infections semblent être sporadiques et acquises au niveau national. Des études danoises indiquent que la viande de bœuf importée du Royaume-Uni est la source de l'infection. **2024-FWD-00036** : Il s'agit d'un groupe de Typhimurium monophasiques signalés par la France et vraisemblablement liés à la consommation de viande de porc crue. La plupart des cas (N=35) ont été observés en France, mais des cas ont également été observés aux Pays-Bas (N=2), en Allemagne (N=1) et en Belgique (N=1).
- 2024-FWD-00067** : Il s'agit d'un cluster multi-pays de *S. enterica* serovar Typhimurium ST36, avec un total de 36 cas signalés dans six pays (Pays-Bas, Allemagne, Danemark, Belgique, Suède et France) entre 2020 et septembre 2024, la plupart d'entre eux ayant été signalés depuis juillet 2024. Les populations touchées vont des nourrissons aux personnes âgées (92 ans) et la majorité sont des femmes. La source ou le porteur de l'infection n'a pas pu être identifié.
- 2024-FWD-00115** : La France a signalé un groupe de 71 cas de *S. enterica* serovar Enteritidis entre août et octobre 2024. En outre, quelques cas ont été signalés au Danemark (N=3) et aux Pays-Bas (N=1). En Belgique, nous avons observé quelques cas historiques datant de 2022 (N=4). L'origine de la souche est vraisemblablement liée au secteur de la ponte.

3.4. SALMONELLA SPP. INVASIVES

Le CNR a reçu un total de 167 isolats uniques isolés à partir d'hémocultures en 2024 (Tableau 5), une proportion plus élevée par rapport aux années précédentes. Comme prévu, la majorité des isolats de typhoïde sont invasifs (>70%). Parmi les salmonelloses invasives non typhoïdiques (iNTS, n>2), les sérovars les plus invasifs (n>2) sont Dublin (62%), Okatie (60%) et Chester (23%). Une observation frappante au sein de ce groupe iNTS est également le nombre absolu élevé d'infections invasives par ser. Enteritidis (39/872), alors que la proportion d'infections invasives à Typhimurium a diminué de 6 % à 3,1 %.

Tableau 5. Bactériémies liées à *Salmonella*, 2024. Le nombre absolu d'isolats par sérotype et la fraction du nombre de bactéries pour les différents sérotypes sont indiqués.

SEROTYPE	N _{sang}	N _{tot}	%
ENTERITIDIS	39	872	4,5
TYPHI	23	29	79,3
DUBLIN	13	21	61,9
TYPHIMURIUM	11	358	3,1
CHESTER	10	43	23,3
PARATYPHI A	6	7	85,7
PARATYPHI B	5	7	71,4
MONOPHASIC TM	3	395	0,8
OKATIE	3	5	60,0
AGONA	2	22	9,1
BRANDENBURG	2	6	33,3
HERMANNSWERDER	2	2	100,0
INFANTIS	2	56	3,6
KANESHIE	2	2	100,0
NEWPORT	2	32	6,3
VIRCHOW	2	13	15,4
AMINA	1	1	100,0
BALL	1	15	6,7
BREDENEY	1	6	16,7
GUEULETAPEE	1	2	50,0
HEIDELBERG	1	10	10,0
HERSTON	1	2	50,0
IBADAN	1	2	50,0
KENTUCKY	1	34	2,9
KIBUSI	1	1	100,0
LAROCHELLE	1	2	50,0
LIVINGSTONE	1	7	14,3
NAPOLI	1	22	4,5
OHIO	1	3	33,3
ORANIENBURG	1	6	16,7
SANDIEGO	1	8	12,5
SPECIES	1	11	9,1
STANLEYVILLE	1	6	16,7
SUBSPI [I 4,5:b:-]	1	3	33,3
SUBSPI [I 4:-:enx]	1	2	50,0
SUBSPI [I 4:-:]	1	6	16,7
SUBSPI [I 9:-:1,5]	1	5	20,0
SUBSPI [I 9:-:]	1	2	50,0
SUBSPI [I 4:eh:-]	1	10	10,0
SUBSPI [I 9:l,v:-]	1	3	33,3
SUBSPI [I 7:-:1,5]	1	1	100,0
SUBSPI [I 16:k:-]	1	1	100,0
SUBSPI [I 4,5:-:1,2]	1	5	20,0
WELTEVREDEN	1	11	9,1

3.5. INFECTIONS LIÉES AU VOYAGE

Davantage de salmonelloses liées à des voyages ont à nouveau été détectées en 2024. Cette année, 205/2514 (8,1%) des échantillons de *Salmonella* investigués étaient liés à un séjour récent à l'étranger, une proportion identique à celle de 2023 et supérieure à celle de 2,7% (2021) et 5,3%

(2022). Environ la moitié des salmonelloses liées à un voyage (n=100) provenaient d'Afrique.

Ces souches importées provenaient de 52 pays différents, couvrant principalement des cas individuels (tableau 6). Le plus grand nombre de souches uniques a été isolé chez des patients ayant séjourné récemment au Maroc (n=35), en Turquie (n=26) et en Égypte (n=16). Le plus grand nombre de souches de typhoïde était lié à des voyages en Inde (n=6) et au Pakistan (n=8).

Tableau 6. Souches de *Salmonella* liées à un récent séjour à l'étranger, 2024.

AFRICA		
	Serovar	N
Marocco	ENTERITIDIS	8
	TYPHIMURIUM	7
	CHESTER	6
	Typhi	4
	SUBSPI [I 4:-:-]	2
	SUBSPI [I 6,8:k:-]	2
	SANDIEGO	1
	NEWPORT	1
	KENTUCKY	1
	MBANDAKA	1
	RISSEN	1
	PARATYPHI B	1
Senegal	ENTERITIDIS	2
	Typhi	2
	PARATYPHI A	2
	MBAO	1
	SUBSPI [I 3,10:-:1,7]	1
	GUEULETAPEE	1
Egypt	SPECIES	1
	ENTERITIDIS	11
	MUENSTER	1
	MONOPHASIC TM	1
	HEIDELBERG	1
	SUBSPI [I 4,5:-:1,2]	1
Burkina Faso	KOTTBUS	1
	MONOPHASIC TM	1
Togo	CHESTER	1
	ITURI	1
Ghana	HERSTON	1
	ENTERITIDIS	1
Gambia	GUEULETAPEE	1
	FISCHERSTRASSE	1
Guadeloupe	ENTERITIDIS	1
Algeria	ENTERITIDIS	2
Kenya	NEWPORT	1
	ENTERITIDIS	1
Namibia	TYPHIMURIUM	1
	ORANIENBURG	1
Nigeria	TAKORADI	1
	AMINA	1
Congo	Typhi	1
	ENTERITIDIS	1
	TYPHIMURIUM	1
Rwanda	VIRCHOW	1
Cameroon	STANLEYVILLE	2
	HADAR	1
	PLYMOUTH	1
	COLINDALE	1

	BRANDENBURG	1
	ENTERITIDIS	1
	KENTUCKY	1
Tanzania	HEIDELBERG	1
	ENTERITIDIS	5
	SPECIES	1
Tunisia	SCHWARZENGRUND	1
	Typhi	1
Côte d'Ivoire	WANGATA	1
Benin	SUBSPI [I 4:eh:-]	1
Angola		

ASIA		
Pakistan	Typhi	4
	PARATYPHI A	4
India	Typhi	5
	PARATYPHI A	1
	SUBSPI [I 7: y: -]	1
Saudi Arabia	TELELKEBIR	1
	ENTERITIDIS	1
Thailand	STANLEY	1
	NEWPORT	1
	INFANTIS	1
	MBANDAKA	1
Afghanistan	Typhi	1
	SUBSPI [I 4:-:1,7]	1
Iraq	ENTERITIDIS	1
Indonesia	CHESTER	5
	PARATYPHI B VAR. L(+)	
	TARTRATE+	4
	SUBSPI [I 4:-:enx]	1
	SUBSPI [I 7:k:-]	1
	ENTERITIDIS	1
Thailand	SUBSPI [I 4:-:-]	1
	STANLEY	1
	NEWPORT	1
	INFANTIS	1
Vietnam	MBANDAKA	1
	ENTERITIDIS	1
Sri Lanka	BONN	1
	TYPHIMURIUM	1

EUROPE		
Spain	ENTERITIDIS	4
	MONOPHASIC TM	1
	AGONA	1
	RICHMOND	1
	SUBSPI [I 7:-:-]	1
	LONDON	1
	MIKAWASIMA	1
Romania	ENTERITIDIS	2
	MONOPHASIC TM	1
Turkey	ENTERITIDIS	19
	ORANIENBURG	2
	SUBSPI [I 4,5:y:-]	1
	HVITTINGFOSS	1
	TYPHIMURIUM	1
	INFANTIS	1
	MUENCHEN	1
Hungary	ENTERITIDIS	2
Cyprus	ENTERITIDIS	1
France	ENTERITIDIS	3
	MONOPHASIC TM	1

	AGONA	1
Macedonia	ENTERITIDIS	1
Greece	ENTERITIDIS	2
Albania	ENTERITIDIS	1
Slovenia	ENTERITIDIS	1
Italy	MONOPHASIC TM	333
Austria	ENTERITIDIS	1
Netherlands	ENTERITIDIS	1
Armenia	ENTERITIDIS	1
Ireland	WELTEVREDEN	1
Portugal	TYPHIMURIUM	1
Bosnia	ENTERITIDIS	1

AMERICA		
Mexico	NEWPORT	1
	TYPHIMURIUM	1
	Typhi	1
	JAVIANA	1
	ENTERITIDIS	1
	MBANDAKA	1
	NEWPORT	1
Cuba	ENTERITIDIS	1
Dom. Republic	ENTERITIDIS	1
Seychelles	ENTERITIDIS	1
Costa Rica	NEWPORT	1
Peru	TYPHIMURIUM	1
Venezuela	DUBLIN	1
Curacao	TYPHIMURIUM	1

3.6. RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES

Bien que la salmonellose soit une maladie spontanément résolutive, un traitement antibiotique est nécessaire en cas d'infection extra-intestinale invasive à *Salmonella*, chez les patients à haut risque ou chez les patients présentant des symptômes graves ou prolongés. Le traitement standard actuel est basé sur la ciprofloxacine (500 mg), le cotrimoxazole (960 mg) ou la ceftriaxone (1 g IV) pendant 5 à 7 jours. Dans 19,5 % des salmonelloses confirmées en 2024, au moins un antibiotique a été prescrit au patient (Figure 11), principalement de l'azithromycine en traitement empirique (Figure 12).



Figure 11. Antibiotica voorgeschreven voor de 2514 bevestigde Salmonelloses, 2024.

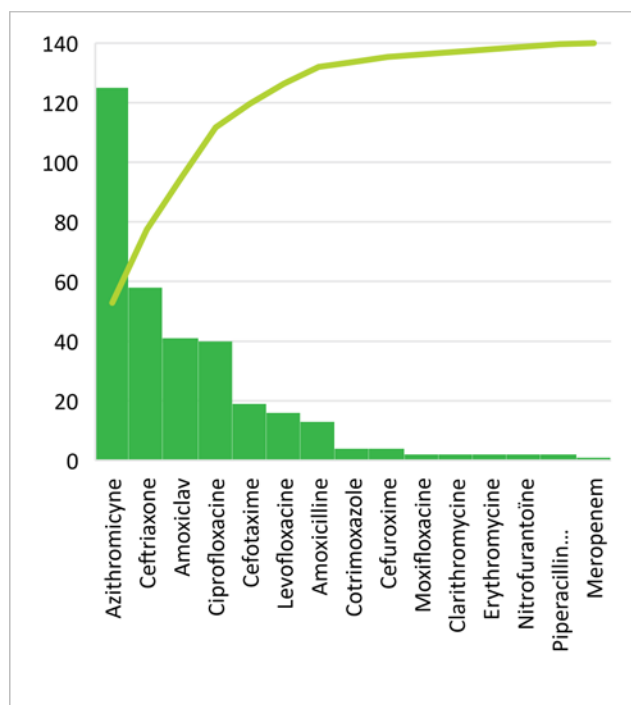


Figure 12. Type antibiotica voorgeschreven voor behandeling van Salmonellosis in België, 2024. De cumulatieve hoeveelheid is aangeduid in het lichtgroen.

La surveillance annuelle de la résistance aux antimicrobiens (RAM) chez les salmonelles est donc nécessaire pour la santé publique. Auparavant, la résistance était principalement liée à un élément génétique chromosomique appelé îlot génomique de *Salmonella* 1 (SGI-1). Cet élément, à l'origine de la pentarésistance [R-ACSSuT : résistance à l'ampicilline, au chloramphénicol, à la streptomycine, aux sulfamides et à la tétracycline], est apparu en Angleterre et au Pays de Galles au début des années 1980 et était principalement associé au phage de type DT104 de *S. enterica* serovar Typhimurium. Dans les années 1990, elle a été trouvée dans le monde entier dans de nombreux sérotypes, mais elle a depuis connu un déclin. Les tendances mondiales les plus récentes comprennent (i) une résistance croissante aux fluoroquinolones (FQ) telles que la ciprofloxacine, et (ii) l'émergence sporadique d'une résistance aux céphalosporines à large spectre.

Depuis 2000, le Centre national de référence effectue une surveillance systématique de la sensibilité aux antibiotiques des *Salmonella*, et depuis 2017, cette surveillance se fait par microdilution en bouillon. En outre, depuis 2023, 50 % de toutes les souches Enteritidis et Typhimurium, ainsi que tous les isolats invasifs, font l'objet d'une surveillance prospective par WGS. Actuellement, le CNR travaille à la validation des prédictions génotypiques des profils de résistance aux antimicrobiens sur la base de ces données.

Dans ce rapport, la multirésistance (MDR) est définie comme une résistance à plus de trois classes différentes d'antibiotiques. En 2024, la sensibilité aux antibiotiques de 590 souches humaines de *Salmonella* a été testée. Toutes les données sont résumées dans les tableaux 7-8 et les figures 13-14.

En 2024, 11,8 % des isolats belges de *Salmonella* testés étaient multirésistants (tableau 7), soit une baisse de 1,0 %

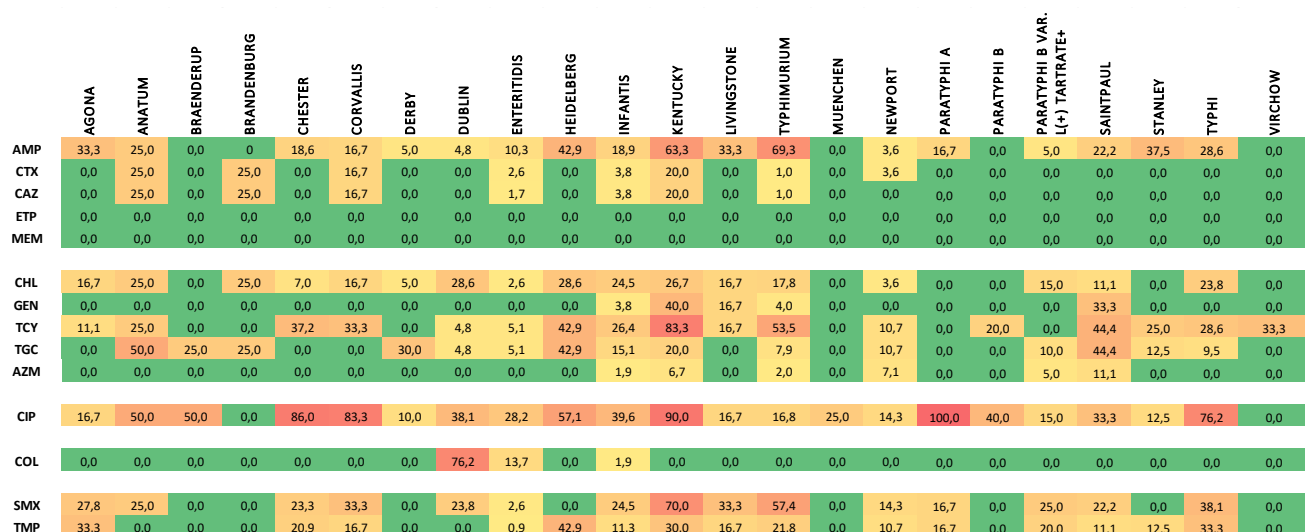


Figure 13. Carte thermique spécifique au sérovar pour la résistance aux antibiotiques (%). Voir le tableau 2 pour la signification des abréviations. Les seuils de résistance aux CHL, AZM, SMX et TGC ont été fixés à 8 µg/ml, 16 µg/ml, 256 µg/ml et 1 µg/ml, respectivement, sur la base des valeurs ECOFF.

par rapport à 2023. Le sérovar le plus résistant reste *S. Kentucky* avec 63% d'isolats MDR. La prévalence de la MDR dans le sérotype Typhimurium était de 19,8%, soit une légère diminution par rapport à l'année dernière.

Tableau 7. Aperçu du nombre de souches pour lesquelles l'antibiogramme a été déterminé, par sérovar (n>3), avec indication du pourcentage de MDR (résistant à plus de trois classes d'antibiotiques) et de souches pan-sensibles.

Sérovar	N _{testés}	MDR (%)	Pan-S (%)
ENTERITIDIS	117	2,6	60,7
TYPHIMURIUM	101	19,8	17,8
INFANTIS	53	15,1	47,2
CHESTER	43	2,3	14,0
KENTUCKY	30	63,3	6,7
NEWPORT	28	3,6	75,0
DUBLIN	21	9,5	23,8
TYPHI	21	23,8	9,5
DERBY	20	0,0	55,0
PARATYPHI B VAR. L(+)			
TARTRATE+	20	5,0	55,0
AGONA	18	11,1	61,1
PARATYPHI B	9	0,0	60,0
SAINTPAUL	9	22,2	44,4
VIRCHOW	9	0,0	66,7
MUENCHEN	8	0,0	75,0
STANLEY	8	0,0	50,0
HEIDELBERG	7	28,6	14,3
CORVALLIS	6	16,7	16,7
LIVINGSTONE	6	16,7	66,7
PARATYPHI A	6	0,0	0,0
ANATUM	4	25,0	25,0
BRAENDERUP	4	0,0	25,0
BRANDENBURG	4	0,0	75,0
<i>SALMONELLA</i> spp.	590	11,8	41,5

Les résistances les plus fréquentes sont celles contre l'ampicilline (26%), la ciprofloxacine (35%), les sulfamides/triméthoprim (24%/13%) et la tétracycline (24%), avec de grandes différences entre les différents sérovats (Tableau 7, Figure 13).

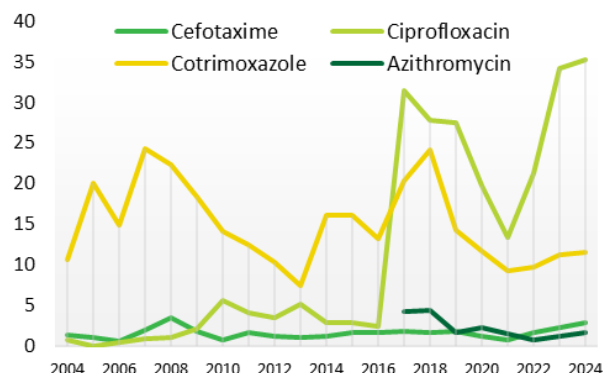


Figure 14. Évolution de la résistance (%) des *Salmonella* spp. humaines à quatre antibiotiques cliniquement importants, 2004-2024. L'augmentation pour la résistance à la Ciprofloxacine en 2017 peut s'expliquer par le passage à une nouvelle méthodologie pour les antibiogrammes, voir le texte pour plus d'explications.

La résistance individuelle la plus élevée a été mesurée chez la souche de Ser. Bredeney S24BD10723, insensible à 10/14 antibiotiques testés en raison de la présence de blaCTX-M-55, mph(A), sul3/dfrA14, aadA22/aph(6)-Id, qnrS1 et tet(A). On note également la présence de 3 sérovats du Kentucky et 2 ser. Infantis qui ont montré une résistance à neuf antibiotiques testés.

En ce qui concerne les antibiotiques individuels, les observations suivantes ont été faites :

- Après une baisse de quatre ans (2018-2021), la résistance à la ciprofloxacine a de nouveau fortement

augmenté après 2022 (Figures 13 et 14). La proportion de *Salmonella* spp faiblement résistantes ($0,06 < \text{CMI} < 2 \mu\text{g/ml}$) est passée de 11,7 % en 2021 et 26,0 % en 2023 à 28,6 % en 2024. En outre, le groupe d'isolats hautement résistants est passé de 1,5 % en 2021 et 3,8 % en 2022 à 6,8 % du total des *Salmonella* spp. testées en 2024. Alors que la résistance faible (associée à une mutation dans *GyrA*) est répandue dans de nombreux sérotypes (Figure 10), la résistance élevée (>1 mutation dans *GyrA* et *ParC*) est principalement associée aux sérotypes Kentucky et Typhi, de sorte que cette augmentation peut être directement liée à l'augmentation de la prévalence de ces sérotypes à des niveaux préépidémiques

- La résistance aux macrolides a été testée depuis 2017 et reste à un niveau basal faible ($<5\%$).
- Une résistance significative à la colistine a été observée principalement chez les sérovars O:9 Dublin et Enteritidis, qui ont une résistance inhérente plus élevée à cet antibiotique. Une résistance a également été observée dans des isolats de ser. Infantis ($n=1$) et Bredeney ($n=1$).
- Un total de 15 isolats présentant une sensibilité réduite aux céphalosporines de 3ème génération a été identifié en 2024, dont six isolats du sérovar *S. Kentucky* (1/6 invasif). Ces souches étaient toutes porteuses du gène blaCTX-M-14. Les autres producteurs de BLSE appartenaient aux sérovars Enteritidis ($n=2$), Brandenburg ($n=1$), Infantis ($n=2$), Anatum ($n=1$), et Typhimurium monophasique ($n=1$).

3.7. TYPAGE MLVA

En 2024, le profil de MLVA a été déterminé pour un total de 872 souches isolées de *S. enterica* serovar Enteritidis. En 2024m 123 profils MLVA différents ont été observés.

Les cinq profils les plus fréquents sont les suivants

- 2-11-7-3-2 (13.5%)
- 2-10-7-3-2 (10.0 %)
- 2-8-7-3-2 (6.8%)
- 2-10-4-3-2 (5.7%)
- 2-12-6-3-2 (4.2%)

Bien que les deux groupes de profils apparentés, 3-(9/10/11)-5-4-1 et 2-(9/10/11/12)-7-3-2, soient toujours dominants, leur proportion diminue pour atteindre 37,8 % des salmonelloses *S. enterica* serovar Enteritidis. Dans l'ensemble, une plus grande diversité de profils est observée par rapport aux années précédentes.

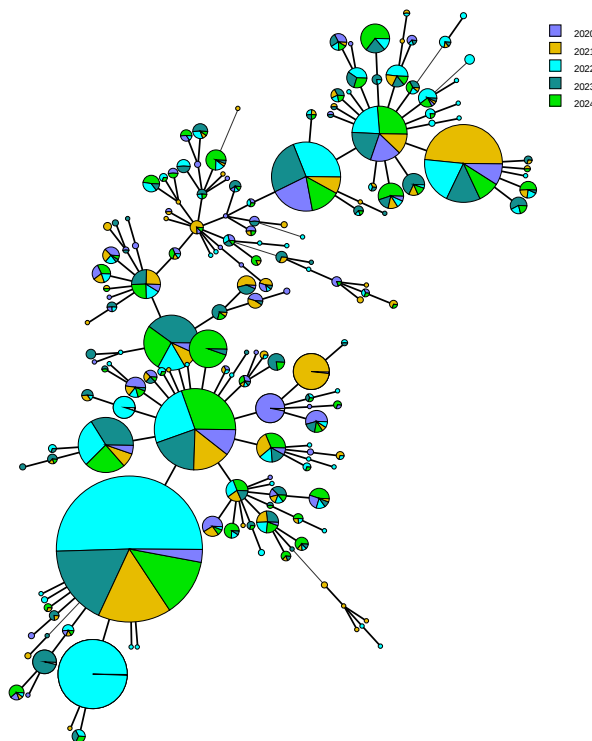
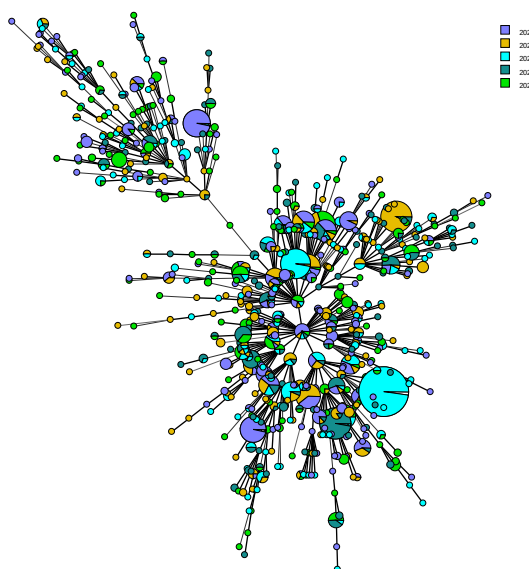


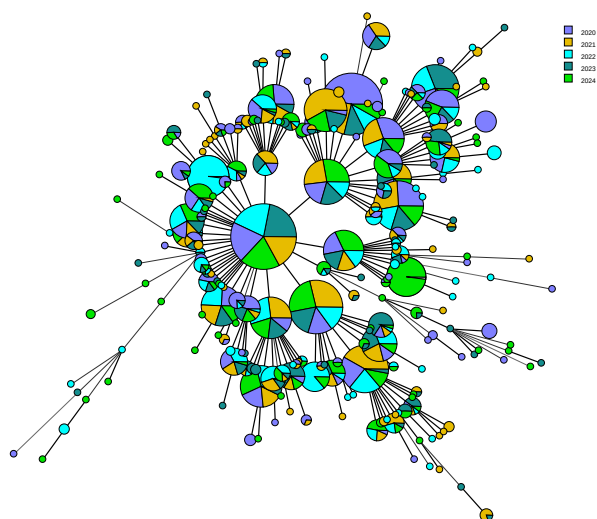
Figure 15. Résumé des analyses MLVA pour *S. enterica* serovar Enteritidis. Minimal Spanning Tree (MST) des différents profils entre 2020 et 2024.

En 2023, le profil de MLVA a été déterminé pour un total de 751 souches isolées de *S. enterica* serovar Typhimurium. 275 profils de MLVA différents ont été observés.

Les cinq principaux profils de 2024 sont les suivants :

- 3-12-9-NA-211 (5.1%)
- 3-15-13-NA-311 (4.3%)
- 3-12-10-NA-211 (3.2%)
- 3-13-9-NA-211 (2.5%)
- 3-11-9-NA-211 (2.4%)





Figuur 16. Aperçu des analyses MLVA pour *S. enterica* serovar Typhimurium (en haut) et *S. enterica* serovar Typhimurium monophasique (en bas). Minimal Spanning Tree (MST) des différents profils entre 2020 et 2024.

4. Research & Development (ENG)

■

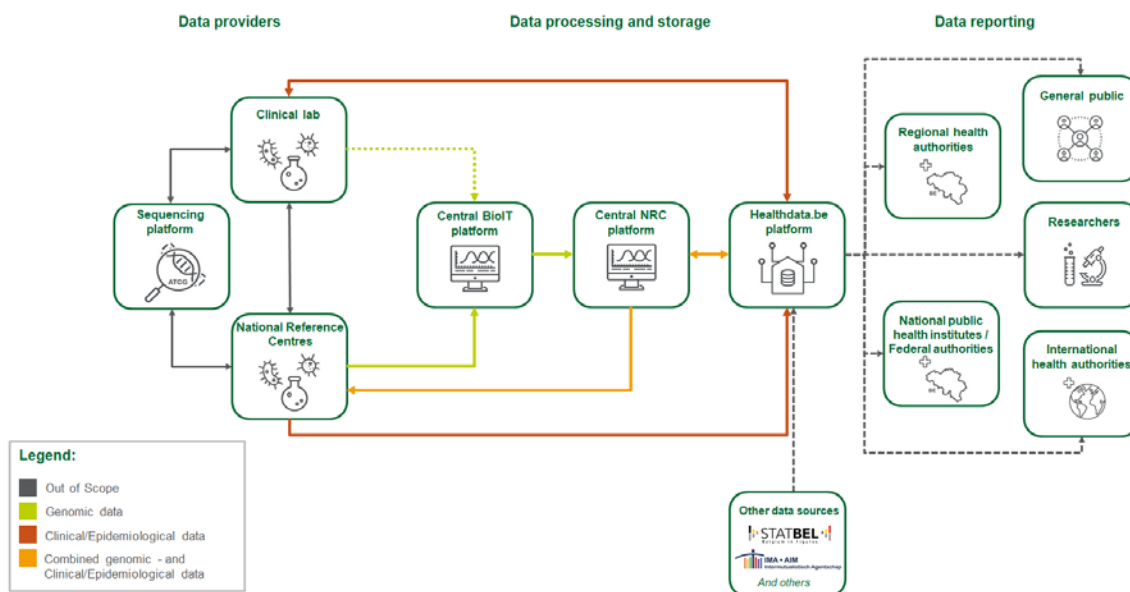
4.1 ONGOING RESEARCH PROJECTS AT THE NRC SALMONELLA

- **UNITED4Surveillance** (<https://united4surveillance.eu>) is an EU4Health Joint Action with 40 partners from all across Europe. The Joint Action started in January 2023 and will run until 31 December 2025. The Dutch National Institute for Public Health and the Environment (RIVM) is coordinating this project. The goal of this Joint Action is to assist member states and the EU in the deployment of digitalized and integrated surveillance systems, operating both at national and European level. With the aim to ensure better detection of early warning signs and more accurate risk assessment and coordinated response among the member states to any future cross-border health threats. The consortium will address the objectives of the call by:
 - Piloting solutions and sharing best practices that can be an integral part of national health systems.
 - Defining a roadmap that promotes decentralization by supporting the alignment between the Member States in the development of interoperable, reliable, and comprehensive national health systems which are key for surveillance capacity building within Europe.

To ensure the successful implementation of the proposed integrated surveillance systems, the UNITED4Surveillance consortium will be dedicated to identify current impediments to the use of electronic health data for integrated surveillance and the development of an inventory of best practices for overcoming these barriers; to strengthen capacity building through continuous professional development; and to pilot innovative strategies for integrated infectious disease surveillance to be evaluated for their public health value.

- **The HERA-BE-WGS** project (2021-2024) continues to improve the management and exchange of microbial genomic and clinical/epidemiological data by establishing an overarching national eHealth architecture, called Be-HERA. This landscape consists of a central data warehouse for data collection and storage of National Reference Centre (NRC) data (i.e. clinical, epidemiological, and classical microbiological results) and genomic microbiological results, as well as a central BioIT platform and a central NRC platform. The harmonized, standardized processing and reporting of these data types in Be-HERA facilitates the timely and efficient identification of possible new variants or other emerging infectious diseases. The current HERA initiative for infectious diseases will focus on data exchange and retrieval for reporting to various public health stakeholders. Data export is key in enabling the use of existing surveillance and visualization tools outside the healthdata.be platform and ensure national and international reporting. Additionally, there is also a need for a minimum data flow besides the microbial genomic data to the central BioIT platform, which will allow the use of genomic analysis software to perform automated cluster detection and interactive cluster exploration, preferably to be made available in the NRC platform environment at a later stage of the project. Data governance and authentication for access to data in all components of the national eHealth infrastructure is crucial, and procedures are defined in consultation with experts both within and outside Sciensano.

The concrete data architecture, its infrastructures and the data flows between these infrastructures is described below:



Epidemiological data is collected at the level of the National Reference Centers (NRCs) and sent to Healthdata.be. Genomic data will be transferred to the BioIT platform where primary processing of the results will occur. From the central BioIT platform, genomic data are sent to the central NRC platform whereby connectivity is in place with the Healthdata.be platform to combine clinical, epidemiological, and microbial genomic data within the NRC platform according to their mandates. The Healthdata.be platform covers the pseudonymized data warehouse that can be used for data reporting and research. **More information can be found [here](#)**

4.2 PEER-REVIEWED PUBLICATIONS (2022)

1. Berbers B, Vanneste K, Roosens NHCJ, Marchal K, Ceysens PJ, De Keersmaecker SCJ. **Using a combination of short- and long-read sequencing to investigate the diversity in plasmid- and chromosomally encoded extended-spectrum beta-lactamases (ESBLs) in clinical *Shigella* and *Salmonella* isolates in Belgium.** Microb Genom. 2023 Jan;9(1):mgen000925.

doi: 10.1099/mgen.0.000925. PMID: 36748573; PMCID: PMC9973847

[Open access here](#)

Abstract

For antimicrobial resistance (AMR) surveillance, it is important not only to detect AMR genes, but also to determine their plasmidic or chromosomal location, as this will impact their spread differently. Whole-genome sequencing (WGS) is increasingly used for AMR surveillance. However, determining the genetic context of AMR genes using only short-read sequencing is complicated. The combination with long-read sequencing offers a potential solution, as it allows hybrid assemblies. Nevertheless, its use in surveillance has so far been limited. This study aimed to demonstrate its added value for AMR surveillance based on a case study of extended-spectrum beta-lactamases (ESBLs). ESBL genes have been reported to occur also on plasmids. To gain insight into the diversity and genetic context of ESBL genes detected in clinical isolates received by the Belgian National Reference Center between 2013 and 2018, 100 ESBL-producing *Shigella* and 31 ESBL-producing *Salmonella* were sequenced with MiSeq and a representative selection of 20 *Shigella* and six *Salmonella* isolates additionally with MinION technology, allowing hybrid assembly. The bla CTX-M-15 gene was found to be responsible for a rapid rise in the ESBL *Shigella* phenotype from 2017. This gene was mostly detected on multi-resistance-carrying IncFII plasmids. Based on clustering, these plasmids were determined to be distinct from the circulating plasmids before 2017. They were spread to different *Shigella* species and within *Shigella sonnei* between multiple genotypes. Another similar IncFII plasmid was detected after 2017 containing bla CTX-M-27 for which only clonal expansion occurred. Matches of up to 99 % to plasmids of various bacterial hosts from all over the world were found, but global alignments indicated that direct or recent ESBL-plasmid transfers did not

occur. It is most likely that travellers introduced these in Belgium and subsequently spread them domestically. However, a clear link to a specific country could not be made. Moreover, integration of bla CTX-M in the chromosome of two Shigella isolates was determined for the first time, and shown to be related to ISEcp1. In contrast, in Salmonella, ESBL genes were only found on plasmids, of which bla CTX-M-55 and IncHI2 were the most prevalent, respectively. No matching ESBL plasmids or cassettes were detected between clinical Shigella and Salmonella isolates. The hybrid assembly data allowed us to check the accuracy of plasmid prediction tools. MOB-suite showed the highest accuracy. However, these tools cannot replace the accuracy of long-read and hybrid assemblies. This study illustrates the added value of hybrid assemblies for AMR surveillance and shows that a strategy where even just representative isolates of a collection used for hybrid assemblies could improve international AMR surveillance as it allows plasmid tracking.

2. Cargnel M, Filippitzi ME, Van Cauteren D, Mattheus W, Botteldoorn N, Cambier L, Welby S. **Assessing evidence of a potential Salmonella transmission across the poultry food chain.** Zoonoses Public Health. 2023 Feb;70(1):22-45.

doi: 10.1111/zph.12998. Epub 2022 Sep 8. PMID: 36082435.

[Open access here](#)

Abstract

Enhanced Salmonella surveillance programmes in poultry were implemented in all European Member States, with minimum prevalence targets for a list of targeted serotypes to safeguard food and public health. Based on the Belgian Salmonella surveillance programme and focusing on poultry, the overarching aim of this study was to highlight possible Salmonella transmissions across the food chain (FC). For this purpose, firstly, the prevalence patterns of Salmonella (targeted and the most prevalent non-targeted) serotypes along the FC were described over time. Secondly, the effectiveness of the control measures against vertical transmission (breeders to 1-day-old broiler and layer chicks) was indirectly assessed by looking into the odds of targeted serotypes detection. Thirdly, it was appraised if Salmonella prevalence can significantly increase during broilers and layers production. In addition, it was tested if being tested negative at the end of production in broilers when tested positive at the entrance is serotype dependent (targeted vs. non-targeted serotypes). Results showed that, firstly, the prevalence patterns of the listed serotypes were inconstant over time and across the FC. Secondly, the odds of Salmonella targeted serotype detection in 1-day-old broiler and in 1-day-old layer flocks were lower than in breeder flocks while, thirdly, infection during broiler and layer production can lead to significant increase in positivity in subsequent samples. Finally, being infected by a targeted or by non-targeted serotype at the entrance of the flock poorly reflects the Salmonella status at the end of production. Note that this study did not make a distinction between the different sources of contamination and the effects of sampling methods and isolation methods should be subject to further investigation.

3. Diasi CN, Ceysens PJ, Vodolazkaia A, Mukovnikova M, Dorval S, Bauraind O, Mattheus W. **Salmonella Durban meningitis: case report and genomics study.** BMC Infect Dis. 2023 May 20;23(1):338.

doi: 10.1186/s12879-023-08308-7. PMID: 37210495; PMCID: PMC10199540.

[Open access here](#)

Abstract

Background: Bacterial meningitis caused by non-typhoid Salmonella can be a fatal condition which is more common in low and middle-income countries.

Case presentation: We report the case of a Salmonella meningitis in a Belgian six-month old male infant. The first clinical examination was reassuring, but after a few hours, his general state deteriorated. A blood test and a lumbar puncture were therefore performed. The cerebrospinal fluid analysis was compatible with a bacterial meningitis which was later identified by the NRC (National Reference Center) as Salmonella enterica serovar Durban.

Conclusions: In this paper, we present the clinical presentation, genomic typing, and probable sources of infection for an unusually rare serovar of Salmonella. Through an extended genomic analysis, we established its relationship to historical cases with links to Guinea.

4. Mbuyi-Kalonji L, Hardy L, Mbuyamba J, Phoba MF, Nkoji G, Mattheus W, Im J, Marks F, Jeon HJ, Jacobs J, Lunguya O. **Invasive non-typhoidal *Salmonella* from stool samples of healthy human carriers are genetically similar to blood culture isolates: a report from the Democratic Republic of the Congo.** Front Microbiol. 2023 Nov 24;14:1282894.

doi: 10.3389/fmicb.2023.1282894. PMID: 38075852; PMCID: PMC10704266.

[Open Access here](#)

Abstract

Invasive non-typhoidal *Salmonella* (iNTS) (serotypes Typhimurium and Enteritidis) are major causes of bloodstream infections in sub-Saharan Africa, but their reservoir is unknown. Aiming to demonstrate human carriers as a reservoir, we assessed an iNTS disease endemic rural community (Kikonka health area, Democratic Republic of the Congo) for intestinal carriage of iNTS. After a census, healthy subjects from randomly selected households provided three successive stool samples for *Salmonella* culture. We next compared the stool isolates for genetic relatedness with time and health area-matched blood culture isolates obtained from hospitalized patients by multiple locus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) and performed whole genome sequencing (WGS) on a subset of stool and blood isolates. Among 2,354 eligible subjects, 2,234 (94.9%) consented and provided at least one stool sample, and 2,219 (94.3%) provided three stool samples. The cumulative proportion of *Salmonella* carriers after 3 days was 4.4% (n = 98). *S. Typhimurium* and Enteritidis were found in 26 and 3 carriers, respectively, representing 1.3% (29 out of 2,234) of participants living in 6.0% (26 out of 482) of households. MLVA types of all 26 *S. Typhimurium* stool isolates matched with the corresponding MLVA types of blood isolates. The MLVA type of one out of three Enteritidis stool isolates matched the single MLVA type of the five Enteritidis blood isolates. WGS analysis of *S. Typhimurium* (n = 20) and *S. Enteritidis* (n = 4) isolates revealed Typhimurium multilocus sequence type (ST)313 Lineage 2 and Enteritidis ST11 Central/Eastern African and Outlier clades and confirmed the MLVA clustering. More than three-quarters of Typhimurium isolates showed combined multidrug resistance, ceftriaxone resistance, and fluoroquinolone non-susceptibility. In conclusion, the present study demonstrated iNTS carriage among healthy community members, with stool isolates that were genetically similar to blood culture isolates obtained in patients from the same community. These findings contribute to the evidence of a human reservoir of iNTS.

5. Cuypers WL, Meysman P, Weill FX, Hendriksen RS, Beyene G, Wain J, Nair S, Chattaway MA, Perez-Sepulveda BM, Ceysens PJ, de Block T, Lee WWY, Pardos de la Gandara M, Kornschöber C, Moran-Gilad J, Veldman KT, Cormican M, Torpdahl M, Fields PI, Černý T, Hardy L, Tack B, Mellor KC, Thomson N, Dougan G, Deborggraeve S, Jacobs J, Laukens K, Van Puyvelde S. **A global genomic analysis of *Salmonella* Concord reveals lineages with high antimicrobial resistance in Ethiopia.** Nat Commun. 2023 Jun 14;14(1):3517.

doi: 10.1038/s41467-023-38902-x. PMID: 37316492; PMCID: PMC10267216.

[Open access here](#)

Abstract

Invasive non-typhoidal *Salmonella* (iNTS) (serotypes Typhimurium and Enteritidis) are major causes of bloodstream infections in sub-Saharan Africa, but their reservoir is unknown. Aiming to demonstrate human carriers as a reservoir, we assessed an iNTS disease endemic rural community (Kikonka health area, Democratic Republic of the Congo) for intestinal carriage of iNTS. After a census, healthy subjects from randomly selected households provided three successive stool samples for *Salmonella* culture. We next compared the stool isolates for genetic relatedness with time and health area-matched blood culture isolates obtained from hospitalized patients by multiple locus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) and performed whole genome sequencing (WGS) on a subset of stool and blood isolates. Among 2,354 eligible subjects, 2,234 (94.9%) consented and provided at least one stool sample, and 2,219 (94.3%) provided three stool samples. The cumulative proportion of *Salmonella* carriers after 3 days was 4.4% (n = 98). *S. Typhimurium* and Enteritidis were found in 26 and 3 carriers, respectively, representing 1.3% (29 out of 2,234) of participants living in 6.0% (26 out of 482) of households. MLVA types of all 26 *S. Typhimurium* stool isolates matched with the corresponding MLVA types of blood isolates. The MLVA type of one out of three Enteritidis stool isolates matched the single MLVA type of the five Enteritidis blood isolates. WGS analysis of *S. Typhimurium* (n = 20) and *S. Enteritidis* (n = 4) isolates revealed Typhimurium multilocus sequence type (ST)313 Lineage 2 and Enteritidis ST11 Central/Eastern African and Outlier clades and confirmed the MLVA clustering. More than three-quarters of Typhimurium isolates showed combined multidrug resistance, ceftriaxone resistance, and fluoroquinolone non-susceptibility. In conclusion, the

present study demonstrated iNTS carriage among healthy community members, with stool isolates that were genetically similar to blood culture isolates obtained in patients from the same community. These findings contribute to the evidence of a human reservoir of iNTS.

6. De Hert E, Baïli S, Vanden Driessche M, Jansens H, Vandamme S, Jacquemyn Y, Vodolazkaia A, Mukovnikova M, Mattheus W, Matheeussen V. **Genital Infection Caused by *Salmonella enterica* Serovar Hvittingfoss: A Case Report.** Pathogens. 2023 Nov 5;12(11):1316.

doi: 10.3390/pathogens12111316. PMID: 38003781; PMCID: PMC10674701.

[open access here](#)

Abstract

Background: Nontyphoidal *Salmonella* serovars predominantly cause gastrointestinal infections. However, other clinical presentations, including urogenital infections, have been reported, although they are rather rare.

Case presentation: This case is about a 33-year-old woman diagnosed with *Salmonella enterica* serovar Hvittingfoss (*S. Hvittingfoss*) bacteremia and endometritis six days post uterine aspiration in the context of a missed abortion. She had traveled to Indonesia two weeks prior to the positive blood and cervical culture. She never developed gastrointestinal symptoms but was found to carry *S. Hvittingfoss* in her stool sample. The patient was successfully treated with a seven-day course of iv ciprofloxacin.

Conclusions: *S. Hvittingfoss* is a rare serovar that has caused a few outbreaks of foodborne infections in Asia, the United States, and Australia. To the best of our knowledge, this is the first reported case of *Salmonella* urogenital infection caused by this serovar. *Salmonella* as a cause of urogenital infections is rare but not uncommon. Therefore, it should be considered in identifying members of the *Enterobacterales* among urogenital flora in cases of severe urogenital infections, especially when other cultures remain negative.

7. Falay D, Hardy L, Bonebe E, Mattheus W, Ngbonda D, Lunguya O, Jacobs J. **Intestinal carriage of invasive non-typhoidal *Salmonella* among household members of children with *Salmonella* bloodstream infection, Kisangani, DR Congo.** Front Microbiol. 2023 Oct 12;14:1241961.

doi: 10.3389/fmicb.2023.1241961. PMID: 37901802; PMCID: PMC10602682.

[Open access here](#)

Abstract

Introduction: Invasive non-typhoidal *Salmonella* (iNTS), mainly *Salmonella* Typhimurium and *Salmonella* Enteritidis, causes a severe burden in sub-Saharan Africa; however, its reservoir (animal or environmental) is unclear. The present study assessed healthy household members of index patients for intestinal carriage of *Salmonella*.

Methods: Index patients were admitted to the University Hospital of Kisangani (DR Congo), and *Salmonella* was grown from blood cultures. Household members were asked to provide three stool samples for culture for *Salmonella*. *Salmonella* Typhimurium and *S. Enteritidis* isolates from index patients, and household members were assessed for genetic relatedness using the multiple-locus variable number of tandem repeat analysis (MLVA), and the multilocus sequence type (ST) was determined by whole genome sequencing.

Results: Between May 2016 and January 2020, 22 households were visited. The index patient serotypes were Typhimurium, Enteritidis, Typhi, and Paratyphi C; II:42:r:-; and I:7:y:- ($n = 8, 7, 5$, and each 1, respectively). The median (range) delay between the index patient and household sampling was 25 days (2 days to 7.3 months); 203 household members provided at least one stool sample. In all, 15 (7.3%) *Salmonella* carriers were found in nine of 22 households. For one index patient, the household comprised *S. Typhimurium* in four household members, including the index patient, sampled 27 days after bloodstream infection; the MLVA types of these five isolates were similar. They belonged to ST313 lineage 2 and were closely related [0-1 allelic distance (AD) among the stool isolates and eight AD with the blood culture isolate]. In another household, the stool culture of the index patient (obtained 67 days after bloodstream infection) grew *S. Enteritidis* of the same MLVA type; both isolates belonged to the ST11 Central/Eastern African clade and were closely related (three AD).

Discussion: The present study provides evidence of household clustering of *S. Typhimurium* ST313 and intestinal carriage of iNTS several weeks after bloodstream infection.

8. Van Puyvelde S, de Block T, Sridhar S, Bawn M, Kingsley RA, Ingelbeen B, Beale MA, Barbé B, Jeon HJ, Mbuyi-Kalonji L, Phoba MF, Falay D, Martiny D, Vandenberg O, Affolabi D, Rutanga JP, Ceysens PJ, Mattheus W, Cuypers WL, van der Sande MAB, Park SE, Kariuki S, Otieno K, Lusingu JPA, Mbwana JR, Adjei S, Sarfo A, Agyei SO, Asante KP, Otieno W, Otieno L, Tahita MC, Lompo P, Hoffman IF, Mvalo T, Msefula C, Hassan-Hanga F, Obaro S, Mackenzie G, Deborggraeve S, Feasey N, Marks F, MacLennan CA, Thomson NR, Jacobs J, Dougan G, Kariuki S, Lunguya O. **A genomic appraisal of invasive *Salmonella* Typhimurium and associated antibiotic resistance in sub-Saharan Africa.** Nat Commun. 2023 Oct 23;14(1):6392.

doi: 10.1038/s41467-023-41152-6. PMID: 37872141; PMCID: PMC10593746.

[Open access here](#)

Abstract

Invasive non-typhoidal *Salmonella* (iNTS) disease manifesting as bloodstream infection with high mortality is responsible for a huge public health burden in sub-Saharan Africa. *Salmonella enterica* serovar Typhimurium (*S. Typhimurium*) is the main cause of iNTS disease in Africa. By analysing whole genome sequence data from 1303 *S. Typhimurium* isolates originating from 19 African countries and isolated between 1979 and 2017, here we show a thorough scaled appraisal of the population structure of iNTS disease caused by *S. Typhimurium* across many of Africa's most impacted countries. At least six invasive *S. Typhimurium* clades have already emerged, with ST313 lineage 2 or ST313-L2 driving the current pandemic. ST313-L2 likely emerged in the Democratic Republic of Congo around 1980 and further spread in the mid 1990s. We observed plasmid-borne as well as chromosomally encoded fluoroquinolone resistance underlying emergences of extensive-drug and pan-drug resistance. Our work provides an overview of the evolution of invasive *S. Typhimurium* disease, and can be exploited to target control measures.

CONTACT

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

QUESTIONS, REMARQUES OU
PLUS D'INFORMATIONS:

WWW.SCIENSANO.BE

Sciensano • Rue Juliette Wytsman 14 • 1050 Bruxelles • Belgique • T + 32 2 642 51 11 • T pers + 32 2 642 54 20 • info@sciensano.be
• **www.sciensano.be**

Editeur responsable : Myriam Sneyers, Directeur général • Rue Juliette Wytsman 14 • 1050 Bruxelles • Belgique •