

CENTRE NATIONAL DE RÉFÉRENCE SHIGELLA

Rapport annuel 2020

Sciensano
Maladies infectieuses humaines - Maladies bactériennes
CNR Salmonella & Shigella

Juin 2021 • Bruxelles • Belgique

MATTHEUS, WESLEY

•
CEYSSENS, PIETER-JAN

•
VANDEN 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



Veillez citer comme suit: Centre National de Référence pour Salmonella en Shigella, 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

- Le CNR a identifié 115 souches uniques de Shigella l'an dernier, une **baisse spectaculaire de 72,9%** par rapport à 2019. Étonnamment, cette baisse n'est pas proportionnelle entre les différents sérotypes. En 2020, le nombre de *S. sonnei* est passé d'une moyenne de 288 (2015-2019) à seulement 52, soit une réduction de 84 % par rapport à l'année dernière. En outre, le nombre de souches de *S. boydii*, généralement associées aux voyages en Inde, est passé d'une moyenne de 14 au cours des 5 dernières années à seulement 2 (-85 %) en 2020.

Assez remarquablement, **les nombres de *S. flexneri* ont diminué moins fortement**. Par rapport aux 5 dernières années, il n'y a eu qu'une baisse de 24,4% du nombre de souches, représentant 51,3% de toutes les Shigelloses en Belgique. L'augmentation la plus frappante, également en nombre absolu, peut être trouvée chez *S. flexneri* 1b avec une augmentation de n=11 (2,6%) en 2019 à n=14 (12,1%) en 2020. L'explication de cette observation réside probablement en partie dans le caractère lié au voyage, et en partie dans la transmission sexuelle de *S. sonnei*. Les deux aspects ont été considérablement réduits par les mesures de Covid-19.
- Contrairement aux années précédentes, aucun foyer de Shigellose n'a été identifié dans les grandes villes (Bruxelles, Anvers et Gand) en 2020 et il n'y a eu aucun foyer de Shigella spp. perceptible pendant cette période.
- En 2020, seuls 5 cas (4,3%) ont été signalés comme liés aux voyages, une forte baisse par rapport aux 71 cas (16,8%) en 2020. Évidemment, cela est directement lié aux restrictions de voyage imposées dans le contexte de la pandémie Covid-19.
- Contrairement à la légère baisse de 2019, nous avons à nouveau observé une augmentation globale de la résistance à l'azithromycine (34,2% avec CMI >8 mg/L) et aux fluoroquinolones (29,8%, contre 23,9% en 2019). Avec ces résultats, il convient bien sûr de souligner que les comparaisons avec les années précédentes sont difficiles en raison du rapport modifié entre *S. sonnei* et *S. flexneri*.
- En 2020, 11 isolats (14 %) ont été identifiés avec une sensibilité réduite aux antibiotiques indicateurs pour la production d' BLSE céfotaxime et/ou ceftazidime, ce qui représente une légère diminution par rapport à 2019 mais significativement plus élevée que la dernière décennie. A l'exception d'une souche de *S. dysenteriae*, tous ces producteurs d' ESBL appartiennent à l'espèce *S. sonnei*. Compte tenu des faibles nombres absolus de *S. sonnei* en 2020, le pourcentage de producteurs de ESBL au sein de ce sérotype s'élève à 21,1%, le nombre le plus élevé jamais enregistré. L'analyse génétique a montré que les gènes de type bla_{CTX-M-1} sont les plus répandus.
- Il n'y avait pas ou pratiquement pas d'insensibilité à la colistine, à la gentamycine et aux carbapénèmes
- Le CNR a publié un article évalué par des pairs en 2020.

TABLE DES MATIERES

CONTENU

● 1. INTRODUCTION	6
1.1. Objectif	6
1.2. Qualité	6
● 2. METHODOLOGIE	7
2.1 Définitions	7
2.2 Collections des souches et métadonnées	7
2.3 Taxonomie	7
2.4 flux de travail du CNR	7
2.5 Résistance aux antibiotiques	8
2.6 Séquençage du génome entier	8
● 3. RESULTATS	9
3.1 Collection de souches: nombre & origine	9
3.3. Distribution des ESPECES Et sérovars	9
3.4. Répartition géographique	10
3.5. Infections liées au voyage	10
3.6. Résistance aux antibiotiques	11
● 4. RESEARCH & DEVELOPMENT (ENG)	13
4.1 Peer-reviewed publications (2020)	13

1. INTRODUCTION

1.1. OBJECTIF

La tâche la plus importante du Centre national de référence (CNR) pour *Shigella* (CNRS) consiste à assurer la surveillance épidémiologique des infections humaines à *Shigella*. Le but de cette surveillance est de détecter les épidémies le plus rapidement possible, ainsi que leur origine et, à long terme, d'évaluer les tendances spatiales et temporelles de l'évolution de ces deux germes. Les cas spécifiques tels que les souches multirésistantes ou invasives font l'objet d'une recherche par séquençage du génome entier (Whole Genome Sequencing : WGS). Le CNRS surveille également la sensibilité aux antibiotiques des germes isolés.

Quand une épidémie est suspectée, le CNR averti les inspecteurs régionaux (AVIQ, Zorg & Gezondheid) pour lancer une enquête chez les patients. Ce suivi permet de contrôler les épidémies, de définir des mesures préventives et d'évaluer les mesures prises en faveur de la santé publique.

Toutes ces missions sont effectuées en collaboration avec le programme «Maladies infectieuses dans la population générale» de Sciensano, qui reçoit une liste mensuelle du CNRS des infections confirmées chez l'homme par *Shigella*. Ces données sont ensuite transférées vers le système national de surveillance EpiStat et transmises annuellement au réseau européen des zoonoses et des maladies d'origine alimentaire et hydrique (une organisation pour les infections entériques du Centre Européen de Prévention et de Contrôle des maladies, ECDC). Les données épidémiologiques peuvent être consultées, avec un accès limité, sur la base de données Sciensano par les inspecteurs sanitaires des communautés au <https://nrchm.wiv-isp.be/nl/default.aspx>.

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 shigellose est définie comme une infection humaine pour laquelle *Shigella* est isolé.

2.2 COLLECTIONS DES SOUCHES ET MÉTADONNÉES

Tout isolement de souches de *Shigella* provenant de laboratoires cliniques est envoyé au CNRS 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.

À la réception, chaque échantillon se voit attribuer un numéro unique, sous la forme S20BD0000x, et les métadonnées enregistrées sont entrées numériquement dans le système STARLIMS. L'échantillon est conservé après analyse dans 20% de glycérol à -80°C.

En Flandre, les shigelloses sont signalées aux inspecteurs de la santé via le CNRS, contrairement à la Wallonie et à Bruxelles.

2.3 TAXONOMIE

Le genre *Shigella* appartient à la famille des *Enterobacteriaceae* et comprend quatre espèces: *S. dysenteriae*, *S. flexneri*, *S. boydii* et *S. sonnei*. L'identification de ces 4 espèces est basée sur les propriétés biochimiques et les caractéristiques antigéniques.

Chaque espèce est subdivisée en sérovars sur la base d'un facteur O caractéristique; ces sérovars sont indiqués par des chiffres arabes (parfois suivis d'une lettre ou simplement d'une lettre dans certaines variantes de *S. flexneri*).

2.4 FLUX DE TRAVAIL DU CNR

Le flux de travail du CNR *Shigella* est donné dans Figure 1. Après purification de la souche avec agar XLD, Le sérotype d'une *Shigella* est également déterminé sur la base d'antigènes O somatiques (Denka Seiken CO, UK) en utilisant le Triple Sugar Iron Agar (TSI, Biotrading, NL). Des

tests biochimiques supplémentaires sont aussi effectués pour confirmer l'identification et différencier les différentes espèces et variétés.

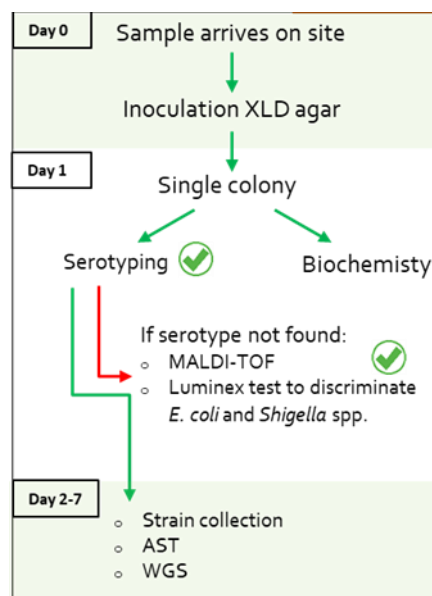


Figure 1. Flux de travail au CNR *Shigella*, 2020.

Afin de distinguer *Shigella* spp. et *E. coli* entéroinvasive, le CNR a développé un test multiplex basé sur des billes Luminex xTAG (Figure 2) en 2019, dans lequel des marqueurs génétiques spécifiques sont étudiés et qui permettent de faire cette distinction. Cette méthode est également capable de distinguer les sérotypes Sonnei et Flexneri.

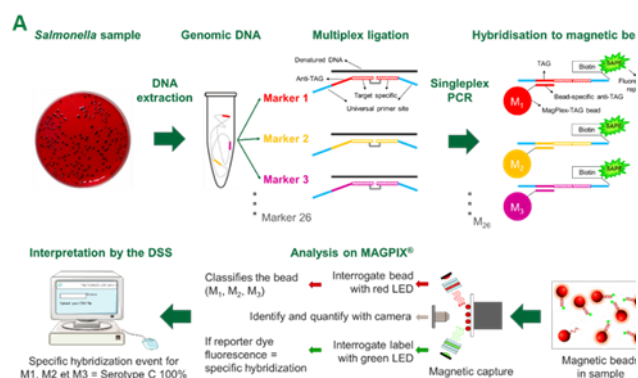


Figure 2. Représentation schématique du Luminex à base de multiplex. Pour une représentation exacte des sondes et des cibles nous renvoyons à Ventola *et al*¹

¹ Ventola E, et al. Microbiologyopen. 2019 Aug;8(8):e00807.

2.5 RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES

Le CNR teste la sensibilité aux antibiotiques des tous les souches de *Shigella* réceptionnées.

Depuis 2017, l'antibiogramme est établi par microdilution en bouillon (Sensititre™, Thermo Fisher), la valeur de la concentration minimale inhibitrice (CMI) étant déterminée pour chaque antibiotique. Les valeurs de CMI sont interprétées conformément aux recommandations d'EUCAST, tandis que la norme CLSI est respectée en l'absence de paramètres (Institut de normalisation des laboratoires).

Dans le présent rapport, la multirésistance aux médicaments est définie comme résistant à plus de trois classes d'antibiotiques.

Table 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
AZYTHROMYCINE	AZI	2-64	ND*
CEFOTAXIME	FOT	0.25-4	1.0
CEFTAZIDIME	TAZ	0.5-8	1.0
CHLORAMPHENICOL	CHL	8-64	8.0
CIPROFLOXACINE	CIP	0.015-8	0.06/0.25
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	256
TETRACYCLINE	TET	2-64	4.0
TIGECYCLINE	TGC	0.25-8	ND
TRIMETHOPRIM	TMP	0.5-16	4.0

* Pour l'interprétation de la CMI de l'azithromycine, nous utilisons les valeurs ECOFF valides dans cet article : type non sauvage pour CMI ≥ 16 µg/ml (*S. flexneri*) et CMI ≥ 32 µg/ml (*S. sonnei*).

2.6 SÉQUENÇAGE DU GÉNOME ENTIER

Dans certains cas, tels que les épidémies nationales ou internationales, les souches sont ensuite examinées à l'aide du séquençage de nouvelle génération (NGS). Dans ce cas, l'ADN génomique est extrait avec le kit MgC Bacterial DNA Kit™ avec un volume d'élution de 200 µl (Atrida, NL), conformément aux instructions du fabricant. Les banques de séquençage sont créées 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 250-bp paired-end (chimie MiSeq v3), conformément aux instructions du fabricant. Une description détaillée du flux de travail *in silico* pour *Shigella* est décrite dans Bogaerts B., *et al.* (2021) *Microorganisms*.²

² Bogaerts B, et al. *Microorganisms*. 2021 Apr 6;9(4):767.

3. RESULTATS

3.1 COLLECTION DE SOUCHES: NOMBRE & ORIGINE

L'année dernière, le CNR a typé 173 isolats pour 71 laboratoires. En 2020, le CNR a identifié 115 souches cliniques de *Shigella* appartenant à des patients uniques, **une baisse spectaculaire de 72,9%** par rapport à 2019 (Figure 3). Comme le montre la figure 3, depuis le début du premier confinement (avril 2020) en raison de la crise du COVID-19, une forte diminution du nombre de Shigelloses a été observée, et le pic traditionnel de l'automne ne s'est pas non plus matérialisé. Étant donné que les Shigelloses sont souvent associées à des infections liées aux voyages, cette forte baisse est très probablement le résultat direct des restrictions de voyage qui ont été introduites.

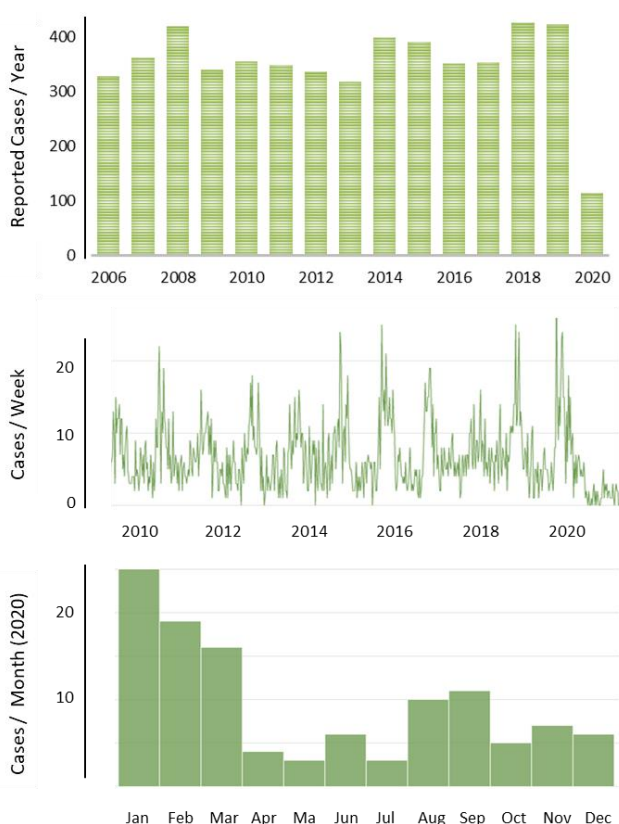


Figure 3. Haut. Le nombre total de *Shigella* spp. confirmés examinés au CNR, affichés par an pour la période 2006-2020. Bas. Vue d'ensemble hebdomadaire et mensuelle des Shigelloses sur la période 2010-2020 et 2020, resp., avec un pic annuel à l'automne. Source: <https://www.wiv-isp.be/Epidemio/epistat/statistics.aspx>.

Parmi toutes les 173 souches envoyées comme *Shigella*, des réactions biochimiques et moléculaires (Kligler-Hajna, uréase, MALDI-TOF, Luminex1) et/ou l'absence

d'agglutination dans le sérotypage ont montré que 30% n'appartenaient pas à *Shigella* spp, une forte augmentation par rapport aux 17% de 2019. Une méthode multiplex récemment mise au point (Section 4) a déterminé que la grande majorité de ces souches étaient des souches d'*E. coli* non entéro-invasives.

Toutes les souches confirmées de *Shigella* (115/115) ont été isolées des fèces.

3.2 RÉPARTITION EN FONCTION DES ÂGES ET DU SEXE

Comme en 2019, la plus forte incidence de shigelloses a été observée chez les hommes âgés de 25 à 54 ans (Figure 4). En 2020, il y a eu une augmentation marquée de la proportion d'échantillons provenant de patients de sexe masculin (ratio H/F de 2,23). En comparaison, en 2018 et 2019, ce ratio n'était que de 1,57 et 1,31, respectivement. Assez remarquablement, et contrairement aux années précédentes, ce rapport H/F élevé est également perceptible chez les enfants de moins de 10 ans.

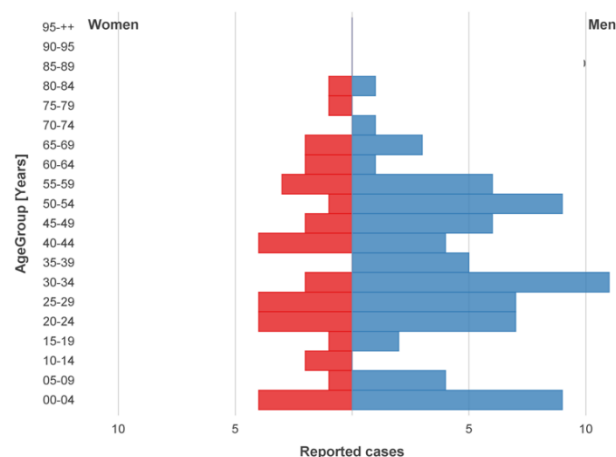


Figure 5. Pyramide des âges générée pour les infections confirmées à *Shigella*, période 2020.

3.3. DISTRIBUTION DES ESPÈCES ET SÉROVARS

Comme illustré dans la figure 5 et table 3, la distribution des sérotypes de *Shigella* était particulièrement stable en Belgique depuis plus de deux décennies. En 2020, cependant, le nombre de *S. sonnei* est passé d'une moyenne de 288 (2015-2019) à seulement 52, soit une **réduction de 84%** par rapport à l'année dernière. L'explication réside probablement en partie dans la nature liée aux voyages et en partie dans la transmission sexuelle de *S. sonnei*. Les deux aspects ont été considérablement

réduits par les mesures de Covid-19. En outre, le nombre de souches de *S. boydii*, généralement associées aux voyages en Inde, est passé d'une moyenne de 14 au cours des 5 dernières années à seulement 2 (-85 %) en 2020. Au cours des mois de septembre et octobre, 2 *S. dysenteriae* ont été isolées, ce qui correspond à un nombre stable par rapport aux années précédentes.

Remarquablement, le nombre de *S. flexneri* a diminué moins fortement. Par rapport aux 5 dernières années, il n'y a eu qu'une baisse de 24,4% du nombre de souches, représentant 51,3% de toutes les Shigelloses en Belgique. La prévalence de tous les sérotypes Flexneri augmente proportionnellement, l'exemple étant *S. flexneri* 2a (15,6%, contre 7,5% en 2019). L'augmentation la plus frappante, également en nombre absolu, peut être trouvée chez *S. flexneri* 1b avec une augmentation de n=11 (2,6%) en 2019 à n=14 (12,1%) en 2020.

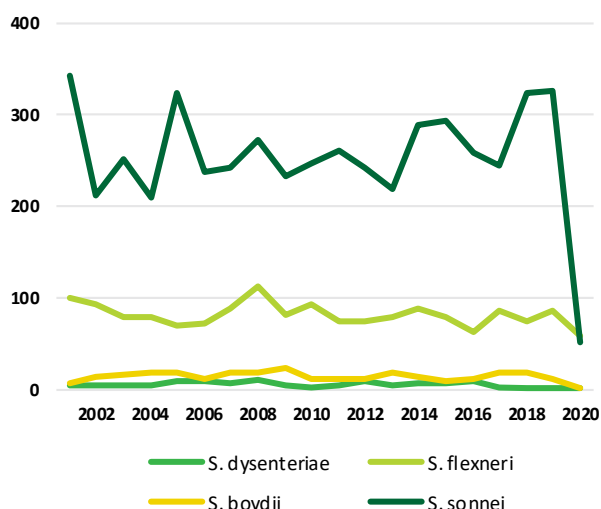


Figure 5. Evolution du nombre absolu de souches de *Shigella* uniques analysées au CNR, 2002-2020.

Table 3. Aperçu des différents sérotypes identifiés, période 2019-2020.

Serotype	2019		2020		
	N	%	N	%	
<i>S. sonnei</i>	326	76.5	52	45.2	
<i>S. flexneri</i>	2a	32	7.5	18	15.6
	1b	11	2.6	14	12.1
	3a	11	2.6	7	6.1
	3b	10	2.3	5	4.3
	4	7	1.6	4	3.5
	Y	1	0.2	3	2.6
	1A	2	0.5	2	1.7
	1	0	0.0	1	0.9
	7	0	0.0	1	0.9
	2b	4	0.9	1	0.9
6	5	1.2	0	0.0	
4a	1	0.2	1	0.9	

x	1	0.2	0	0.0	
UNK	2	0.5	1	0.9	
<i>S. boydii</i>	2	4	0.9	2	1.7
	UNK	3	0.7	0	0.0
	12	2	0.5	0	0.0
	10	1	0.2	0	0.0
	5	1	0.2	0	0.0
<i>S. dysenteriae</i>	1	0	0.0	1	0.9
	7	2	0.5	1	0.9

3.4. RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE

La figure 6 présente un aperçu de la répartition géographique des Shigelloses humaines. En 2020, la majorité des souches (61.7%) provenaient de Flandre; les patients wallons et bruxellois portaient respectivement 17.4% et 16.5% des souches. Pour 5 souches (4,3%) il n'y avait aucune information sur l'origine. Cette répartition entre les régions est très similaire par rapport aux années précédentes.

Contrairement aux années précédentes, aucun foyer de Shigellose n'a été identifié dans les grandes villes (Bruxelles, Anvers et Gand) en 2020 et il n'y a eu aucun foyer de *Shigella* spp. notable pendant cette période (Figure 6). En raison du petit nombre d'échantillons, les incidences les plus élevées ont été mesurées dans les petits quartiers de Tiel (3,3 cas/105 habitants) et Huy (2,7 cas/105).

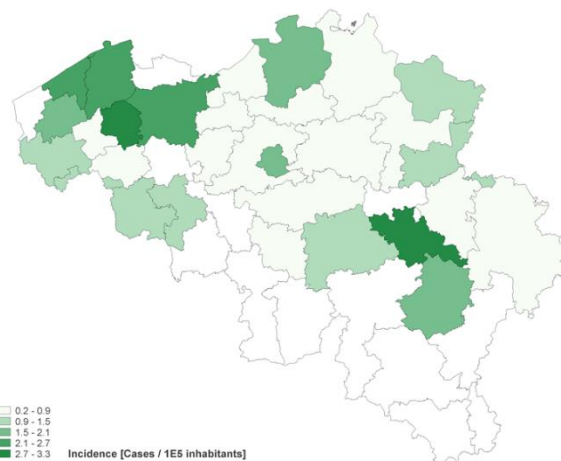


Figure 6. Incidence du nombre total d'infections humaines à *Shigella* par arrondissement, sur la base du nombre de cas confirmés par le CNRSS. Indiqué pour 100 000 habitants, période 2020. Source: <https://www.wiv-isp.be/Epidemio/epistat/statistics.aspx>.

3.5. INFECTIONS LIÉES AU VOYAGE

En 2020, il n'y avait que 5 cas (4.3%) qui étaient liés à des voyages, une forte baisse par rapport aux 71 cas (16,8%) en

2020. Bien entendu, cela est directement lié aux restrictions de déplacements imposées dans le cadre de la pandémie de Covid-19. La table 4 présente un aperçu de tous les cas liés à un voyage.

Table 4. Souches de *Shigella* liées à un récent séjour à l'étranger, 2020.

	Sérotype	N
Burkina Faso	<i>S. flexneri</i> 4a	1
Côte d'Ivoire	<i>S. flexneri</i>	1
	<i>S. flexneri</i> 4	1
Ghana	<i>S. flexneri</i> 1b	1
Portugal	<i>S. flexneri</i> 1b	1

3.6. RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES

Le traitement de la shigellose consiste en une réhydratation et un traitement antibiotique. Les antibiotiques assurent généralement une guérison rapide sans séquelles. À l'origine, un grand nombre d'antibiotiques pourraient être utilisés efficacement pour le traitement de la shigellose. En pratique, toutefois, le spectre d'antibiotiques utilisables diminue d'année en année en raison d'une augmentation de la résistance aux antibiotiques. Les antibiotiques tétracycline, ampicilline et co-trimoxazole qui ont été utilisés comme premier choix dans les années 1990 ne sont plus efficaces à l'heure actuelle.

Actuellement, les antibiotiques recommandés pour le traitement de la shigellose sont similaires à ceux de la salmonellose, à savoir la ciprofloxacine (500 mg), la ceftriaxone (1g IV) ou l'azithromycine. Cependant, une résistance croissante dans le monde entier à la ciprofloxacine et à l'azithromycine a été rapportée récemment, principalement chez *S. sonnei* et *S. flexneri* de sérotype 3a, respectivement. En conséquence, une surveillance constante de la résistance aux antibiotiques est nécessaire au niveau national. Cette surveillance a été effectuée occasionnellement dans le passé, mais depuis 2004, le CNRS surveille in *real time* la sensibilité aux antimicrobiens des souches isolées.

Depuis 2017, le CNR a adopté la méthode de microdilution en bouillon avec les mêmes plaques Sensititre™ que celles décrites pour *Salmonella* (tableau 2). Grâce à cette méthode, l'antibiogramme a été déterminé pour tous les isolats uniques et confirmés de *Shigella*. Les tendances générales sont représentées dans les figure 7 et table 5.

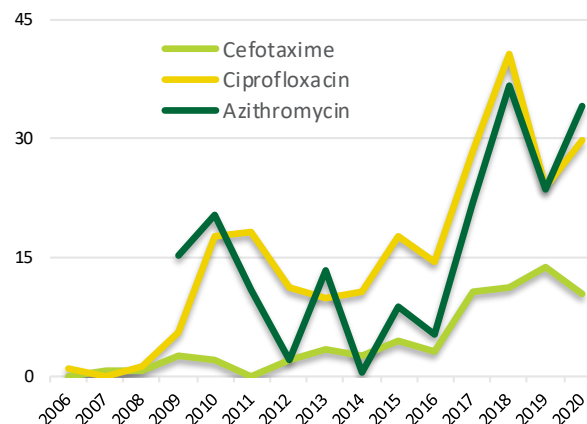


Figure 7. Evolution de la résistance (%) de *Shigella* spp. contre trois antibiotiques cliniquement importants, 2006-2020.

Table 5. Résistance globale (%) de *Shigella* spp. en Belgique, période 2018-2020.

Class	Antibiotic	2018	2019	2020
<i>B-lactams</i>	AMPICILLINE	64.0	52.5	72.8
	CEFOTAXIME	12.1	13.8	10.5
	CEFTAZIDIME	9.1	10.7	9.6
	MEROPENEM	0.0	0.0	0.0
	ERTAPENEM	0.0	0.0	0.0
<i>Protein synthesis inhibitors</i>	CHLORAMPHENICOL	17.6	16.2	46.4
	GENTAMICINE	7.4	1.0	1.7
	TETRACYCLINE	84.5	75.9	84.2
	TIGECYCLINE	-	-	-
	AZYTHROMYCINE	36.7	23.6	34.2
<i>Gyrase inhibitors</i>	CIPROFLOXACINE	41.5	23.9	29.8
<i>Cell wall inhibitor</i>	COLISTINE	1.4	0.0	0.0
<i>Folate Synthesis</i>	SULFA-METHOXAZOLE	80.7	73.7	68.4
	TRIMETHOPRIM	90.3	90.5	78.1

Le fort pic de résistance à l'AZM et au CIP (2018) était lié à une forte augmentation des souches à haute résistance dans la population masculine homosexuelle (Figure 8). Nous renvoyons le lecteur intéressé à la publication de Fisher *et al.*, 2021 (under review).

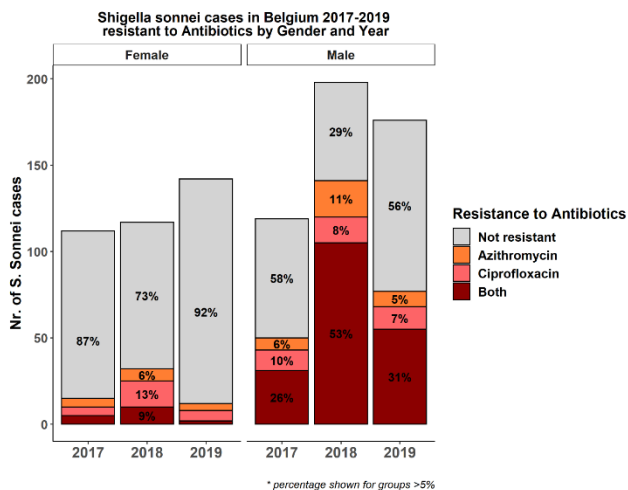


Figure 8. Répartition de la résistance de *Shigella sonnei* par sexe et par année, 2017-2019. La résistance aux antibiotiques est indiquée pour l'AZM (orange), CIP (violet) et aux deux (rouge).

Contrairement à la légère baisse de 2019, nous avons à nouveau observé une augmentation globale de la résistance à l'azythromycine (34,2% avec CMI>8mg/L) et aux fluoroquinolones (29,8%, contre 23,9% en 2019).

En 2020, 22,8% de toutes les souches étaient hautement résistantes (CMI≥8µg/ml) à la ciprofloxacine. Une résistance élevée au CIP est principalement observée chez les sérotypes *S. sonnei* et *S. flexneri* 2a (Figure 9). Le pourcentage le plus élevé d'AZM se trouve chez *S. flexneri* 3a/b (83,3%, Figure 9).

Cette tendance s'est également traduite par une augmentation du nombre de souches MDR, ici définies comme résistance à plus de 3 classes d'antibiotiques. Ce groupe est passé de 29,8% à 49,1%, le ramenant au niveau de 2018. A titre de comparaison, en 2016, le nombre de souches MDR *Shigella* n'était que de 13,1%.

Avec tous ces résultats, il faut bien sûr souligner que les comparaisons avec les années précédentes sont difficiles en raison du rapport modifié entre *S. sonnei* et *S. flexneri*. Par exemple, l'augmentation marquée de la résistance au chloramphénicol (16,2 à 46,4%) est presque entièrement causée par des niveaux de résistance élevés chez *S. flexneri*.

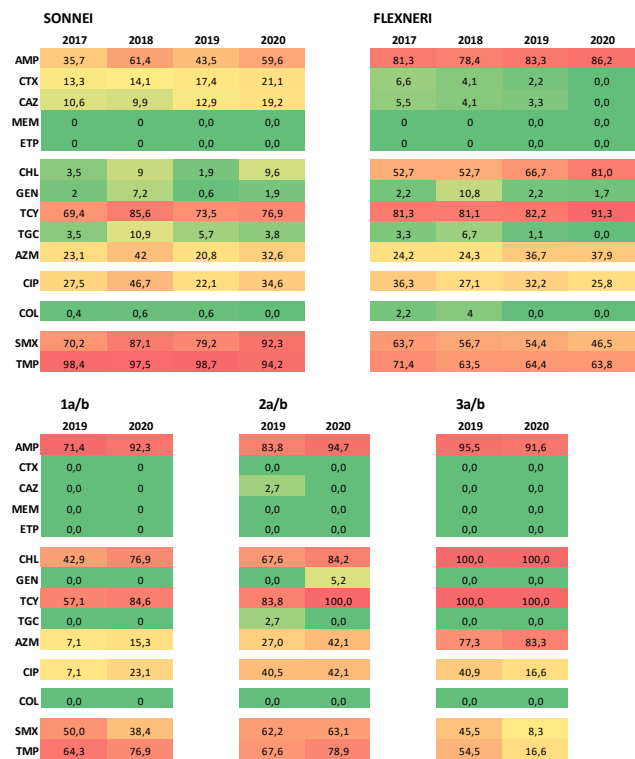


Figure 19. Carte thermique spécifique par sérovar (n>5) pour la résistance aux antibiotiques(%). Les cut-offs pour l'azythromycine et tigecycline sont mis à 8 µg/ml and 1 µg/ml

En 2020, 11 (14%) des isolats ont été identifiés avec une sensibilité réduite aux antibiotiques indicateurs que sont le céfotaxime et/ou la ceftazidime, ce qui représente une légère diminution par rapport à 2019, mais une hausse significative par rapport à la dernière décennie. A l'exception d'une souche de *S. dysenteriae*, tous ces producteurs de ESBL appartiennent à l'espèce *S. sonnei*. Compte tenu des faibles nombres absolus de *S. sonnei* en 2020, le pourcentage de producteurs de ESBL au sein de ce sérotype s'élève à 21,1%, le nombre le plus élevé jamais enregistré.

Dans 11/11 cas, la présence de *Shigella* spp. produisant l'ESBL a été confirmée. D'autres recherches génétiques ont montré que les gènes de type bla_{CTX-M-1} étaient les plus répandus, à savoir bla_{CTX-M-88} (n=5), bla_{CTX-M-66} (n=1) et bla_{CTX-M-69} (n=1). L'autre gène identifié était bla_{CTX-M-14} (n=4).

Il n'y avait pas ou pratiquement pas d'insensibilité à la colistine, à la gentamycine et aux carbapénèmes.

4. Research & Development (ENG)

-

4.1 PEER-REVIEWED PUBLICATIONS (2020)

Outbreak of Central American born *Shigella sonnei* in two youth camps in Belgium in the summer of 2019.

Van den Bossche A, Ceyssens PJ, Denayer S, Hammami N, van den Beld M, Dallman TJ, Mattheus W.
Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2021 Feb 11. doi: 10.1007/s10096-021-04164-y.

ABSTRACT.

In 2019, an outbreak of *Shigella sonnei* occurred during two youth camps in Belgium. The clustering of isolates from both camps was confirmed by next-generation sequencing, as well as a secondary infection of a technician. The outbreak strain clustered with internationally isolated strains from patients with recent travel history to Central America. This report exemplifies enhanced surveillance and international collaboration between public health institutes by enabling to link local outbreaks to region-specific sublineages circulating abroad.

CONTACT

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

- QUESTIONS, REMARQUES OU PLUS D'INFORMATIONS:

WWW.SCIENSANO.BE