

Antimicrobiële resistentie bij commensale *E. coli*,
Campylobacter spp. en *Salmonella* spp. geïsoleerd uit
karkassen en vlees van gevogelte, runds- en varkensvlees in
2013 in België.

Verslag 2013

Operationele directie
Overdraagbare en besmettelijke ziekten
Wetenschappelijke dienst
Voedselpathogenen

Juliette Wytsmanstraat 14
1050 Brussel | België

www.wiv-isp.be



Antimicrobiële resistentie bij commensale *E. coli*, *Campylobacter* spp. en *Salmonella* spp. geïsoleerd uit karkassen en vlees van gevogelte, runds- en varkensvlees _Verslag 2013

Wetenschappelijke dienst Voedselpathogenen |

Oktober 2014 | Brussel, België

Verantwoordelijke uitgever : Dr Johan Peeters, Directeur-generaal | J. Wytsmanstraat 14 | 1050 Brussel

Intern referentienr. :

Depotnr. : D/2014/2505/58

Auteurs : C. Garcia-Graells, N. Botteldoorn, K. Dierick



1. Inleiding.....	4
2. Materiaal en methoden.....	4
3. Resultaten	6
3.1. <i>Campylobacter</i>	6
3.1.1. Antimicrobiële resistentie van <i>Campylobacter</i> geïsoleerd uit vlees van gevogelte.	6
3.1.2. Resistentie tegen antimicrobiële middelen van <i>Campylobacter</i> geïsoleerd uit varkensvlees.....	8
3.2. <i>Salmonella</i>	10
3.2.1. Antimicrobiële resistentie bij <i>Salmonella</i> spp. geïsoleerd uit gevogelte	11
3.2.2 Antimicrobiële resistentie bij <i>Salmonella</i> spp. in varkensvlees	14
3.2.3 Antimicrobiële resistentie bij <i>Salmonella</i> spp. geïsoleerd uit andere matrices	17
3.3. Commensale β -lactamase-producerende <i>E. coli</i>	17
3.3.1 Inleiding	17
3.3.2 Telling van ESBL/AmpC-producerende <i>E. coli</i> in gevogelte.....	17
3.3.2.1 Tellen van <i>E. coli</i>	18
3.3.2.2 . Genotypische karakterisatie van <i>E. coli</i> die bevestigd zijn als producenten van β -lactamase.....	18
3.3.2.3. Resultaten	18
3.3.3. Detectie van ESBL/AmpC-producerende <i>E.coli</i> varkensvlees, rundsvlees en kalfsvlees	20
3.3.3.1. Detectie van ESBL-producerende <i>E.coli</i> in varkensvlees, rundsvlees en kalfsvlees	20
3.3.3.2. Bevestiging van ESBL-producerende <i>E.coli</i> in varkensvlees, rundsvlees en kalfsvlees	21
4. Referenties	22
5. Lijst van tabellen.....	22
6. Lijst met figuren	23



1. Inleiding

Antimicrobiële resistentie (AMR) is de resistentie van een micro-organisme voor een antimicrobieel geneesmiddel waarvoor het tot dan toe gevoelig was. Het gaat dus om verworven antimicrobiële resistentie in tegenstelling tot de natuurlijke ongevoeligheid van bepaalde bacteriën tegen sommige antimicrobiële middelen.

Het opduiken van resistente stammen is een natuurlijk fenomeen dat zich voordoet wanneer er een fout gebeurt bij de vermenigvuldiging van micro-organismen of wanneer resistentiekenmerken worden uitgewisseld tussen bepaalde bacteriën. Het gebruik van antimicrobiële middelen versnelt het opduiken van resistente stammen.

Verkeerde behandeling van infecties, middelmatige sanitaire omstandigheden en onaangepaste praktijken bij de manipulatie van voeding begunstigen de verspreiding van de resistentie tegen antimicrobiële middelen.

De resistentie tegen antimicrobiële middelen is een ernstig en toenemend probleem in de menselijke en diergeneeskunde. Het brengt de efficiënte behandeling van een groeiend aantal infecties veroorzaakt door bacteriën, parasieten, virussen en schimmels in gevaar.

Dit geeft aanleiding tot therapiefalen en verhoogt de morbiditeit en mortaliteit, zowel bij mensen als bij dieren. Wanneer de infecties resistent worden tegen een eerste lijn geneesmiddel moeten duurdere behandelingen worden gebruikt. Een langere ziekte- en behandelingsduur, vaak in het kader van een hospitalisatie, verhoogt ook de gezondheidskosten en de financiële last voor de gezinnen en de maatschappij.

In het kader van het gemengde programma FAO/WGO over voedingsnormen werd benadrukt dat de antimicrobiële resistentie van alimentaire oorsprong een grote bezorgdheid is voor de mondiale volksgezondheid en de sanitaire voedselveiligheid.

Een resistente bacterie kan zich via verschillende wegen verspreiden. Wanneer een antimicrobiële resistentie opduikt onder zoönotische bacteriën bij dieren of in de voeding kan dit ook de efficiënte behandeling van besmettelijke ziekten bij de mens in gevaar brengen.

De EU heeft de surveillance modaliteiten betreffende AMR vastgelegd. De surveillance activiteiten moeten betrekking hebben op volgende bacteriën : *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni* en *Campylobacter coli* en de commensale indicatorbacterie *Escherichia coli*.

2. Materiaal en methoden

De EU specificeert dat de surveillance moet gebeuren uitgaande van biologische monsters of isolaten genomen in het kader van reeds bestaande nationale controleprogramma's. Bijgevolg werden isolaten van *Salmonella* en *Campylobacter* verkregen in het kader van toezichts- en controleprogramma's overeenkomstig de richtlijn nr. 2003/99/EC omgezet in nationaal recht door het KB van 22/5/2005 zodat tendensen, resistentiegraad, opsporing van opduikende resistentie en risico op overdracht kunnen worden geëvalueerd. Alle stammen van *Salmonella* en *Campylobacter* die werden geïsoleerd in de loop van toezichtsprogramma's van het Federaal Agentschap voor de Veiligheid van de Voedselketen (FAVV) werden verzonden naar het nationaal referentielaboratorium in het WIV om de gevoeligheid voor antimicrobiële middelen te bepalen. Om de antimicrobiële resistentie te bepalen werd de minimale inhiberende concentratie (MIC) bepaald volgens de microdilutiemethode (ISO 20776-1). De panels EUMVS2 en EUCAMP van Sensititre® werden gebruikt voor *respectievelijk Salmonella* en *Campylobacter*. De gebruikte antibiotica en interpretatiedrempels worden opgesomd in **tabellen 1 en 2**.



Tabel 1 : *Salmonella* spp.: Panel van antimicrobiële stoffen opgenomen in het toezicht van AMR, resistentiedrempels volgens EUCAST

Antimicrobieel middel	Afkorting	ECOFF* (R> mg/l)
Ampicilline	Amp	8
Cefotaxime	Fot	0.5
Ceftazidime	Taz	2
Nalidixic acid	Nal	16
Ciprofloxacine	Cip	0.064
Tetracycline	Tet	8
Colistine	Col	2
Florfenicol	Ffn	16**
Gentamicine	Gen	2
Kanamycine	Kan	8**
Streptomycine	Str	32**
Trimethoprim	Tmp	2
Sulfamethoxazol	Smx	ND***
Chloramphenicol	Chl	16

*EUCAST Epidemiological cut-off values. Following the EU decision 2013/652 of 14.11.2013

** Interpretation was according to CLSI and using epidemiological cut-off values from EUCAST 2012.

*** ND cut-off R> 256mg/l according to EUCAST 2012

Tabel 2 : *Campylobacter*: Panel van antimicrobiële stoffen opgenomen in de surveillance van AMR, resistentiedrempels volgens EUCAST

Antimicrobieel middel	Interpretatiedrempels R>(mg/l)	
	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>
Chloramfenicol	16	16
Tetracycline	1	2
Nalidixinezuur	16	16
Ciprofloxacine	0.5	0.5
Erythromycine	4	8
Gentamicine	2	2
Streptomycine	4	4

De kwaliteitscontrole werd uitgevoerd met respectievelijk *Escherichia coli* ATCC 25922 en *Campylobacter* ATCC 33560. De interpretatie van de resultaten werd gedaan volgens de CLSI-normen, overeenkomstig de interpretatiedrempels.

Bepaling van de minimale inhiberende concentratie (MIC)

De gebruikte methode is conform aan de norm ISO 20776-1. De MIC is de laagste concentratie van een antibioticum (in mg / l) die de zichtbare groei van een micro-organisme *in vitro* verhindert in bepaalde omstandigheden en na een bepaalde incubatie.

Met de MIC kunnen isolaten worden gerangschikt als gevoelig of resistent. Een isolaat met een hogere MIC-waarde dan de resistentiedrempel wordt als resistent gerangschikt.



Definitie van multiresistentie

De term multiresistentie verwijst naar isolaten waarvan het fenotype een resistentie heeft verworven voor drie of meer families van antimicrobiële middelen. Resistentie tegen ciprofloxacine en nalidixinezuur betekent dus resistentie tegen één enkele familie van antimicrobiële middelen.

3. Resultaten

3.1. *Campylobacter*

In 2013 werd een totaal van 490 isolaten van *Campylobacter* ontvangen in het NRL. Hiervan werden 343 isolaten getest op hun gevoeligheid voor antimicrobiële middelen. Een aanzienlijk aantal isolaten groeide niet (n=33) en zeven stammen waren niet vergezeld van de noodzakelijke informatie (matrix van oorsprong, technische fiche). Bij 86 stammen kon het species niet worden geïdentificeerd en hun gevoeligheid voor antimicrobiële middelen werd niet getest. Voor een beperkt aantal stammen was het aflezen van de MIC niet mogelijk.

De resultaten van 2013 worden voorgesteld in **tabel 3**. De resistentie tegen ieder antimicrobieel middel wordt individueel weergegeven per matrix en per species. Er wordt vastgesteld dat de resistentie varieert volgens het *Campylobacter* species en de matrix. Voor isolaten afkomstig van vlees van gevogelte werd de hoogste resistentie bij *C. jejuni* en *C. coli* gedetecteerd voor tetracycline en quinolonen, terwijl voor *C. coli* geïsoleerd uit varkensvlees de hoogste resistentie werd gedetecteerd voor tetracycline en streptomycine, gevolgd door quinolonen. Een gedetailleerde beschrijving van de resistentie voor ieder van de matrices volgt in de volgende paragrafen.

Tabel 3 : Percentage resistente isolaten van *Campylobacter* bij karkassen en vlees van gevogelte en varkens

Antimicrobiële middelen	Gevogelte		Varken
	<i>C. jejuni</i> (n=233)	<i>C. coli</i> (n=56)	<i>C. coli</i> (n=54)
Chloramfenicol	0.8	0	1.8
Tetracycline	39	71	82
Ciprofloxacine	39	62	48
Nalidixinezuur	39	62	50
Gentamicine	0	0	0
Erythromycine	1.7	12	16
Streptomycine	1.7	14	60

3.1.1. Antimicrobiële resistentie van *Campylobacter* geïsoleerd uit vlees van gevogelte

In 2013 werden 289 stammen van *Campylobacter* geïsoleerd uit vlees en karkassen van pluimvee en getest op hun gevoeligheid voor antimicrobiële middelen. Eerst werd het species bepaald door PCR volgens de eerder beschreven methode [1]. Vervolgens werd de MIC bepaald. De evolutie van de resistentie bij *C. jejuni* en *C. coli* in gevogelte wordt geïllustreerd in respectievelijk **figuren 1** en **2**.

Globaal gezien was de resistentie tegen antibiotica hoger bij *C. coli* dan bij *C. jejuni* met slechts 17% (10 op 56) van de stammen van *C. coli* die gevoelig waren voor alle antibiotica (**tabel 4**), zoals in 2012 en 2011. Het aantal multiresistente stammen van *C. coli*, resistent voor 3 of meerdere families van antibiotica, daalde in vergelijking met 2012 (14.22% in 2013). Een hoge resistentie werd waargenomen voor tetracycline (71%), ciprofloxacine (62%) en nalidixinezuur (62%), met een lichte daling voor quinolonen in vergelijking met 2012 (71%).

Bij *C. jejuni* werd 43.77 % van de stammen gevoelig bevonden voor alle antibiotica getest in 2013 en slechts 1.28% van de stammen waren multiresistent (**tabel 5**). Hoewel de resistentie tegen



tetracycline en quinolonen hoog blijft, werd in 2013 een daling opgemerkt ten opzichte van 2012 voor tetracycline (39% vs 50%), ciprofloxacine (39% vs 45%) en nalidixinezuur (39% vs 44%).

Tabel 4 : Antimicrobiële resistentie bij *C. coli* in vlees van gevogelte

	n	%
Gevoelig	10	17.86
1	12	21.43
2	26	46.43
3	6	10.71
4	2	3.57
5	0	0.00

Tabel 5 : Antimicrobiële resistentie bij *C. jejuni* in vlees van gevogelte

	n	%
Gevoelig	102	43.77
1	72	30.90
2	56	24.03
3	3	1.28
4	0	0.00
5	0	0.00

De meest voorkomende combinaties van antimicrobiële resistentie bij *C. jejuni* in 2013 worden beschreven in **tabel 6**. Voor de resistentie tegen een enkel antibioticum domineerde tetracycline (33/233). Voor de combinatie van twee antibiotica kwamen de quinolonen Cip-Nal (32/233) het meest voor. De meest voorkomende resistentie tegen drie antibiotica was het fenotype Cip-Nal-Tet (52/233). Voor de drie stammen die een multiresistentie vertonen, werden volgende fenotypes gedetecteerd: Cip-Nal-Tet-Ery (2/233), Cip-Nal-Str-Tet (1/233)

Tabel 6 : De meest voorkomende combinaties van antimicrobiële resistentie bij *C. jejuni*

fenotypes	n	%
Tet	33	14.16
CipNal	32	13.73
CipNalTet	52	22.32
CipNalTetEry	2	0.86
CipNalStrTet	1	0.43

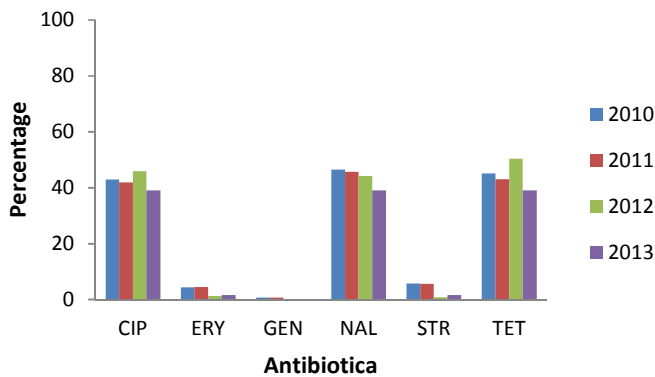
De meest voorkomende combinaties van antimicrobiële resistentie bij *C. coli* in 2013 wordt beschreven in **tabel 7**. De meest voorkomende resistentie was tegen de drie antibiotica Cip-Nal-Tet (23/56). Voor de stammen die een multiresistentie vertoonden, werden volgende fenotypes gedetecteerd Cip-Ery-Nal-Tet (2/56), Cip-Nal-Str-Tet (2/56) en Cip-Ery-Nal-Str-Tet (2/56).



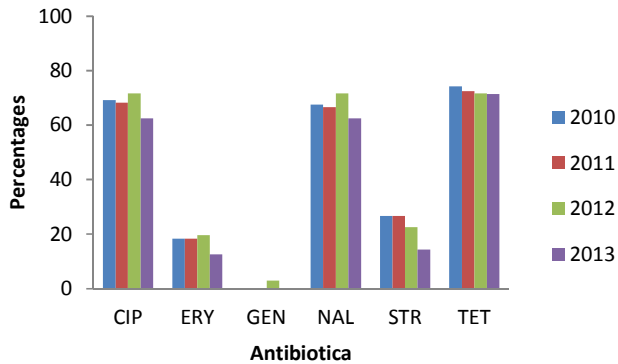
Tabel 7 : De meest voorkomende combinaties van antimicrobiële resistentie bij *C. coli*

Fenotypes	n	%
Tet	6	10.71
CipNal	6	10.71
CipNalTet	23	41.07
CipEryNalTet	2	3.57
CipNalStrTet	2	3.57
CipEryNalStrTet	2	3.57

De evolutie van de antimicrobiële resistentie voor de periode 2010-2013 wordt geïllustreerd in de volgende **figuren**.



Figuur 1. Evolutie van de resistentie van *C. jejuni* tegen antimicrobiële middelen bij gevogelte



Figuur 2. Evolutie van de resistentie van *C. coli* tegen antimicrobiële middelen bij gevogelte

3.1.2. Resistentie tegen antimicrobiële middelen van *Campylobacter* geïsoleerd uit varkensvlees

In totaal werden 54 isolaten van *Campylobacter* uit varkensvlees in België geanalyseerd in 2013 en ze behoorden allemaal tot de soort *C. coli*. De evolutie van de resistentie bij *C. coli* in varkensvlees wordt geïllustreerd in **figuur 3**. Het aantal isolaten dat gevoelig was voor alle antibiotica is zeer laag, namelijk 5.5 %. Net als in 2012 werd het hoogste niveau van resistentie gezien voor tetracycline (82%). De resistentie tegen streptomycine daalde (60%) in 2013 in vergelijking met de zeer hoge resistentie in de periode 2010-2012 (91-78%). De resistentie tegen de quinolonen ciprofloxacine en nalidixinezuur blijft stijgen zoals werd reeds opgemerkt tijdens de periode 2010-2012. De



multiresistentie, resistentie tegen drie of meerdere families van antibiotica bedraagt 33.34% in 2013 (Tabel 8).

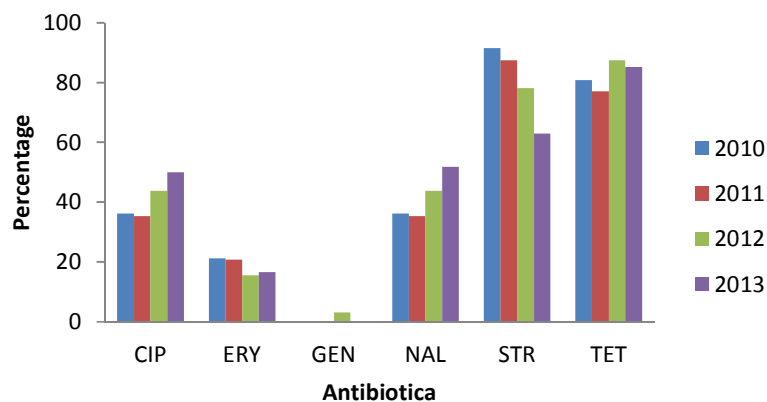
Tabel 8 : Resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *C. coli* geïsoleerd uit varkensvlees

	N	%
gevoelig	3	5.6
1	7	13.0
2	26	48.1
3	14	25.9
4	4	7.4
5	0	0.0

De meest voorkomende combinaties van antimicrobiële resistentie bij *C. coli* geïsoleerd uit varkensvlees in 2013 worden beschreven in tabel 9. De meest voorkomende resistentie voor twee antibiotica was Str-Tet (14/54), gevolgd door het fenotype Cip-Nal-Tet (8/54). Voor de stammen die multi-resistentie vertoonden, werden de volgende fenotypes gedetecteerd: Cip-Nal-Str-Tet (11/54), Cip-Ery-Nal-Str-Tet (3/54), Cip-Ery-Nal-Tet (2/54) en Ery-Nal-Str-Tet (1/54).

Tabel 9 : De meest voorkomende combinaties van antimicrobiële resistentie bij *C. coli*

fenotypes	n	%
StrTet	14	25.9
CipNalTet	8	14.8
CipNalStr	3	5.6
CipNalStrTet	11	20.4
EryNalStrTet	1	1.8
CipEryNalTet	2	3.7
CipEryNalStrTet	3	5.6



Figuur 3. Evolutie van de antimicrobiële resistentie bij *C. coli* geïsoleerd uit varkensvlees



3.2. *Salmonella*

In 2013 testte het NRL de antimicrobiële resistentie van 327 isolaten van *Salmonella* spp. Verschillende voedingsmatrices werden hiervoor bemonsterd, voornamelijk gevogelte (braadkippen en soepkippen, versneden vlees van kip en vleesbereidingen) en varken (karkassen en vleesbereidingen). *Salmonella* werd ook geïsoleerd uit andere matrices zoals kant-en-klare maaltijden, vleesproducten, kikkerbillen, puddings, vloeibare producten op basis van eieren, droge worst en ham. In dit verslag worden enkel de resultaten van gevogelte en varkens in detail besproken.

Sinds 2011 worden enkel de overheersende serotypes getest op hun antimicrobiële resistentie in de verschillende matrices.

In het algemeen verschilt het resistentieniveau dat de isolaten van *Salmonella* vertonen naargelang de antibioticaklasse. De resistentie wordt in tabel 10 weergegeven voor ieder antibioticum. In het algemeen blijft de resistentie in gevogelte tegen ampicilline, cefalosporines, chloramfenicol, gentamicine en tetracycline stabiel (gelijk aan vorige jaren).

Voor quinolonen, streptomycine en trimethoprim wordt daarentegen een grote stijging opgemerkt in de loop van de periode 2012-2013 voor beide diersoorten. Ook het vermelden waard is de verhoogde resistentie tegen kanamycine, die steeg van 1% naar 15% in 2013. Bij de isolaten uit varkensvlees wordt de hoogste resistentie waargenomen tegen sulfamethoxazol en ampicilline, gevolgd door streptomycine, tetracycline en trimethoprim. De resultaten per matrix worden hierna beschreven.

Tabel 10 : Percentage resistente isolaten van *Salmonella* bij gevogelte en varkens in 2013

Antimicrobiële middelen	Gevogelte	Varken
	(n=99)	(n=139)
Ampicilline	22.2	40
Cefotaxime	3.0	0
ceftazidime	3.0	0
Chloramfenicol	2.0	5.0
Ciprofloxacine	28.3	2.8
Colistine	15.0	0.7
Florfenicol	1.0	2.1
Gentamicine	0.0	0.7
Kanamycine	15.1	1.4
Nalidixinezuur	28.3	2.1
streptomycine	22.0	33.1
Sulfamethoxazole	30.3	44.6
Tetracycline	5.0	36.0
Trimethoprime	40.4	25.9

De distributie van serotypes varieert in functie van de matrix. De gedetailleerde verdeling wordt voorgesteld in tabel 11. Bij varkens is *Salmonella* Typhimurium het meest verspreide serotype (60 op 139, ofwel 43,16 %). Bij gevogelte domineert *S. Enteritidis* (46 op 99, ofwel 46,46%), gevolgd door *S. Paratyphi B* var Java (22 op 99, ofwel 22,22%) en door *S. Infantis* (10 op 99, ofwel 10,10%).



Tabel 11 : Procentuele verhouding van de *Salmonella* serotypes geïsoleerd uit vlees van gevogelte en varkensvlees

Serotypes	Gevogelte	Varken
	(n=99)	(n=139)
Typhimurium*	1	60
Derby	1	34
Enteritidis	46	0
Newport	0	0
Infantis	10	6
Agona	1	1
Brandenburg	1	11
Paratyphi B	15	0
Paratyphi B var Java	22	0
Mbandaka	1	3
Livingstone	0	4
Subspecies I (enterica) I 4:i-	1	8
Subspecies I	0	9
others	0	3

**inclusief Typhimurium, Typhimurium 1.4.[5].12:I-, Typhimurium var. O: 5-, Typhimurium var Copenhagen

Het resistentiepercentage van isolaten van gevogelte en varkens tegen een of meer antibiotica wordt samengevat in **tabel 12**. In het algemeen daalde de gevoeligheid voor alle antibiotica bij gevogelte, van 43% in 2012 naar 33% in 2013. Bij varkens werd in 2013 een stijging van 7% in gevoeligheid voor alle geteste antibiotica opgemerkt in verhouding tot 2012. De resistentie tegen drie of meerdere families antibiotica bij gevogelte was redelijk hoog in 2013, waarbij 38% van de isolaten multiresistent was. Bij varkens was 35% van de isolaten multiresistent. Hierna worden meer details gegeven voor gevogelte en varkens.

Tabel 12 : Percentage resistente isolaten tegen een of meerdere antimicrobiële families van *Salmonella* spp..

	Gevogelte	Varken
Gevoelig	33.3	38.1
1	21.2	19.4
2	7.1	6.5
≥3	38.4	36.0

3.2.1. Antimicrobiële resistentie bij *Salmonella* spp. geïsoleerd uit gevogelte

In 2013 werden 99 isolaten van *Salmonella* geïsoleerd uit vlees van gevogelte getest op hun gevoeligheid voor antimicrobiële middelen. De evolutie van de resistentie bij *Salmonella* spp. uit gevogelte wordt geïllustreerd in **figuur 4**. Het gevoeligheids- en resistentieniveau tegen een of meerdere antibiotica families bij *Salmonella* spp. in gevogelte in 2013 wordt opgesomd in **tabel 13**. In 2013 werd een daling van het aantal stammen dat gevoelig was voor alle geteste antibiotica (33%) opgemerkt (43% in 2012). Bepaalde variaties werden waargenomen. Terwijl de resistentie tegen ampiciline, gentamicine, cefotaxime, ceftazidime en chloramfenicol stabiel is gebleven sinds 2011, steeg de resistentie tegen ciprofloxacine, nalidixinezuur, colistine en trimethoprim, die fors gestegen was in 2012, nog meer in 2013, met uitzondering van colistine, waartegen de resistentie daalde met 10%. Belangrijk te vermelden is de hoge resistentie tegen trimethoprim, die in 2013 werd opgemerkt (40%), namelijk 16% hoger dan 2012. Een sterke stijging van de resistentie werd ook opgemerkt voor quinolonen, ciprofloxacine en nalidixinezuur in de loop van de twee laatste jaren (22% en 28% vs 11%



in 2011). Belangrijk is ook de stijging van de resistentie tegen kanamycine die van 1% in de voorbije jaren steeg naar 15%. Deze resistentie wordt vooral gekoppeld aan het serotype Paratyphi, een serotype dat in 2013 vaker werd geïsoleerd. Van de 37 isolaten van *S. Paratyphi*, zijn er 15 (40,45%) resistent tegen kanamycine. De geïsoleerde stammen met resistentie tegen ciprofloxacine behoren tevens tot het serotype Paratyphi en zijn hoofdzakelijk afkomstig van kippen en producten op basis van vlees van gevogelte. Met betrekking tot colistine wordt in 2013 een daling opgemerkt in verhouding tot 2012. Deze stammen werden hoofdzakelijk geïsoleerd uit legkippen en behoorden tot het serotype Enteritidis zoals in 2011 en 2012. Achtentwintig procent (13/46) van de isolaten van *S. Enteritidis* vertoonden enkel een resistentie tegen colistine, de twee andere stammen bezaten een co-resistentie in combinatie met sulfamethoxazole (1/46) of quinolonen (1/46).

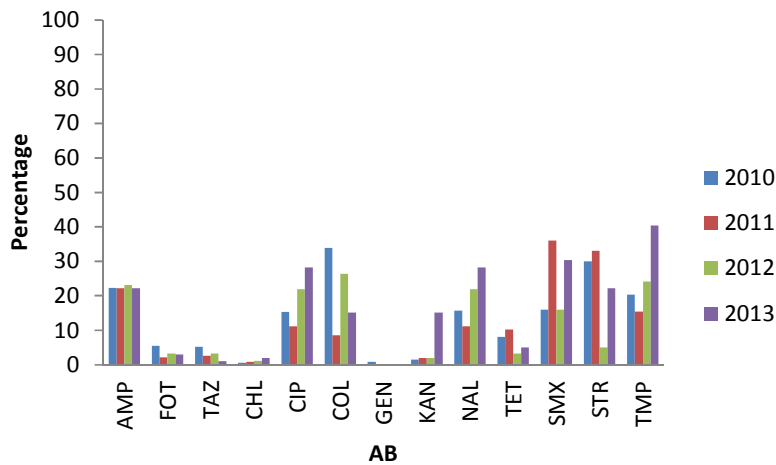
Tabel 13 : Het gevoeligheids- en resistentieniveau tegen een of meerdere antibiotica families bij *Salmonella* spp. in gevogelte in 2013.

	n	2013 (%)
Gevoelig	33	33.3
1	21	21.2
2	7	7.1
3	24	24.2
4	9	9.1
5	4	4.0
6	1	1.0

Multiresistente fenotypes (n=38) aangetroffen bij gevogelte worden opgelijst in **tabel 14**.

Tabel 14 : Fenotypes van multiresistente *Salmonella* spp. geïsoleerd uit gevogelte

fenotypes	n	%	Betrokken serotypes
AmpSmxTmp	3	3.0	Paratyphi B (2) Paratyphi B var Java (1)
AmpCipNalTmp	8	8.1	Paratyphi B (4), Paratyphi B var Java (3), Subspecies I (enterica) I 4:i- (1)
CipNalSmxTet	1	1.0	Infantis
KanStrSmxTmp	12	12.1	Paratyphi B (7) Paratyphi B var Java (5)
AmpCipNalSmxTmp	4	4.0	Paratyphi B (4)
AmpCipNalStrTmp	1	1.0	Brandenburg
CipNalSmxTmpTet	2	2.0	Paratyphi B var Java (2)
CipKanNalStrSmxTmp	1	1.0	Paratyphi B var Java
FfnKanStrSmxTmp	1	1.0	Paratyphi B var Java
CipNalStrSmxTmpTet	1	1.0	Infantis
AmpFotCipNalStrTmp	2	2.0	Paratyphi B var Java (2)
AmpFotTazCipNalSmxTmp	1	1.0	Paratyphi B var Java
CipKanNalStrSmxTmpTet	1	1.0	Paratyphi B var Java



Figuur 4. Evolutie van de resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *Salmonella* spp. geïsoleerd uit gevogelte

Bij gevogelte vertonen drie isolaten van *Salmonella* Paratyphi B een co-resistentie tegen minstens één derde generatie cefalosporine en ciprofloxacine.

Salmonella Paratyphi B, met 92% multiresistente stammen en met 100% resistente stammen tegen trimethoprim en een verhoogde co-resistentie tegen streptomycine en sulfamethoxazole, is de meest resistente serovar. (Figuur 5)

Tabel 15 : Het gevoeligheids- en resistentieniveau tegen een of meerdere families antibiotica bij *Salmonella* Paratyphi B geïsoleerd uit gevogelte

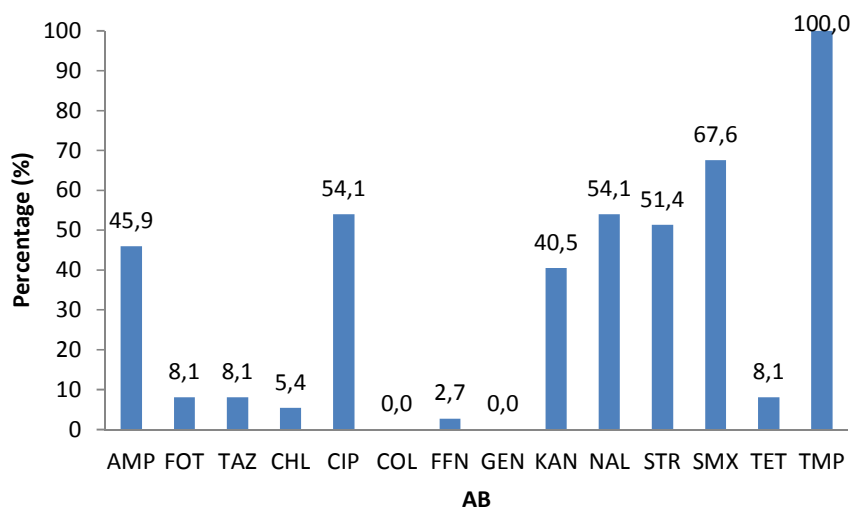
	n	%
gevoelig	0	0
1	0	0
2	3	8.1
3	3	8.1
4	21	56.8
5	7	18.9
6	3	8.1



De multiresistente fenotypes (n=34) gevonden bij *S. Paratyphi B* (n=37) worden opgesomd in **tabel 16**.

Tabel 16 : Multiresistente fenotypes gevonden bij *S. Paratyphi B* :

fenotypes	n	%
AmpSmxTmp	3	8.1
KanStrSmxTmp	12	32.4
AmpCipNalTmp	7	18.9
AmpCipNalSmxTmp	4	10.8
FfnKanStrSmxTmp	1	2.7
CipKanNalStrSmxTmp	1	2.7
CipKanNalStrSmxTetTmp	1	2.7
ChlCipNalStrSmxTetTmp	2	5.4
AmpFotCipNalStrTmp	2	5.4
AmpFotTazCipNalSmxTmp	1	2.7



Figuur 5. Resistentiepercentage bij *S. Paratyphi B* (n=37) geïsoleerd uit gevogelte

3.2.2 Antimicrobiële resistentie bij *Salmonella* spp. in varkensvlees

In 2013 werden 139 *Salmonella* stammen geïsoleerd uit varkensvlees(karkassen en versneden vlees) getest op hun gevoeligheid voor antimicrobiële middelen. De evolutie van de resistentie bij *Salmonella* spp. uit varkensvlees wordt geïllustreerd in **figuur 6**. Het gevoeligheids- en resistentieniveau tegen een of meerdere families antibiotica bij *Salmonella* spp. bij varkens wordt opgesomd in **tabel 17**. De resistentie tegen cefotaxime, ceftazidime en gentamicine blijft onder de 2% sinds 2010. De resistentie tegen quinolonen bedraagt tussen 2 en 3 % en blijft stabiel sinds 2010 zonder grote variatie, maar de resistentie tegen ampicilline daalde van 52% in 2011 en 2012 naar 40% in 2013. De resistentie tegen tetracycline, trimethoprim, sulfamethoxazol en streptomycine daalde ook in verhouding tot 2012. Het percentage gevoelige stammen voor alle antibiotica bedraagt 38%, wat een stijging van 7% in verhouding tot 2012 betekent. Deze cijfers moeten voorzichtig worden geïnterpreteerd want de daling kan worden verklaard door de vermindering van de verhouding van isolaten van serovar Typhimurium ten opzichte van het geheel van isolaten van varkensvlees (van 67% van de isolaten in 2012 naar 43% in 2013)..

De multi-resistentie (tegen drie of meer antibiotica families) bedraagt 36%.



Tabel 17 : Het gevoeligheids- en resistentieniveau tegen een of meerdere families antibiotica. bij *Salmonella* spp. geïsoleerd uit varkenskarkassen en vlees

	n	%
Gevoelig	53	38.1
1	27	19.4
2	9	6.5
3	12	8.6
4	11	7.9
5	21	15.1
6	6	4.3

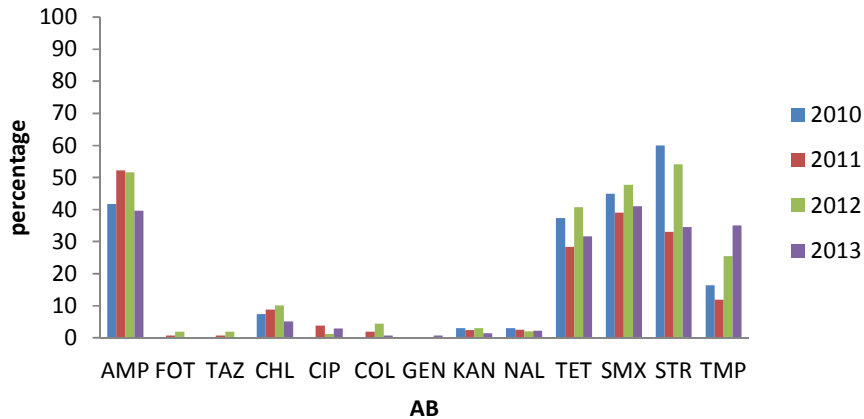
De multiresistente fenotypes van *Salmonella* geïsoleerd uit varkenskarkassen en -vlees (n=139) worden opgesomd in **tabel 18**.

Tabel 18 : Multiresistente fenotypes bij *Salmonella* spp. geïsoleerd uit varkenskarkassen en -vlees in 2013

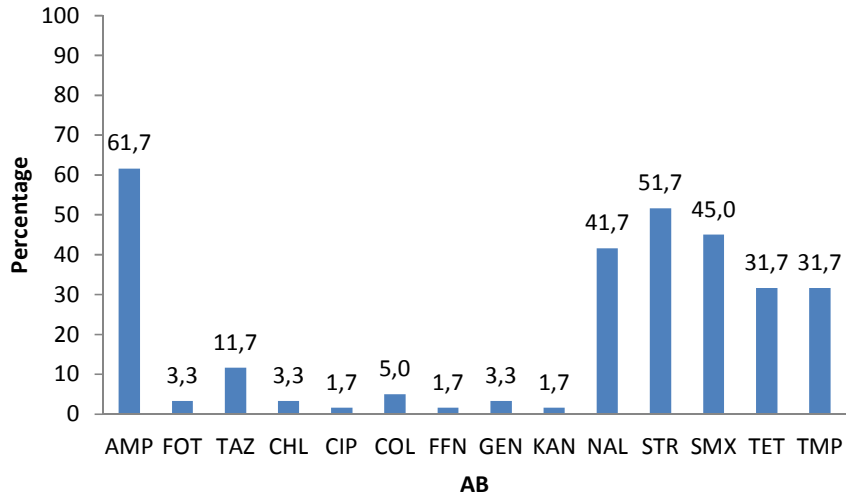
	n	%	Serovars
StrSmxTet	2	1.4	Derby (2)
SmxTetTmp	1	0.7	Brandenburg
AmpStrSmx	9	6.5	Derby(1), Typhimurium (2), Typhimurium 1,4,[5],12:i:- (4), Subspecies I (2)
AmpStrSmxTet	9	6.5	Derby (1), Typhimurium (4), Typhimurium 1,4,[5],12:i:- (2), Typhimurium var O:5- (1), Subspecies I (1)
AmpSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium var O:5-
AmpStrSmxTetTmp	17	12.2	Brandenburg (1), Typhimurium (2), Typhimurium 1,4,[5],12:i:- (1), Typhimurium var O:5- (2), Subspecies I (5), Subspecies I (enterica) I 4:i- (6)
AmpChlSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium var O:5-
AmpChlFnSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium var O:5-
AmpCipStrSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium var O:5-
AmpChlStrSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium 1,4,[5],12:i:-
AmpCipStrSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium var. O:5-
AmpKanStrSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium
AmpCipNalStrSmxTmp	1	0.7	Typhimurium
AmpChlKanSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium var O:5-
AmpCipNalStrSmxTetTmp	1	0.7	Subspecies I
AmpChlFnGenStrSmxTetTmp	1	0.7	Typhimurium var O:5-



Figuur 6. Evolutie van de resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *Salmonella* spp. geïsoleerd uit varkenskarkassen en varkensvlees in 2013.



In totaal werden 60 *Salmonella* Typhimurium geanalyseerd op hun gevoeligheid voor antimicrobiële middelen in 2013 (**Figuur 7**). De hoogste resistentie wordt opgemerkt voor ampicilline, gevolgd door streptomycine, sulfamethoxazole, nalidixinezuur en tetracycline en trimethoprim. De resistentie tegen ampicilline is gedaald van 73% in 2012 tot 62% in 2013. De resistentie tegen tetracycline schommelde in de voorbije vier jaren en in 2013 daalde deze tot 31.7%. Het resistentieniveau tegen trimethoprim van de voorbije twee jaren blijft stabiel (31%).



Figuur 7. Resistentiepercentage tegen antimicrobiële middelen bij *S. Typhimurium*



3.2.3 Antimicrobiële resistentie bij *Salmonella* spp. geïsoleerd uit andere matrices

Matrix	Serovar	n	Resistentieprofiel
Groenten IV gamma	Paratyphi B var Java	1	CipNalTmp
Zeevruchtensalade	Montevideo	1	gevoelig voor alle antibiotica
Kikkerbillen	Wandsworth	2	NA
	Stanley	1	NA
	Matopeni	2	NA
	Weltevreden	1	NA
	Paratyphi B var Java	1	gevoelig voor alle antibiotica
	Orientalis	1	NA
Schaaldieren	Weltevreden	2	NA
Gebakken schaaldieren	Weltevreden	1	NA
Eieren	Typhimurium	1	gevoelig voor alle antibiotica
Levende tweekleppige weekdieren	Typhimurium	1	gevoelig voor alle antibiotica
Nutrition animale	Livingstone	1	gevoelig voor alle antibiotica

NA : niet geanalyseerd

3.3. Commensale β -lactamase-producerende *E. coli*

3.3.1 Inleiding

β -lactamases zijn enzymen die geproduceerd worden door bacteriën, die een resistentie veroorzaken tegen de hele groep antibiotica van het β -lactam type. De meest voorkomende enzymen zijn de BLSE- en AmpC- enzymen. Extended spectrum β -lactamases (ESBL) veroorzaken resistentie tegen cephalosporines van de 3de en 4de generatie maar niet tegen cephamycines (cefoxitine) en tegen carbapenems. Ze worden geïnactiveerd door clavulaanzuur. AmpC- enzymen veroorzaken resistentie tegen cefalosporines van de derde generatie en cephamycines maar worden daarentegen niet geïnhibeerd door clavulaanzuur of andere inhibitoren van β -lactamase. Er heerst een algemene bezorgdheid over de toename van de ESBL producerende enterobacteriaceae in menselijke infecties. Dit fenomeen zou te wijten kunnen zijn aan de besmetting met of de transfer van resistente ziektekiemen via manipulatie van levensmiddelen, door kruiscontaminatie tijdens de bereiding of door consumptie van besmette rauwe voedingsmiddelen. Talrijke studies hebben immers aangetoond dat ESBL producerende *E. coli* vooral werden geïsoleerd bij gevogelte en bij runderen. Landbouwhuisdieren worden nu erkend als belangrijke vectoren van *E. coli* en *Salmonella*, die dragers kunnen zijn van β -lactamases. De vraag of nutsdieren een rol spelen als reservoir van resistente bacteriën en of besmette levensmiddelen een vehikel zijn voor de overdracht van ESBL- / AmpC- bacteriën op de mens blijft onbeantwoord en verdient surveillance. Bovendien kunnen genen verantwoordelijk voor de resistentie tegen antimicrobiële middelen, die aanwezig zijn in commensale bacteriën van dieren en in levensmiddelen, verworven worden door menselijke pathogenen, door horizontale overdracht, wat de infecties complexer maakt en de antimicrobiële behandeling in het gedrang brengt.

3.3.2 Telling van ESBL-/AmpC-producerende *E. coli* in gevogelte

In 2013, werden in 396 monsters van vlees van gevogelte de ESBL producerende *E. coli* geteld. De monsters werden genomen tijdens het controleprogramma van het FAVV en omvatten verschillende matrices : in de primaire sector karkassen van vleeskippen; in de sector transformatie versneden vlees van gevogelte met huid en in de sector distributie versneden vlees van gevogelte met huid en pluimveekarkassen. De isolaten van *E. coli* die bekomen werden werden getest op hun gevoeligheid voor cephalosporines.



3.3.2.1 Tellen van *E. coli*

De methode voor het tellen van *E. coli* is gebaseerd op de ISO-16649-2- norm Twee cultuurmedia werden gebruikt ; Tryptone Bile X-glucuronide (TBX) voor de telling van het totaal aantal *E. coli* en TBX aangevuld met cefotaxime (CTX, 1 mg / l) voor het tellen van de *E. coli* die verondersteld werden resistent te zijn tegen cephalosporines van de derde generatie. Twee verdachte kolonies per monster, behalve in het geval waarin één enkele kolonie aanwezig was, werden weerhouden als mogelijke producenten van β -lactamase. Ze werden bevestigd volgens de dubbele disk methode volgens de aanbevelingen van het CLSI die erin bestond de zones te meten waar de groei van *E. coli* belemmerd werd rond de petrischaal met cefotaxime (CTX) en / of ceftazidime (CAZ) met en zonder clavulaanzuur (CA). De isolaten werden geïdentificeerd als producenten van ESBL of AmpC volgens de definities van het CLSI.

3.3.2.2 . Genotypische karakterisatie van *E. coli* die bevestigd zijn als producenten van β -lactamase

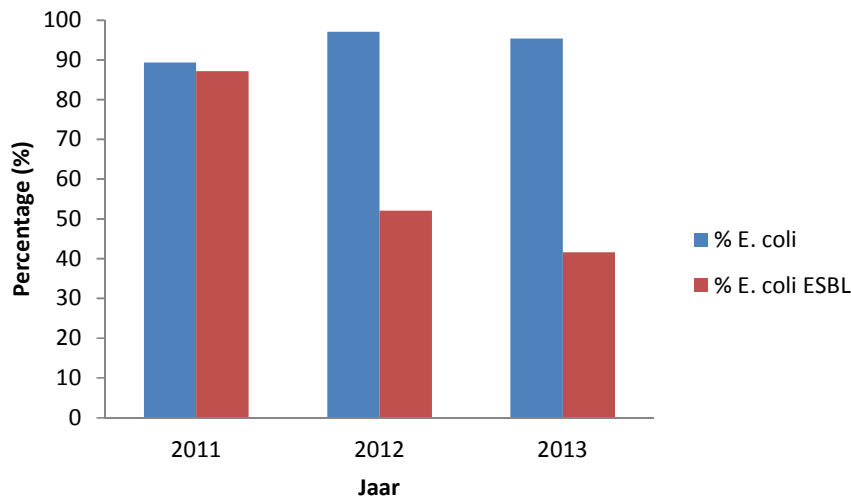
Een selectie van *E. coli* waarbij de productie van ESBL / AmpC bevestigd werd, werd getest op de aanwezigheid van de resistentiegenen CTX-M, TEM, SHV, OXA, CMY en ACC met de methode die beschreven werd door EURL-AR. Later werd de sequencerij uitgevoerd met de software SeqManPro [DNASTAR® Lasergene®. Versie 7.2, Madison, WI 53705 USA]. De nucleotidensequenties werden bekomen aan de hand vergelijking met sequenties die beschreven staan in de databank GenBank BLAST (Basic Local Alignment Search Tool <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). De Alignment Search Tool base (BLAST) stelt een lokale gelijkenis vast tussen gebieden van verschillende sequenties. Het programma vergelijkt de nucleotiden- of de proteïnensequenties met databanken van sequenties en berekent de statistische significantie van de resultaten. BLAST kan gebruikt worden om de functionele en evolutieve relaties tussen de sequenties af te leiden, alsook om te helpen om de leden van de genenfamilies te identificeren.

3.3.2.3. Resultaten

In 94,2% de 396 geanalyseerde monsters werd *E. coli* teruggevonden (374/396). Bij de selectieve (fenotypische) telling werden cefotaxime resistente *E. coli*, resistent (geteld en geïsoleerd op TBX aangevuld met 1 mg / l CTX) aangetroffen op 42% (156/374) van de karkassen van pluimvee die positief testten op *E. coli*. De resultaten bekomen per matrix en per sector, PRI (primaire sector, vleeskip), TRA (transformatie, versneden vlees van gevogelte met huid), DIS (distributie, versneden vlees van gevogelte met huid en karkassen van gevogelte) worden gedetailleerd beschreven in **tabel 19**. De isolaten van *E. coli* geïsoleerd op TBX+CTX worden beschouwd als vermoedelijke producenten van ESBL. Een vergelijking van de verhouding van ESBL *E. coli* ten opzichte van het totaal aantal *E. coli* die gevonden worden op pluimveekarkassen wordt voorgesteld in **figuur 8** voor de controleperiode 2011-2013.

Tabel 19 : Vergelijking van de verhouding van *E. coli* die vermoedelijk ESBL zijn / totaal aantal *E. coli* gevonden per matrix.

	PRI (n)	TRA (n)	DIS (n)
Totaal aantal <i>E. coli</i> (TBX)	66	200	106
<i>E. coli</i> (TBX+CTX)	37	76	42
Verhouding ESBL-producerende <i>E. coli</i> / totaal aantal <i>E. coli</i>	56.06	38	39.62



Figuur 8. Verhouding van ESBL-producerende *E. coli* ten opzichte van alle *E. coli* die gevonden werden op karkassen van gevogelte tussen 2011-2013.

Eén isolaat van ESBL- of AmpC- fenotype per monster werd gegenotypeerd. Eerst werd de detectie van het gen uitgevoerd met PCR om de genenfamilie te detecteren en vervolgens werd sequencing uitgevoerd om de genenvariant binnen een familie genen te detecteren.

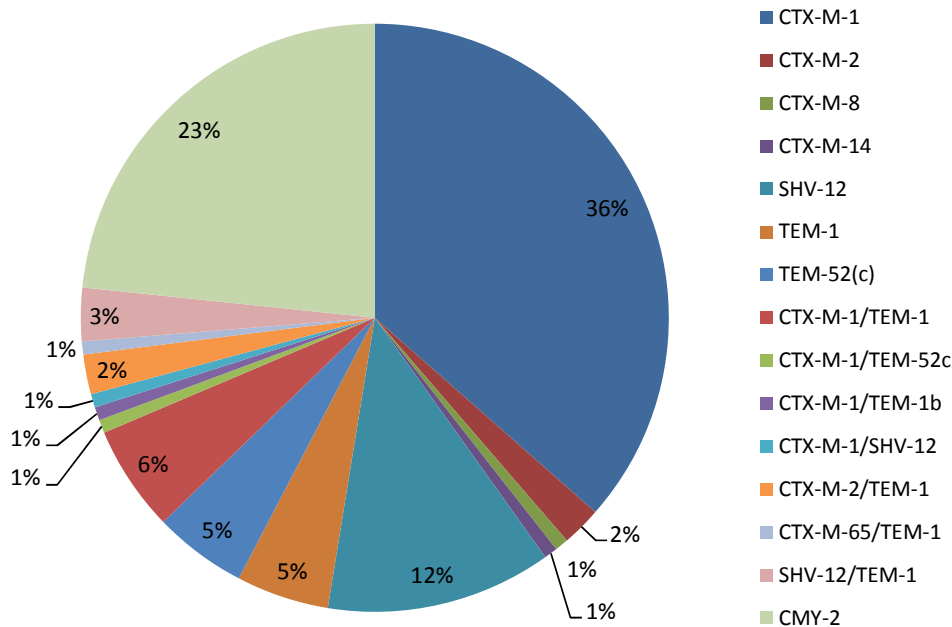
Een selectie van 136 isolaten werd gekozen voor de genotypische karakterisatie. De genotypische distributie van verschillende families wordt voorgesteld in **figuur 9**. 77.20% van de gegenotypeerde isolaten (105/136) dragen genen die specifiek zijn voor het type ESBL. Een veel lagere verhouding van isolaten (22,6%) (31/136) dragen genen die specifiek zijn voor het type AmpC. In **tabel 20** worden de genen die specifiek zijn voor iedere familie bij commensaal *E. coli* met een ESBL-fenotype in detail beschreven. De familie die meestal wordt teruggevonden is de familie CTX-M. De overgrote meerderheid (52.38%) (55/105) van de isolaten zijn drager van genen die behoren tot de familie CTX-M alleen of in combinatie met andere genen zoals TEM of SHV (14.28%) (15/105).

Tabel 20 : Percentage van *E.coli*-stammen met het genotype ESBL (n=105) geïsoleerd uit pluimveevlees en karkassen

Familie	n	%
CTX-M	55	52.4
TEM	14	13.3
SHV	17	16.2
CTXM/TEM	14	13.3
CTXM/SHV	1	0.9
SHV/TEM	4	3.8

De andere isolaten van het ESBL-fenotype zijn drager van genen van het type TEM 13.3% (14/105) en SHV 16.20% (17/105) en 3.8% drager van een combinatie van de twee genen (4/105).

Voor isolaten met een bevestigd AmpC- fenotype, werd het gen CMY-2 gevonden in elk van beide. Slechts voor een klein aantal monsters van gevogelte (n=8) werd een isolaat met een ESBL-fenotype en een isolaat met een AmpC-fenotype bevestigd door genotypering.



Figuur 9. Genotypische distributie van ESBL-/AmpC-producerende *E. coli* (n=136)

3.3.3. Detectie van ESBL-producerende *E. coli* varkensvlees, rundsvlees en kalfsvlees

3.3.3.1. Detectie van ESBL-producerende *E. coli* in varkensvlees, rundsvlees en kalfsvlees

Een methode voor het opsporen van ESBL-/AmpC-producerende *E. coli* geïsoleerd uit runds-, kalfs- en varkensvlees (3.3.4.1) werd ontwikkeld en gevalideerd. Door middel van deze methode werden 311 monsters van vlees / vleesbereidingen getest. (tabel 21) waarbij 49 isolaten van vermoedelijke ESBL-producerende *E. coli* werden gedetecteerd (tabel 21 (3.3.4.1))

Tabel 21 : Resultaten van de detectie van ESBL-producerende *E. coli* in kalfs-, runds- en varkensvlees

Aard van het monster	n	n postieve ESBL	% positieve ESBL
Vlees/ bereiding van kalfsvlees	11	7	63.6
Vlees/bereiding van rundsvlees	135	14	10.3
Vlees/bereiding van varkensvlees	130	24	18.5
Vlees/niet-gespecificeerde vleesbereiding	35	4	11.4
total	311	49	15.7



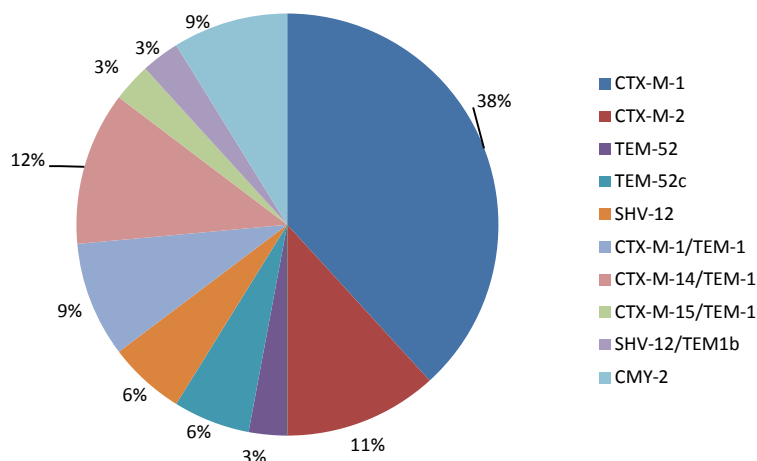
3.3.3.2. Bevestiging van ESBL-producerende *E.coli* in varkensvlees, rundsvlees en kalfsvlees

In totaal werden 44 isolaten van vermoedelijke ESBL-producerende *E. coli* geïsoleerd uit varkensvlees, rundsvlees en varkensvlees bevestigd. Een fenotypische bevestiging werd uitgevoerd door middel van de dubbele diskmethode (cfr 3.3.2.1, SOP11/VM/15N) De resultaten per matrix worden in detail besproken in **tabel 22**. 37 van de 44 (84%) isolaten werden geïdentificeerd als behorend tot het ESBL-fenotype, 6 van de 44 (18%) als fenotype AmpC en 1 van de 44 (2%) behoorde noch tot het ESBL-, noch tot AmpC-type.

Tabel 22. Beschrijving van de verdeling van ESBL-producerende en AmpC-producerende *E.coli* geïsoleerd uit varkens-, runds- en kalfsvlees.

Technische fiche	Beschrijving	ESBL n	AmpC n
TRA 303	Varkensgehakt	6	2
TRA 305	Versneden rundsvlees	2	0
TRA 306	Versneden varkensvlees	2	0
TRA 312	Bereiding van varkensvlees, rundsvlees, kalfsvlees	1	0
DIS 815	Filet américain préparé	3	0
DIS 823	RTE, Gehakt, varkensvlees, rundsvlees, kalfsvlees	6	2
DIS 874	RTE, filet américain préparé, varkensvlees, rundsvlees, kalfsvlees	3	1
DIS 888	NRTE, gehakt, varkensvlees, rundsvlees, kalfsvlees	14	1

Een selectie van 34 isolaten werd gekozen voor de genotypische karakterisatie De genotypische distributie van verschillende families wordt voorgesteld in **figuur 10**.



Figuur 10. Genotypische distributie van ESBL-/AmpC-producerende *E. coli* in rundsvlees, varkensvlees en kalfsvlees (n=34)



4. Referenties

Denis, M., Soumet, C., Rivoal, K., Ermel, G., Blivet, D., Salvat, G. & Colin, P. (1999). Development of a m-PCR assay for simultaneous identification of *Campylobacter jejuni* and *C. coli*. *Lett Appl Microbiol* **29**, 406-410.

ISO20776-1. Clinical laboratory testing and in vitro diagnostic test systems -- Susceptibility testing of infectious agents and evaluation of performance of antimicrobial susceptibility test devices -- Part 1: Reference method for testing the in vitro activity of antimicrobial agents against rapidly growing aerobic bacteria involved in infectious diseases

The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST; <http://www.eucast.org/>)

CLSI Performance standards for Antimicrobial susceptibility testing: twenty-second Informational supplement. M100-S22. Vol.32 No.3.

Decision 2013/652/EU on the monitoring and reporting of antimicrobial resistance in zoonotic and commensal bacteria (). Official Journal of the European Union 14.11.2013

EURL-AR. List of primers for detection of antimicrobial resistance genes. <http://www.crl-ar.eu/201-resources.htm#micd>

5. Lijst van tabellen

Tabel 1 : *Salmonella* spp.: Panel van antimicrobiële stoffen opgenomen in het toezicht van AMR, resistentiedrempels volgens EUCAST

Tabel 2 : *Campylobacter*. Panel van antimicrobiële stoffen opgenomen in het toezicht van AMR, resistentiedrempels volgens EUCAST

Tabel 3 : Percentage isolaten van *Campylobacter* resistent tegen antimicrobiële middelen in karkassen en vlees van gevogelte en varkens

Tabel 4 : Resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *C. coli* in vlees van gevogelte

Tabel 5 : Resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *C. jejuni* in vlees van gevogelte

Tabel 6 : De meest voorkomende resistentie en combinatie van antibiotica bij *C. jejuni*

Tabel 7 : Resistentie en combinatie van de meest voorkomende antibiotica bij *C. coli*

Tabel 8 : Resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *C. coli* in varkensvlees

Tabel 9 : Resistentie en combinatie van de meest voorkomende antibiotica bij *C. coli*

Tabel 10 : Percentage isolaten dat resistent was tegen antimicrobiële middelen van *Salmonella* bij gevogelte en varken in 2013.

Tabel 11 : Percentage serotypes bij *Salmonella* geïsoleerd uit vlees van gevogelte en varkensvlees

Tabel 12 : Percentage isolaten van *Salmonella* spp. dat resistent is tegen één of meerdere families van antimicrobiële middelen.

Tabel 13 : Het gevoeligheids- en resistentieniveau bij *Salmonella* spp. in gevogelte in 2013 tegen een of meerdere antibioticafamilies.



Tabel 14 : De multiresistente fenotypes van *Salmonella* spp. in gevogelte

Tabel 15 : Het gevoeligheids- en resistentieniveau bij *Salmonella* Paratyphi van gevogelte in 2013 tegen een of meerdere antibioticafamilies

Tabel 16 : Multiresistente fenotypes die teruggevonden worden bij *S. Paratyphi* B

Tabel 17 : Het gevoeligheids- en resistentieniveau bij *Salmonella* spp. in gevogelte in 2013 tegen een of meerdere antibioticafamilies.

Tabel 18 : Multiresistente fenotypes van *Salmonella* geïsoleerd uit varkens

Tabel 19 : Vergelijking van de verhoudingen van vermoedelijke ESBL-producerende *E. coli* totaal aantal *E. coli* gevonden per matrix.

Tabel 20 : Percentage van *E.coli*-stammen met het genotype ESBL (n=105)

Tabel 21 : Opsporing van ESBL- producerende *E. coli* in vlees na verrijking in 4 verschillende milieus (mTSB en EPT met of zonder cefotaxime en TBX met of zonder cefotaxime)

Tabel 22 : Beschrijving van de verdeling van ESBL-producerende en AmpC-producerende *E.coli* geïsoleerd uit varkens-, runds- en kalfsvlees.

6. Lijst met figuren

Figuur 1. Evolutie van de resistentie van *C. jejuni* tegen antimicrobiële middelen in gevogelte

Figuur 2. Evolutie van de resistentie van *C. coli* tegen antimicrobiële middelen in gevogelte

Figuur 3. Evolutie van de resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *C. coli* geïsoleerd uit varkens

Figuur 4. Evolutie van de resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *Salmonella* spp. geïsoleerd uit gevogelte

Figuur 5. Resistentiepercentage bij *S. Paratyphi* B (n=37) in gevogelte

Figuur 6. Evolutie van de resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *Salmonella* spp. geïsoleerd uit varkens

Figuur 7. Percentage van resistentie tegen antimicrobiële middelen bij *S. Typhimurium*

Figuur 8. Verhouding van ESBL-producerende *E. coli* ten opzichte van alle *E. coli* die gevonden werden op karkassen van gevogelte tussen 2011-2013.

Figuur 9. Genotypische distributie van BLSE-/AmpC-producerende *E. coli* in pluimvee (n=136)

Figuur 10. Genotypische distributie van ESBL-/AmpC-producerende *E. coli* in rundsvlees, varkensvlees en kalfsvlees (n=34)

Dankbetuiging

Deze studie werd gefinancierd door het Federaal Agentschap voor de Veiligheid van de Voedselketen



Antimicrobiële resistentie bij commensale *E. coli*, *Campylobacter* spp. en *Salmonella* spp. geïsoleerd uit karkassen en vlees van gevogelte, runds- en varkensvlees _Verslag 2013

© Institut Scientifique de Santé Publique | Wetenschappelijk Instituut Volksgezondheid, Bruxelles 2014.
Dit verslag mag niet gereproduceerd, gepubliceerd of verdeeld worden zonder akkoord van het WIV-ISP.