Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Département fédéral de l'intérieur DFI
Office fédéral de la sécurité alimentaire et des affaires vétérinaires OSAV
Évaluation des risques

Yersinia spp. – situation en Suisse

Signal Report ***ADURA F-2019-033***

- La yersiniose, causée dans la plupart des cas (98,7 %) par *Y. enterocolitica*, était la troisième infection gastro-intestinale bactérienne d'origine alimentaire la plus fréquemment signalée en 2022 chez l'homme dans l'Union européenne (UE) [1].
- Cela correspond à 7919 cas confirmés (2022), soit une incidence de 2,2 cas pour 100 000 habitants/an. La yersiniose est donc environ 10 fois plus rare que la salmonellose [3].
- La maladie n'est plus soumise à déclaration obligatoire en Suisse depuis 1999.
- Des analyses anglaises indiquent que le nombre de cas est plus élevé que ce que l'on pensait jusqu'à présent, avec des changements dans la répartition selon l'âge et la saison.
- L'UE, en revanche, ne fait état d'aucune tendance significative (augmentation ou diminution) entre 2018 et 2022.
- *Y. enterocolitica* a été isolée en Suisse dans 32 % des denrées alimentaires animales à risque et dans 25 % des aliments végétaux à risque.
- Suite à l'analyse du génome entier (WGS) d'isolats provenant de Suisse (2019-2023), des comparaisons ont été réalisées entre des souches humaines de *Y. enterocolitica* et les souches isolées de 100 aliments d'origine animale et de 100 aliments d'origine végétale.
- Le biotype 1A, décrit comme non pathogène, est le deuxième biotype le plus fréquemment isolé à partir d'échantillons cliniques et celui qui est aussi le plus souvent retrouvé dans les aliments.
- Une parenté génétique a été établie entre trois souches humaines et animales de *Y. enterocolitica* (biotype 4, sérotype O:3 ST18 et biotype 1A), mais aucune parenté avec des isolats végétaux.

Introduction

Les bactéries du genre *Yersinia* sont des bâtonnets courts anaérobies facultatifs à Gram négatif, appartenant à la famille des entérobactériacées [4]. On distingue actuellement 18 espèces, parmi lesquelles Yersinia *(Y.) pestis*, *Y. enterocolitica* et *Y. pseudotuberculosis* sont particulièrement pathogènes pour l'homme [4]. Nous ne traitons ci-après que de l'espèce *Y. enterocolitica*.

Yersinia enterocolitica est un agent pathogène psychrotrophe d'origine alimentaire. Il est divisé en 6 biotypes (BT) (1A, 1B, 2-5) et plus de 60 sérotypes. Le BT 1B hautement pathogène (surtout le 1B-O:8) est rare, tandis que les isolats cliniques appartiennent généralement aux BT 2, 3 et 4 [4]. Le BT 1A est considéré comme non pathogène, mais il peut provoquer des infections chez les personnes immunodéprimées [13]. En Europe, les sérovars O:3, O:9 et O:5,27 dominent. L'agent pathogène le plus fréquent de la yersiniose est le biosérovar 4/O:3 (environ 90 %), suivi du 2/O:9 (environ 7 %) [4].

Les porcs d'engraissement constituent le principal réservoir de cet agent pathogène. La bactérie a été isolée dans des échantillons de viande, d'huîtres, de poissons et de lait cru, mais aussi d'échantillons de sol. Chez les porcs d'engraissement, la langue, le pharynx et le rectum sont particulièrement colonisés par *Y. enterocolitica*. Cette bactérie est asymptomatique chez les animaux de l'espèce porcine.

Les infections humaines sont généralement d'origine alimentaire. Les agents pathogènes peuvent également se multiplier à des températures ambiantes basses (température du réfrigérateur) et dans des conditions microaérophiles [4]. Les facteurs de risque importants pour les infections sporadiques par *Y. enterocolitica* sont la consommation de viande de porc crue ou insuffisamment cuite.

Les symptômes fréquents des infections d'origine alimentaire sont la diarrhée, les douleurs abdominales et la fièvre, mais les séquelles, comme les douleurs articulaires (arthrite réactive) et les éruptions cutanées *(érythème noueux*), ne sont pas rares non plus [8].

En Allemagne et en Europe, le nombre de cas de yersiniose a augmenté ces dernières années. Les données de la surveillance officielle des denrées alimentaires en Allemagne attestent principalement de la présence de *Y. enterocolitica* dans la viande de porc crue. Les aliments d'origine végétale consommés crus ont également été identifiés comme source d'infection dans toute l'Europe [12].

Problématique

De nouvelles analyses en Angleterre montrent une incidence de la yersiniose plus élevée que prévu, avec de nombreux cas non diagnostiqués. L'épidémiologie évolue en outre dans le temps, en fonction des saisons et de l'âge [5]. Cette épidémiologie changeante pourrait indiquer des sources d'infection en évolution et la nécessité d'une surveillance et d'études supplémentaires afin de pouvoir mettre en place des mesures de lutte plus précises.

La maladie n'est plus soumise à déclaration obligatoire en Suisse depuis le 13 janvier 1999.

Le Centre national pour les entéropathogènes (NENT) de l'Université de Zurich (Institut de sécurité et d'hygiène alimentaires) continue de recevoir des isolats humains. Quelques laboratoires envoient au NENT les souches de *Yersinia* qu'ils ont isolées pour obtenir un typage. Dans ce contexte, le nombre de yersinioses semble avoir augmenté au cours des dernières années (fig. 1). On ne sait pas dans quelle mesure cette hausse correspond à la situation réelle [7].

Une étude de Fredriksson-Ahomaa M. et *al*. (2011) a caractérisé 128 souches de *Y. enterocolitica* isolées en Suisse entre 2001 et 2010 à partir d'échantillons cliniques humains. La plupart des souches caractérisées à l'époque (75 sur 128) appartenaient aux BT 2, 3 ou 4 et portaient le gène *ail*, un marqueur chromosomique de virulence [2].

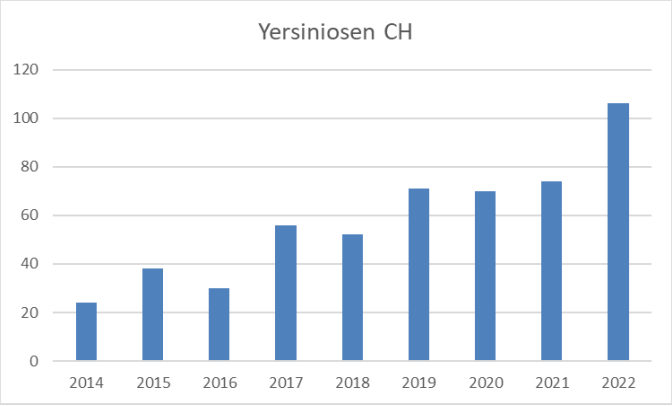

Fig. 1 Isolats humains transmis au NENT [7].

Entre 2007 et 2021, un foyer attribué à *Yersinia* spp. a été déclaré à l'OSAV [6], puis un autre en 2023, au cours duquel 4 personnes sont tombées malades, dont une a été hospitalisée [11].

Activités

Plusieurs groupes chargés de la détection précoce se sont penchés sur le sujet.

Évaluation de la détection précoce

Les comités de détection précoce de l'OSAV ont conclu que les données disponibles en Suisse ne permettaient pas de porter un jugement définitif. Ils ont suggéré des clarifications supplémentaires.

Ils ont ensuite chargé l'Institut pour la sécurité et l'hygiène alimentaires de l'Université de Zurich de réaliser une étude exploratoire afin d'étoffer les connaissances :

- Qu'en est-il de la yersiniose dans notre pays ?
- Quels sont les sérovars et biovars présents dans les cas humains et concordent-ils ?
- *Yersinia* spp. est-elle présente en Suisse dans des denrées alimentaires à risque (d'origine animale ou végétale) ?
- Existe-t-il un lien entre ces denrées et les cas humains ?

Deux lots de travaux ont permis de répondre à ces questions : le premier lot a consisté en une analyse rétrospective d'isolats humains sélectionnés au cours des dernières années et, si disponibles, d'isolats collectés de denrées alimentaires. Le deuxième lot était une étude sur la prévalence de *Yersinia* spp. dans les denrées alimentaires à risque [9].

Résultats

Les souches de *Y. enterocolitica* des biotypes/sérogroupes 1A, O3 et O9 isolées de patients humains en Suisse entre 2019 et 2023 ont été caractérisées au moyen d'analyses du génome entier (WGS) et de profils de résistance aux antibiotiques.

La plupart des isolats (66/149, 44 %) appartenaient au BT 4 et au sérotype O:3. Au total 50 isolats sur les 149 (34 %) étaient de BT 1A, suivis d'isolats de BT 2/O:9 (31/149 ; 21 %) et d'isolats de BT 3/O:3 (2/149, 1 %). Sur les 149 isolats, 128 (86 %) provenaient d'échantillons de selles, 8 (5 %) d'hémocultures et 13 (9 %) d'échantillons cliniques inconnus. 52 % des isolats provenaient de patients de sexe masculin. L'âge moyen des patients et patientes était de 28 ans (< 1 - 94 ans) [9].

Le typage des séquences multilocus (MLST) et les analyses core genome MLST (cgMLST[1]) montrent une grande diversité du BT 1A, tandis que le BT 2/O:9 (type de séquence ST12) est étroitement groupé. Le BT 4/O:3 (généralement ST18) est plus

[1] Dans le cas des cgMLST, les génomes très étroitement apparentés sont regroupés en un type de cluster (CT).

variable, avec deux sous-populations clonales qui sont largement répandues [9].

Denrées alimentaires animales à risque :
100 échantillons de viande de porc (viande suisse ; produits réfrigérés prélevés de mars à avril 2024) provenant de six entreprises suisses du commerce de détail ont été analysés afin de déterminer la présence et la diversité génomique de *Yersinia enterocolitica* [13].

Au total, 32 % des 100 échantillons, après enrichissement, ont été testés positifs à *Y. enterocolica,* détectée aussi quantitativement dans deux échantillons (Cipollata, émincé de porc ; 20 UFC/g dans chaque cas). L'analyse WGS a montré, sur la base d'une analyse cgMLST, une grande diversité génétique. Seules 3 des 32 souches appartenaient au BT 4, sérotype O:3 ST 18, qui est le sous-type « pathogène » le plus courant associé à des cas cliniques en Suisse. Les autres souches (n=17) caractérisées étaient de BT 1A [13].

Seules les trois souches de BT 4, sérotype O:3 portaient le gène *ail*, qui code pour une protéine du locus d'invasion d'attachement, principal facteur de virulence. De plus, ces trois isolats appartenaient à deux sous-clusters de souches cliniques humaines isolées en Suisse au cours des dernières années [13].

Denrées alimentaires végétales à risque :
Un échantillon de 100 produits maraîchers (21 herbes aromatiques et 79 salades) achetés en avril 2024 dans le commerce de détail suisse a fait l'objet de l'enquête. Au total 33 produits provenaient de Suisse et 62 de l'étranger. 5 n'avaient pas d'indication d'origine. Sur les 100 échantillons analysés, 25 (25 %) étaient positifs à *Y. enterocolitica* après enrichissement (bactérie présente dans 24 salades sur les 79 analysées ; dans 1 herbe aromatique fraîche sur les 21 analysées) [14]. *Y. enterocolitica* n'a été décelée quantitativement dans aucun de ces échantillons.

L'analyse WGS a montré, sur la base d'une analyse cgMLST, une grande diversité génétique également dans les denrées alimentaires d'origine végétale. Tous les isolats appartenaient au biotype 1A. Il n'y avait pas de relations de parenté (cluster) entre les isolats alimentaires et les isolats cliniques humains des années précédentes en Suisse.

Conclusions

Le nombre réel de personnes concernées en Suisse n'est pas connu. Le nombre de cas humains a-t-il augmenté en Suisse également ? Y a-t-il eu des changements dans le temps, des différences dans les répartitions des cas par saison et par âge ? Il n'est pas possible, pour l'heure, de répondre de manière définitive à ces questions.

Les données disponibles [12] ne permettent pas de confirmer une sous-déclaration des yersinioses en Allemagne, phénomène présumé en Angleterre [5]. Il est toutefois frappant de constater que seuls des foyers ne comportant que quelques cas de maladie sont signalés, souvent dans des ménages privés, alors que le nombre de cas a augmenté au cours des dernières années [12].

Il est surprenant également de constater que le biotype 1A de *Y. enterocolitica* est le deuxième biovar le plus fréquemment isolé en Suisse (dans le reste de l'Europe, BT 2/O:9) à partir d'échantillons cliniques humains. Les souches appartenant au BT 1A ont longtemps été considérées comme non pathogènes. Cette vision commence à changer en raison de nouvelles connaissances sur le potentiel toxigène de ces bactéries [10]. Un foyer de BT 1A a été signalé en 2024 en Australie en rapport avec un milk-shake. Les symptômes étaient légers et concernaient des personnes âgées d'un établissement de soins stationnaires pour personnes âgées [15]. Les auteurs ont conclu que le biotype 1A de *Y. enterocolitica* pouvait être pathogène pour l'homme [15].

Lors de l'analyse des isolats provenant de denrées alimentaires animales, on remarque que seuls 3 isolats sur 32 appartiennent au BT 4/O:3, alors que la majorité d'entre eux (17/32, 53 %) appartiennent au BT 1A. À noter que, parmi les isolats collectés en 2024 sur des aliments d'origine animale, des clusters avec des isolats humains sont apparus, bien que ces isolats cliniques aient été collectés entre 2019-2023 [16].

Pour les aliments d'origine végétale, on a également constaté une prédominance du BT 1A.

Littérature

[1] EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control), (2023). The European Union One Health 2022 Zoonoses Report. EFSA Journal, 21(12), e8442. https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8442

[2] Fredriksson-Ahomaa, M., Cernela, N., Hächler, H. et al. *Yersinia enterocolitica* strains associated with human infections in Switzerland 2001–2010. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 31, 1543–1550 (2012). https://doi.org/10.1007/s10096-011-1476-7

[3] ECDC, Salmonellosis Annual Epidemiological Report for 2021 (31.07. 2024)

[4] Robert Koch Institut, RKI-Ratgeber, Yersiniose, Stand: 10.01.2019 (31.07. 2024)

[5] Šumilo Dana, Love Nicola K, Manuel Rohini, Dabke Girija, Paranthaman Karthik, Jenkins Claire, McCarthy Noel D. Forgotten but not gone: *Yersinia* infections in England, 1975 to 2020. Euro Surveill. 2023;28(14):pii=2200516. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.14.2200516.

[6] Lüthi, T., Fridez, F. Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche in der Schweiz von 2007 bis 2021. J Consum Prot Food Saf (2023). https://doi.org/10.1007/s00003-023-01442-z

[7] J. Horlbog, NENT, pers. Mitteilung (15.09.2023)

[8] Nesbakken, T., 2021, *Yersinia*, in: Glenn Morris, G. and Vugia, D.J. (Eds.), Foodborne infection and intoxications, Elsevier, Norfolk, pp. 187-199

[9] Marc J.A. Stevens, Jule Anna Horlbog, Andrea Diethelm, Roger Stephan, Magdalena Nüesch-Inderbinen, Characteristics and comparative genome analysis of *Yersinia enterocolitica* and related species associated with human infections in Switzerland 2019–2023, Infection, Genetics and Evolution, Volume 123, 2024, 105652, ISSN 1567-1348, https://doi.org/10.1016/j.meegid.2024.105652

[10] Platt-Samoraj A. Toxigenic Properties of *Yersinia enterocolitica* Biotype 1A. Toxins (Basel). 2022 Feb 5;14(2):118. doi: 10.3390/toxins14020118. PMID : 35202145; PMCID: PMC8877543.

[11] Rapport concernant la surveillance des zoonoses et des foyers de toxi-infections, données de 2023, Office fédéral de la sécurité alimentaire et des affaires vétérinaires (OSAV) et Office fédéral de la santé publique (OFSP), juillet 2024 (29.07.2024)

[12] Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL), Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche durch *Yersinia* spp., BeoWarn-Bericht, Juli (2024), pas publié

[13] Barmettler K., Kelbert L., Boss S., Stephan R. Vorkommen und Charakteristika von *Yersinia enterocolitica* in rohem Schweinefleisch aus dem Handel in der Schweiz. Eine Querschnittstudie. Rundschau für Fleischhygiene und Lebensmittelüberwachung, in press.

[14] Kelbert L., Barmettler K., Stephan R. Vorkommen und Charakteristika von *Yersinia enterocolitica* in vorgeschnittenen, gewaschenen Salaten und frischen Kräutern aus dem Handel in der Schweiz – eine Querschnittstudie. Rundschau für Fleischhygiene und Lebensmittelüberwachung, in press .

[15] Candice Colbran, Fiona May, Kate Alexander, Ian Hunter, Russell Stafford, Robert Bell, Anne Cowdry, Fiona Vosti, Sharon Jurd, Trudy Graham, Gino Micalizzi, Rikki Graham, Vicki Slinko. Yersiniosis outbreaks in Gold Coast residential aged care facilities linked to nutritionally-supplemented milkshakes, January–April 2023. Commun Dis Intell (2018) 2024;48 https://doi.org/10.33321/cdi.2024.48.30

[16] Stevens M.J.A., Barmettler K., Kelbert L., et al., Genome based characterization of Yersinia enterocolitica from different food matrices in Switzerland in 2024, Infection, Genetics and Evolution (2024), https://doi.org/10.1016/j.meegid.2025.105719