



Antibiogramme

5. Ausgabe - Dezember 2017

**Tätigkeitsbericht und Resultate
der ARSIA**

Vorwort

Die Veröffentlichung des Königlichen Erlasses « Medikamente » vom 21. Juli 2016 und die Unterzeichnung der « Antibiotika Vereinbarung » seitens aller Partner, die von der Verringerung der Verwendung von veterinärmedizinischen Antibiotika betroffen sind, haben in Belgien einen bedeutenden Wendepunkt in der Bekämpfung der Antibiotikaresistenz dargestellt.

Davon überzeugt, dass der massive Einsatz von Antibiotika die Selektion von Bakterien fördert, die zunehmend resistent sind und für die Gesundheit von Mensch und Tier schädlich sind, schließt sich die ARSIA vollständig dieser Politik an. Bereits im Jahr 2005 haben wir den ersten Bericht über die Entwicklung der Antibiotikaresistenz in der Wallonie veröffentlicht.

Unser Wunsch, die Praktizierenden in diesem Zusammenhang der Bekämpfung zu unterstützen, hat seither nicht nachgelassen. Wir möchten ihnen, wie auch den wallonischen Züchtern, effiziente und unerlässliche Werkzeuge zur Verfügung stellen, für eine verantwortungsvolle veterinärmedizinische Praxis und dies, dank unserer, sowohl auf technischer, als auch wissenschaftlicher Ebene, gut ausgebildeten und sachkundigen Mitarbeiter.

Zusätzlich zu den zahlreichen Antibiogrammen, die täglich bei der ARSIA bewältigt werden und der Aktionen, die im Rahmen unseres Programms « ALTIbiotika » durchgeführt werden, schließt dieser Bericht Übersichten ein, gewissermaßen einen Überblick über die Arten der Bakterien, die unser Dienst der Pathologie / Bakteriologie isoliert.

Wir hoffen, dass dieser Bericht zu einer besseren Kenntnis der Entwicklung der Resistenzen beiträgt und dass er den Lesern viele nützliche Informationen zur Ausübung ihrer Kunst liefern wird.

Ich gratuliere unserem Kollegen Dr. Marc Saulmont, für die Qualität dieser Arbeit und danke seinen technischen und veterinärmedizinischen Teams, sowie all unseren Mitarbeitern, die an seinem Schreiben beteiligt waren.

Wir danken ebenfalls den Praktizierenden, die uns ihre Proben anvertrauen, da sie auf diese Weise an der Entwicklung des Überwachungsnetzes teilnehmen, das vor fast 15 Jahren gegründet wurde.

Ich wünsche Ihnen eine angenehme Lektüre!

Dr. Marc LOMBA,
Generaldirektor

Inhaltsangabe

Vorwort

Einleitung

Material und Methode

Die getesteten Moleküle

Die Norm und der Richtwert

Das Prinzip

Das Ablesen

Die Interpretation

Die definitiven Resultate

Die Resultate

Die Antibiogramme

Die Tierarten

Die Bakterienarten

Die Angaben der Resistenz (SIR)

✓ Die Enterobakterien

- Die Rinder-Escherichia coli
- Escherichia coli enterohaemolysin positiv Rind
- Escherichia coli enterotoxinbildend (ETEC)
- Die invasiven Stämme

✓ Die anderen Enterobakterien von Interesse

- Salmonella enterica Dublin
- Salmonella enterica Typhimurium

✓ Die hauptsächlich pathogenen Bakterien der Atemwege

✓ Zwei seltenere pathogene Bakterien der Atemwege

✓ Die Eutergesundheit

- Die Enterobakterien
- Die Streptokokken

- Die Staphylokokken

✓ Auswahlfehler bei den untersuchten Bakterien

✓ Die multiresistenten Enterobakterien

- Die ESBL und AmpC
- Die Multiresistenz bei den E.coli der Rinder
- Die MRSA und MRS

Was zu behalten ist

Schlussfolgerung

Dank

Anlagen

Bibliographie

Abkürzungen und Akronyme



Einleitung

Der letzte Tätigkeitsbericht, den die ARSIA bezüglich der Angaben der Antibiotika-Resistenz veröffentlicht hat, geht auf das Jahr 2013 zurück. Eine Aktualisierung war somit notwendig. Wie Sie feststellen werden, hat sich der Einsatz von Antibiotika stark verändert.

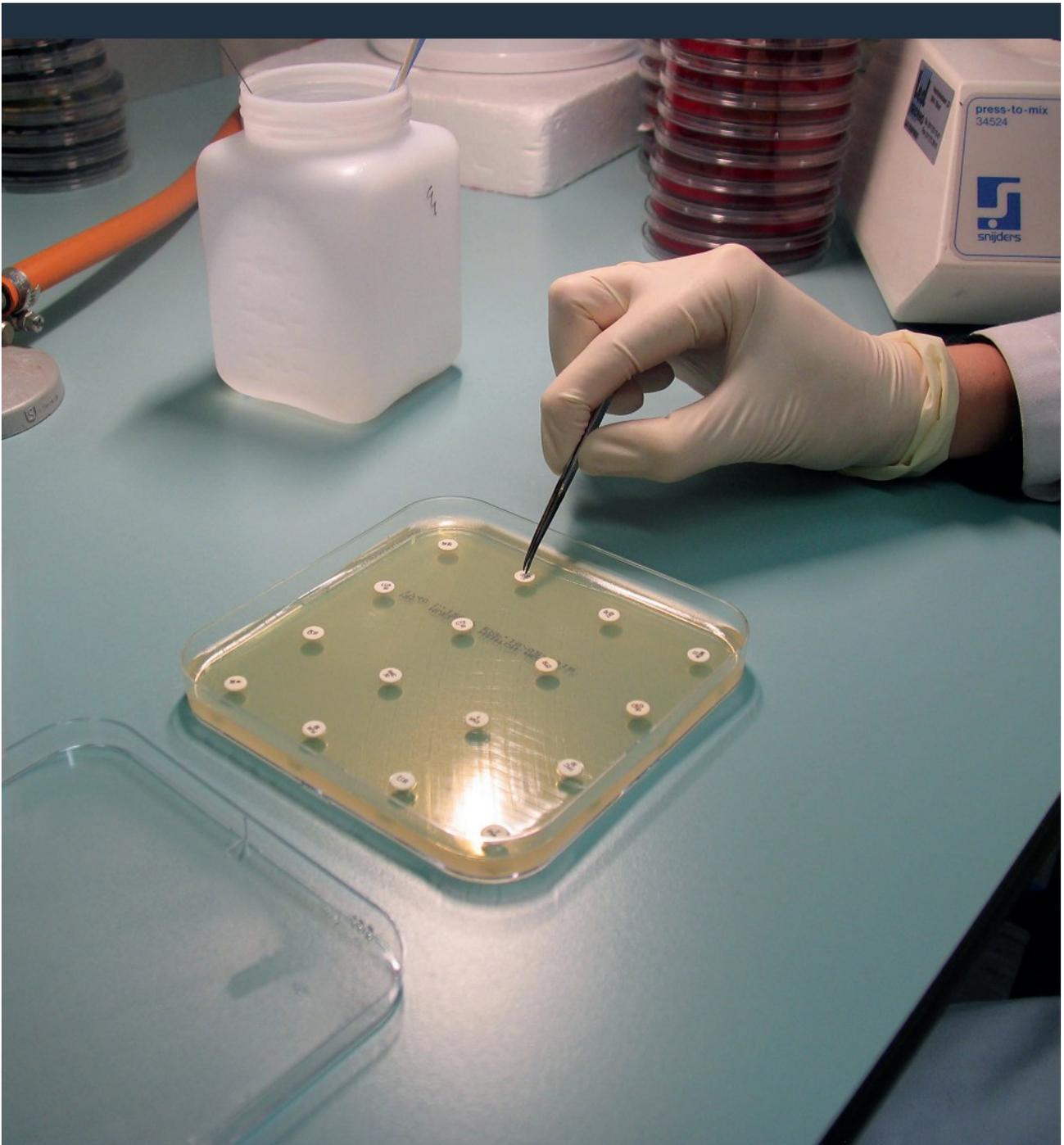
In den letzten fünf Jahren ist man sich der katastrophalen Auswirkungen der massiven weltweiten Verwendung antibakterieller Substanzen bewusst. Vielen scheint es offensichtlich, dass wir uns, ohne eine Regulierung dieser Verwendung, direkt einer therapeutischen Sackgasse nähern, zumal die Innovationen in diesem Bereich praktisch ausgeschöpft sind.

Seit mehreren Jahren werden die Medizin und die Behörden auf nationaler und internationaler Ebene aktiv, um diese Entwicklungen zu untersuchen, Laien und Mediziner zu sensibilisieren oder restriktive Maßnahmen für die Akteure der Gesundheit von Mensch und Tier einzuführen.

Unter diesen Initiativen erwähnen wir in Belgien, die Gründung der Vereinigung AMCRA im Jahr 2012 und die Veröffentlichung ihrer Zielsetzungen im Jahr 2014, die Unterzeichnung des Abkommens « Antibiotika » in 2016, zwischen der föderalen Behörde und allen sektoriellen Partnern, die von der Reduzierung des Antibiotika-Einsatzes im Tiersektor betroffen sind, die Veröffentlichung des neuen Königlichen Erlasses vom 21. Juli 2016 über die Bedingungen zur

Benutzung der Medikamente durch die Tierärzte und Tierhalter, die Inbetriebnahme von SANITEL-MED und schließlich, die Entwicklung der Plattform BIGAME durch die ARSIA und ihre Partner.

Die ARSIA verfügt somit über eine Sammlung von Daten für den Zeitraum von Januar 2013 bis Juni 2017 einschließlich. Diese Teilung in der Mitte des Jahres 2017 mag seltsam erscheinen, angesichts der Berichtsgewohnheiten, die sich im Allgemeinen über ganze Kalenderjahre erstrecken. Es schien uns jedoch sinnvoll, das erste Halbjahr 2017 in dieses Dokument zu integrieren, um die ersten Auswirkungen der neuen belgischen Politik zur vernünftigen Verwendung von Antibiotika zu veranschaulichen.



Material & Methode

Wir verwenden die Methode der Diffusion auf Agarnährboden anhand von Scheiben, die mit Antibiotika imprägniert sind (Kriby-Bauer-Methode). Diese Technik ist geeignet, um gleichzeitig die Resistenz eines Bakterienstammes gegen mehrere Antibiotika zu bestimmen.

Die Reproduzierbarkeit der erhaltenen Resultate ist gewährleistet durch tägliche Kontrollen der Qualität anhand von Referenzstämmen, sowie durch die interne Organisation von jährlichen Qualitätskontrollen und die regelmäßige Teilnahme an mehreren internationalen Eignungsprüfungen.



Seit 2005 ist unser Labor durch die Zertifizierungsstelle für ihre Dienstleistungen an den Enterobakterien und den Staphylokokken zugelassen.

Die getesteten Moleküle

Die ARSIA bietet 5 Antibiogrammprofile an (Tabelle 1), je nach den betrachteten Bakterienarten und den Hauptsystemen. Von nun an müssen die Antibiotogramme den Anforderungen des Königlichen Erlasses « Medikamente » entsprechen. Ein Antibiogramm muss die kritischen Moleküle und mindestens 7 andere Antibiotika umfassen, die zu mindestens 5 Familien nicht kritischer Antibiotika gehören.

« Kritisches » Antibiotikum: Antibiotikum von großem Interesse in der Humanmedizin, vor allem als Behandlung letzter Instanz.

Tabelle 1: Antibiogrammprofile, welche die ARSIA anbietet

Kode ABG	Antibiotika	Antibiogramme				
		GRAM negativ	GRAM negativ Mastitis	Atmungs-system	GRAM positiv	GRAM positiv Mastitis
SXT	Trimethoprim + Sulfamethoxazol	x	x	x	x	x
AMX	Amoxicillin	x	x	x		
AMC	Amoxicillin + Klavulansäure	x	x	x	x	x
G	Gentamicin	x	x	x	x	x
COL	Colistin	x	x	x		
XNL	Ceftiofur	x	x	x	x	x
CFQ	Cefquinom	x	x	x	x	x
ENR	Enrofloxacin	x	x	x	x	x
MAR	Marbofloxacin	x	x	x	x	x
CTX	Cefotaxim	x ¹	x ¹	x ¹		
CTC	Cefotaxim + Klavulansäure	x ¹	x ¹	x ¹		
CAZ	Ceftazidim	x ²	x ²			
CZC	Ceftazidim + Klavulansäure	x ²	x ²			
FOX	Cefoxitin	x ¹	x ¹	x ¹		
FF	Florfenicol	x	x	x	x	x

K	Kanamycin	x	x	x		
TE	Tetracyclin	x	x	x	x	x
MER	Meropenem	x ¹	x ¹	x ¹		
CEPH	Cefalonium		x			x
PIR2	Pirlymycin					x
RIFAX	Rifaximin					x
NPS	Nafcillin + Penicillin + Streptomycin		x			x
CEF+KAN	Cefalexin + Kanamycin		x			x
TULA	Tulathromycin			x		
TILDI	Tildipirosin			x		
GAMI	Gamithromycin			x		
PENE+PEN+FRAM	Penethamat + Penicillin + Framycetin		x			x
PEN	Penicillin				x	x
OXM	Oxacillin				x	x
CN	Cefalexin				x	x
GEN	Gentamicin HC (3)				x	x
LIN	Lincomycin				x	x
ERY	Erythromycin				x	x
SPI	Spiramycin				x	x

(1) Nicht im Testbericht angegeben, (2) Aufgehört in 2014, (3) Gentamicin-Scheibe mit hoher Konzentration für Streptokokken, (4) Bei allen Antibiotogrammen wurde die Empfindlichkeit auf die Trimethoprim-Sulfamide bewertet, anhand der Resultate, die für Trimethoprim-Sulfamethoxazol mit Charge 1,25/23,75µg erhalten wurden. Die Interpretation ist für die anderen Verbindungen Trimethoprim-Sulfamide gültig.

Die Norm und der Richtwert

Wir befolgen die Norm AFNOR UN 47-107, die im Dezember 2012 aktualisiert wurde und die in der Vorgehensweise, sowie den Durchführungsbedingungen der Antibiotogramme detailliert beschrieben wird. Die so erhaltenen Resultate werden laut den Maßstäben des Ausschusses der Antibiotogramme der Französischen Gesellschaft für Mikrobiologie interpretiert. Dieses Dokument wird jedes Jahr aktualisiert.

Um interpretierbar zu sein, muss die beschriebene Methode genauestens eingehalten werden. Zu den kritischen Punkten zählen die Dichte des bakteriellen Inokulums, die antibiotische Belastung der imprägnierten Scheiben und ihre Konservierungsbedingungen, die Eigenschaften des verwendeten Agar-Mediums, die Temperatur, die Inkubationszeit der Agarplatten und die zeitliche Abstimmung der verschiedenen Etappen der Durchführung der Antibiotogramme.

Das Prinzip

Anhand einer reinen und frischen Kultur (weniger als 24 Stunden), führen wir eine standardisierte Bakteriensuspension mit einer Titrationsrate von etwa 10^7 KBE/ml in steriler physiologischer Flüssigkeit, dank der Inoclic™ -Technik (Metallstab mit mikro-zellenförmiger Struktur, kalibriert, zum Aufnehmen der Bakterien beim Pikieren eine Agar-Kolonie, Inoclic ND,@12A) durch.

Innerhalb von 15 Minuten impfen wir die notwendigen Bereiche zur Durchführung der AntibioGramme mittels Abstrich. Wir verwenden Mueller-Hinton-Agar (MH) für einfache Keime, wie Enterobakterien und Staphylokokken und Mueller-Hinton-Agar (MHR), angereichert mit Schafsblut, für schwierige oder langsamer wachsende Keime, wie Pasteurellaceae und Streptokokken.

In einem zweiten Zeitraum von 15 Minuten, werden die antibiotischen Scheiben auf die geimpften Agarplatten gesetzt, entweder mit Hilfe eines Distributors oder manuell.

Nach diesen 3 Etappen werden die Agarplatten bei $37^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$ unter aeroben Bedingungen während 18 bis 24 Stunden inkubiert.

Das Ablesen

Nach Ablauf der Inkubationszeit kann das Ablesen der Agarplatten mit dem SIRscan™ 2000 erfolgen, einem automatischen Lesegerät, dessen hochauflösende Kamera etwa vierzig Messungen des Hemmungsdurchmessers um jede Scheibe durchführt und mit einem Durchschnittsergebnis in Millimeter (mm) endet.

Die Interpretation

Diese Resultate in mm werden von der SIRweb™ -Software mit den Referenzwerten verglichen, die vom Ausschuss der AntibioGramme der Französischen Gesellschaft für Mikrobiologie (CA-SFM) erstellt wurden und in Rohergebnisse umgewandelt, entweder S (Sensibel), I (Intermediär) oder R (Resistent).

Es folgt eine zweite Interpretation, welche die Begriffe Antagonismen, Synergien und Mutanten umfasst.

Zum Beispiel, der Nachweis von Beta-Laktamase-Phänotypen mit erweitertem Spektrum (ESBL) bei den E.Coli wird erstellt durch den Vergleich der Größenunterschiede der Hemmzonen um die Scheiben von Cefotaxim und Cefotaxim + Klavulansäure herum oder durch den Nachweis einer « Champagnerkorken »-Synergie zwischen der Scheibe mit Amoxicillin + Kalvulansäure und einer Scheibe mit Cephalosporinen der 3. oder 4. Generation. Dem Endverbraucher liefern wir daher ein interpretiertes Resultat, das für alle Beta-Laktam-Antibiotika resistent ist, ungeachtet der Rohergebnisse des AntibioGramms für diese Moleküle.

Anmerkung: Wenn laut dem Bezugssystem CA-SFM eine Breitspektrum-Beta-Laktamase (ESBL) nachgewiesen wird, muss der Stamm als resistent gegenüber allen, in der Veterinärmedizin verfügbaren Beta-Laktam-Antibiotika angesehen werden, mit Ausnahme der Verbindung Amoxicillin-Klavulansäure. Für dieses Antibiotikum unterliegt das Rohergebnis (S, I oder R) nicht dieser Interpretationsregel. Dennoch ist die 'in vivo' Wirksamkeit von Amoxicillin-Klavulansäure auf einen Stamm mit ESBL in der Veterinärmedizin nicht dokumentiert.

Die definitiven Resultate

Nach Validierung durch einen Tierarzt werden die interpretierten Resultate in das EDV-System des Labors eingetragen und in die Untersuchungsberichte integriert.

Die gesamten Ergebnisse (in mm), roh und interpretiert, sowie die Fotos der Antibiogramme werden in unseren Computersystemen gespeichert, was eine vollständige Rückverfolgbarkeit ermöglicht, aber auch eine spätere Nutzung der Angaben, insbesondere für die Erstellung der Tätigkeitsberichte und die verschiedenen Präsentationen und Veröffentlichungen, die das rechtfertigen.

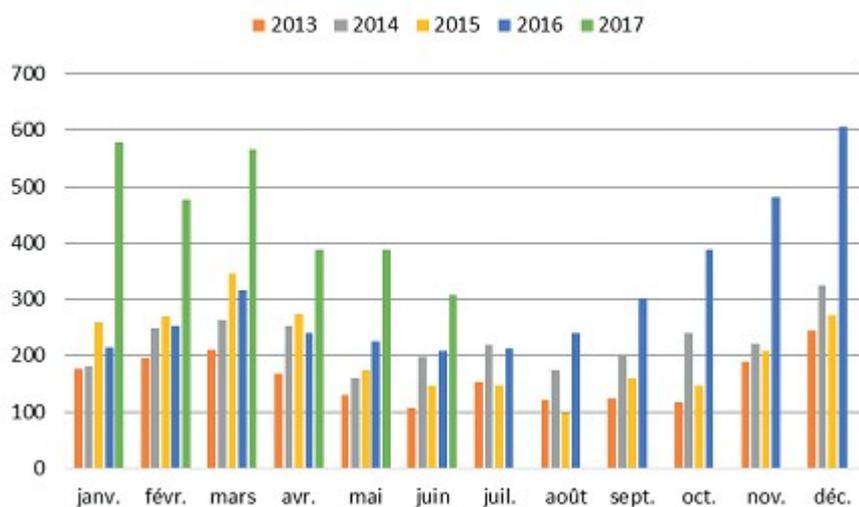


Die Resultate

Die Antibiotogramme

Bis zum Jahr 2015 führte die Arsia jährlich ungefähr 2500 Antibiotogramme durch, wobei der Winter proportional die aktivste Zeit war. Seit August 2016 ist die Anzahl Analysen, auf Anregung der neuen « Antibiotika »-Politik und dem Anreiz zur Durchführung von Laboruntersuchungen vor dem Einsatz von Antibiotika, deutlich angestiegen. Im Jahr 2016 ist die Anzahl Antibiotogramme um etwa 45% angestiegen. Das erste Halbjahr 2017 folgt ebenfalls diesem Trend, wie die Grafik 1 es verdeutlicht.

Grafik 1: Monatlich bei der ARSIA durchgeführte Antibiotogramme, zwischen Januar 2013 und Juni 2017



Die Tierarten

Die Mehrheit dieser Analysen wurde für die Rinder durchgeführt, auch wenn im Laufe dieser letzten sechs Jahre 31 Tierarten in der Datenbank der Antibiotogramme aufgeführt wurden (Tabelle 2).

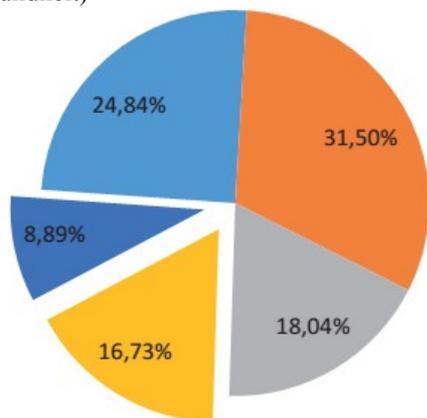
Tabelle 2: Aufteilung der Antibiotogramme nach Tierarten

	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
RIND	1598	2450	2270	3395	2494
SCHAF	27	60	43	60	85
SCHWEIN	10	16	10	24	25
GEFLÜGEL	26	28	32	37	26
ZIEGE	12	8	9	19	17
PFERD	5	9	7	10	8
HUND	22	19	17	16	8
KANINCHEN	17	18	12	12	8
ANDERE	42	9	26	47	4
KATZE	4	11	6	15	3
TAUBE	13	23	18	8	3

KANARIEN-VOGEL	6	6	1	3	1
VÖGEL	13	11	4	6	1

75% der Antibiogramme, die in der Rindergesundheit im Jahr 2017 durchgeführt wurden, betrafen Tiere, die jünger als 1 Monat waren, wenn wir die Eutergesundheit außer Acht lassen. Diese entspricht 28% der Antibiogramme, die während derselben Zeitspanne durchgeführt wurden (Grafik 2 und 3).

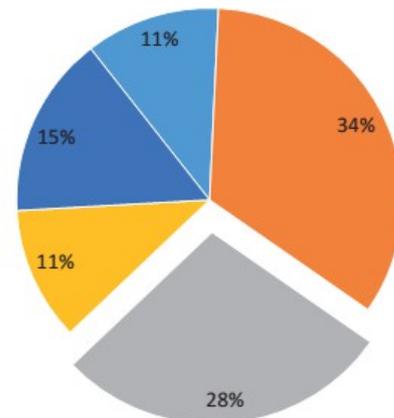
Grafik 2: Aufteilung der Antibiogramme in der Rindergesundheit in 2017, je nach Alter des Tieres (ausgenommen der Eutergesundheit)



■ 0-7j ■ 8-15j ■ 16-31j ■ 1-6mois ■ +6mois

0-7 Tage, 8-15 Tage, 16-31 Tage, 1-6 Monate, +6 Monate

Grafik3: Aufteilung der in 2017 durchgeführten Antibiogramme in der Tiergesundheit, je nach befallenen System



■ NON CLASSES ■ DIGESTIF ■ LAIT ■ RESPIRATOIRE ■ SYSTEMIQUE

Nicht klassiert, Verdauung, Milch, Atemwege, Systemisch

Die Bakterienarten

In Sachen Antibiotikatherapie und damit Antibiotikaresistenz, bieten wir die Aufteilung der Rinder-Pathogene laut 3 Klassen an:

- die Enterobakterien des Verdauungstraktes und bei Septikämie,
- die Pasteurellaceae
- die Bakterien, die bei Mastitis isoliert wurden.

Tabelle 3: « Top 20 » der Bakterien, die einem Antibiogramm unterworfen werden

	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Escherichia coli CS31A	195	255	381	717	584
Escherichia coli (andere als CS31A, F17, K5, Enterohaemolysine)	205	279	310	623	528
Escherichia coli F17 (ATT 25)	90	133	137	319	253
Streptococcus uberis	150	191	152	254	218
Staphylococcus aureus	32	70	54	111	74
Salmonella Dublin	55	89	99	102	38
Escherichia coli F5 (K99)	24	26	39	85	78
Streptococcus dysgalactiae	56	53	56	73	77

Escherichia coli Enterohaemolysine +	30	44	31	55	46
Pasteurella multocida	30	31	33	65	48
Klebsiella pneumoniae	9	5	12	49	28
Mannheimia haemolytica	13	72	25	49	39
Salmonella Typhimurium	10	13	7	34	16
Staphylococcus haemolyticus	10	22	11	32	23
Staphylococcus chromogenes		10	11	25	14
Serratia marcescens	3	7	13	18	6
Pseudomonas aeruginosa	5	6	8	14	7
Histophilus somni	7	10	6	13	11
Staphylococcus sciuri	3	6	4	9	11
Staphylococcus xylosum	1	8	7	9	7

Die Angaben der Resistenz (SIR)

Die Entwicklung der Antibiotika-Resistenz wird seit vielen Jahren von der ARSIA sowohl für kritische, als auch nicht kritische Moleküle überwacht. In diesem Kapitel verdeutlichen wir die Tendenzen, die in den letzten 5 Jahren beobachtet wurden und versuchen, die bereits wahrnehmbaren Entwicklungen zu vergegenständlichen, die wahrscheinlich in Verbindung mit der Einführung der neuen Politik zur Benutzung der Antibiotika in der Rinderproduktion stehen.

Hierzu vergleichen wir die Resultate der Antibiogramme der Zeitspanne 2016-2017 mit den Resultaten, die wir zwischen 2013 und 2015 bei ähnlichen Bakterienpopulationen erhalten haben. Dieser Ansatz gleicht dem, den wir in unserem vorherigen Tätigkeitsbericht benutzt haben, der im Jahr 2013 veröffentlicht wurde. Anschließend zeigen wir eine Veranschaulichung der Entwicklung auf jährlicher Basis und in Form von Kurven, welche die kürzlich wahrnehmbaren Entwicklungen in 2016 und 2017 besser darstellen.

Tabelle 4: septikämische Bakterien des Rindes - häufigste Antibiogramme

	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Escherichia coli	38	55	78	194	140
Escherichia coli CS31A	6	5	12	60	36
Salmonella Dublin	6	18	21	36	16
Escherichia coli F17 (ATT 25)	5	8	8	24	22
Salmonella Typhimurium	3	1	2	10	2
Listeria monocytogenes	4	2	2	8	15

In den verschiedenen Grafiken werden die bedeutenden Abwärtsdifferenzen durch nach unten weisende grüne Pfeile dargestellt und die bedeutenden Aufwärtsdifferenzen durch nach oben weisende rote Pfeile. Diese Entwicklungen wurden statistisch geprüft mithilfe des Tests der geringen Abweichung für die Populationen, die mindestens 30 Werte zählen. Für die kleineren Populationen wurde ein Chi-Quadrat-Test angewandt.

Die Enterobakterien

Unter den Enterobakterien werden die *Escherichia coli* in unserem Labor am häufigsten bei Rindern mit Sepsis oder Durchfall isoliert (Tabellen 4 und 5). Unter den krankheitserregenden Bakterien sind sie auch jene, die die meisten Entwicklungen angesichts ihrer Antibiotikaresistenz erfahren, und dies, sowohl nach oben, als nach unten.

Die Informationen in Verbindung mit den, in der Euterpathologie isolierten *E. Coli*, werden im Kapitel der Eutergesundheit zusammengefasst.

Tabelle 5: Darmbakterien des Rindes - häufigste Antibiogramme

	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Escherichia coli CS31A	188	246	361	577	480
Escherichia coli F17 (ATT 25)	83	120	123	244	197
Escherichia coli F5 (K99)	24	26	39	85	78
Salmonella Dublin	49	71	78	66	22
Escherichia coli Enterohaemolysine +	30	44	31	63	54
Klebsiella pneumoniae	5	4	9	24	13
Salmonella Typhimurium	6	10	5	23	11

Die Rinder-*Escherichia coli*

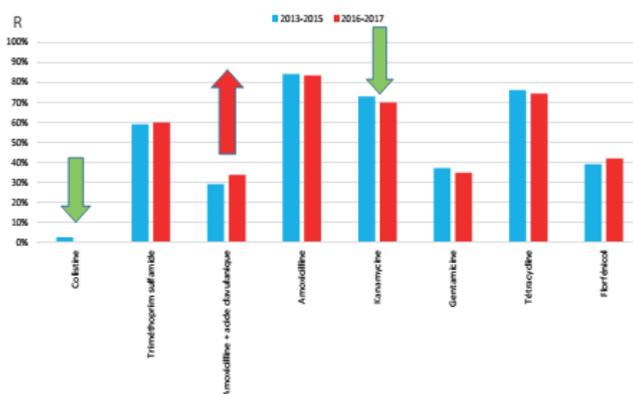
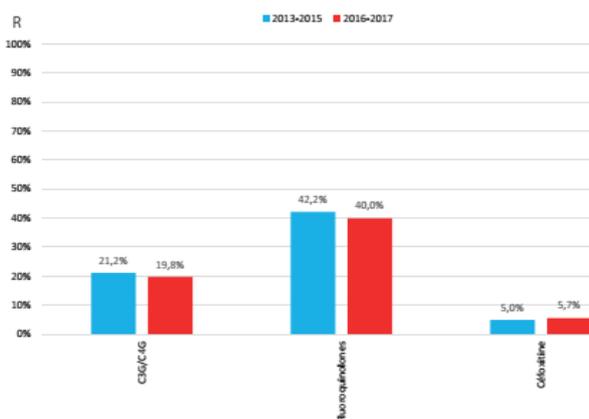
VERGLEICH 2013-2015 VERSUS 2016-2017

Wir beobachten Entwicklungen in Richtung einer Abnahme der Antibiotikaresistenz für die C3G/C4G und die Fluorchinolone. Diese Unterschiede sind jedoch nicht bedeutend. Ein bedeutender Rückgang der Antibiotikaresistenz wird für Nanamycin und Colistin beobachtet, wobei letzteres die unten erwähnten Vorbehalte aufweist. Ein bedeutender Unterschied in Richtung eines Anstiegs kann einzig für Amoxicillin + Clavulansäure beschrieben werden.

Tabelle 6: Rinder-*E. coli* jeglicher Herkunft (mit Ausnahme der Eutergesundheit)

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	383	527	680	1441	1221

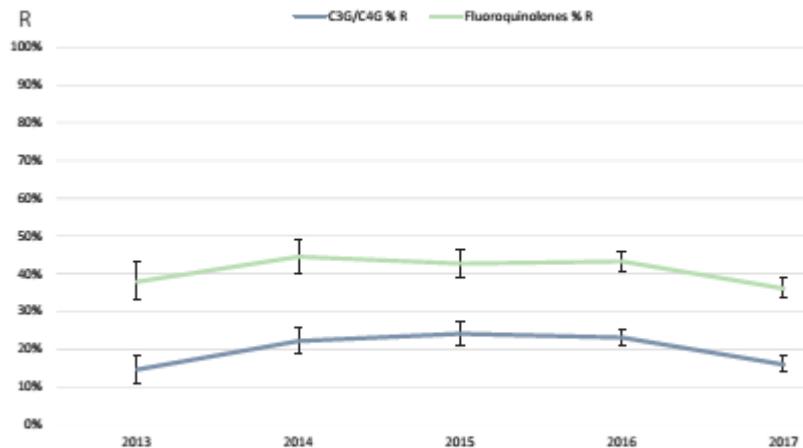
Grafiken 4 und 4bis: *E. coli* von Rindern - Vergleich 2013-2015 versus 2016-06/2017



ZEITSPANNE 2013-2017

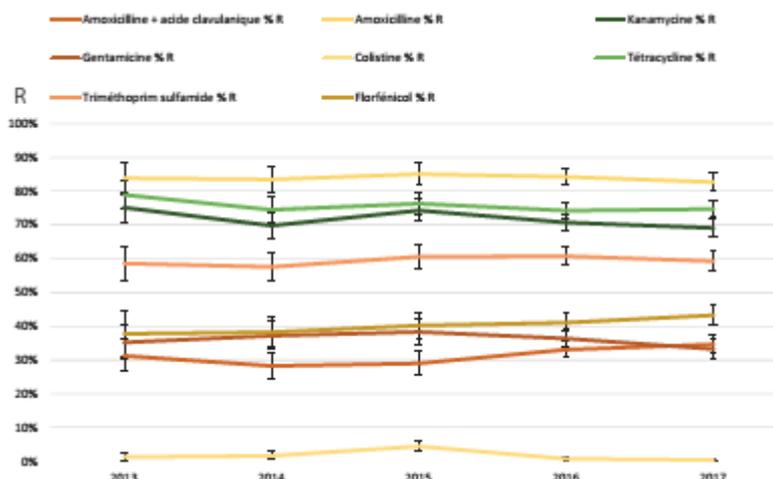
Im vorherigen Tätigkeitsbericht AntibioGramme für den Zeitraum 2010 - 2012, war die Resistenz der Rinder-*E. Coli* angesichts der kritischen Moleküle allgemein ansteigend, bis deutlich ansteigend. Für den Zeitraum 2013-2017 konnten wir eine Stagnation und anschließend einen leichten Rückgang der Antibiotikaresistenz ab dem Jahr 2016 erleben, ein Trend, der in 2017 zuzunehmen scheint.

Grafik 5: *E. Coli* von Rindern – Kritische Moleküle



In Bezug auf die nicht kritischen Moleküle, geht der Trend allgemein in Richtung Stabilität, mit einer Aufwärtsbiegung der Kurven seit 2016 für Amoxicillin + Clavulansäure, Tetracyclin und Florfenicol. Die Resistenz gegenüber Colistin ist schwer zu beurteilen, die Methode des Diffusionsantibiogramms ist eindeutig ungeeignet. Die diesbezügliche Aktualität war seit 2015 besonders umfangreich, mit dem Nachweis eines Gens mit plasmatischer Resistenz, „mcr1“ genannt und anschließend ein zweites, „mcr2“ genannt, durch eine Gruppe chinesischer Forscher. Das Team des Professors Jacques Mainil der Veterinärmedizinischen Fakultät der Universität Lüttich hat einen Teil der, bei der ARSIA isolierten *Escherichia coli* Stämme untersucht, die möglicherweise diese Gene tragen (Anlage 1).

Grafik 5bis: *E. Coli* von Rindern – Nicht kritische Moleküle



Escherichia coli Enterohaemolysin positiv beim Rind

Wenn wir uns nun einige Coli-Bazillen-Populationen von Interesse anschauen, so müssen wir feststellen, dass die Tendenzen nicht immer identisch sind.

Die meisten Stämme sind läsional, da die Bakterien sich an die Darmzotten heften, um sie "auszulöschen" (AECC) und einige scheiden Verotoxine aus (VTEC), die für blutigen Durchfall (EHEC) verantwortlich sind. Die Verlängerung der Rezeptivitätsperiode erstreckt sich in diesem Fall weit über die neonatale Periode hinaus. Bei den Rindern weisen diese Stämme zusätzliche Eigenschaften auf, die nicht mit der Pathogenese der Infektion zusammenhängen, aber sehr nützlich für die Routinediagnose sind, und zwar die Produktion von Enterohämolysin (auf Schafsblutagar mit gewaschenen roten Blutkörperchen).

Es handelt sich um eine Coli-Bazillen-Population, die in unseren Datenbanken kaum bekannt ist und für die, die Resistenzniveaus niedrig sind.

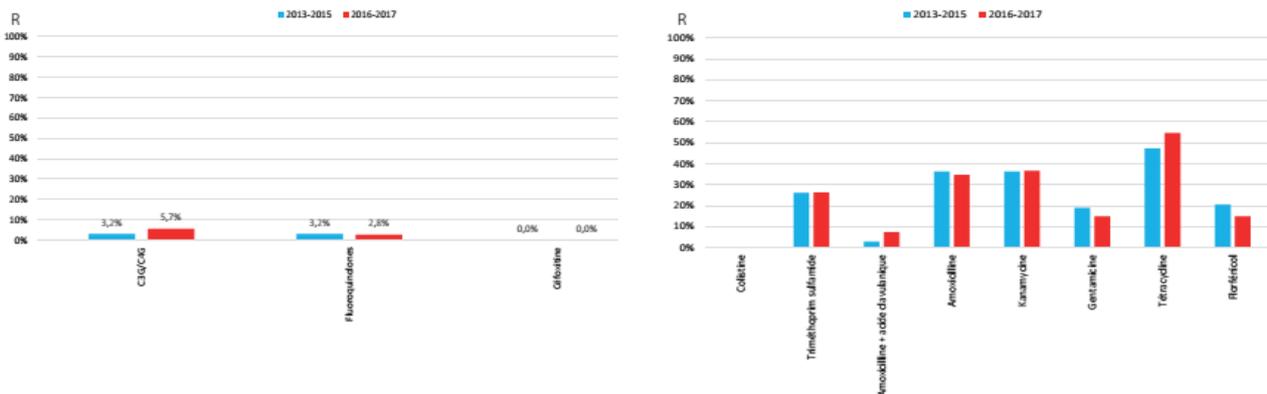
Tabelle 7: *E. coli* Enterohaemolysin positiv von Rindern

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	30	44	31	55	46

VERGLEICH 2013-2015 VERSUS 2016-2017

Da die Gesamtzahl dieser Bakterienpopulation geringer ist, kann der Test der verringerten Abweichung nicht benutzt werden. Daher haben wir einen Chi-Quadrat-Test durchgeführt. Für diese beiden Zeiträume besteht kein signifikanter Unterschied.

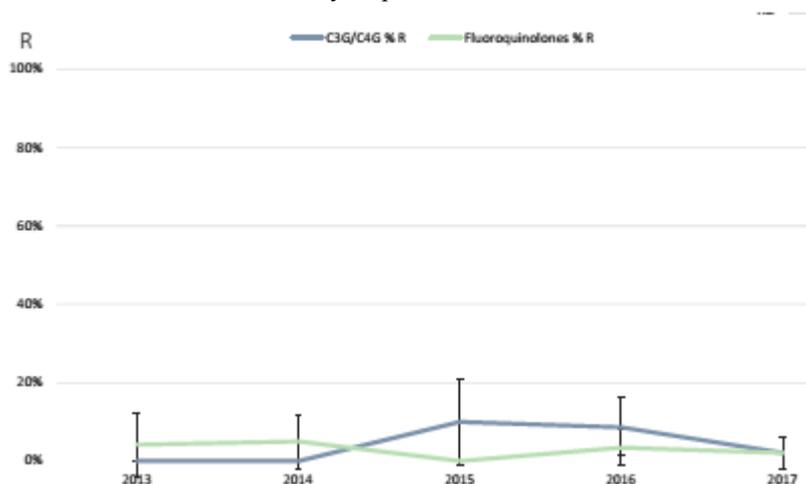
Grafiken 6 und 6bis: *E. Coli* Enterohaemolysin positiv von Rindern - Vergleich 2013-2015 versus 2016-06/2017



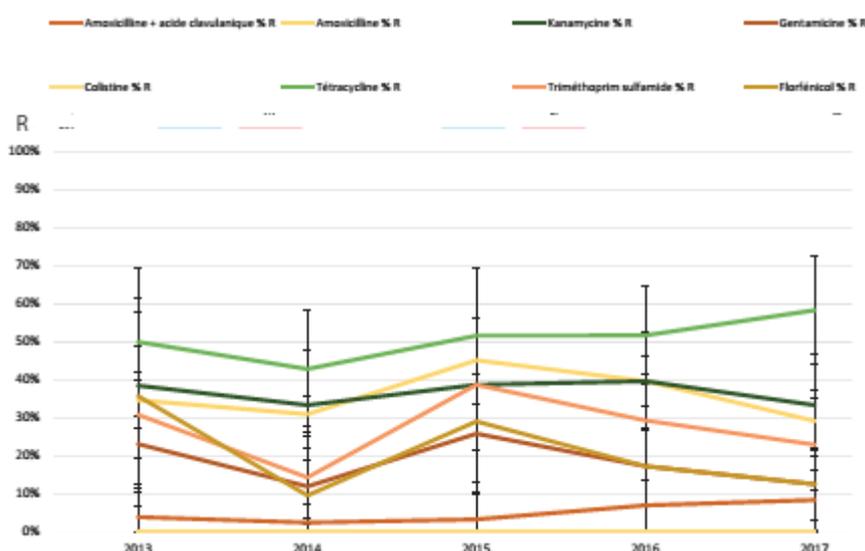
VERGLEICH 2013-2015 VERSUS 2016-2017

Diese Stämme weisen sehr geringe Resistenzniveaus gegenüber Antibiotika auf, im Vergleich zu den anderen pathogenen *E. Coli* beim Rind. Im Laufe der 5 Jahre erfahren sie keine nennenswerte Veränderung. Die bemerkenswerten Elemente bezüglich dieser Bakterien betreffen nicht die Entwicklung ihrer Antibiotikaresistenz, sondern die Entwicklung der Serotypen, die in den wallonischen Populationen zirkulieren, wie es Herr J. Mainil beschreibt (siehe Anlage 2).

Grafik 7: *E. Coli* Enterohaemolysin positiv von Rindern – kritische Moleküle



Grafik 7bis: *E. Coli* Enterohaemolysin positiv von Rindern – nicht kritische Moleküle



Escherichia coli enterotoxinogen (ETEC)

Die *E. Coli* F5, früher *E. Coli* K99 genannt, sind Stämme, die ausschließlich mit den jungen Kälbern, die jünger als 5 Tage sind, in Verbindung stehen. Sie stellen Toxine her und bewirken die Ansammlung von Flüssigkeiten im Darm und dabei in der Regel eine sehr ausgeprägte Austrocknung.

Tabelle 8: *E. Coli* F5 (K99) von Rindern

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	24	26	39	85	78

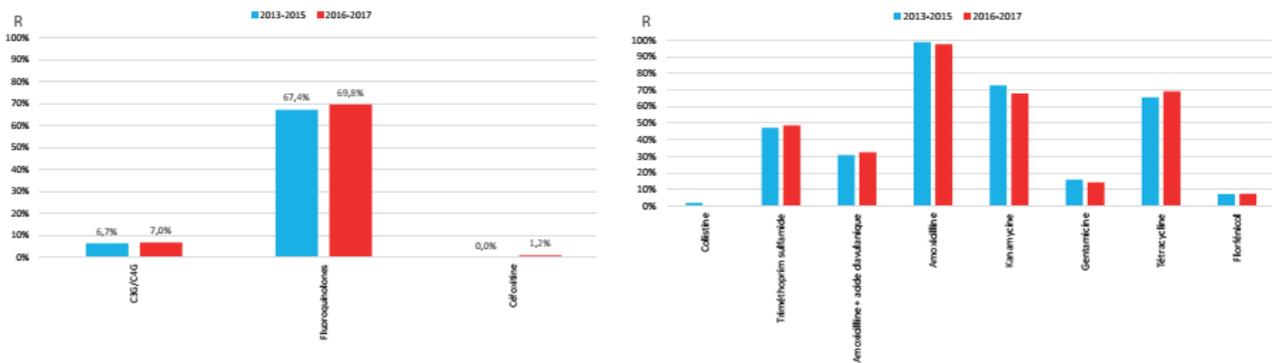
Diese Population repräsentiert weniger als 10% der, in der Rinderproduktion isolierten *E. Coli*.

VERGLEICH 2013-2015 VERSUS 2016-2017

Da die Gesamtzahl dieser Bakterienpopulation geringer ist, kann der Test der verringerten Abweichung nicht benutzt werden. Daher haben wir einen Chi-Quadrat-Test durchgeführt. Für

diese beiden Zeiträume besteht kein signifikanter Unterschied. Es sollte jedoch bemerkt werden, dass dies die einzige Kolibakterienpopulation ist, deren Tendenz der Resistenz zwischen diesen 2 Perioden für die kritischen Moleküle ansteigt.

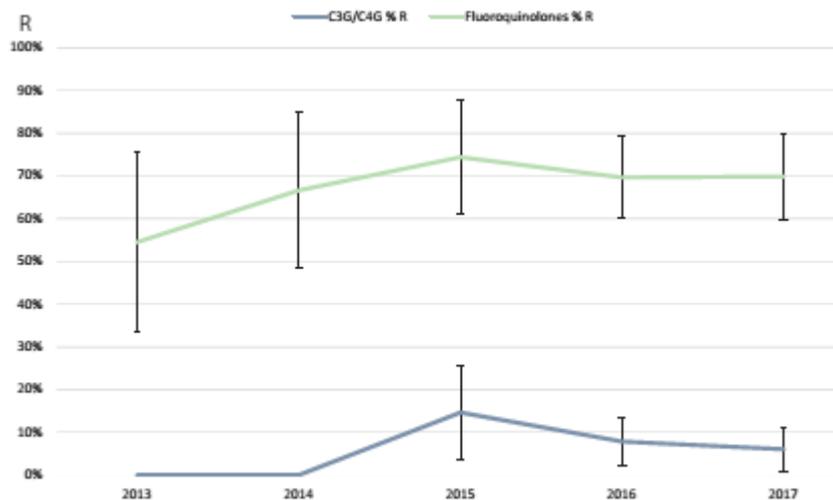
Grafiken 8 und 8bis: E. Coli F5 (K99) von Rindern - Vergleich 2013-2015 versus 2016-2017



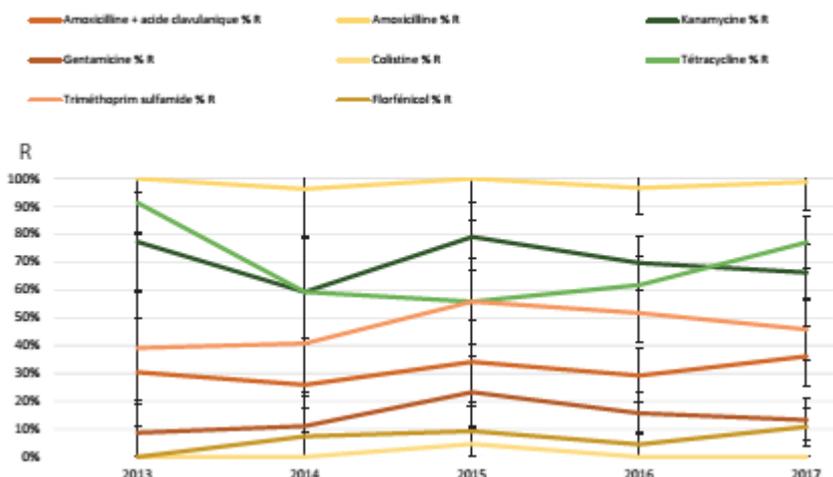
VERGLEICH 2013-2015 VERSUS 2016-2017

Wir notieren ein Resistenzniveau von etwa 70% gegenüber den Fluorchinolonen, das deutlich höher liegt, als für die anderen Serotypen. Dieses Niveau scheint sich jedoch seit 2015 zu stabilisieren. Die Resistenz gegenüber den C3G/C4G liegt bei ungefähr 6%. Diese Zahl ist deutlich niedriger, als die Messungen, die für die anderen Populationen von *E. Coli* des Verdauungstraktes gemacht wurden. In Bezug auf die nicht kritischen Moleküle, geht die Resistenz gegenüber Gentamicin und Trimethoprim - Sulfonamide seit 2 Jahren zurück.

Grafik 9: E. Coli F5 (K99) von Rindern – kritische Moleküle



Grafik 9: E. Coli F5 (K99) von Rindern – nicht kritische Moleküle



Die invasiven Stämme

Die *E. Coli* F17 (früher *E. Coli* ATT 25 genannt) und die *E. Coli* CS31a.

Tabelle 9: *E. Coli* CS31a et F17 (ATT25) von Rindern

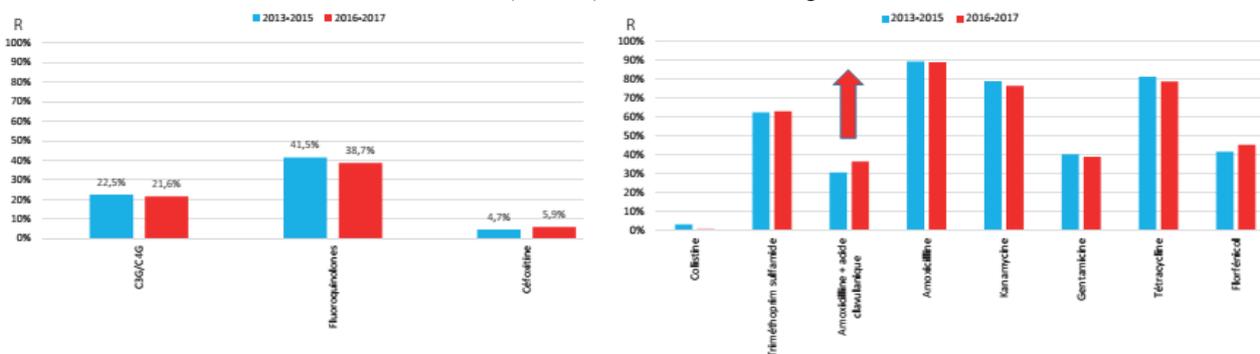
Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	276	378	499	987	809

Diese Bakterien werden im Verdauungstrakt, aber auch in anderen inneren Organen isoliert. Für die *E. Coli*, die auf inneren Organen isoliert wurden, führen wir die Antibiotogramme nur dann durch, wenn die Kultur rein ist oder überwiegend und reichlich vorhanden ist. Dieser Abschnitt enthält nur die *E. Coli* CS31A und F17, die aufgrund der Anamnese oder der Autopsie deutlich als in Verbindung mit dem Verdauungstrakt oder Sepsis eingestuft werden können.

VERGLEICH 2013-2015 VERSUS 2016-2017

Wir stellen noch keinen bedeutenden Unterschied in der Verringerung der Antibiotikaresistenz für die C3G/C4G und die Fluorchinolone fest. Im Gegensatz dazu steigt die Resistenz gegenüber Amoxicillin + Clavulansäure deutlich an.

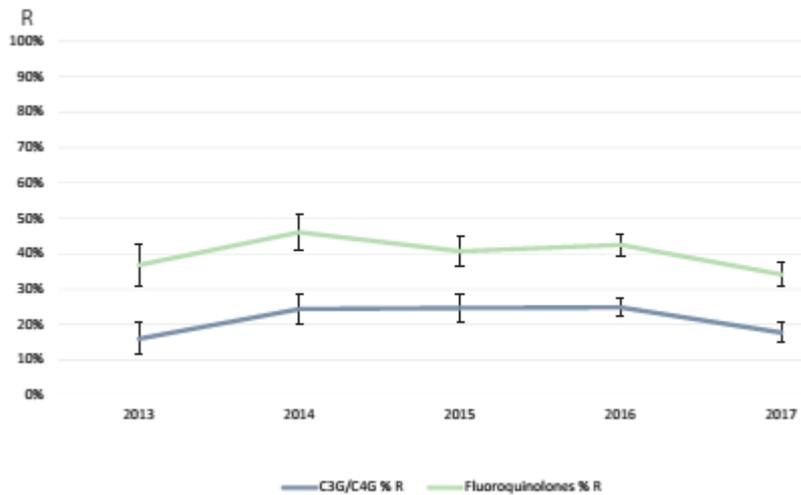
Grafiken 10 und 10bis: *E. Coli* CS31a und F17 (ATT25) von Rindern - Vergleich 2013-2015 versus 2016-2017



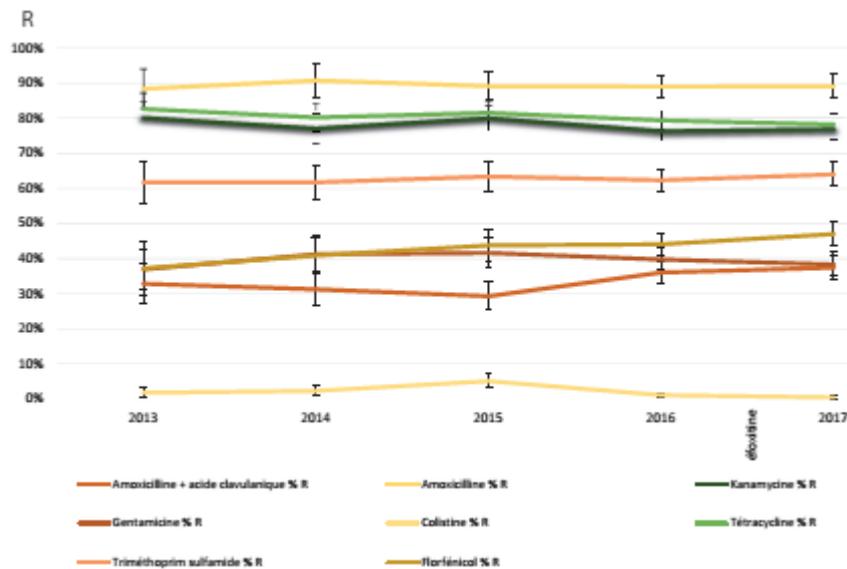
VERGLEICH 2013-2015 VERSUS 2016-2017

Dies ist eine 10-mal größere Population als die *E. Coli* F5, die seit 2016 abnehmende Resistenzen gegenüber kritischen Molekülen aufweist, während die Resistenz gegenüber den nicht kritischen Molekülen im Laufe dieser Zeitspanne sehr stabil ist, mit einem jedoch sehr geringen Anstieg seit Ende 2016. Dies spiegelt wahrscheinlich eine Änderung der Antibiotika-Therapie bei Rindern wider.

Grafik 11: *E. Coli* CS31a und F17 (ATT25) von Rindern – kritische Moleküle



Grafik 11bis: *E. Coli* CS31a und F17 (ATT25) von Rindern – nicht kritische Moleküle



Die anderen Enterobakterien von Interesse

Salmonella enterica Dublin

Dies ist die Salmonelle, die am häufigsten in den wallonischen Betrieben vorkommt (Tabelle 3). Sie wird hauptsächlich bei Föten oder septikämischen Kälbern isoliert, die jünger als 6 Monate sind. Im Gegensatz zu den *E. Coli* sind die Werte der Antibiotikaresistenz dieses Enterobakteriums sehr niedrig und haben sich im Laufe der Periode 2013-2017 nicht entwickelt (Grafik 12).

Tabelle 10: *S. Dublin* von Rindern

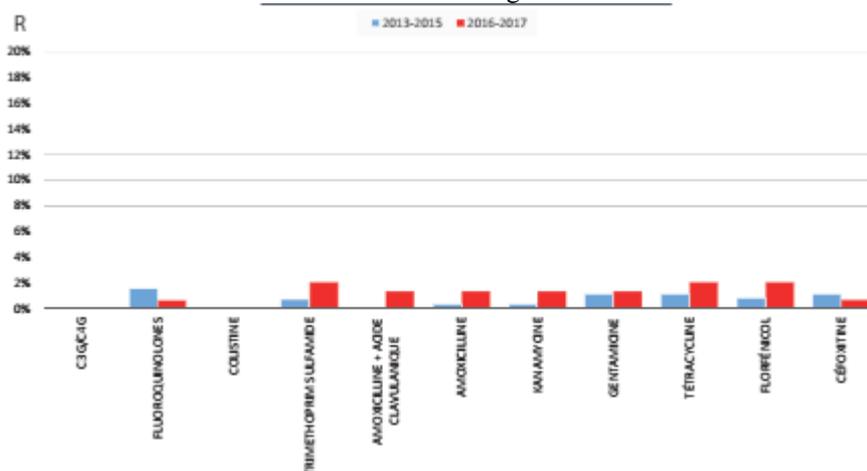
Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)

Anzahl	55	89	99	102	38
--------	----	----	----	-----	----

In den Jahren 2015 und 2016 haben wir in drei benachbarten Gemeinden dreimal ein Profil identifiziert, das gegenüber Cefoxitin und den Fluorchinolonen resistent ist, was auf eine lokale Verbreitung eines multiresistenten Klons für die kritischen Moleküle schließen lässt. Letzterer wäre ebenfalls gegenüber potenzierten Tetracyclinen und Sulfonamiden resistent oder intermediär. Das ist ein seltenes Ereignis, muss aber für diese Salmonelle überwacht werden, die in Sachen Antibiotikaresistenz als kaum evolutionär angesehen wird.

In Sachen Salmonellose betreffen die therapeutischen Schwierigkeiten mit dieser fakultativ intrazellulären Bakterie nicht die Antibiotikaresistenz.

Grafiken 12: *S. Dublin* von Rindern - Vergleich 2013-2015 versus 2016-2017



Salmonella enterica Typhimurium

Es handelt sich um einen seltenen Serotypen in der Rinderpraxis, da wir ihn in der Zeitspanne von 2013 – 2015 durchschnittlich weniger als 10-mal angetroffen haben. Wir müssen jedoch bemerken, dass, ab September 2016 und für das erste Semester 2017, eine ungewöhnlich große Anzahl isoliert wurde. Die Antibioitkaresistenz gegenüber den kritischen Molekülen ist für den Zeitraum 2016-2017 gleich Null und für die kritischen Moleküle gering, mit Ausnahme von Tetracyclin, Amoxicillin und Florfenicol.

Tabelle 11: *S. Typhimurium* von Rindern

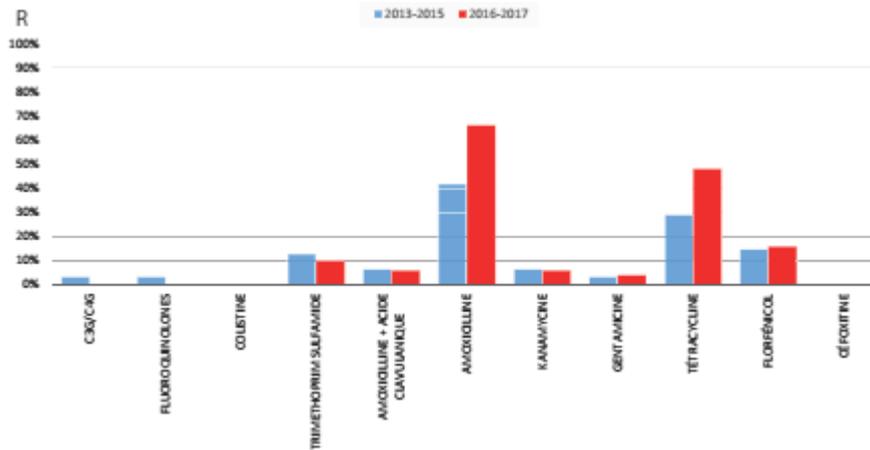
Jahr	Anzahl	% positiver Bakteriologien
2013	10	0,48%
2014	13	0,44%
2015	7	0,32%
2016	34	0,98%
2017 (Juni)	16	0,65%

Die geografische Verteilung der Fälle und die Antibiotikaresistenz dieser Stämme ist nicht gleichmäßig. In 2016 und 2017 konnten wir 10 Isolate in der Provinz Namur zählen, mit 1 R AMS-TE-Profil für 8 von ihnen, 18 Isolate in der Provinz Lüttich mit 6 R AMX-Profilen und 5 R AMX-FF-TE-Profilen, alle im Nordosten der Provinz. Im Hennegau haben wir 8 Stämme isoliert, wovon 3

AMX-TE-Profile und nur 2 in der Provinz Luxemburg.

Schließlich verweisen wir auf die Isolierung von 2 Stämmen *S. Typhimurium* des Phänotyps ESBL im Jahr 2015 und keinen in 2016-2017.

Grafik 13: *S. Typhimurium* von Rindern - Vergleich 2013-2015 versus 2016-2017



Die hauptsächlichsten pathogenen Bakterien der Atemwege

Pasteurellaceae sind die wichtigsten Bakterien bei Atemwegserkrankungen der Rinder.

Für diese Familie werden nur die Daten für den Zeitraum 2016-2017 angegeben. Zwei Gründe erklären diese Wahl. Erstens handelt es sich um eine Familie von Bakterien, die keine Entwicklung in Sachen Antibiotikaresistenz erlebt. Ferner besitzen wir keine vollständigen Angaben über die neuen Makrolide (Tildipirosin, Gamithromycin und Tulathromycin), außer für diesen einzigen Zeitraum.

Tabelle 12: *Pasteurellaceae*, die häufigsten Antibiotigramme

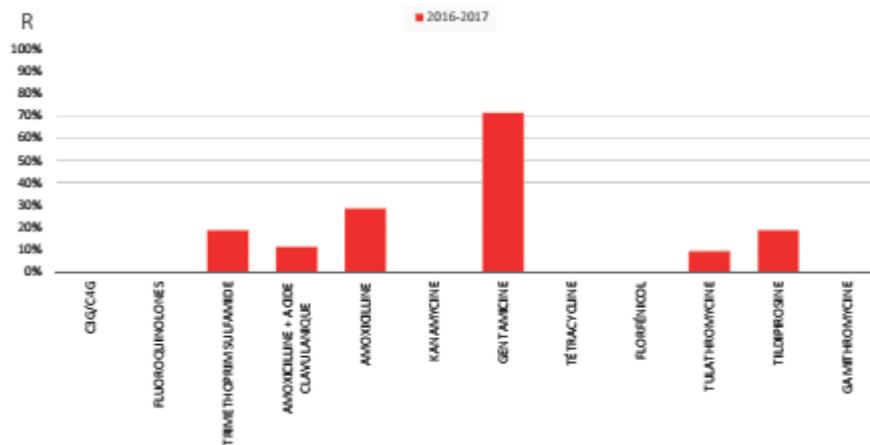
	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
<i>Pasteurella multocida</i>	30	31	33	65	48
<i>Mannheimia haemolytica</i>	13	22	25	49	39
<i>Histophilus somni</i>	7	10	6	13	11
<i>Bibersteinia trehalosi</i>	1	1	1	7	6
<i>Mannheimia varigena</i>	0	0	2	6	6
<i>Gallibacterium anatis</i>				4	2

Für *Histophilus somni*, einer Bakterie, die für Pneumonien, aber auch für Enzephalitis, Myokarditis, Septikämien oder Arthritis verantwortlich ist, gibt es nur wenige Angaben zur Antibiotikaresistenz. Die Fragilität dieser Bakterie und die Schwierigkeit, sie auf Kulturmedien zu züchten, sind die Hauptgründe hierfür. Die Resistenzlevels sind niedrig, außer für Gentamicin, das aber gewiss kein Molekül ist, das normalerweise für diese Art Erkrankung eingesetzt wird.

Tabelle 13: *Histophilus somni* von Rindern

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	7	10	6	13	11

Grafik 14: *Histophilus somni* in der Rindergesundheit



Für *Pasteurella multocida* und *Mannheimia haemolytica* sind die Resistenzlevels sehr niedrig. Auf der Grundlage eines Antibiogramms ist die Verwendung kritischer Moleküle niemals angezeigt.

Tabelle 14: *Pasteurella multocida* von Rindern

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	30	31	33	65	48

Grafik 15: *Pasteurella multocida* in der Rindergesundheit

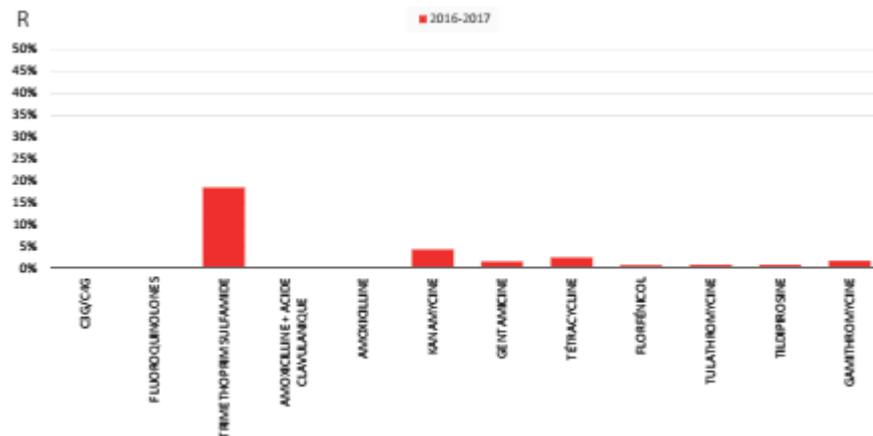
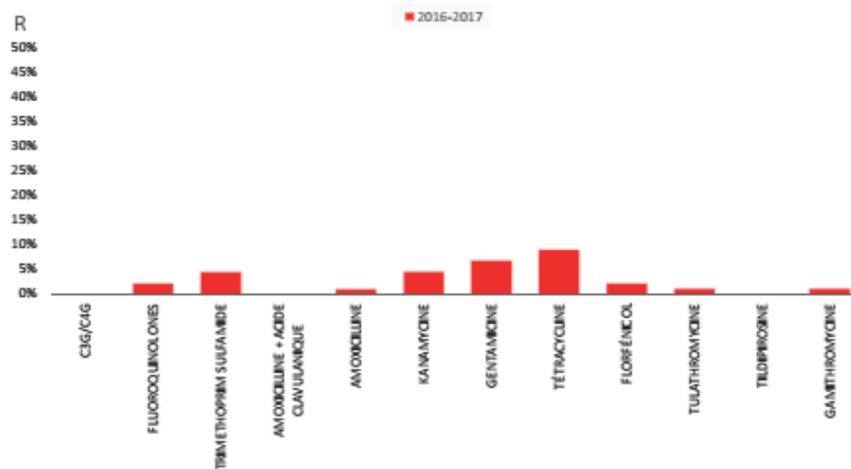


Tabelle 15: *Mannheimia haemolytica* von Rindern

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	13	22	25	49	39

Grafik 16: *Mannheimia haemolytica* in der Rindergesundheit



Die selteneren pathogenen Bakterien der Atemwege

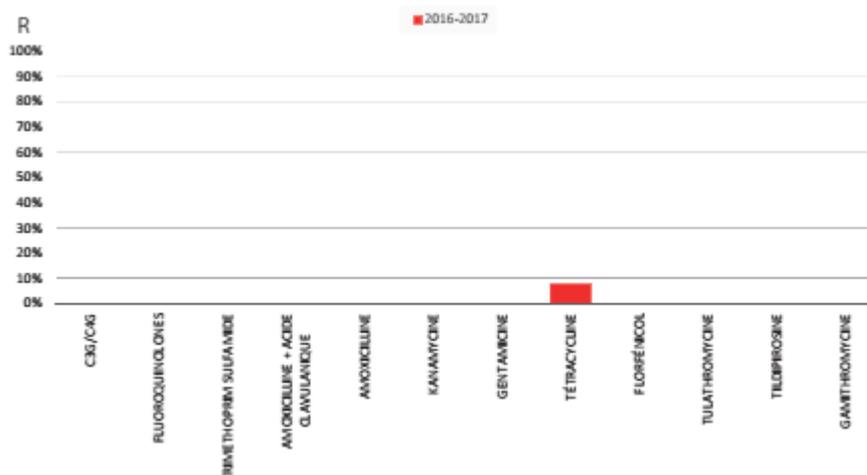
Unter den *Pasteurellaceae*, die gelegentlich in der Rindergesundheit isoliert werden, erwähnen wir *Bibersteinia trehalosi* (Tabelle 16), früher *Pasteurella trehalosi* genannt, die dem alten Biotyp T von *Pasteurella haemolytica* entspricht, der Biotyp A wurde in *Mannheimia haemolytica* umbenannt. Diese Pasteurella ist in der Pathologie von kleinen Wiederkäuern gut bekannt, bei denen sie für Septikämien und Pneumonien verantwortlich ist. Beim Rind ist ihre Rolle ungewiss, sie könnte sich aber als opportunistische Bakterie bei den Pneumonien mit *Mannheimia haemolytica* verhalten.

Die verbundene Antibiotikaresistenz ist gering (Grafik 17 und 18). Es scheint, dass diese Feststellung auch für die Stämme gemacht werden kann, die bei Schafen isoliert wurden.

Tabelle 16: *Bibersteinia trehalosi* bovinen Ursprungs

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	1	1	1	7	6

Grafik 17: *Bibersteinia trehalosi* in der Rindergesundheit

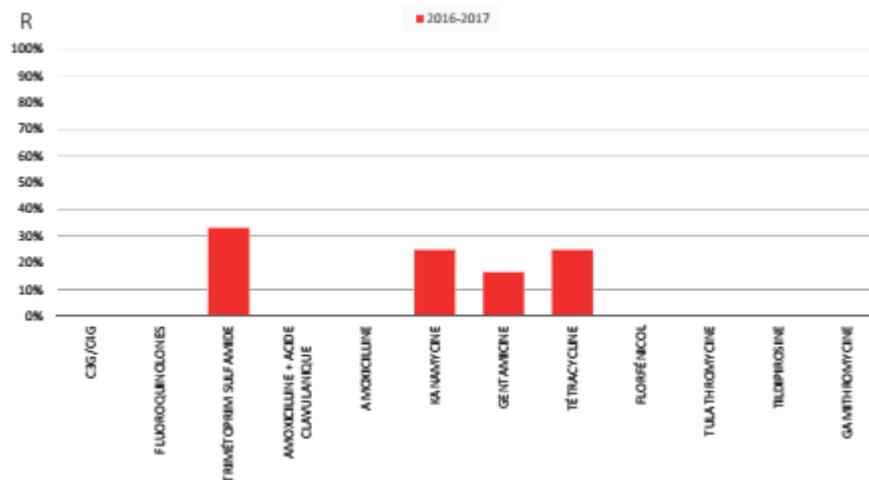


Mannheimia varigena, eine Bakterienart, die nur gelegentlich in der Rindergesundheit vorkommt und für Pneumonien und Septikämien verantwortlich ist.

Tabelle 17: *Mannheimia varigena* bovinen Ursprungs

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	0	0	2	6	6

Grafik 18: *Mannheimia varigena* in der Rindergesundheit



Die Identifizierung dieser Bakterien ist jetzt mit der Massenspektrometrie möglich (MALDI-TOF); historisch gesehen, war ihre Identifizierung durch biochemische Galerien sehr zufällig, was die Zahlen von vor 2014 belegen (Tabelle 17).

Die Eutergesundheit

Tabelle 18: Rinder-Mastitis – die häufigsten Antibiotogramme

	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
<i>Streptococcus uberis</i>	150	191	152	254	218
<i>Escherichia coli</i>	104	163	167	231	170
<i>Staphylococcus aureus</i>	32	70	54	111	74
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	56	53	56	73	77
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	10	22	11	32	23
<i>Staphylococcus chromogenes</i>		10	11	25	14
<i>Serratia marcescens</i>	3	7	13	17	6
<i>Staphylococcus sciuri</i>	3	6	4	9	11
<i>Staphylococcus xylosus</i>	1	8	7	9	7
<i>Enterococcus faecium</i>		2	1	7	5
<i>Staphylococcus warneri</i>		3	1	7	3
<i>Streptococcus parauberis</i>			2	7	9
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1			6	1
<i>Lactococcus garvieae</i>			1	6	1

<i>Bacillus licheniformis</i>				5	
<i>Pantoea agglomerans</i>		2		5	2
<i>Serratia liquefaciens</i>	7	10	5	4	6
<i>Staphylococcus hyicus</i>		1	1	4	2
<i>Streptococcus agalactiae</i>	2	5	4	3	1

Tabelle 19: Die hauptsächlichsten Krankheitserreger in der Eutergesundheit

	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
<i>Streptococcus uberis</i>	150	191	152	254	218
<i>Escherichia coli</i>	104	163	167	231	170
<i>Staphylococcus aureus</i>	32	70	54	111	74
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	56	53	56	73	77
<i>Streptococcus agalactiae</i>	2	5	4	3	1

Enterobakterien

Die *Escherichia coli*, die in der Eutergesundheit isoliert werden, besitzen deutlich geringere Resistenzlevels, als die Levels, die bei den anderen Kolibakterienpopulationen festgestellt wurden, die in der Rinderpathologie vorkommen. Diese Feststellung ist ziemlich logisch, da diese *E. Coli* sogenannte Umweltbakterien sind.

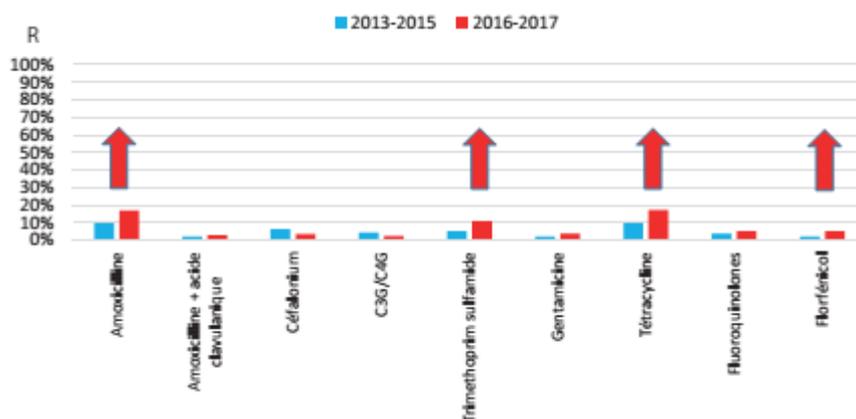
Wir stellen jedoch fest, dass dies die Kolibakterienpopulationen sind, die zwischen 2016 und 2017 die am stärksten ansteigenden Antibiotikaresistenzen – einschließlich für die Fluorchinolone - aufweisen. Für die Zeiträume 2013-2015 und 2016-2017 betreffen die deutlichen Anstiege Amoxicillin, Trimethoprim - Sulfonamid, Tetracyclin und Florfenicol. Keine signifikante positive Variation wird festgestellt.

Tabelle 20: *E. Coli* in der Eutergesundheit

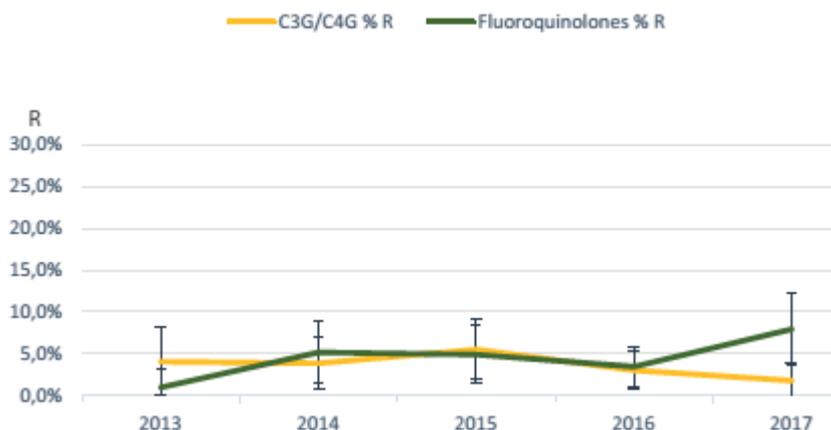
Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	97	153	162	229	163

VERGLEICH 2013-2015 VERSUS 2016-2017

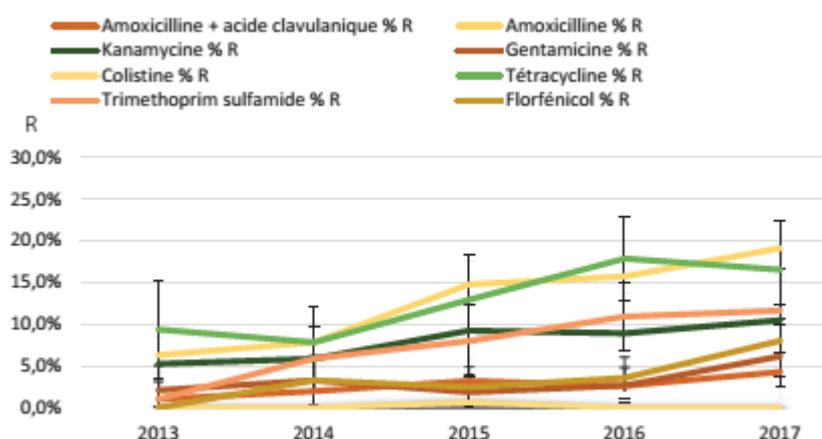
Grafik 19: *E. Coli* in der Eutergesundheit - Vergleich 2013-2015 und 2016-2017



Grafik 20: *E. Coli* in der Eutergesundheit – kritische Moleküle



Grafik 20bis: *E. Coli* in der Eutergesundheit – nicht kritische Moleküle



Streptokokken

Im Benchmark der CA-SFM wird die Sensitivität der Streptokokken gegenüber Penicillin anhand des Hemmungsdurchmessers gemessen, der um das Oxacillin-Plättchen gemessen wird.

Streptococcus uberis ist die Bakterie, die in der Eutergesundheit am häufigsten isoliert wird (Tabelle 21). Was die Antibiotikaresistenz angeht, unterliegt sie nur kaum Schwankungen, daher kann nur der Vergleich 2013-2015 versus 2016-2017 in Betracht gezogen werden.

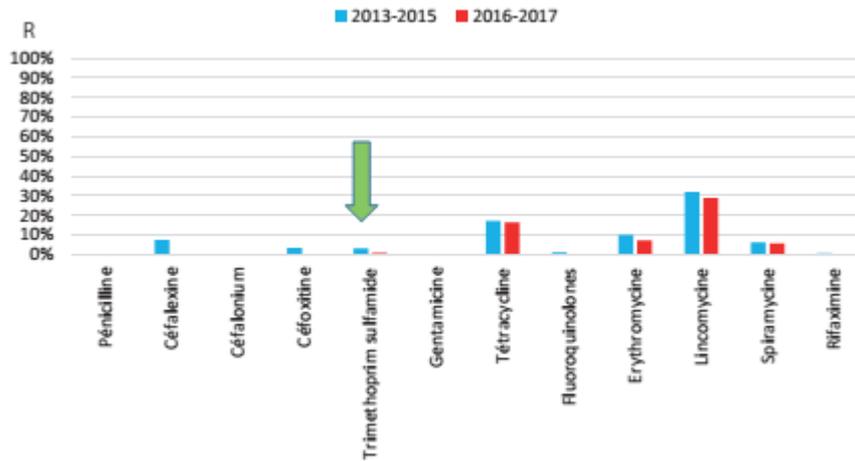
Seit 2013 wurden keine Penicillin-resistenten Stämme mehr nachgewiesen (Grafik 21). Die Resistenz gegenüber Lincomycin, mit oder ohne der Resistenz gegenüber Erythromycin, ist am häufigsten.

Der Rückgang der Resistenz gegenüber Trimethoprim - Sulfonamide ist der einzige signifikante Unterschied.

Tabelle 21: *Streptococcus uberis* in der Eutergesundheit

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	150	195	156	260	227

Grafik 21: *Streptococcus uberis* in der Eutergesundheit – Vergleich 2013-2015 und 2016-2017

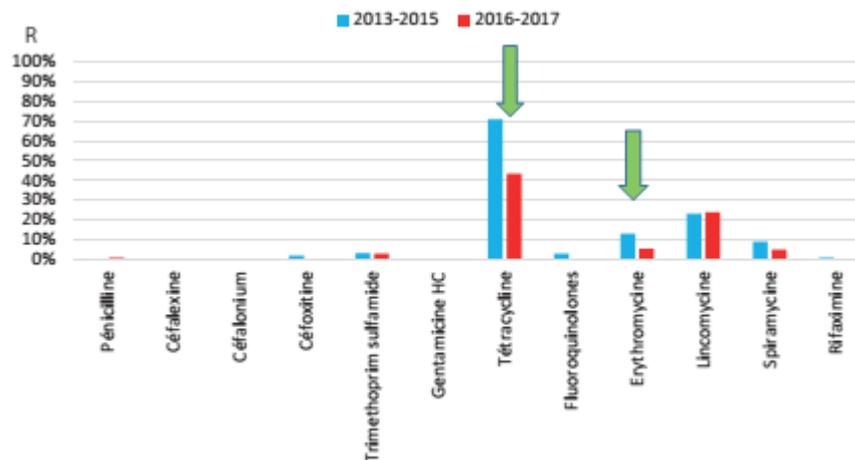


Für *Streptococcus dysgalactiae* sinken die Resistenzlevels gegenüber Tetracyclin und Erythromycin deutlich.

Tabelle 22: *Streptococcus dysgalactiae* in der Eutergesundheit

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	58	56	58	73	77

Grafik 22: *Streptococcus dysgalactiae* in der Eutergesundheit - Vergleich 2013-2015 und 2016-2017

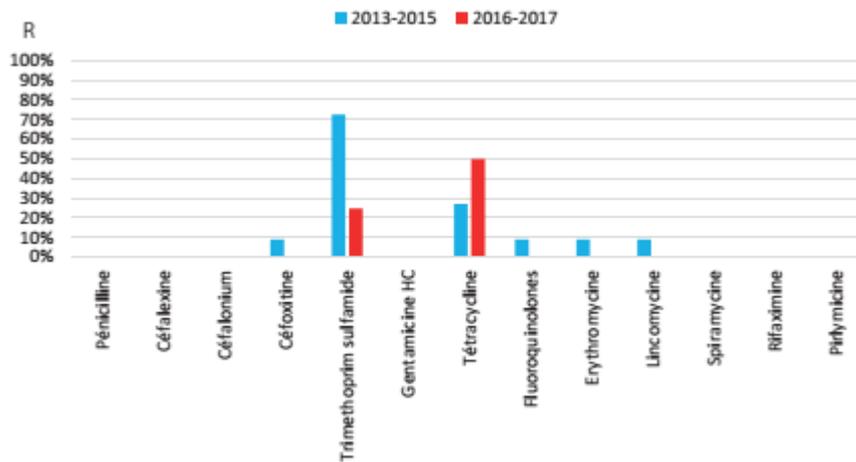


Streptococcus agalactiae ist ein Bakterium, das selten in der Eutergesundheit in der Wallonie isoliert wird, daher können wir keine Kommentare zur Antibiotikaresistenz geben. Die Grafik ist daher rein informativ.

Tabelle 23: *Streptococcus agalactiae* in der Eutergesundheit

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	2	5	4	3	1

Grafik 23: *Streptococcus agalactiae* in der Eutergesundheit - Vergleich 2013-2015 und 2016-2017



Die Staphylokokken

Tabelle 24: Rinder-Mastitis: Aufteilung der Staphylokokken

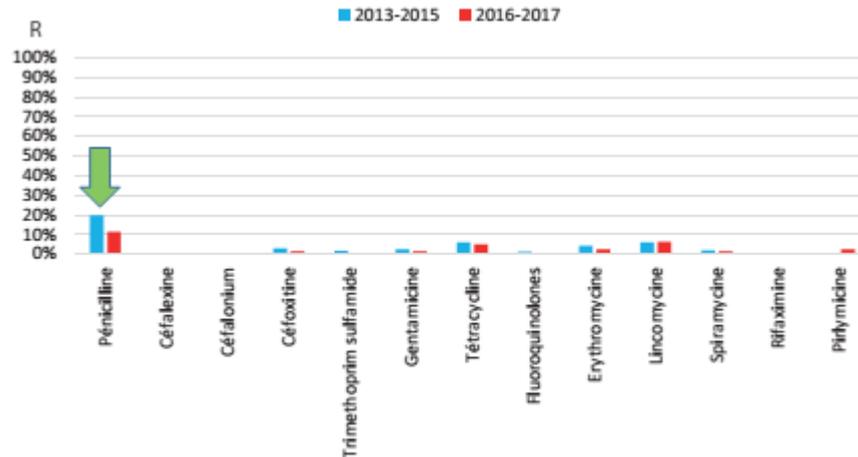
	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
<i>Staphylococcus aureus</i>	32	70	54	111	74
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	10	22	11	32	23
<i>Staphylococcus chromogenes</i>		10	11	25	14
<i>Staphylococcus sciuri</i>	3	6	4	9	11
<i>Staphylococcus xylosus</i>	1	8	7	9	7
<i>Staphylococcus warneri</i>		3	1	7	3
<i>Staphylococcus hyicus</i>		1	1	4	2
<i>Staphylococcus simulans</i>				4	1
<i>Staphylococcus saprophyticus</i>				1	
<i>Staphylococcus sp.</i>				1	1
<i>Staphylococcus Koa negativ</i>	16				
<i>Staphylococcus epidermidis</i>		1			
<i>Staphylococcus hominis</i>					1
<i>Staphylococcus vitulinis</i>					1

Der letzte wichtige Krankheitserreger in der Eutergesundheit ist natürlich *Staphylococcus aureus*. Wie die Grafik 24 zeigt, sind die Antibiotikaresistenzen sehr niedrig. Der Rückgang der Resistenz gegenüber Penicillin nimmt wieder deutlich ab.

Tabelle 25: *Staphylococcus aureus* in der Eutergesundheit

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	32	70	54	111	74

Grafik 24: *Staphylococcus aureus* in der Eutergesundheit - Vergleich 2013-2015 und 2016-2017



Die *Staphylokokken Koagulase* negativ, obwohl sie kein wichtiger Krankheitserreger in der Eutergesundheit mehr sind, bilden jedoch eine Interessenfamilie. Ihre antimikrobiellen Resistenzprofile sind jedoch nicht ganz gleichmäßig.

Die folgenden Tabellen und Grafiken geben eine Vorstellung von dem Grad der Antibiotikaresistenz der am häufigsten vorkommenden Arten in unseren Proben. Bleibt zu bemerken, dass die Antibiotikaresistenz gegenüber Penicillin im Allgemeinen höher ist, als bei *Staphylococcus aureus*.

Tabelle 26: *Staphylococcus haemolyticus* in der Eutergesundheit

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	10	22	11	32	23

Grafik 25: *Staphylococcus haemolyticus* in der Eutergesundheit - Vergleich 2013-2015 und 2016-2017

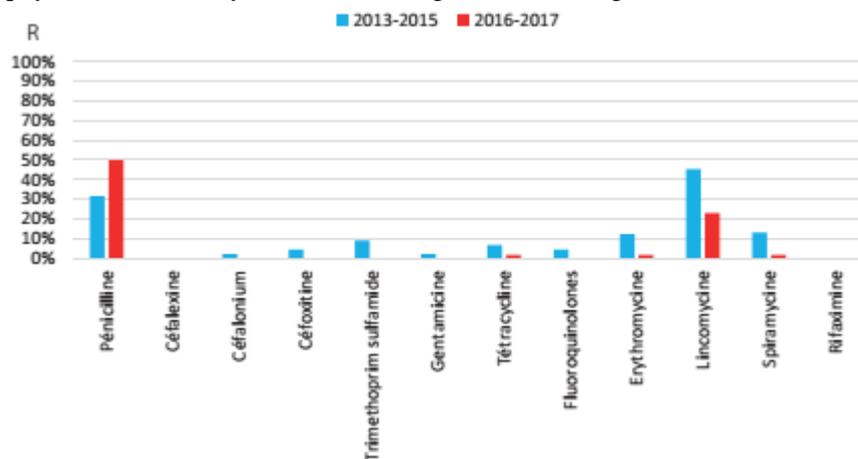


Tabelle 27: *Staphylococcus chromogenes* in der Eutergesundheit

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl	0	10	11	25	14

Grafik 26: *Staphylococcus chromogenes* in der Eutergesundheit - Vergleich 2013-2015 und 2016-2017

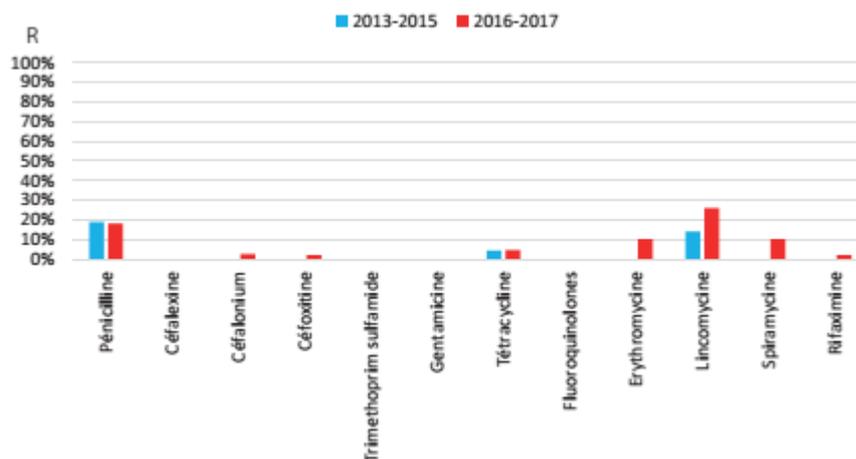


Tabelle 28: *Staphylococcus xylosus* in der Eutergesundheit

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl					

Grafik 27: *Staphylococcus xylosus* in der Eutergesundheit - Vergleich 2013-2015 und 2016-2017

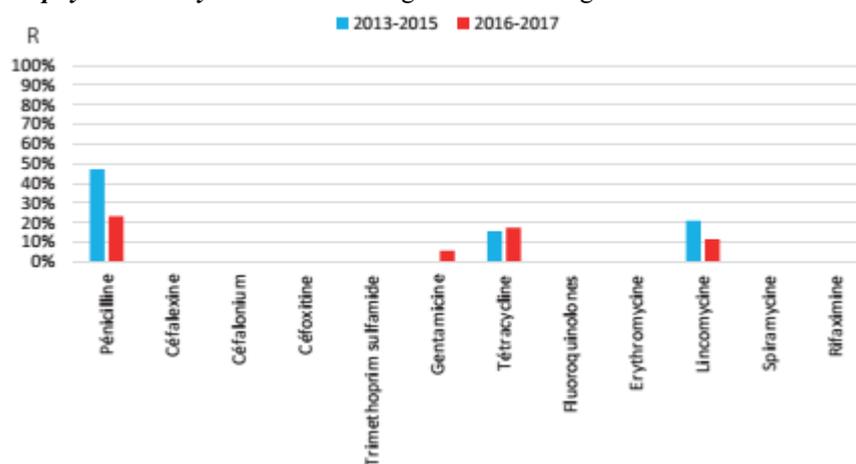
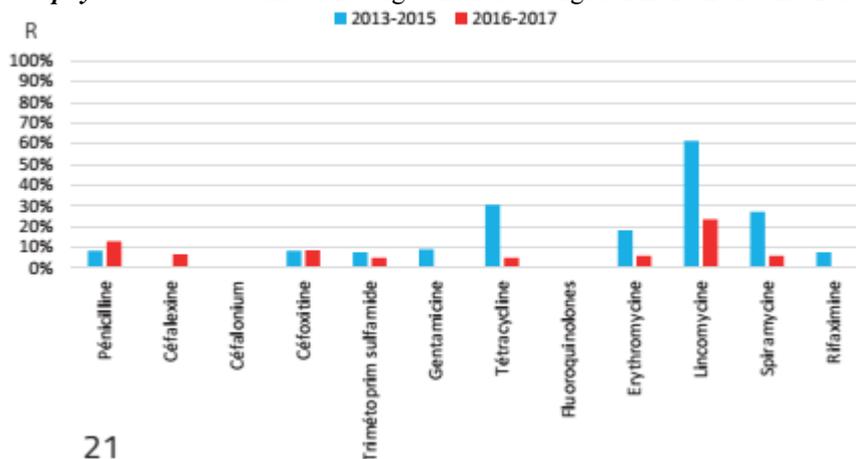


Tabelle 29: *Staphylococcus sciuri* in der Eutergesundheit

Jahr	2013	2014	2015	2016	2017 (Juni)
Anzahl					

Grafik 28: *Staphylococcus sciuri* in der Eutergesundheit - Vergleich 2013-2015 und 2016-2017





Auswahlfehler bei den untersuchten Bakterien

Ein erheblicher Teil der in unserem Labor isolierten Bakterien stammt aus dem Autopsiesaal und somit von Tieren, die wahrscheinlich einer oder mehreren Antibiotika-Behandlungen ausgesetzt waren, die jedoch im allgemeinen therapeutische Misserfolge darstellten.

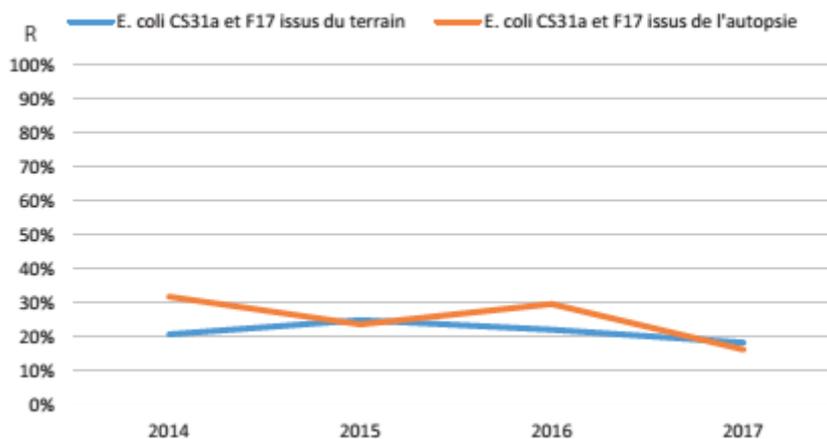
Dies führt zu einem Auswahlfehler der untersuchten Bakterien. Wir sind uns dessen voll bewusst. Diese Verzerrung wiederholt sich jedoch von Jahr zu Jahr und verhindert daher nicht den Vergleich der Resultate im Laufe der folgenden Jahre. Diese Überwachung besitzt den Vorteil, äußerst wirtschaftlich zu sein, da sie, im Gegensatz zu Umweltstudien, nach Diagnosen frei verfügbare Daten nutzt. Sie wird auch in anderen europäischen Ländern, worunter Frankreich, über das Netzwerk RESAPATH durchgeführt.

So haben wir zum Beispiel versucht, die Unterschiede der Resistenzlevels, die zwischen den *E. Coli* des Verdauungstraktes **aus dem Autopsiesaal** und den *E. Coli* **aus Rinderfäkalproben** vor Ort, zu veranschaulichen. Wir formulieren die Hypothese, dass die in den Betrieben an Kälbern entnommenen Proben in der Mehrzahl der Fälle vor der Einführung einer Antibiotikabehandlung liegen.

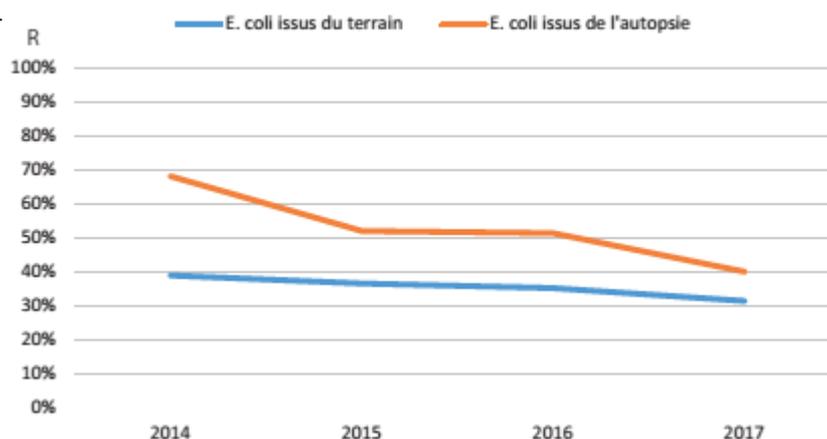
Was die kritischen Moleküle anbelangt, so ist der Rückgang der Resistenz für die aus dem Autopsiesaal stammenden Stämme schneller (Grafiken 29 und 30), was für uns ein klares Zeichen für eine Änderung der Praxis vor Ort ist.

Was die nicht kritischen Moleküle angeht, so steigt die Resistenz im Jahr 2017 wieder an (Grafiken 31, 32 und 33), wobei die Tendenzen für die Bakterien aus dem Autopsiesaal markanter sind.

Grafik 29: Entwicklung der Resistenz der digestiven Rinder-E.Coli CS31a und F17 gegenüber den C3G/C4G, je nachdem, ob sie aus dem Gelände oder dem Autopsiesaal stammen

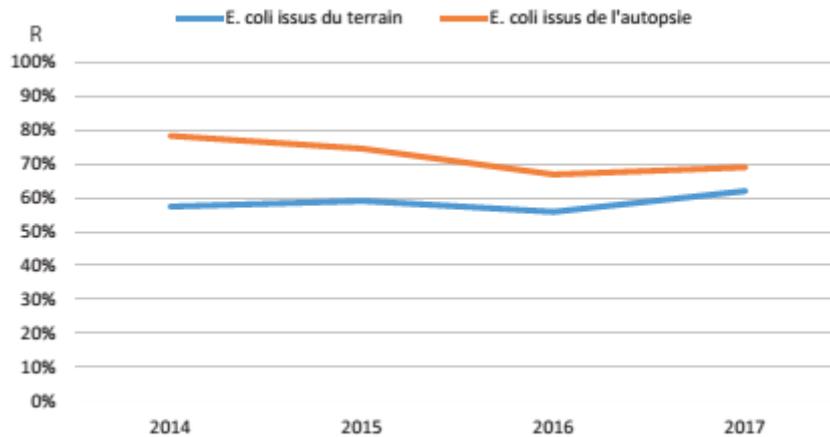


Grafik 30: Resistenz der CS31a und nachdem, ob dem

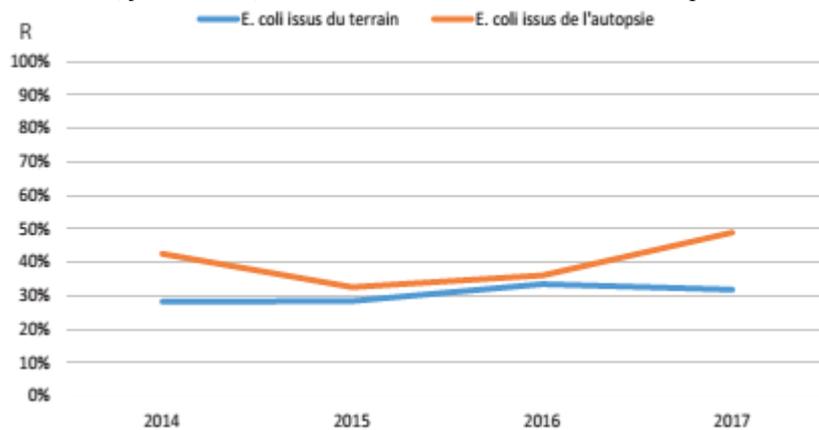


Entwicklung der digestiven Rinder-E.Coli F17 gegenüber den Fluorchinolonen, je sie aus dem Gelände oder Autopsiesaal stammen

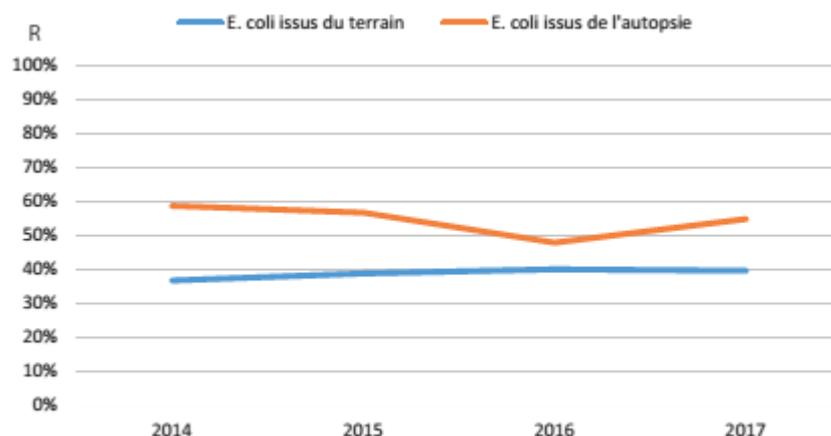
Grafik 31: Entwicklung der Resistenz der digestiven Rinder-E.Coli CS31a und F17 gegenüber Trimethoprim - Sulfamid, je nachdem, ob sie aus dem Gelände oder dem Autopsiesaal stammen



Grafik 32: Entwicklung der Resistenz der digestiven Rinder-E.Coli CS31a und F17 gegenüber Amoxicillin + Klavulansäure, je nachdem, ob sie aus dem Gelände oder dem Autopsiesaal stammen



Grafik 33: Entwicklung der Resistenz der digestiven Rinder-E.Coli CS31a und F17 gegenüber Florfenicol, je nachdem, ob sie aus dem Gelände oder dem Autopsiesaal stammen

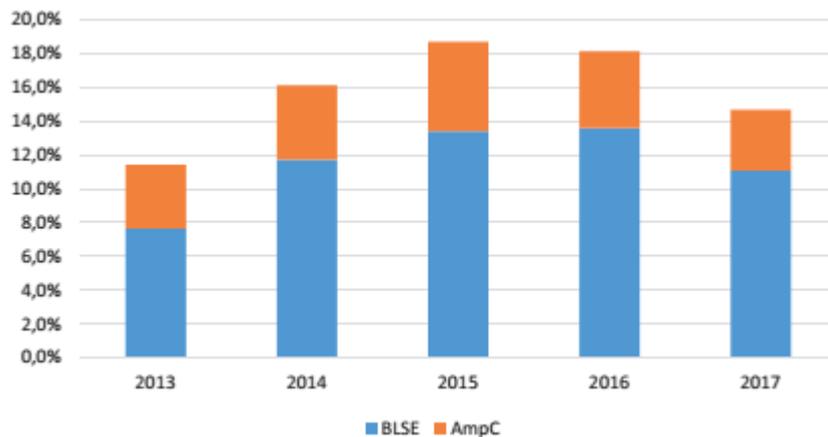


Die multiresistenten Enterobakterien

Die ESBL und AmpC

Die Selektion der *E. Coli* Phänotypen BLSE und AmpC erfolgte gemeinsam mit der Verwendung der Cephalosporine der 3. und 4. Generationen. In unseren Proben hat deren Prävalenz bis 2015 stetig zugenommen; danach sind sie zurückgegangen (Grafik 34). Diese Feststellungen können mit dem Rückgang der Resistenz gegenüber den C3G/C4G der Kolibakterienpopulationen verglichen werden.

Grafik 34: Prozentzahl E. Coli, Phenotypen ESBL und/oder AmpC bei den Rindern (außer in der Eutergesundheit)

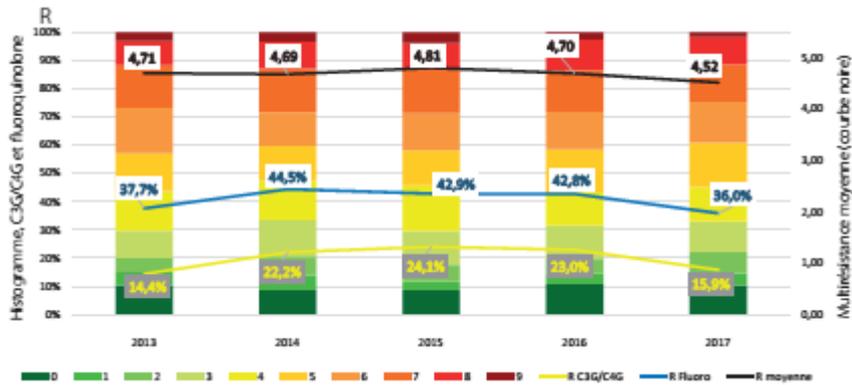


Die Multiresistenz bei den *E. Coli* der Rinder

Im Jahr 2017 zeigten unsere Antibiogramme, dass 10,5% der *E. Coli*, die in der Rinderpathologie isoliert wurden – mit Ausnahme der Eutergesundheit – keinerlei Resistenz zeigten, 11,8% wiesen eine Resistenz gegenüber maximal 2 Antibiotika auf, 77,8% waren mindestens gegenüber 3 Antibiotika resistent (Grafik 35), mit einem durchschnittlichen Multiresistenzlevel von 4,52 (rote Kurve). Der Rückgang der allgemeinen Antibiotikaresistenz ist daher weniger ausgeprägt, als die Abnahme der Resistenz gegenüber den Fluorchinolonen (blaue Kurve) und gegenüber den C3G/C4G (gelbe Kurve).

Dies scheint nahe zu legen, dass die durchschnittliche Resistenz gegenüber den nicht kritischen Antibiotika in dieser Bakterienpopulation stagniert oder ansteigt, während die Resistenz angesichts der kritischen Moleküle abnimmt.

Grafik 35: Multiresistenz der Rinder-Kolibakterienpopulationen (mit Ausnahme der Eutergesundheit) – schwarze Kurve: durchschnittliche Multiresistenz, blaue Kurve: durchschnittliche Resistenz gegenüber der Fluorchinolone, gelbe Kurve: durchschnittliche Resistenz gegenüber der C3G/C4G



Am Rande dieser wurden die standardisierten Anamneseformulare, das die Kadaver zur Autopsie begleitet, untersucht. Dadurch ist es möglich, die Entwicklung der Praktiken bei der Verwendung von Antibiotika in der Rinderproduktion zu bewerten. Eine Antibiotikabehandlung wird in ungefähr 50% der Fälle in Begleitung von diesem Dokument angegeben (Bild 1).

Ergebnisse
Angaben des

Bild 1: standardisiertes Anamnese-Dokument

B. Traitement

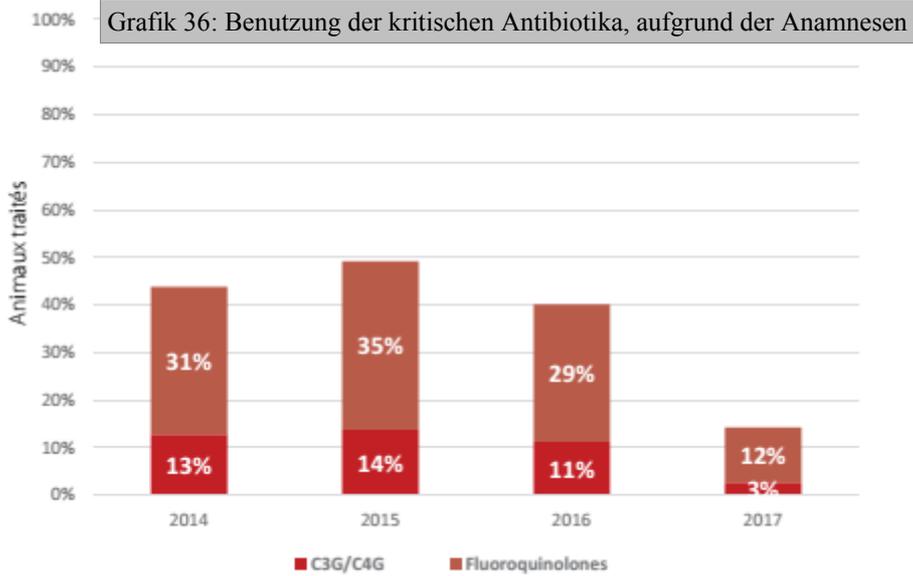
Antibiotique nom: _____ famille d'AB: Polytétracycline Tétracycline

date dernière adm.: _____ Glycolylid Macrolides Sulfonamides

AIS AINS Aucun Autres à Lactames Pénicillines Lincoamides

Antiparasitaire nom: _____ Fluoroquinolones Aminocyclitol Autres

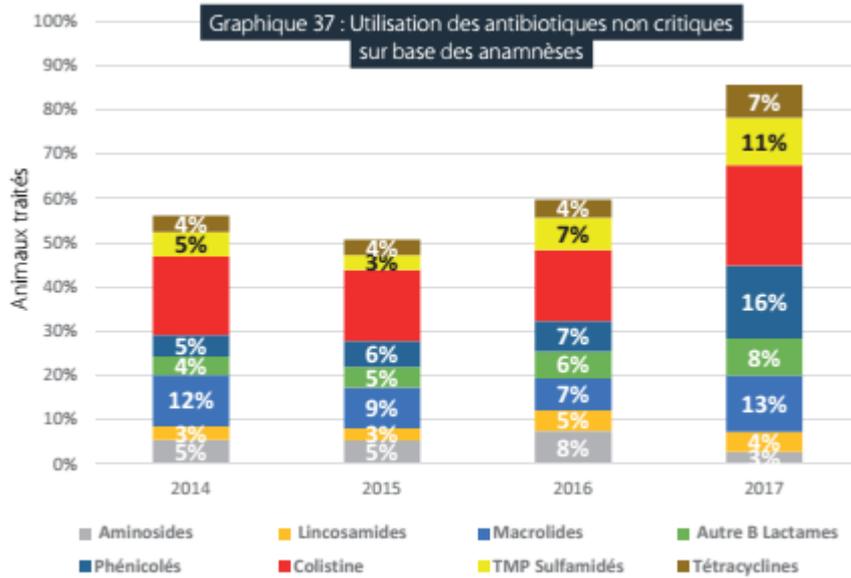
Diese Daten zeigen, dass die relative Anzahl Dossiers, in denen über die Verwendung von kritischen Molekülen berichtet wird, zwischen 2015 und 2017 durch mehr als 4 dividiert wurde, für die Cephalosporine der 3. und 4. Generationen und durch 3, für die Fluorchinolone (Grafik 36). Für die nicht kritischen Moleküle ist die Tendenz jedoch umgekehrt (Grafik 37), wobei der Schwerpunkt auf Colistin liegt, das immer häufiger verwendet wird, obwohl sein Status in Sachen Kritikalität in diesem Jahr durch die WHO erneut bewertet wurde (Grafik 38).



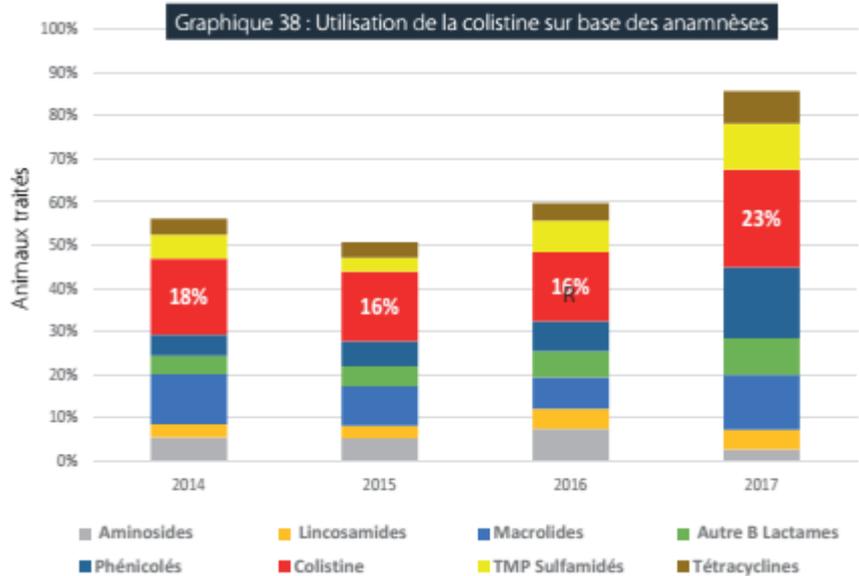
Grafik

37: Verwendung nicht kritischer Antibiotika

aufgrund der Anamnesen



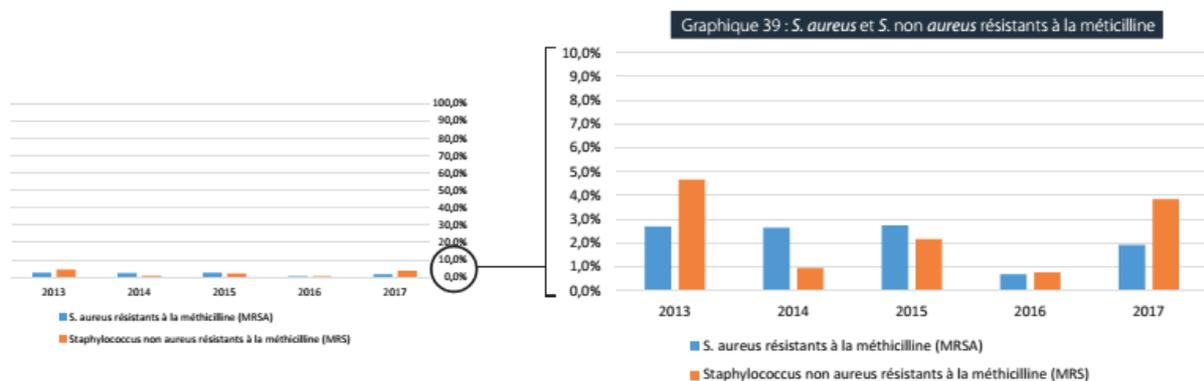
Grafik 38: Verwendung von Colistin aufgrund der Anamnesen



Die MRSA und MRS

Meticillin-resistente Staphylokokken aureus – "MRSA" – und die Meticillin-resistenten nicht-aureus Staphylokokken – "MRS" – stellen einen kleinen Prozentsatz der Staphylokokken-Stämme in der Eutergesundheit dar. Es scheint jedoch sinnvoll, daran zu erinnern, dass der Nachweis solcher Bakterien bei Milchkühen zu deren Reform führen muss.

Grafik 39: S.aureus und S. nicht aureus, Meticillin-resistent



Behalten wir

Der vorherige Tätigkeitsbericht beschrieb einen bedeutenden Rückgang der bakteriellen Resistenzen gegenüber den kritischen Molekülen und insbesondere angesichts der Cephalosporine der 3. und 4. Generationen unter den Kolibakterienpopulationen in der Rindergesundheit.

Der Bericht des Jahres 2017 ist eindeutig durch die Flachheit der Kurven in Bezug auf dieselben Moleküle gekennzeichnet. Ab 2016-2017 scheint sich eine Abwärtsbewegung abzuzeichnen. Wir müssen hier von einer Tendenz reden, da kein statistisch signifikanter Unterschied nachgewiesen wurde.

Die Trends der nicht kritischen Moleküle sind identisch, bis auf den Unterschied, dass ab 2016, 2017, sich diesmal ein Anstieg abzuzeichnen scheint, insbesondere für Amoxicillin + Klavulansäure und Trimethoprim - Sulfonamide, aber auch für Tetracyclin und Florfenicol, Moleküle, die a priori, kaum für die Behandlung von Colibazillose eingesetzt werden.

Hoffen wir, dass es sich hier um die ersten Auswirkungen der Reform der Antibiotika-Politik in der Veterinärmedizin handelt, obwohl wir hinsichtlich der Bedeutung, die ihnen beigemessen wird, vorsichtig bleiben müssen.

In Sachen Probenentnahme hat der Anreiz der häufigeren Inanspruchnahme des Labors wahrscheinlich zur Folge, dass mehr Proben dorthin geschickt werden und somit Bakterien, die vorher mit keinen Antibiotika in Kontakt gekommen sind und daher auch keinem anfänglichen Selektionsdruck ausgesetzt waren.

In Bezug auf eine statistische Bedeutung, handelt es sich hier um Tendenzen, bedeutende Unterschiede sind selten oder existieren nicht. Diese Angaben müssen daher in der Zukunft bestätigt werden.

Schlussfolgerung

Erinnern wir an das Ziel, die Verwendung von kritischen Molekülen um 75% zu verringern und die aller Antibiotika um 50%, und dies, bis zum Jahr 2020, wobei der Ausgangspunkt das Jahr 2015 ist.

In Bezug auf das zu erreichende Ziel, sprechen wir von einer allgemeinen Abnahme der Antibiotikaresistenz und nicht von einem alleinigen Rückgang angesichts der kritischen Moleküle. Dies bedeutet, dass der Verbrauch von Antibiotika insgesamt sinken muss...

Die neuen gesetzlichen Anforderungen fördern einen häufigeren Einsatz von Labordiagnosen zur Unterstützung des Antibiotikaeinsatzes, vor allem aber ist dies eine Chance, die Frühzeitigkeit ätiologischer Diagnosen und damit die Durchführbarkeit prophylaktischer und angepasster und relevanter zootecnischer Maßnahmen zu verbessern, die, unserer Meinung nach, der eigentliche Ausweg aus der Problematik der Antibiotikaresistenz in der Tierproduktion sind.

Dank

Wir können diesen Bericht nicht abschließen, ohne den praktizierenden Tierärzten und den Züchtern zu danken, die uns, Jahr um Jahr, ihr Vertrauen schenken, indem sie uns ihre Proben zusenden.

Abschließend möchten wir auch den Mitarbeitern des Labors der ARSIA danken. Dieses Dokument ist lediglich eine bescheidene Zusammenfassung ihrer rigorosen und täglichen Arbeit.

Anlagen

Anlage 1

Gene *mcr-1* und *mcr-2* bei *Escherichia coli*-Rinderstämmen, isoliert bei der ARSIA

Pr. Jacques Mainil, ULg, VMF

EINLEITUNG

2015 wurde das *mcr-1*-Plasmid-Gen, das eine Resistenz gegen Colistin vermittelt, in einem Schweinestamm von *Escherichia coli* in China identifiziert (Liu YY et al., Lancet Infect Dis, 2016, 16 (2), 161-168).

In den folgenden Monaten wurde dieses Gen, über PCR, in Vogel-, Rinder-, Human- und Schweinestämmen von *E. Coli* auf verschiedenen Kontinenten identifiziert.

Ziel dieser Arbeit war es, Stämme von Rinder-*E. Coli*, resistent gegen Colistin und Träger des *mcr-1*-Gens durch phänotypische und genetische Tests zu identifizieren.

ERSTER TEIL: STÄMME VOR 2011

In einem ersten Schritt wurden 700 Stämme von Rinder-*E-Coli*, die 2009 und 2010 isoliert wurden, auf Agarplatten mit 1 mg / ml Colistin beimpft: 88 zeigten ein Wachstum. Diese 88 Stämme wurden anschließend mittels DNA-DNA-Hybridisierung auf Kolonien getestet: fünf von ihnen hybridisierten vollständig mit der, aus dem *mcr-1*-Gen abgeleiteten Sonde, während ein Rinderstamm teilweise hybridisierte. Diese sechs Stämme hatten eine minimale Hemmkonzentration (MHK) von 3 bis 16 mg / ml Colistin (E-Test *). Die 5 Stämme, die vollständig mit der *mcr-1*-Sonde hybridisierten, waren auch über die PCR für das *mcr-1*-Gen positiv, während der sechste Stamm, der teilweise hybridisierte, negativ war.

In der Zwischenzeit wurde ein *mcr-2*-Gen identifiziert und veröffentlicht (Xavier BB et al., Euroüberwachung vom 21. Juli 2016). Die sechs gleichen Rinderstämme wurden auf dieses *mcr-2*-Gen mittels PCR getestet und alle erbrachten negative Ergebnisse. Ein positiver Stamm für die Sonde und die *mcr-1*-PCR wurde sequenziert (ISP-WIV) und die Anwesenheit des *mcr-1*-Gens wurde bestätigt. Andererseits wurde kein *mcr*-ähnliches Gen in dem Stamm identifiziert, das zu einem partiellen Ergebnis der Hybridisierung mit der *mcr-1*-Sonde führte.

Schlussfolgernd war das *mcr-1*-Gen bereits 2009 und 2010 bei Rindern vorhanden, wenn auch in geringer Häufigkeit (<1%), aber das *mcr-2*-Gen wurde in dieser "alten" Sammlung nicht nachgewiesen.

ZWEITER TEIL: STÄMME VON 2014 und 2015

In einem zweiten Schritt wurden 36 Rinderstämme *Escherichia coli*, die in 2014 und 2015 auf Fäkalien oder Darminhalten isoliert wurden und nach Kultivierung auf Minca-Medium für die F5-, F17- oder CS31A-Antigene, gemäß den Ergebnissen des Agardiffusionstests, positiv und resistent gegen Colistin waren, den PCR-Tests für die Gene *mcr-1* und *mcr-2* unterzogen.

Ein Stamm von 2014 und acht Stämme von 2015 (sieben ATT25 + -Stämme und zwei CS31A + -Stämme) waren für das *mcr-1*-Gen PCR-positiv, während zwei Stämme von 2014 und zwei Stämme von 2015 (ein F5 + -Stamm und drei CS31A + -Stämme) PCR-positiv für das *mcr-2*-Gen waren.

Schlussfolgernd ist nicht nur das *mcr-1*-Gen noch vorhanden, sondern das *mcr-2*-Gen wurde auch in dieser "neuen" Sammlung isolierter Rinderstämme in den Jahren 2014 und 2015 nachgewiesen. Die Häufigkeit dieser beiden Gene ist jedoch nicht kalkulierbar, da diese zweite Probe nicht zufällig entnommen wurde.

Anlage 2

Identifizierung shigatoxinogener und enteropathogener Stämme unter den

***Escherichia coli*, die im Kot oder Darminhalt von Kälbern isoliert wurden und Enterohämolysin(e) produzierend sind**

Pr. Jacques Mainil, ULg, VMF

Neben den enterotoxigenen Stämmen von *Escherichia coli* (ETEC: z. B. F5 +), die bei neugeborenen Kälbern für Durchfall verantwortlich sind, werden andere pathogene Stämme von *Escherichia coli* mit Durchfall bei jungen Kälbern bis zu einem Alter von 2-3 Monaten in Verbindung gebracht: nekrotoxinogene oder NTEC-Stämme, Shigatoxinogene oder STEC-Stämme und enteropathogene Stämme oder EPEC (z. B. Mainil J. Nachweis der *Escherichia coli*-Enteritis bei Kälbern, Ann Med Vet 144: 121-136, 2000).

Das Problem bei diesen Pathotypen NTEC, STEC und EPEC ist die Schwierigkeit, sie routinemäßig in der gesamten Kolibazillenflora des Darms junger Kälber zu identifizieren. Bislang ermöglicht nur die Suche nach Hämolysin auf Blutagarmedium eine erste Sortierung von Kolonien, ohne genetische Methoden (z. B. PCR) in Anspruch zu nehmen. Kolibazillen produzieren drei Hämolysinkeime: Alpha, die bekanntesten, und Beta werden auf herkömmlichen Blutagarmedien nachgewiesen; Enterohämolysine können nur durch Verpflanzung von Kolonien, die nach Koprokultur isoliert wurden, auf einem bestimmten, mit Blut gewaschenen Agar, nachgewiesen werden. Erstere sind typisch für eine Unterklasse von NTEC-Stämmen; Letztere werden von einem bestimmten Anteil der STEC- und EPEC-Stämme produziert.

Bei der ARSIA wird die Produktion eines Enterohämolysins bei der Stuhlkultur oder der Kultur aus Darminhalt systematisch angestrebt. Alle positiven Stämme sind jedoch nicht unbedingt STEC- oder EPEC-Stämme. Mit dem Labor für Bakteriologie der Veterinärmedizinischen Fakultät der Universität Lüttich wurde eine Zusammenarbeit aufgebaut, um Enterohämolysin-positive Stämme mittels PCR auf Gene zu testen, die für STEC- und EPEC-Stämme typisch sind.

Eine Sammlung von 304 Enterohämolysin produzierenden Stämmen, die zwischen November 2008 und Juni 2015 isoliert wurden, wurde daher PCR-Tests unterzogen, um drei Gene nachzuweisen, die für die STEC- und EPEC-Stämme typisch sind (stx1, stx2 und eae): 267 Stämme (88%) waren positiv auf mindestens eine dieser drei PCRs. Dies bedeutet, dass fast 9 von 10 Kolonien, die Enterohämolysin produzieren, bei jungen Kälbern als möglicherweise pathogen eingestuft werden können. Diese Behauptung muss jedoch leicht differenziert werden, da alle diese Stämme nicht das gleiche pathogene Potenzial für junge Kälber aufweisen (Tabelle 1): die Pathogenität der 153 AE-STECS-Stämme (50%: eae_stx1, eae_stx1_stx2, eae_stx2) hängt auch von ihren Serogruppen (siehe unten) ab; die 104 EPEC-Stämme (34%: eae) können jedoch sehr wahrscheinlich als pathogen angesehen werden; das pathogene Potenzial der 10 STEC-Stämme (3%: stx1, stx1_stx2, stx2) ist derzeit unbekannt, diese Stämme stellen jedoch nur eine kleine Minderheit dar.

Frühere Arbeiten aus den 1990er Jahren in verschiedenen Ländern, einschließlich Belgien, konnten die Serogruppen O5, O26, O111 und O118 als die häufigsten unter den AE-STECS-Stämmen identifizieren und die Serogruppe O26 unter den EPEC-Stämmen, die bei jungen Kälbern isoliert wurden. Daher wurden zusätzliche PCR-Tests durchgeführt, um diese vier Serogruppen mit nachgewiesener Pathogenität bei jungen Kälbern, sowie fünf weitere Serogruppen zu identifizieren: O103, O121, O145 und O157 und O165, die für die Volksgesundheit wichtig sind. Die am häufigsten identifizierten Serogruppen sind: O26, O111, O5 und O103 (Tabelle 2). Letzteres wurde zuvor bei jungen Kälbern nicht nachgewiesen und das pathogene Potenzial sollte untersucht werden. Umgekehrt wurde die Serogruppe O118 nicht mehr nachgewiesen. Die anderen Serogruppen sind in der Minderheit (O121, O145, O157) oder fehlen (O165). Insgesamt wurde jedoch nur eine Serogruppe bei 154 der 267 AE-STECS-, EPEC- und STECS-Stämme identifiziert. Diese Zahl muss jedoch je nach Krankheitserreger erneut untersucht werden (Tabelle 3).

Abgesehen von den 10 STEC-Stämmen ist es bemerkenswert festzustellen, dass 129 der 153 AE-STECS-Stämme (84%) zu einer der sieben identifizierten Serogruppen gehören und, dass 111 von ihnen (73%) einer Serogruppe mit erwiesener Pathogenität (O5, O26, O111) beim jungen Kalb angehören (Tabelle 3). Im Gegensatz dazu gehören nur 22 der 104 EPEC-Stämme (21%) zu einer der sieben identifizierten Serogruppen und 18 (17%) zur O26-Serogruppe. Die anderen Serogruppen, zu denen die EPEC-Stämme gehören, werden in Zusammenarbeit mit einem Labor der Miyazaki-Universität in Japan identifiziert.

Ein Teil dieser Resultate wurde veröffentlicht in <Fakih I., Thiry D., Duprez J.-N., Saulmont M., Iguchi A., Piérard D., Jouant L., Daube G., Ogura Y., Hayashi T., Taminiau B., Mainil J.G. Identification of Shiga toxin-producing (STEC) and enteropathogenic (EPEC) *Escherichia coli* in diarrhoeic calves and comparative genomics of O5 bovine and human STEC. Veterinary Microbiology, sous presse, 2017. doi: 10.1016/j.vetmic.2016.02.017> und ein anderer Teil wurde während des 7. internationalen frankophonen Kolloquiums für Veterinärmikrobiologie vorgestellt (CIF-MA2017), welches im März 2017 in Lüttich stattgefunden hat <Thiry D., Takaki S., Duprez J.-N., Saulmont M., Iguchi A., Mainil J. Unkonventionelle Serogruppen von Shigatoxinogenen und enteropathogenen *Escherichia coli* (STEC und EPEC), die bei Durchfallkälbern isoliert wurden>.

BEHALTEN WIR

1. 85% der Enterohämolysin produzierenden Stämme sind AE-STECS- oder EPEC-Stämme mit pathogenem Potenzial für junge Kälber;
2. beinahe drei von vier AE-STECS-Stämmen gehören zu Serogruppen mit bekannter und nachgewiesener Pathogenität bei jungen Kälbern, von denen einige auch beim Menschen eine Pathogenität aufweisen (z. B. O26 und O111);
3. wenn alle EPEC-Stämme beim jungen Kalb als pathogen eingestuft werden können, wurden die Serogruppen von fast 80% von ihnen in unseren Studien nicht identifiziert und sind Gegenstand ergänzender Arbeiten, um sie mit menschlichen EPEC-Stämmen zu vergleichen.

Tabelle 1: Resultate der PCR Tests für die Gene stx1, stx2 und eae und identifizierte Pathotypen

Virolotype	Anzahl	Pathotype
eae stx1	126	AE-STECS (50%)
eae stx2	7	
eae stx1 stx2	20	
eae	104	EPEC (34%)
stx1	2	STECS (3%)
stx2	4	
stx1 stx2	4	
TOTAL	267 (88%)	---
Kein Gen	37 (12%)	---

Tabelle 2: Resultate der PCR Tests anhand der 267 Stämme AE-STECS, EPEC und STECS für die neun untersuchten Serogruppen (O5, O26, O103, O111, O118, O121, O145, O157, O165)

Serogruppen	Anzahl (%)
O5	15 (6%)
O26	74 (28%)

O103	11 (4%)
O111	43 (16%)
O118	0
O121	2 (<1%)
O145	5 (2%)
O157	4 (1,5%)
O165	0
TOTAL	154/267 (58%)

Tabelle 3: Aufteilung der neun Serogruppen (O5, O26, O103, O111, O118, O121, O145, O157, O165) gemäß Pathotyp (AE-STECC, EPEC oder STECC)

Serogruppen	Pathotypen		
	AE-STECC	EPEC	STECC
5	15	0	0
26	55	18	1
103	10	1	0
111	41	0	2
118	0	0	0
121	0	2	0
145	4	1	0
157	4	0	0
165	0	0	0
TOTAL (%)	129/153 (84%)	22/104 (21%)	3/10 (30%)

Bibliographie

- Bughin Jean, Antibiogramme, Tätigkeitsbericht und Resultate der ARSIA, 2007
 - Bughin Jean, Antibiogramme, Tätigkeitsbericht und Resultate der ARSIA, 2010
 - Bughin Jean, Antibiogramme, Tätigkeitsbericht und Resultate der ARSIA, 2013
- Landwirtschaft, Fischerei und Ernährung, Quebec, Bericht der passiven Überwachung der Antibiotikaresistenz, Quebecer Programm der Veterinär-Antibiotikaresistenz, Bericht 2015
- Vetsuisse-Fakultät und Gesellschaft der Schweizer Tierärzte, Vorsichtiger Einsatz von Antibiotika: Ein therapeutischer Leitfaden für Tierärzte, 2016
- ANSES, Netzwerk zur epidemiologischen Überwachung der antimikrobiellen Resistenz tierpathogener Bakterien, Bilanz 2015, RESAPATH, Ausgabe 2015
- CA SFM, Veterinär-Antibiogramm des Antibiogramm-Ausschusses der französischen Gesellschaft für Mikrobiologie, 2017
- Van Bambeke Françoise, Tulken Paul, Belgischer Nationaler Lehrplan für Pharmakologie und anti-infektiöse Pharmakotherapie, Abteilung für zelluläre und molekulare Pharmakologie - UCL, 2007-2008

Abkürzungen und Akronyme

- **BELAC:** Belgische Akkreditierungsorganisation
- **AMCRA:** Antimicrobial Consumption and Resistance in Animals
- **BIGAME:** Datenbank zur Verwaltung der Antibiotika & Medikamente in der Zucht
- **CA-SFM:** Ausschuss der Antibiotogramme der Französischen Gesellschaft für Mikrobiologie
- **AFNOR:** Französische Vereinigung für Normung
- **AEEC:** Attaching an effacing Escherichia coli
- **VTEC:** Verotoxigenic Escherichia coli
- **EHEC:** Enterohemorrhagic Escherichia coli
- **ETEC:** Enterotoxigenic Escherichia coli
- **MALDI-TOF:** Maxtrix Assisted Laser Desorption Ionisation - Time Of Flight
- **SIR:** Sensibel Intermediär Resistent
- **ESBL:** Extended-Spectrum-Beta-Laktamasen
- **AmpC:** Cephalosporinase
- **MRSA:** Staphylococcus aureus Methicillin-resistent
- **MRS:** Staphylococcus nicht aureus Methicillin-resistent
- **UFC:** Koloniebildende Einheit



083 23 05 15

– Wählen Sie eine der folgenden Optionen

1 = Einsammlungen

2 = Betreuung CERISE

3 = Identifizierung Sanitel

4 = Gesundheitsstatus, Gesundheitsverwaltung

5 = Labor-Ergebnisse

6 = Rechnungswesen

9 = Andere Optionen

0 = Wiederholen

Ciney (Gesellschaftssitz)

Allée des artisans 2
5590 Ciney
Tel: 083 23 05 15 / Fax: 065 32 88 55
E-Mail: arsia@arsia.be

Rocherath

Krinkelt – Vierschillingweg 13
4761 Rocherath
Tel: 080 64 04 44 / Fax: 080 64 04 41
E-Mail: arsia@arsia.be

www.arsia.be

Antibiogramme

Tätigkeitsbericht und Resultate der ARSIA

**"Die am dringendsten benötigte Solidarität ist
die aller Bewohner der Erde"**

Albert Jacquard
Biologe, Genetiker, Wissenschaftler
(1925 - 2013)