



**RESEAU NATIONAL DE SURVEILLANCE
DES *YERSINIA* ENTEROPATHOGENES**

***MISE A JOUR DE LA TAXONOMIE DES YERSINIA
ET DESCRIPTION DE 6 NOUVELLES ESPECES***

Fascicule N° 24 – novembre 2020



Le genre *Yersinia*

- Le genre *Yersinia* appartient à l'ordre des *Enterobacteriales* et à la famille des *Yersiniaceae* depuis 2016.
- Au début de l'année 2020, 20 espèces de *Yersinia* étaient décrites.
- Il existe 3 espèces pathogènes pour l'homme :
 - ✓ *Y. pestis*, l'agent de la peste.
 - ✓ 2 espèces entéropathogènes : *Y. enterocolitica* et *Y. pseudotuberculosis*.
- Deux espèces sont pathogènes des animaux :
 - ✓ *Y. ruckeri*, responsable, d'une entérosepticémie hémorragique chez les salmonidés.
 - ✓ *Y. entomophaga*, pathogène de larves d'insecte en Nouvelle-Zélande.
- La pathogénicité pour l'homme de l'espèce *Y. wautersii* (décrite en 2014) reste à déterminer.
- 14 espèces non pathogènes ont été décrites depuis le début des années 1980 : *Y. aldovae*, *Y. aleksiciae*, *Y. bercovieri*, *Y. frederiksenii*, *Y. intermedia*, *Y. kristensenii*, *Y. massiliensis*, *Y. mollaretii*, *Y. nurmii*, *Y. pekkanenii*, *Y. rohdei*, *Y. similis* et les 2 plus récentes : *Y. hibernica* (2019) et *Y. canariae* (2020).

L'identification de nouvelles espèces

- Grâce à notre nouvelle méthode de caractérisation des souches de *Yersinia* avec une cgMLST (fascicule n°22), nous

avons identifié 8 groupes de souches appartenant à des branches évolutives suggérant qu'elles appartaient à de nouvelles espèces de *Yersinia* non décrites à ce jour (Savin et al., Microbial Genomics, 2019) :

- ✓ 2 branches correspondent à de nouvelles espèces décrites en 2019 (*Y. hibernica*) et en 2020 (*Y. canariae*).
- ✓ Les 6 autres branches ont été nommées temporairement *Y. frederiksenii*.2, *Y. frederiksenii*.3, *Y. kristensenii*.2 et *Y. kristensenii* 3, NEW3 et NEW4.
- Nous avons ensuite déterminé le statut taxonomique de ces 6 branches évolutives à partir d'une approche polyphasique.

L'approche polyphasique pour la description de nouvelles espèces

- L'approche polyphasique a consisté en :
 - ✓ La caractérisation biochimique : galeries API20E et API50CH, mise en évidence d'activités enzymatiques (tween-estérase, pyrazinamidase), séro-agglutination.
 - ✓ La caractérisation phénotypique par spectrométrie de masse (MALDI-ToF).
 - ✓ Le séquençage génomique des souches permettant d'établir les liens phylogénétiques entre espèces et leur degré d'identité (Average Nucleotide Identity).

Les résultats de l'approche polyphasique

- Afin de d'augmenter le nombre de souches appartenant à ces branches évolutives, nous avons ajouté 3, 1 et 1

souches aux branches NEW3, *Y. kristensenii.2*, et *Y. kristensenii.3* respectivement.

- La culture sur milieu semi-sélectif CIN donne des colonies de 2,5 à 5 mm en œil de bison (centre rouge foncé, contour clair). Sur milieu TSA, les colonies sont beiges, lisses et convexes.

- Les caractères biochimiques distinctifs des 6 nouvelles branches sont présentés dans le tableau (page 6) avec les caractères des autres *Yersinia* déjà décrites (sauf *Y. pestis*) :

- ✓ Les souches de *Y. frederiksenii.2* et *Y. frederiksenii.3* ne peuvent être distinguées des souches de *Y. frederiksenii*.

- ✓ Les souches de NEW3, NEW4, *Y. kristensenii.2* et *Y. kristensenii.3* peuvent être distinguées de leur plus proches parents par les caractères biochimiques suivants : indole et production d'acétoïne ; fermentation du l-fucose, d-arabitol, potassium 2- et 5-cétogluconate, et l'activité lipase.

- Une analyse phylogénétique a été menée sur 242 souches après avoir concaténé les 500 gènes de la cgMLST permettant de caractériser les souches de *Yersinia* (cf Figure en page 4) :

Cet arbre montre que les 6 branches forment des groupes de souches homogènes bien démarqués des autres branches connues comme étant des espèces déjà décrites.

- Une analyse de la proximité génétique du génome de ces souches a été effectuée par « Average Nucleotide Identity » :

- ✓ Un seuil de 95% d'identité nucléotidique est admis comme un maximum pour séparer 2 espèces.

- ✓ Ici dans chaque groupe, les souches ont plus de 97,5% d'identité entre elles.

- ✓ Entre chaque groupe de souches et son plus proche parent dans l'arbre l'identité est inférieure à 94,8%.

- 3 souches de chacune des 6 nouvelles espèces putatives ont été analysées par spectrométrie de masse (MALDI-ToF) :

- ✓ Pour chaque souche, un score supérieur à 2,3 a été obtenu avec un spectre d'une espèce de *Yersinia* déjà connu.

- ✓ Ces souches ne peuvent donc pas être distinguées de leur plus proche parent par MALDI-ToF.

- ✓ Ce résultat n'est pas surprenant car il est connu que les 4 espèces du complexe pseudotuberculosis (*Y. pestis*, *Y. similis*, *Y. pseudotuberculosis*, et *Y. wautersii*) ne peuvent être distinguées par MALDI-ToF.

→ Ces observations sont compatibles avec la définition de 6 nouvelles espèces sur la base de leur comparaison génomique :

- Les 6 nouvelles espèces sont nommées :

- ✓ NEW 3: *Yersinia artesianae*

- ✓ NEW 4: *Yersinia proxima*

- ✓ *Y. frederiksenii.2* : *Yersinia alsatica*

- ✓ *Y. frederiksenii.3*: *Yersinia vastinensis*

- ✓ *Y. kristensenii.2* : *Yersinia thracica*

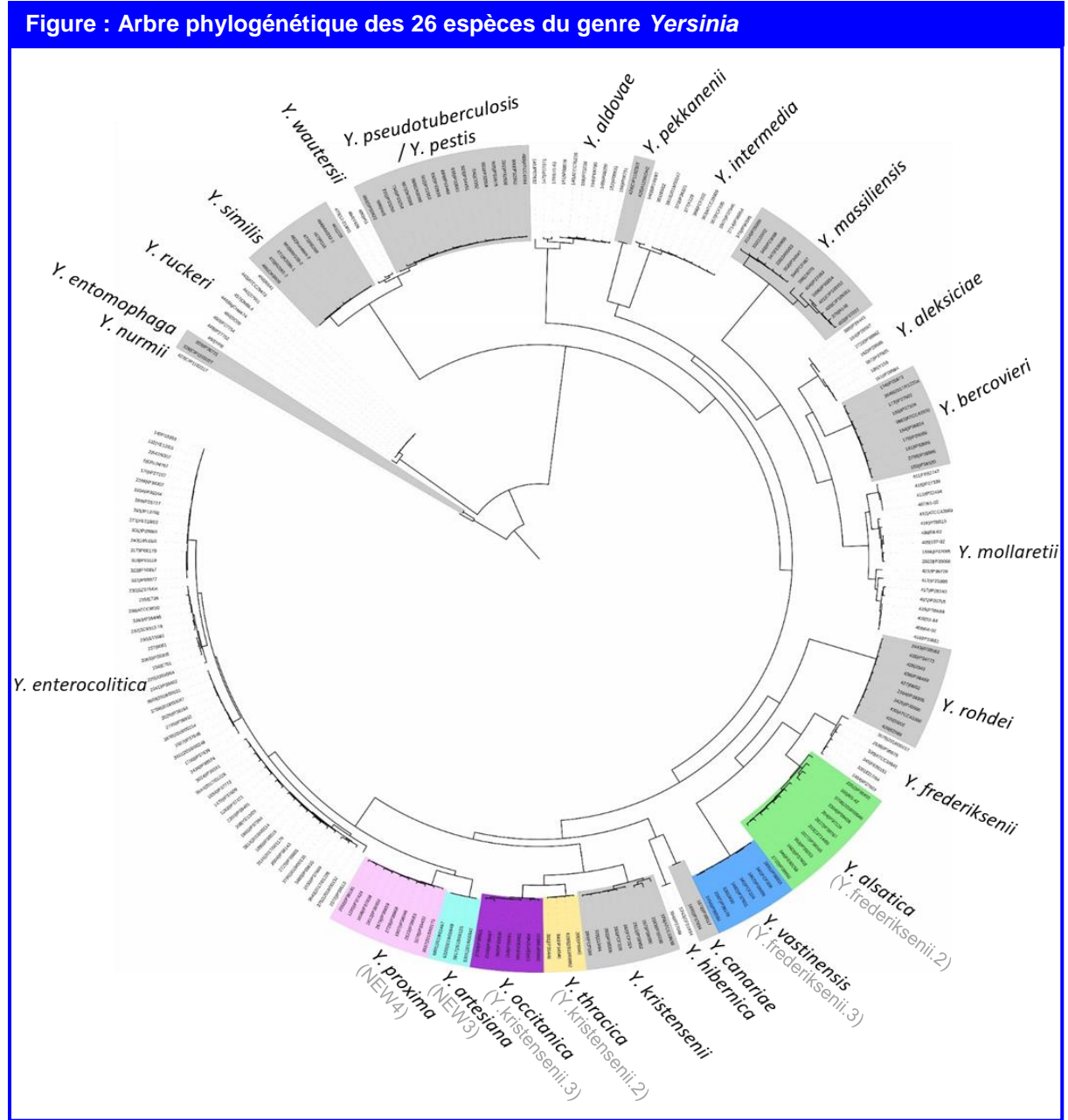
- ✓ *Y. kristensenii.3* : *Yersinia occitanica*

Yersinia artesia

- Le nom *Y. artesia* a été donné car la souche type (IP42281^T) a été isolée dans le pays d’Artois à Barlin.
- Elles sont identifiables par leur profil typique sur galerie API20E et 50CH, leur activité pyrazinamidase et l’absence d’activité tween-estérase (cf. tableau).
- Les souches n’ont pas d’antigène O connu parmi le set de 47 antigènes O testés.
- Elles ont toutes été isolées de selles humaines.

Yersinia proxima

- Le nom *Y. proxima* a été choisi en raison de la proximité génétique avec *Y. enterocolitica* du biotype 1A. La souche type (IP37424^T) a été isolée dans les Pyrénées-Orientales.
- La caractérisation biochimique est typique des *Y. enterocolitica* (cf. tableau).
- Il existe une forte association avec le sérotype O:10-34 (9 souches sur 10).
- Elles ont toutes été isolées de selles humaines.



Yersinia vastinensis

- Le nom *Y. vastinensis* a été donné car la souche type (IP38594^T) a été isolée dans le Gâtinais.
- La caractérisation biochimique est typique des *Y. frederiksenii* (cf. tableau).
- Toutes les souches ont le sérotype O:16-16,29.
- Elles ont toutes été isolées de selles humaines.

Yersinia alsatica

- Le nom *Y. alsatica* a été donné car la souche type (IP38850^T) a été isolée en Alsace, à Strasbourg.
- La caractérisation biochimique est typique des *Y. frederiksenii* (cf. tableau).
- Les souches peuvent avoir différents sérotypes. La souche type a le sérotype O:40.
- Toutes les souches ont été isolées de selles humaines.

Yersinia thracica

- Le nom *Y. thracica* a été donné car la souche type (IP34646^T) a été isolée en Bulgarie, qui faisait partie de la Thrace.
- Elles sont identifiables par leur profil typique sur galerie API20E et 50CH, leur activité pyrazinamidase et l'absence d'activité tween-estérase (cf. tableau).
- Il existe une forte association avec le sérotype O:16 (3 souches sur 4).

- La souche type a été isolée d'une truite arc-en-ciel en Bulgarie. Les autres souches ont été isolées de selles de porc, oiseaux et sanglier.

Yersinia occitanica

- Le nom *Y. occitanica* a été donné car la souche type (IP35638^T) a été isolée dans la région Occitanie, à Rodez.
- Elles sont identifiables par leur profil typique sur galerie API20E et 50CH, leur activité pyrazinamidase et l'absence d'activité tween-estérase (cf. tableau).
- Toutes les souches ont le sérotype O:12,25-12,26.
- Toutes les souches ont été isolées de selles humaines.

Conclusion

- Grâce aux souches envoyées par les laboratoires de biologie médicale de France, nous avons pu mettre à jour la taxonomie du genre *Yersinia*, par la description de 6 nouvelles espèces.
- Dorénavant, le genre *Yersinia* comprend 26 espèces dont toujours 3 pathogènes pour l'homme.
- L'identification précise des espèces et sous-espèces reste essentielle pour distinguer les espèces et sous-espèces pathogènes des non pathogènes.

Références

1. Le Guern A-S, Savin C, Angermeier H, Brémont S, Clermont D, Mühle E, Orozova P, Najdenski H, Pizarro-Cerdá J. **2020**. *Yersinia artesianae* sp. nov., *Yersinia proxima* sp. nov., *Yersinia alsatica* sp. nov., *Yersinia vastinensis* sp. nov., *Yersinia thracica* sp. nov. and *Yersinia occitanica* sp. nov., isolated from humans and animals. Int J Syst Evol Microbiol. Aug 27. doi: 10.1099/ijsem.0.004417.
2. Nguyen SV, Greig DR, Hurley D, Donoghue O, Cao Y, McCabe E, Mitchell M, Schaffer K, Jenkins C, Fanning S. **2020**. *Yersinia canariae* sp. nov., isolated from a human yersiniosis case. Int J Syst Evol Microbiol. Apr;70(4):2382-2387. doi: 10.1099/ijsem.0.004047.
3. Savin C, Criscuolo A, Guglielmini J, Le Guern A-S, Carniel E, Pizarro-Cerdá J, Brisse S. **2019**. Genus-wide *Yersinia* core-genome multilocus sequence typing for species identification and strain characterization. Microbial Genomics. doi : 10.1099/mgen.0.000301.
4. Nguyen SV, Muthappa DM, Hurley D, Donoghue O, McCabe E, Anes J, Schaffer K, Murphy BP, Buckley JF, Fanning S. **2019**. *Yersinia hibernica* sp. nov., isolated from pig-production environments. Int J Syst Evol Microbiol. Jul;69(7):2023-2027. doi: 10.1099/ijsem.0.003422.



REMERCIEMENTS

Nous tenons à vous remercier pour l'envoi des souches et des données cliniques associées au CNR.

Nous remercions particulièrement les Docteurs :

- Marie-France Aran (souche IP37424, *Yersinia proxima*)
- Anne-Sophie Calippe (souche IP42281, *Yersinia artesianae*)
- Thomas Gueudet (souche IP38850, *Yersinia alsatica*)
- Françoise Hamida (souche IP35638, *Yersinia occitanica*)
- Aline Salabelle (souche IP38594, *Yersinia vastinensis*)

DANS LE PROCHAIN FASCICULE,

***« BILAN EPIDEMIOLOGIQUE DES YERSINIOSES ENTERIQUES EN
FRANCE DE 2010 A 2020 »***



CENTRE NATIONAL DE REFERENCE DE LA PESTE ET AUTRES YERSINIOSES

INSTITUT PASTEUR

UNITE DES *YERSINIA*

28, RUE DU DOCTEUR ROUX

75724 PARIS CEDEX 15 (France)

☎ 01 40 61 37 67 📠 01 45 68 89 54

Site web: <http://www.pasteur.fr>

CONTACT: Cyril SAVIN. E-mail : cyril.savin@pasteur.fr