

# Infections à *Staphylococcus aureus* résistant à la métilcilline : Sensibilité aux antibiotiques et profil moléculaire

K. ANTRI<sup>1</sup>, M.A BACHTARZI<sup>2</sup>, A. BEZZI<sup>1</sup>, I. MECERHED<sup>2</sup>, S. BEKTACHE<sup>2</sup>, F.N LALLAOUI<sup>2</sup>, R. TOUATI<sup>2</sup>, R. ZEROUATI<sup>2</sup>, H. HABRIH<sup>2</sup>, W. AMHIS<sup>2</sup>, S. GOURARI<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene, Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire « équipe Microbiologie », Alger  
<sup>2</sup> Centre Hospitalier Universitaire Mustapha Bacha, service de Microbiologie, Alger

BIO MED 2024  
LES JOURNÉES POUR L'AVENIR DE LA BIOLOGIE MÉDICALE

antrikenza@otmail.com

## Introduction - Objectif

La dissémination de *S. aureus* résistant à la métilcilline (SARM) est une préoccupation mondiale, tant dans les hôpitaux (HA)-MRSA que dans la communauté (CA)-MRSA [1].

Pendant la pandémie de la COVID-19, peu de données algériennes concernant les infections staphylococciques ont été rapportées : le taux de SARM a-t-il augmenté ? Qu'en est-il de sa présence parmi les infections invasives? Ses résistances associées ont-elles évolué? Que sait-on sur le taux de PVL parmi ces souches ? L'objectif de ce travail est de répondre à ces questions.

## Matériels et méthodes

Il s'agit d'une étude prospective qui a été menée sur 3 ans (de janvier 2020 à décembre 2022), où toutes les souches de *S. aureus* isolées au service de microbiologie du CHU Mustapha Bacha ont été incluses.

L'identification a été réalisée en se basant sur l'aspect des colonies, l'examen microscopique, le test d'agglutination aux particules de latex staphaurex (Biorad) et la recherche de la coagulase sur plasma de lapin (Biorad).

L'antibiogramme a été réalisé par la méthode de diffusion sur gélose selon les recommandations du CLSI, exceptés pour la pristinaïne et l'acide fusidique qui ont été réalisés selon les recommandations de la CA,SFM/EUCAST.

La base de données du laboratoire de microbiologie du CHU Mustapha Bacha nous a permis d'analyser l'évolution de la prévalence des SARM dans notre hôpital.

Le typage moléculaire a été réalisé par PCR sur 50 souches, les gènes recherchés étaient: *gyrA* (gène d'identification de l'espèce), *mecA* (gène de résistance à la métilcilline), *luk pv* et *tst* (gènes des toxines de la leucocidine de Pantone et Valentine (PVL) et du choc toxique staphylococcique (TSST-1) respectivement) et les allèles 1 à 4 du système de régulation *agr* (caractérisation du fond génétique des souches).

## Résultats et discussion

Au cours de ces 3 ans : 856 *S. aureus* ont été isolés, parmi lesquels 316 soit 36,9% étaient résistants à la métilcilline avec des taux de 39,3 % (61/155) en 2020, de 35,2% (120/340) en 2021 et de 37,2% (135 /361) en 2022.

Ces SARM ont touché une population en majorité masculine avec un sexe ratio (M/F) de 1,56 et une moyenne d'âge de 40,1 ans, allant de 2 mois à 90 ans. Une moyenne d'âge plus importante a été observée chez les patients souffrants d'infections invasives.

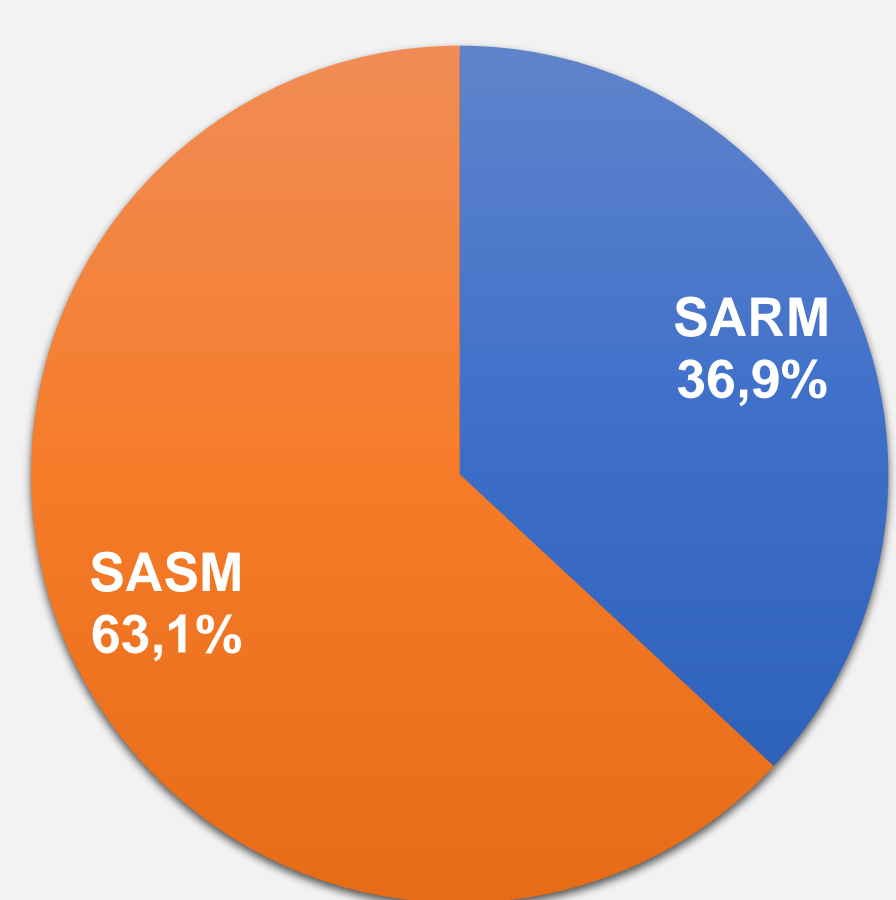


Figure 1: Prévalence des SARM isolés de 2020 à 2022 (N=856)

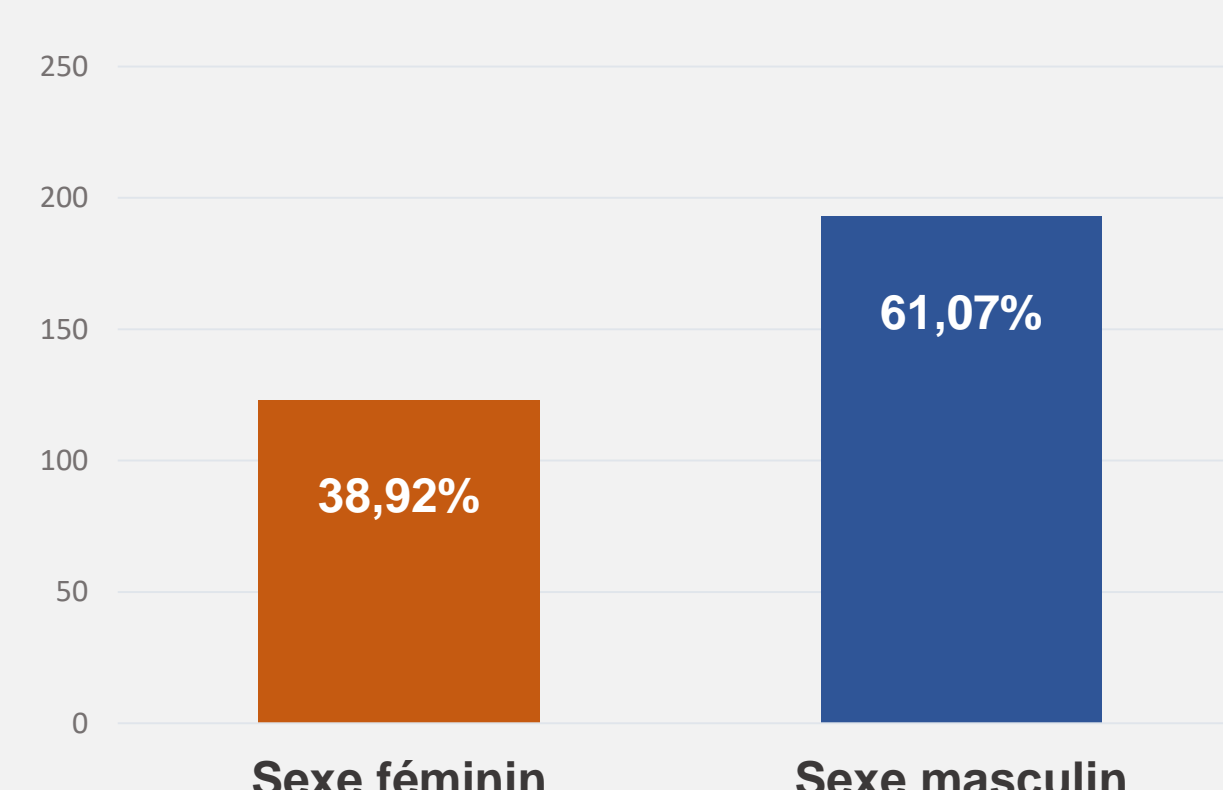


Figure 2: Répartition des patients infectés selon le sexe (N=316)

Après avoir atteint son maximum en 2010, le taux des SARM a commencé à diminuer pour avoisiner les 35% en 2021, il est actuellement de 37% dans notre hôpital. Malgré cette baisse, la prévalence des SARM observée dans notre étude reste élevée en comparaison à d'autres pays magrébins et européens [2],[3],[4].

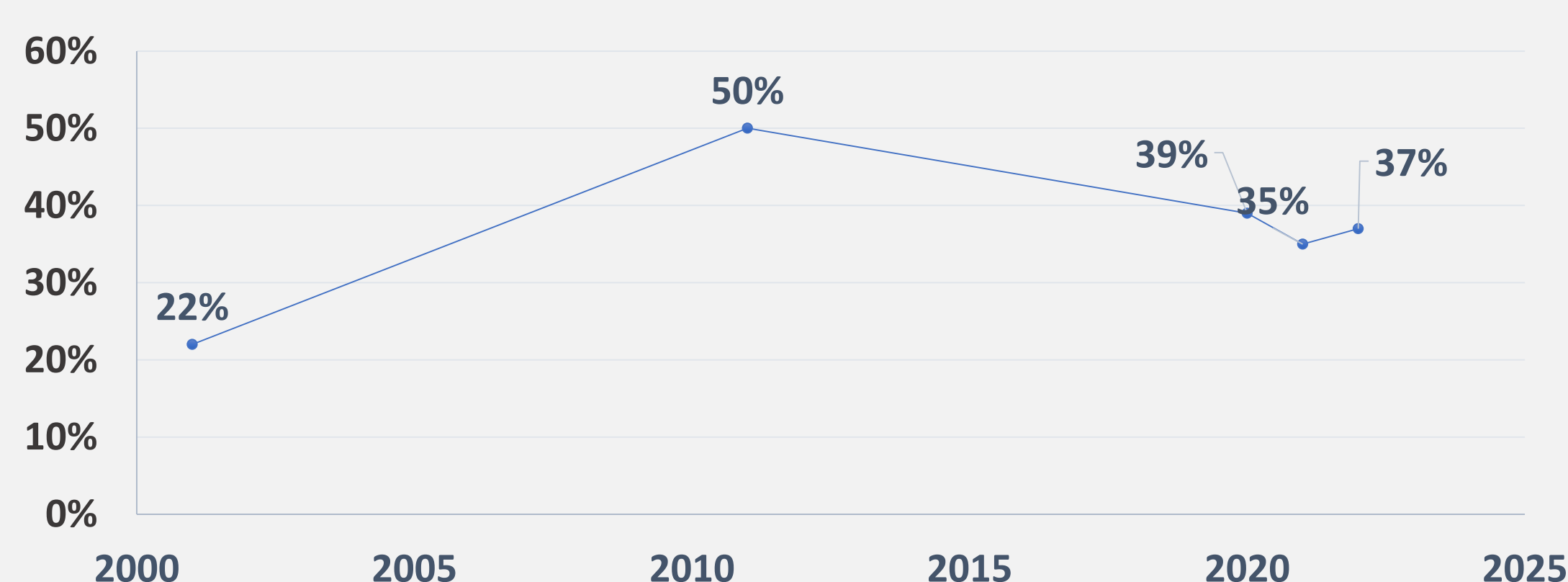


Figure 3: Evolution du taux de SARM de 2001 à 2022 à l'Hôpital Mustapha Bacha

## Références Bibliographiques

Parmi ces SARM, 43% (N=136) ont été impliqués dans des infections invasives, réparties respectivement, en infections suppuratives profondes 47% (n=64), bactériémies 39,70% (n=54), infections broncho-pulmonaires 10,29% (n=14) et infections du LCR 2,96% (n=4).

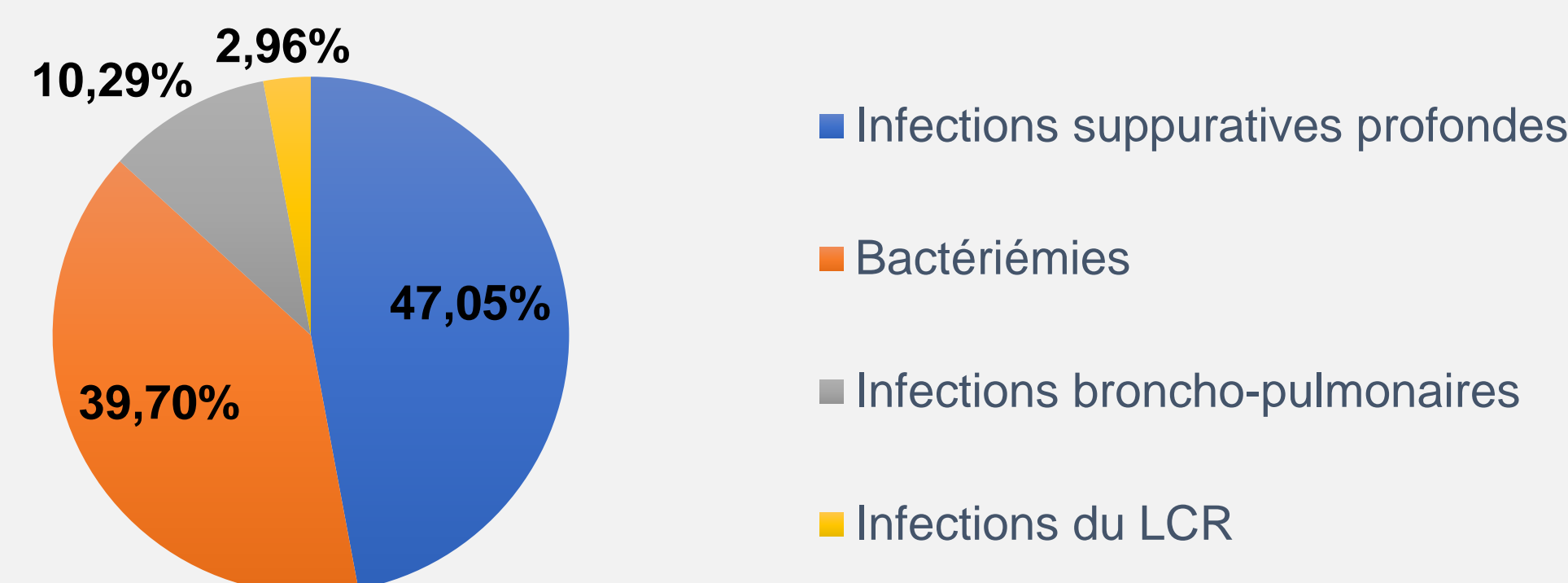


Figure 4: Répartition des infections invasives à SARM (N=316)

En plus de la résistance à la métilcilline, les SARM isolés sont en majorité résistants aux aminosides, aux macrolides et aux fluoroquinolones. Aucune résistance aux glycopeptides n'a été relevée. Les SARM retrouvés dans notre étude sont multirésistants, le profil de résistance (Kanamycine, Gentamicine, Erythromycine, Clindamycine, Ofloxacine, Ciprofloxacine, Levofloxacine, Tétracycline et Acide fusidique) a été le profil le plus observé.

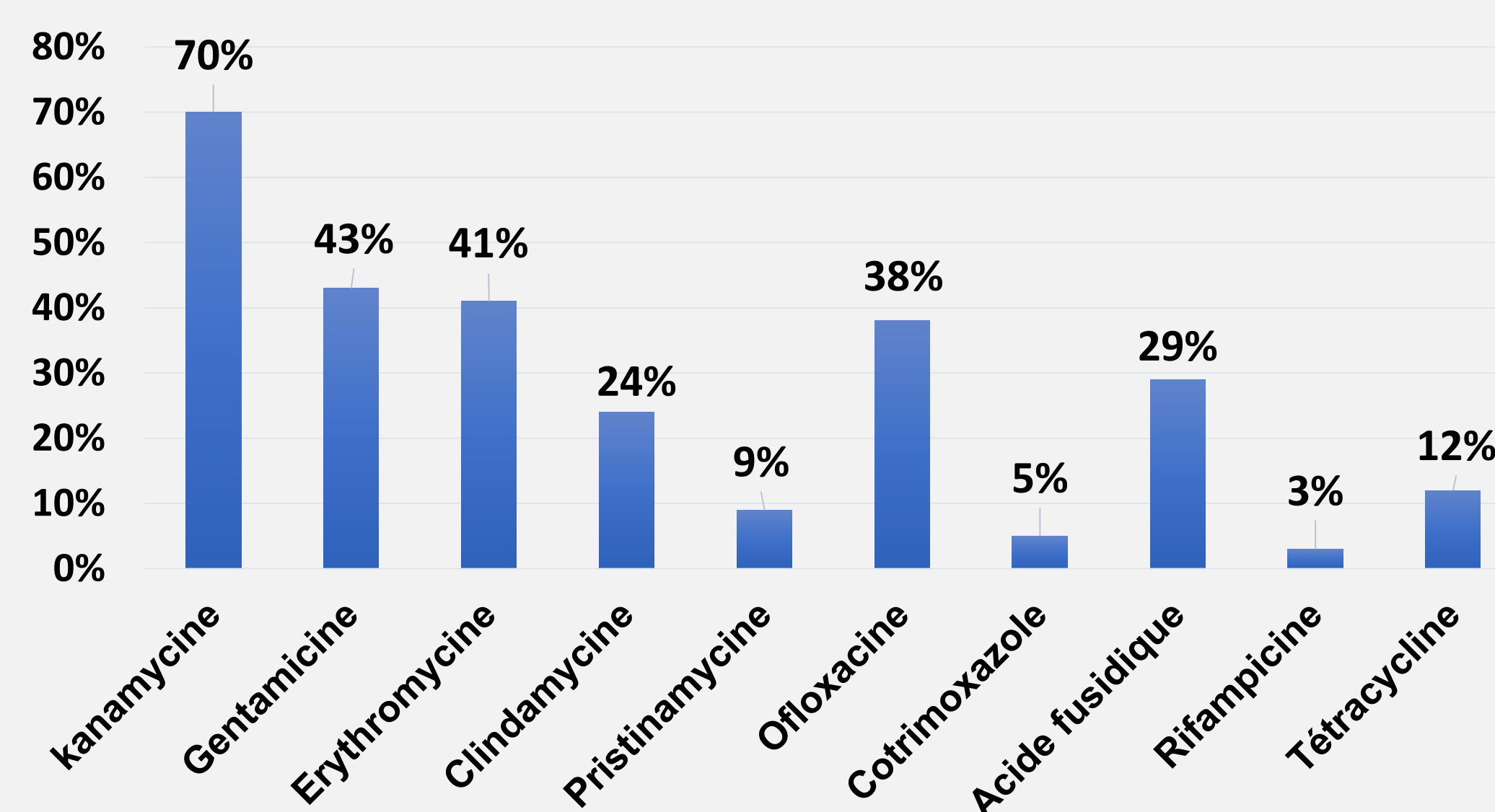


Figure 5: Résistance aux antibiotiques des SARM isolés (N=316)

La caractérisation moléculaire des 50 souches de SARM a révélé une prédominance de souches arborant un *agr1* (30/50) suivie de souches avec un *agr3* (20/50).

Fait surprenant, la majorité des souches *agr3* ne sont pas productrices de PVL (14/20), en effet le taux de PVL retrouvé dans notre étude est relativement faible (6/50). Cette toxine dermo-nécrotique a été retrouvée dans 6 infections cutanées et des tissus mous, principalement des infections de pieds diabétiques.

Les souches productrices de PVL arboraient toutes un *agr3*, ce qui correspondrait au profil moléculaire du clone ST80. Il semblerait que le clone ST80 (*agr3*,PVL+) précédemment majoritaire dans notre hôpital est en train d'être supplanté par d'autres clones dont le fond génétique arbore un *agr* type 1 [5],[6],[7].

Dans notre étude, 5 souches arboraient le gène de la TSST-1 (5/50), ces souches étaient toutes de type *agr1*, elles étaient impliquées dans des infections cutanées et des tissus mous. C'est la première fois que nous isolons des SARM arborant ce profil dans notre hôpital.

Tableau 1: Caractérisation moléculaire de 50 souches SARM

Profils moléculaires	Nombre de souche (%)
<i>agr1,mecA+,luk pv-,tst-</i>	25 (50%)
<i>agr3,mecA+,luk pv-,tst-</i>	14 (28%)
<i>agr3 ,mecA+,luk pv+,tst-</i>	6 (10%)
<i>agr1 ,mecA+,luk pv-,tst+</i>	5 (12%)

## Conclusion

Même s'il est en baisse, le taux de SARM relevé au cours de notre étude reste relativement élevé (avoisinant les 40%). Les SARM isolés de notre hôpital étaient multirésistants, des mesures préventives plus strictes doivent être mises en place afin de limiter la diffusion de telles souches.

Les résultats préliminaires du typage moléculaire des SARM révéleraient le recule du clone ST80 dans notre hôpital, au profit d'un, ou de nouveaux clone de SARM. En effet la baisse considérable du taux de PVL, une prédominance de souches arborant un fond génétique *agr1* ainsi que l'augmentation de SARM ayant le gène de la TSST-1 semblent corroborer cette hypothèse [7]. La poursuite des investigations moléculaires sur un plus grand nombre de souches avec une caractérisation plus fine nous permettra de confirmer probablement cette tendance.

1 Kale P, Dhawan B. The changing face of community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. Indian J Med Microbiol. 2016 Jul-Sep;34(3):275-85. doi: 10.4103/0255-0857.188313. PMID: 27514947.  
2 Ramdani-Bouguessa N, Bes M, Meugnier H, Forey F, Reverdy ME, Lina G, Vandenesch F, Tazir M, Etienne J. Detection of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains resistant to multiple antibiotics and carrying the Pantone-Valentine leukocidin genes in an Algiers hospital. Antimicrob Agents Chemother. 2006 Mar;50(3):1083-5. doi: 10.1128/AAC.50.3.1083-1085.2006.  
3 <https://resistancemap.onehealthtrust.org/AntibioticResistance.php>  
4 European Centre for Disease Prevention and Control. Antimicrobial resistance surveillance in Europe in 2014. Annual report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net). 2015. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/antimicrobial-resistance-europe-2014.pdf>.  
5 Djoudi F, Bonura C, Benallaoua S, Touati A, Touati D, Aleo A, Cala C, Fasciana T, Mamma C. Pantone-Valentine leukocidin positive sequence type 80 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* carrying a staphylococcal cassette chromosome mec type IVc is dominant in neonates and children in an Algiers hospital. New Microbiol. 2013 Jan;36(1):49-55.  
6 Antri K, Rouzic N, Dauwalder O, Boubekri I, Bes M, Lina G, Vandenesch F, Tazir M, Ramdani-Bouguessa N, Etienne J. High prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clone ST80-IV in hospital and community settings in Algiers. Clin Microbiol Infect. 2011 Apr;17(4):526-32. doi: 10.1111/j.1469-0691.2010.03273.x.  
7 Antri K, Rouzic, N, Boubekri I, Dauwalder O, Beloufa A, Ziâne, H., Ramdani-Bouguessa, N. High prevalence of community-and hospital-acquired infections of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* containing Pantone-Valentine leukocidin gene in Algiers. 2009. Pathologie-biologie, 58(2), e15-20.