

Caractérisation moléculaire de souches de Staphylococcus aureus producteur de la leucocidine de Panton-Valentine isolées à Djibouti

Type de contenu : Texte

Type de médiation : sans médiation

Type de support : Volume

Titre(s) : Caractérisation moléculaire de souches de Staphylococcus aureus producteur de la leucocidine de Panton-Valentine isolées à Djibouti / Aurore Ho ; sous la direction d'Aurore Bousquet

Est une reproduction de : Caractérisation moléculaire de souches de Staphylococcus aureus producteur de la leucocidine de Panton-Valentine isolées à Djibouti Aurore Ho 2024

Auteur(s) : Ho, Aurore (1998-....)

Autre(s) auteur(s) : Bousquet, Aurore (1983-....)
Université Claude Bernard Lyon 1971-....

Production : 2024

Description matérielle : 1 volume (129 pages) : illustrations, carte ; 30 cm

Note sur les bibliographies et les index : Bibliographie pages 102-112

Note de thèses et écrits académiques : Reproduction de Thèse d'exercice Pharmacie Lyon 1 2024

Résumé ou extrait : Si l'épidémiologie moléculaire du Staphylococcus aureus producteur de la Leucocidine de Panton et Valentine (PVL+) est bien connue en Europe grâce à des réseaux de surveillance efficaces et à une littérature abondante, les données épidémiologiques concernant l'Afrique sont rares. Cette bactérie intéresse l'armée française puisque des militaires sont déployés dans plusieurs pays en Afrique et notamment à Djibouti. Afin de mieux comprendre les voies de transmission et d'identifier les clones dominants dans la communauté, nous avons caractérisé des souches de S. aureus PVL+, isolées d'échantillons cliniques au CMCIA du camp militaire français de Djibouti. Entre septembre 2018 et mars 2023, 43 isolats provenant de civils et militaires ont été étudiés : sensibilité aux antibiotiques selon la méthode par diffusion en milieu gélosé (interprétation CA-SFM/EUCAST 2022), spa sequence typing par amplification du locus spa puis séquençage Sanger et multi-locus sequence typing (MLST) par amplification de 7 gènes de ménage puis séquençage Sanger effectués à l'HIA Bégin (Saint-Mandé), séquençage des génomes des souches au CHU Mondor (Créteil) à l'aide du kit DNA Prep (Illumina), reconstruction génomique de novo (Shovill), détermination du core-génome (Roary), étude du résistome, étude du virulome, phylogénie basée sur les SNPs. La majorité des patients était militaire (79 %, n = 34) et les prélèvements provenaient principalement d'infections de peau/tissus mous (65 %, n = 28). 2,3 % des souches étaient des SARM et les autres résistances phénotypiques observées étaient : 81,4

% à la pénicilline G (n = 35), 14 % à la tétracycline (n = 6), 16,3 % à l'érythromycine (n = 7), 2,3 % à la kanamycine (n = 1) et 4,7 % à l'acide fusidique (n = 2). Finalement, le séquençage des souches a mis en évidence l'existence d'un sequence type (ST) prédominant, le ST152, avec une distribution de 72,1 % (n = 31), suivi du ST15 à 7 % (n = 3). L'analyse du spa typing a révélé que t355 (44,2 % ; n = 19) et t4235 (23,3 % ; n = 10) étaient majoritaires. Le nombre de spa type et les faibles valeurs de distances alléliques ([0 ; 66] ; médiane = 6) évoquent une pauci-clonalité du ST152. Les résultats de cette étude sont en adéquation avec les données épidémiologiques disponibles dans d'autres pays d'Afrique. En effet, alors que le S. aureus ST152 est peu représenté en Europe, la majorité des isolats de notre étude appartenait à ce clone, comme dans plusieurs pays d'Afrique. Au sein du ST152, l'approche phylogénétique combinée avec la distance allélique évoque la circulation de 2 clusters principaux (distances alléliques

Sujet - Nom commun : Staphylocoque doré -- Djibouti
Leucocidine de Panton-Valentine

Forme, genre ou caractéristiques physiques : Thèses et écrits académiques