

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