



Hospices Civils de Lyon



# Infections invasives : qui gagne le combat en France en 2015 : CC152-MSSA-PVL+, USA300-MRSA-PVL+ ou ST80-MRSA-PVL+ ?

L. Bonnichon, C. Bouchiat, M. Bes, F. Laurent, F. Vandenesch, **A. Tristan**  
CNR des staphylocoques, HCL, LYON, FRANCE

# Introduction

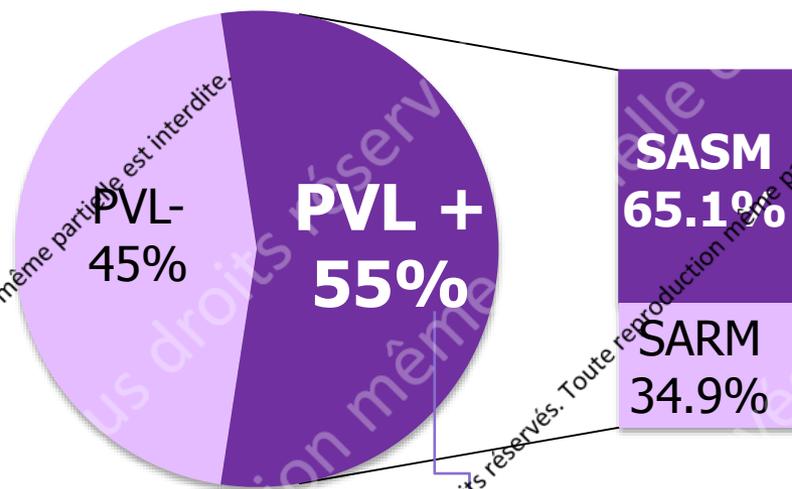
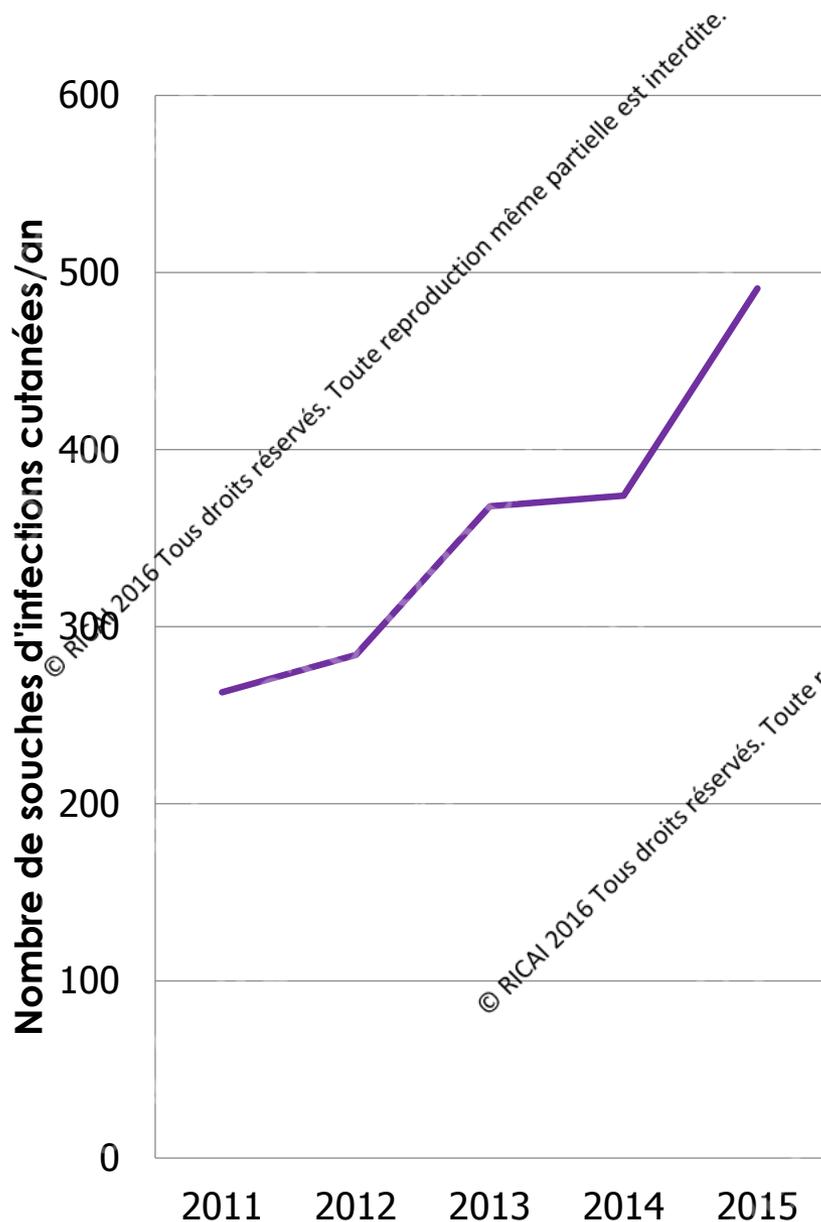


<http://www.reponseatout.com>

- Mission du CNR des staphylocoques :
  - contribution à la **surveillance** épidémiologique
  - SARM **ET** SASM
- A retenir : il n'y a **pas que** des SARM !!!!



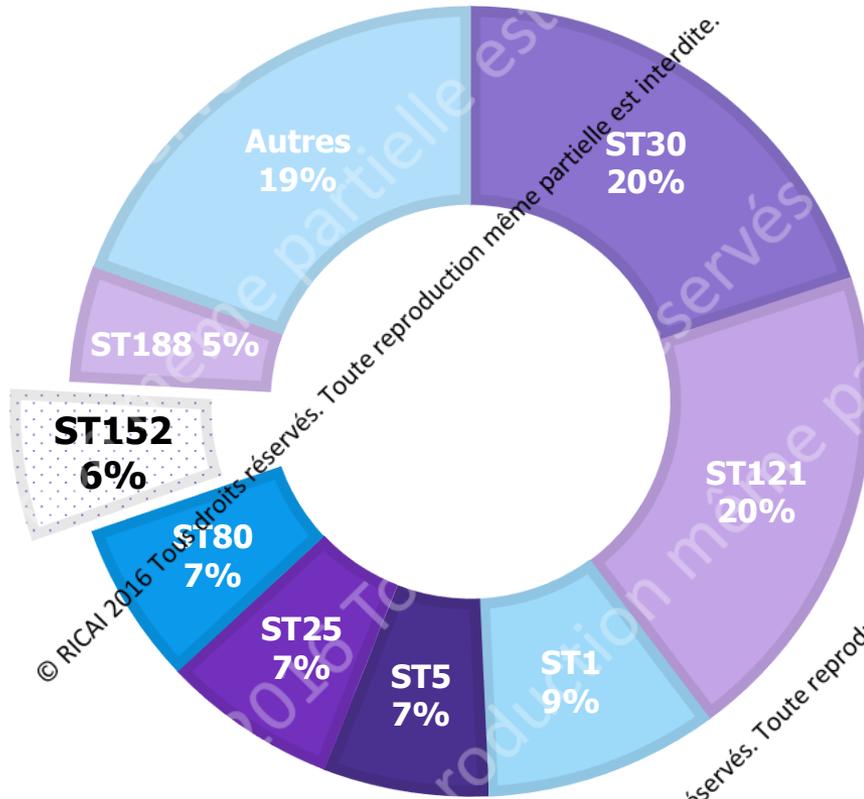
# SSTI : SASM et SARM PVL + en 2015



© RICAI 2016 Tous droits réservés. Toute reproduction même partielle est interdite.

**90.1%** si infections primitives

# Génotypes de SASM PVL+ fin 2007 en France

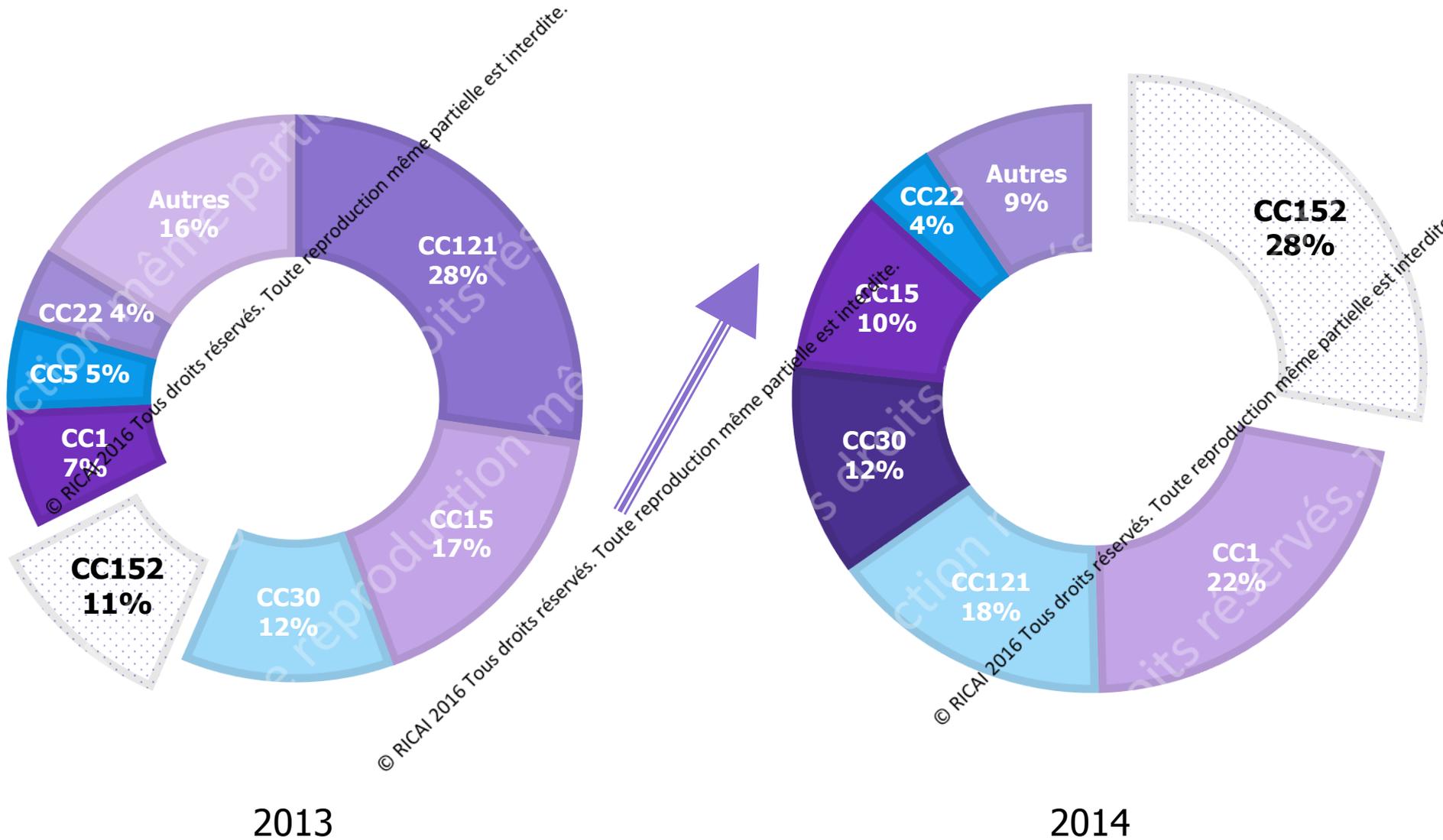


Génotypes associés aux SARM-C PVL+		
ST25, ST152	<i>agr1</i>	<b>SARM</b>
ST5	<i>agr2</i>	<b>SARM</b>
ST30, ST1, ST80	<i>agr3</i>	<b>SARM</b>
ST121	<i>agr4</i>	-

## → Distribution et évolution des SASM PVL+

- grande diversité de clones
- grands clones pandémiques
- dominance des génotypes associés aux SARM-C

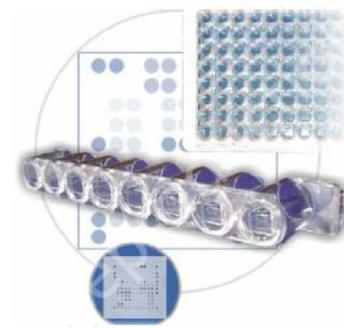
# Génotypes de SASM PVL+ en France



2013

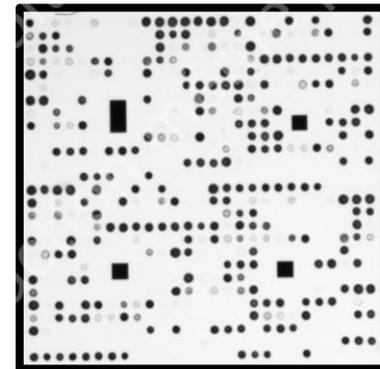
2014

# Matériel et méthodes

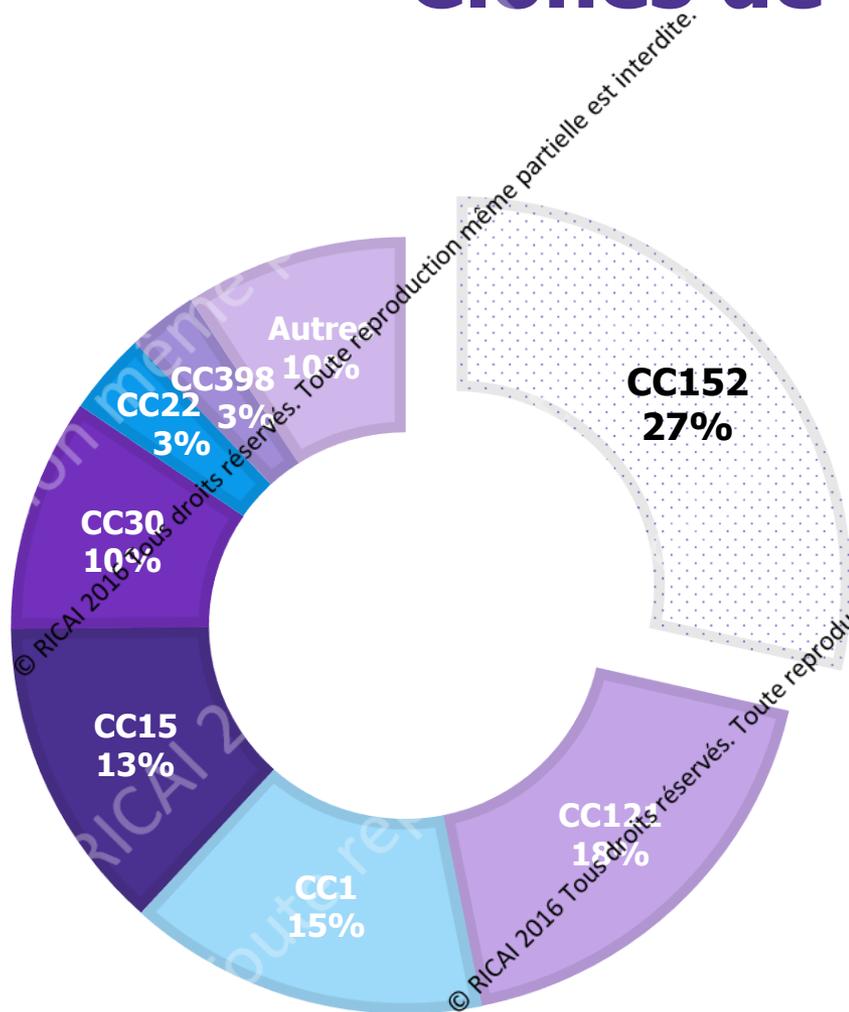


Identibac *S. aureus*  
genotyping Alere®

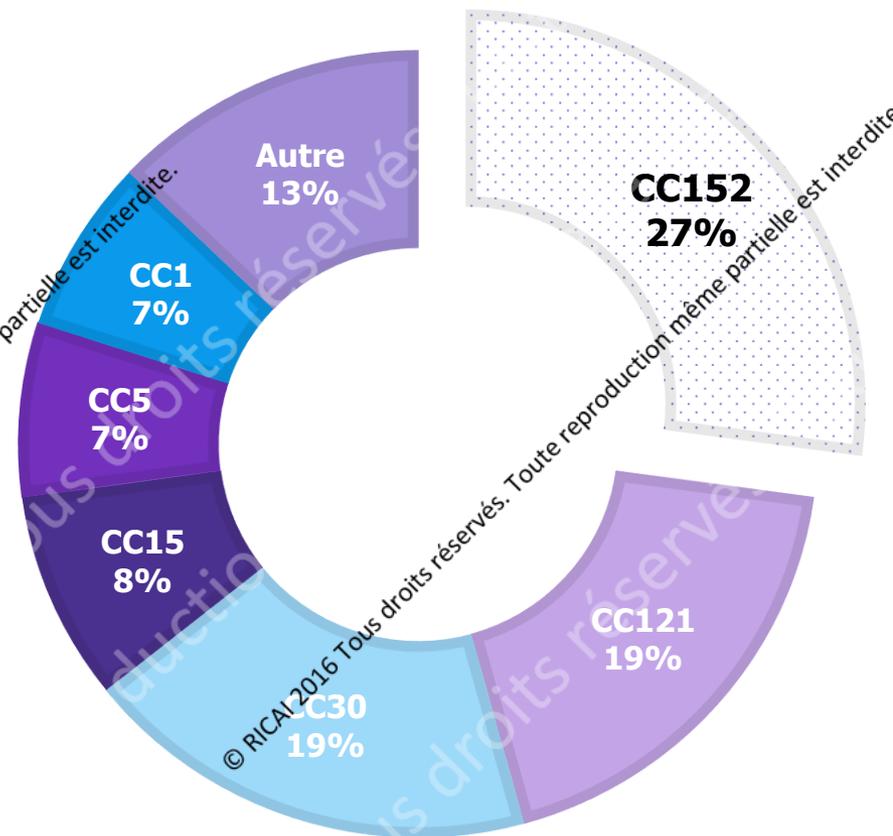
- 178 souches PVL+ SASM analysées
  - du 02/01/2015 et le 31/12/2015
  - responsables de SSTIs
- Facteurs de virulence et assignement des souches aux différents complexes clonaux (CC):
  - Analyse sur puces à ADN
- Sensibilité aux antibiotiques :
  - CASFM 2016 v2



# Clones de SASM PVL+

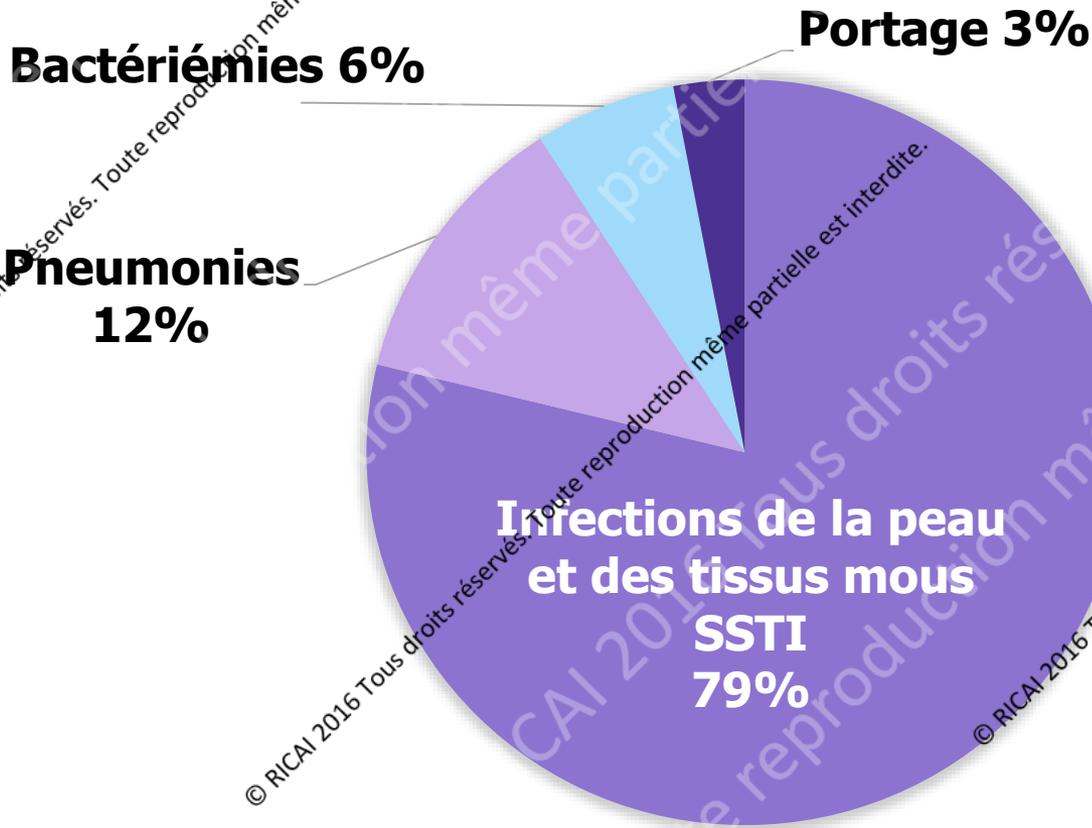


SSTI en 2015



Pneumonies nécrosantes  
2010-2015

# Pathologies associées au CC152-MSSA en France en 2015

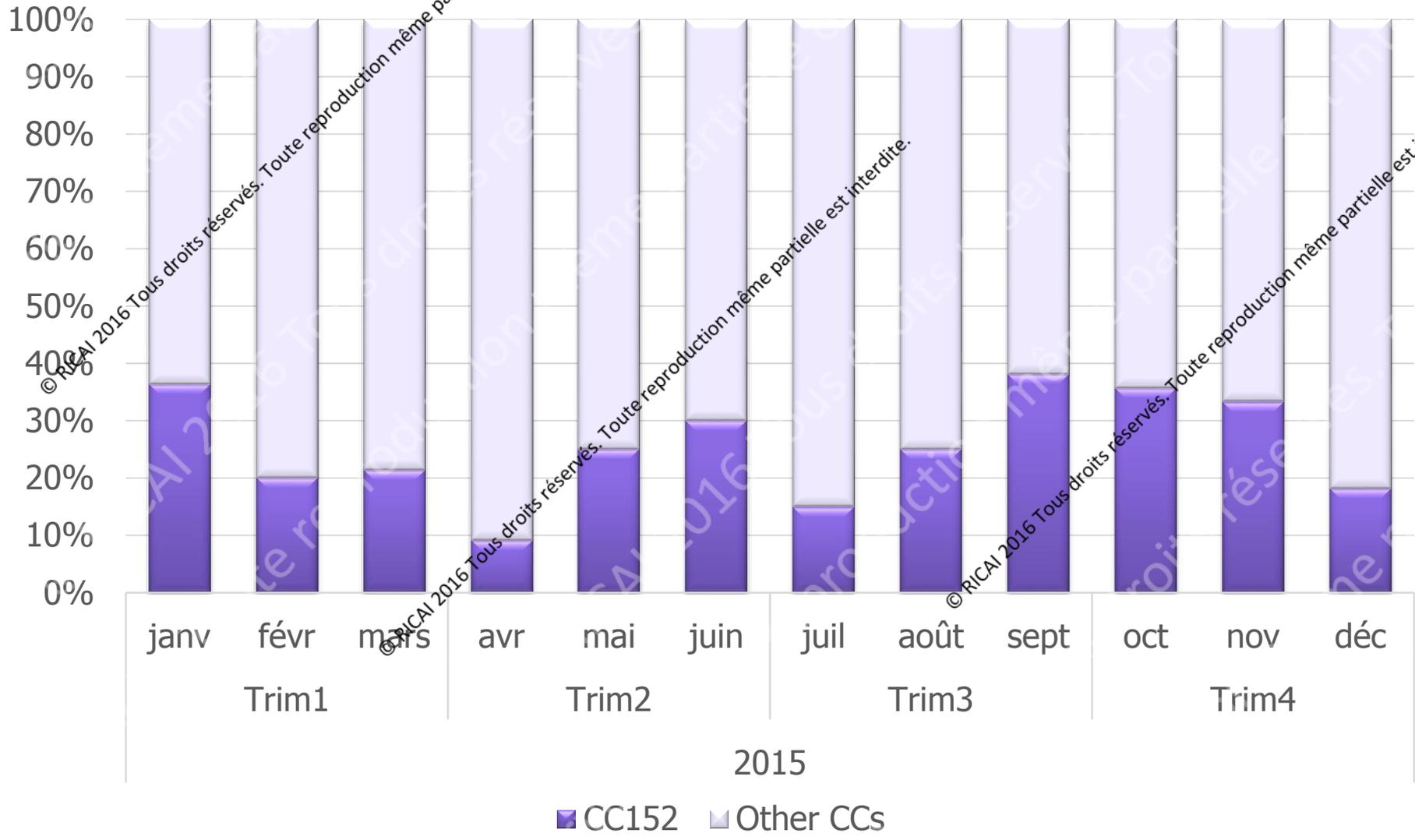


© RICAI 2016 Tous droits réservés. Toute reproduction même partielle est interdite.

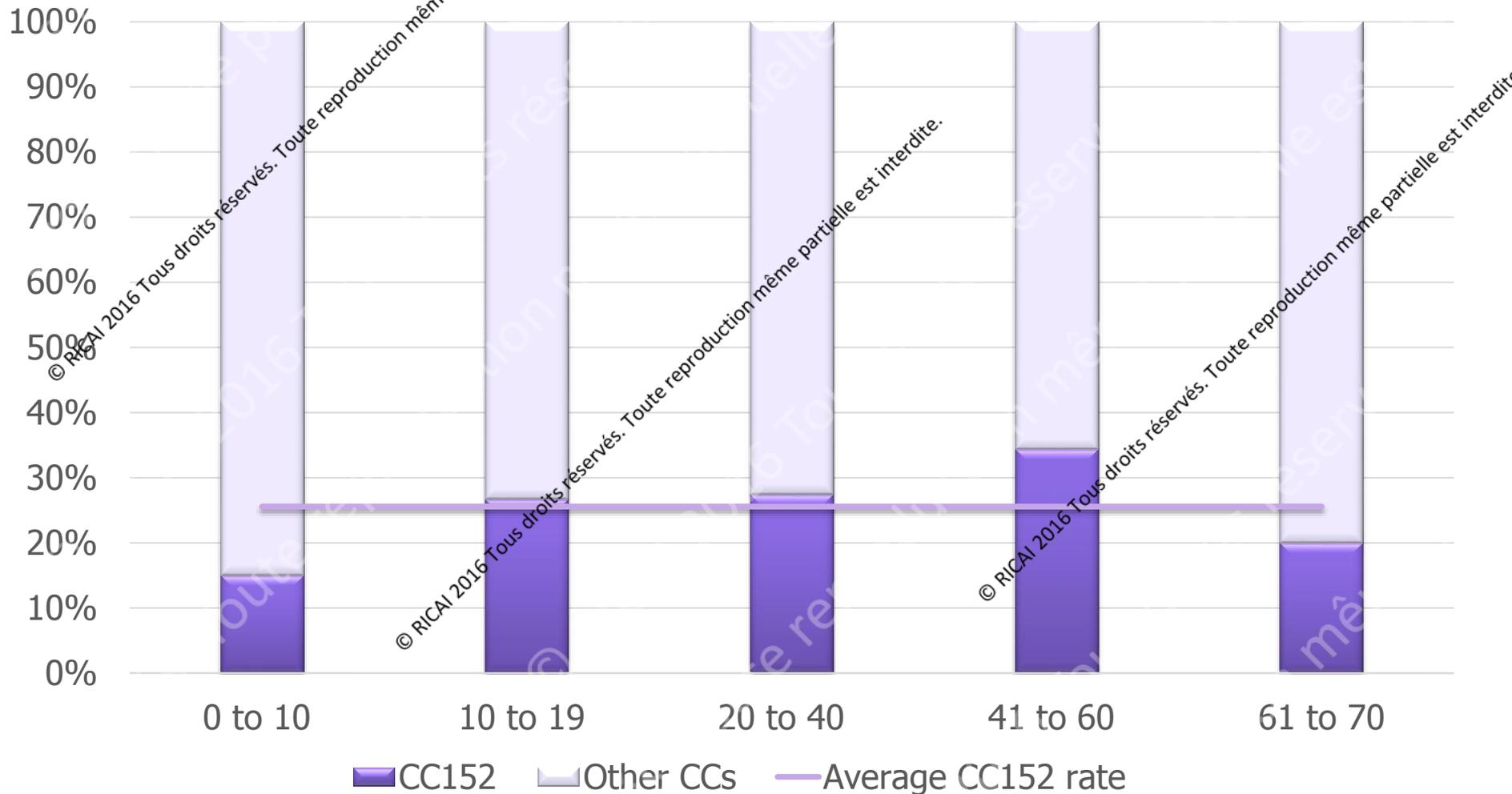
© RICAI 2016 Tous droits réservés. Toute reproduction même partielle est interdite.

© RICAI 2016 Tous droits réservés. Toute reproduction même partielle est interdite.

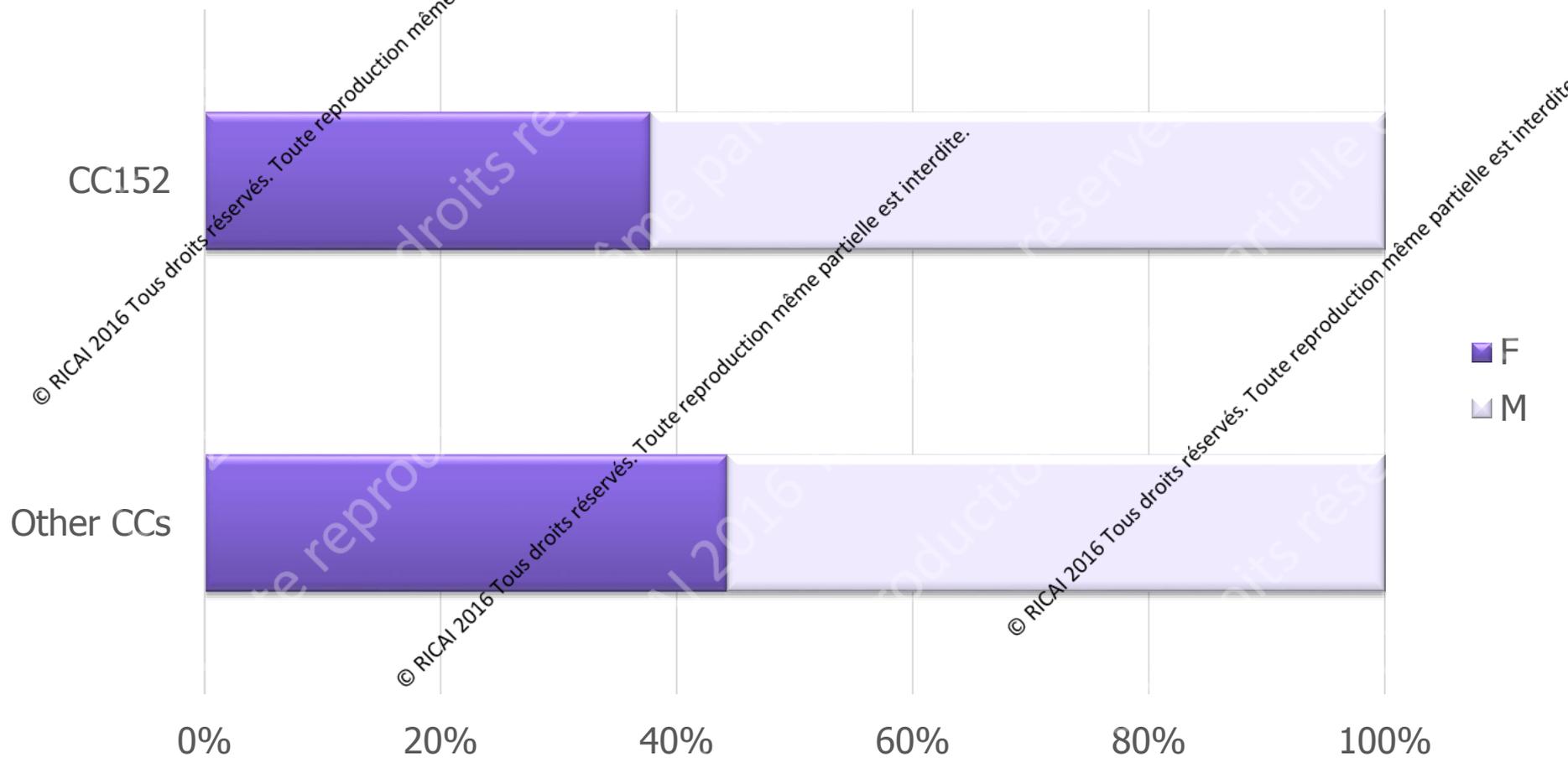
# Saisonnalité ?



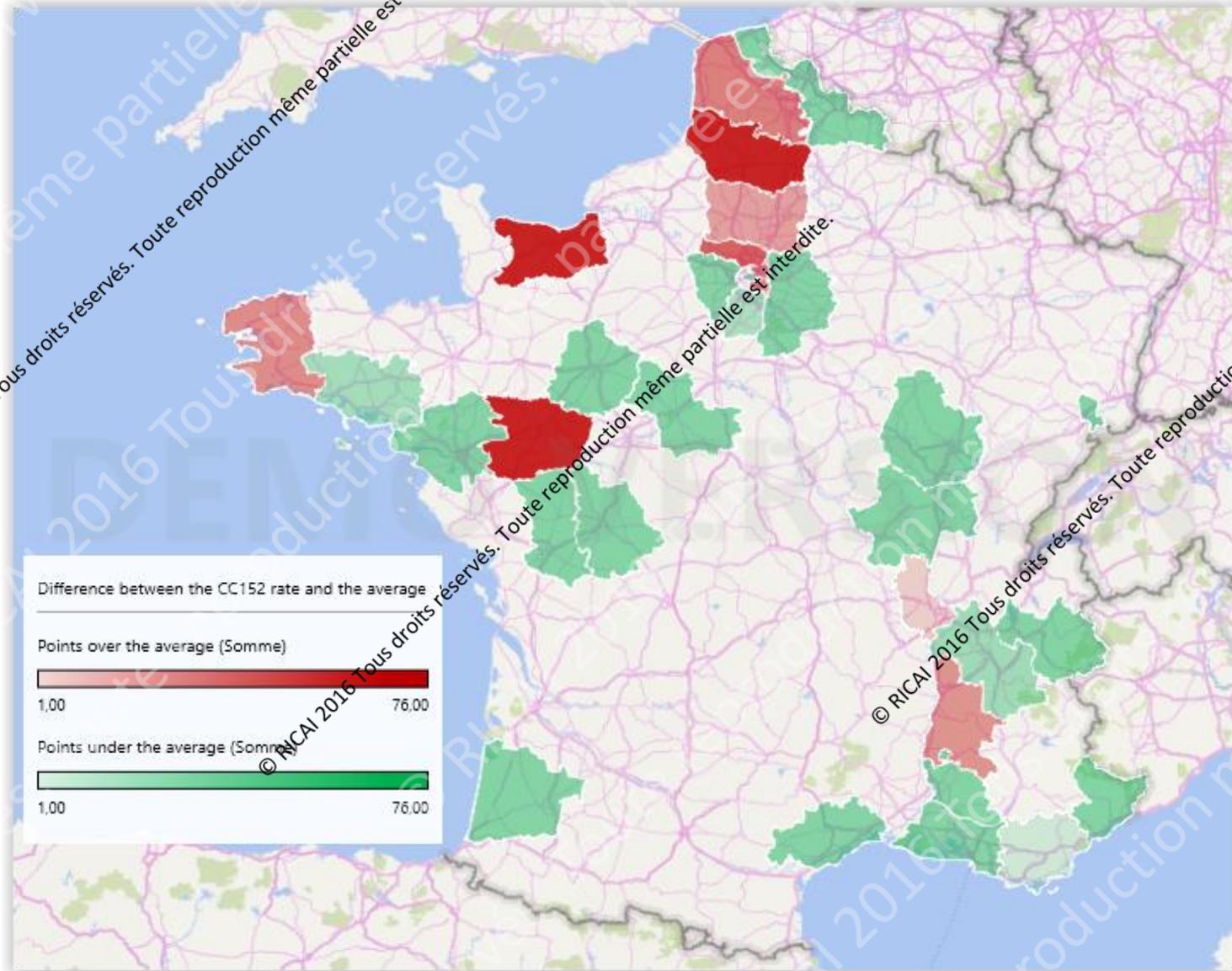
# Ages des patients



# Sexe des patients ♂♀



# Répartition géographique des souches reçues

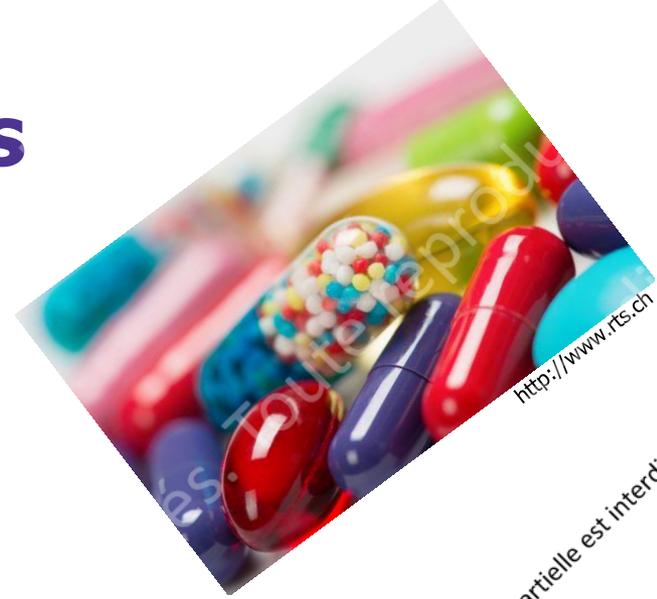


# Répartition dans les DOM-COM



Département	CC152	Autres CCs	Total
Guadeloupe	2	2	4
Martinique	0	0	0
Guyane	0	1	1
La Réunion	3	5	8
Mayotte	0	0	0
<b>Total</b>	<b>5</b>	<b>8</b>	<b>13</b>

# Sensibilité aux antibiotiques



- 99% résistance pénicilline G
- 45% résistance **Bactrim®** et/ou **tétracycline**

# Origine du CC152-MSSA

Clin Microbiol Infect. 2011 Apr;17(4):633-9. doi: 10.1111/j.1469-0691.2010.03320.x.

## Epidemiology of methicillin-susceptible *Staphylococcus aureus* lineage ST152 in African towns: high prevalence of Panton-Valentine leukocidin genes.

Breurec S<sup>1</sup>, Fall C, Pouillot R, Boisier G, Brisse S, Diene-Sarr F, Djibo S, Etienne J, Fonkoua M, Karamarokoto CE, Randrianirina F, Thiberge JM, Zriouil SB; Working Group on *Staphylococcus aureus* Infections, Garin B, Liorio-Houngbo H.

Clin Microbiol Infect. 2014 Jul;20(7):589-96. doi: 10.1111/1469-0691.12699

## New epidemiology of *Staphylococcus aureus* ST152 in Africa.

Schaumburg F<sup>1</sup>, Alabi AS, Peters G, Becker K.

Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2016 Aug 23. [Epub ahead of print]

## Molecular epidemiology of *Staphylococcus aureus* from Lambaréné, Gabon.

Okuda KV<sup>1</sup>, Toepfner N<sup>1</sup>, Alabi AS<sup>1</sup>, Falke U<sup>1</sup>, Menschner L<sup>1</sup>, Monecke S<sup>5,6</sup>, Ruppelt Corz A<sup>7</sup>, Berner R<sup>1</sup>.

Int J Infect Dis. 2015 Feb;44(2):145-51. doi: 10.1016/j.ijid.2015.02.012. Epub 2015 Feb 23.

## Is Africa a source of major Haitian *Staphylococcus aureus* lineages?

Schaumburg F<sup>1</sup>, Gannon H<sup>2</sup>, Mellmann A<sup>3</sup>, Becker K<sup>4</sup>.

PLoS One. 2014;9(2):e89120. doi: 10.1371/journal.pone.0089120. eCollection 2014.

## Population structure of *Staphylococcus aureus* from Trinidad & Tobago.

Monecke S<sup>1</sup>, Stieber B<sup>1</sup>, Roberts R<sup>2</sup>, Akpaka PE<sup>2</sup>, Slickers P<sup>3</sup>, Ehrlich R<sup>3</sup>.





# Conclusions

- Envoi **non systématique** des échantillons au CNR
- CC152-MSSA majoritaire **SSTI et infections graves**
  - âge moyen
  - hommes > femmes
  - nord-ouest de la France
  - pic à l'automne
  - résistances : **cotrimoxazole, tétracyclines**
- CC152-MSSA d'origine **africaine**



© Can Stock Photo

# Perspectives

- **Etude épidémiologique** de grande ampleur
  - confirmation des tendances (au niveau européen ?)
  - séquençage souches françaises/africaines : phylogénie
- Etude de la **fitness** :
  - meilleure affinité pour les kératocytes qu'autres CCs ?
  - meilleure survie dans le milieu extérieur ?
  - potentiel épidémique supérieur ?



# MERCI DE VOTRE ATTENTION

- Merci à Lucie pour son travail
- Merci à tout le personnel du CNR (notamment Michèle)
- **MERCI A TOUS CEUX QUI NOUS ENVOIENT DES SOUCHES**