



**HAL**  
open science

## Étude de la sensibilité de *Staphylococcus lugdunensis* aux antiseptiques utilisés en milieu hospitalier

L Destruel, M Lecomte, M Grand, M Pestel-Caron, S Dahyot

► **To cite this version:**

L Destruel, M Lecomte, M Grand, M Pestel-Caron, S Dahyot. Étude de la sensibilité de *Staphylococcus lugdunensis* aux antiseptiques utilisés en milieu hospitalier. Journée Normande de Recherche Biomédicale 2022 (JNRB 2022), Jun 2022, Rouen, France. hal-03706279

**HAL Id: hal-03706279**

**<https://normandie-univ.hal.science/hal-03706279v1>**

Submitted on 27 Jun 2022

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



# Étude de la sensibilité de *Staphylococcus lugdunensis* aux antiseptiques utilisés en milieu hospitalier

L. Destruel<sup>1</sup>, M. Lecomte<sup>1</sup>, M. Grand<sup>1</sup>, M. Pestel-Caron<sup>2</sup>, S. Dahyot<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Normandie Univ, UNIROUEN, UNICAEN, Inserm UMR 1311 DYNAMICURE, 76000 Rouen, France, <sup>2</sup>Normandie Univ, UNIROUEN, UNICAEN, Inserm UMR 1311 DYNAMICURE, CHU Rouen, Service de microbiologie, F-76000 Rouen, France

## Introduction

*Staphylococcus lugdunensis* est une espèce de staphylocoque à coagulase négative (SCN) **commensale de la peau**, mais pouvant aussi être responsable **d'infections profondes** et **d'infections associées aux soins**. La prévalence de certains **complexes clonaux (CCs)** parmi les souches cliniques de patients hospitalisés laisse supposer une **persistance hospitalière**, possiblement associée à une **sensibilité diminuée (SD)** aux antiseptiques, à l'instar de ce qui a été décrit chez des souches d'autres espèces de SCN<sup>1</sup> et chez *Staphylococcus aureus*<sup>2</sup>.

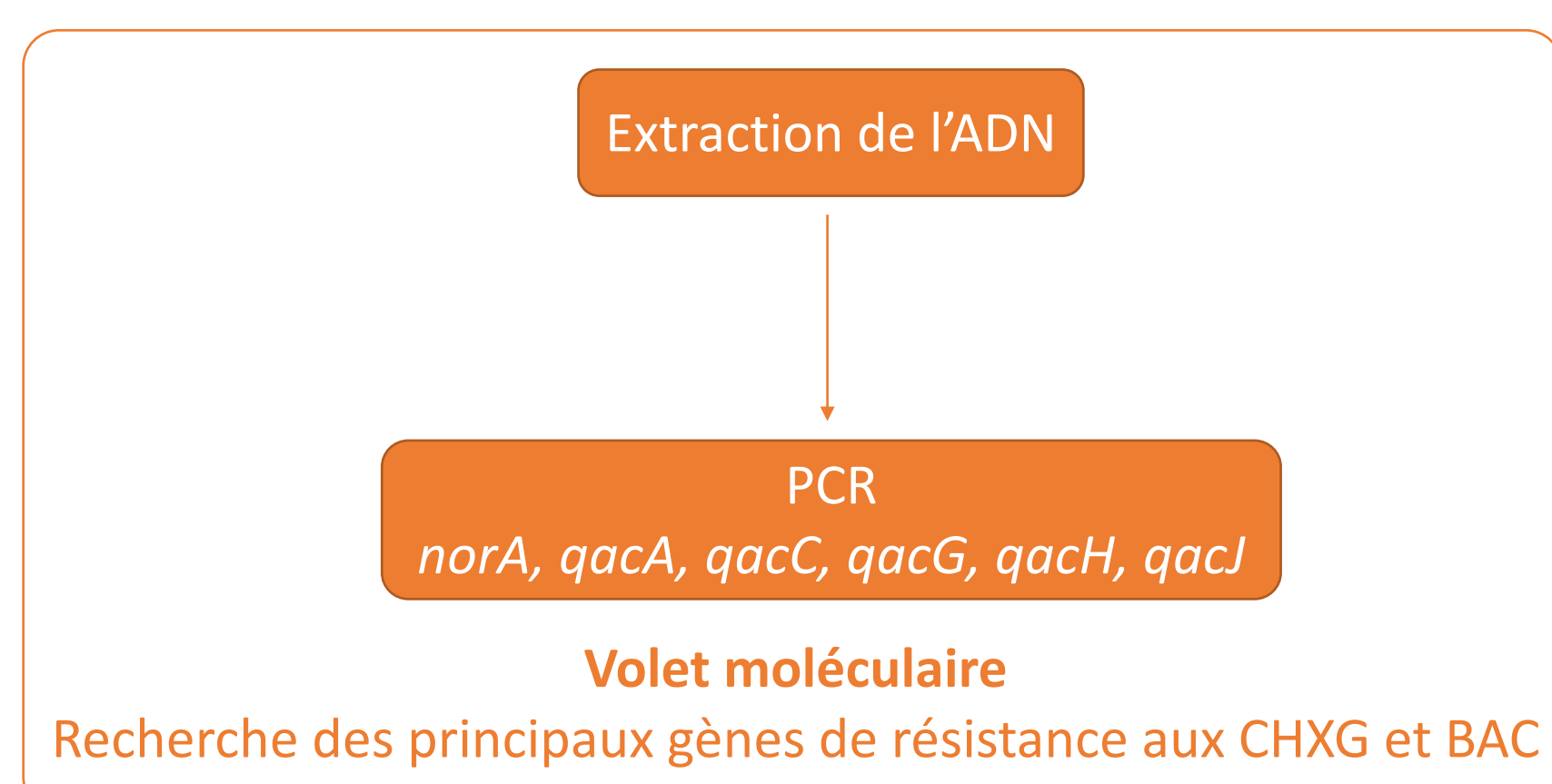
L'objectif de cette étude était d'évaluer la sensibilité de souches de *S. lugdunensis* à deux antiseptiques fréquemment utilisés en milieu hospitalier (**gluconate de chlorhexidine CHXG** et **chlorure de benzalkonium BAC**) sur le plan moléculaire et phénotypique.

## Matériels & Méthodes

Contexte clinique	CC1 (n=11)	CC2 (n=5)	CC3 (n=11)	CC4 (n=4)	CC5 (n=5)	CC6 (n=5)	CC7 (n=4)*	Singleton** (n=4)
Portage	3	1	6	/	/	1	1	1
Infection	8	4	5	4	5	4	2	3

\*contexte clinique inconnu pour une souche, \*\*Singleton Sequence Type (ST)

Tableau 1 : Souches cliniques de *S. lugdunensis* classées en fonction des CCs et contexte clinique



Sélection des souches (49 souches)

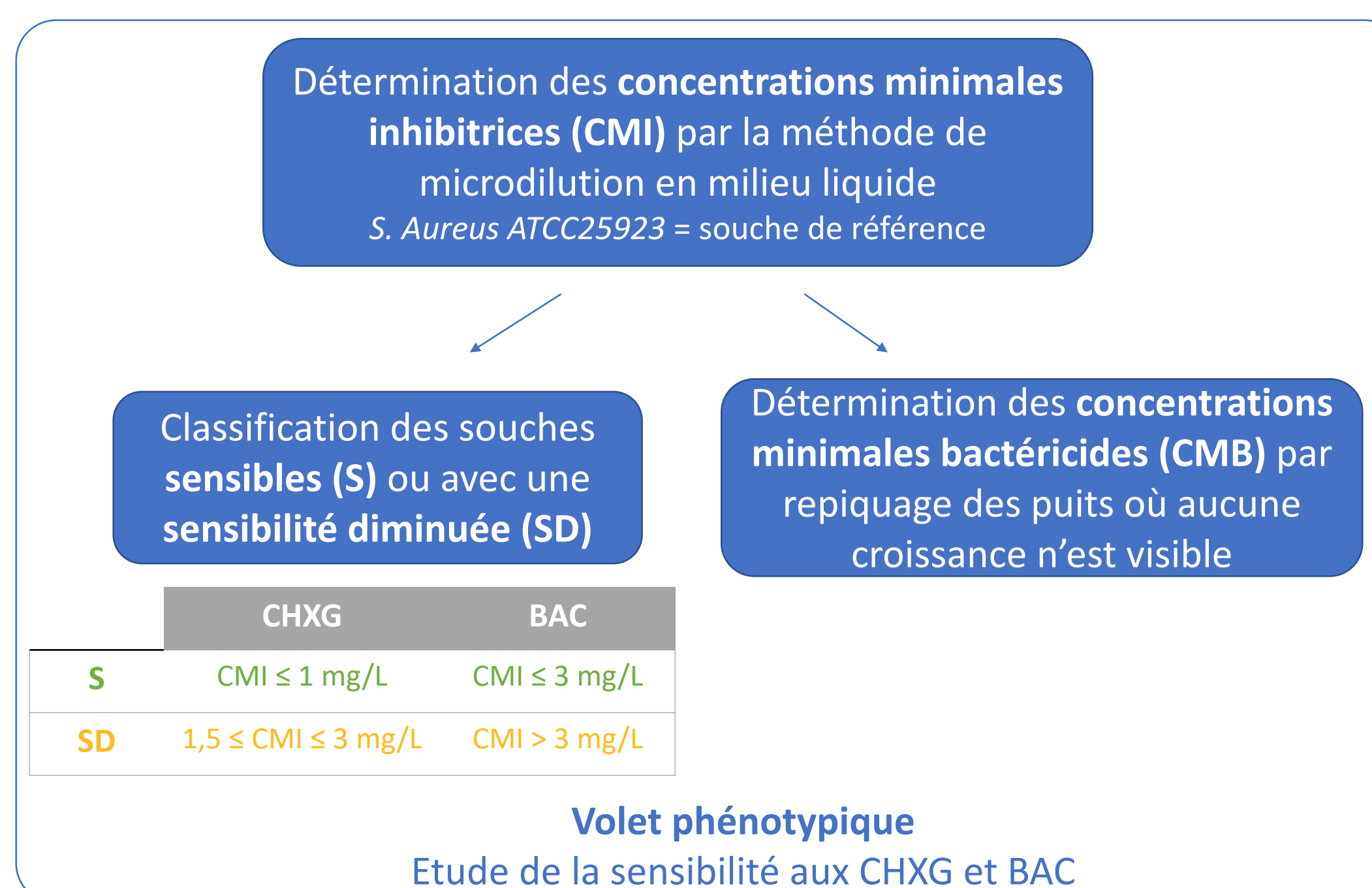


Figure 1 : Démarche expérimentale

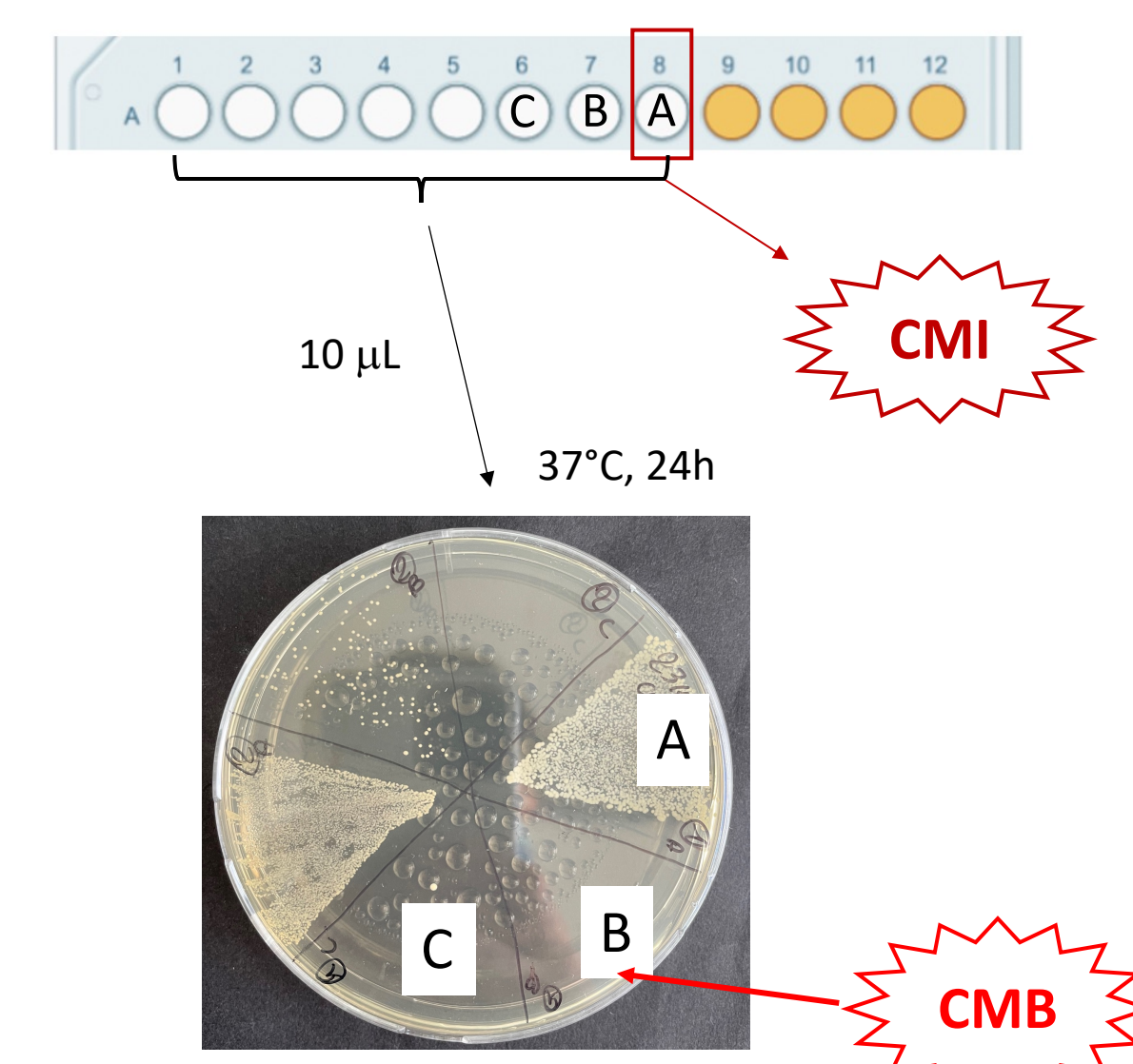


Figure 2 : Détermination des CMI et CMB

## Résultats

### Approche moléculaire

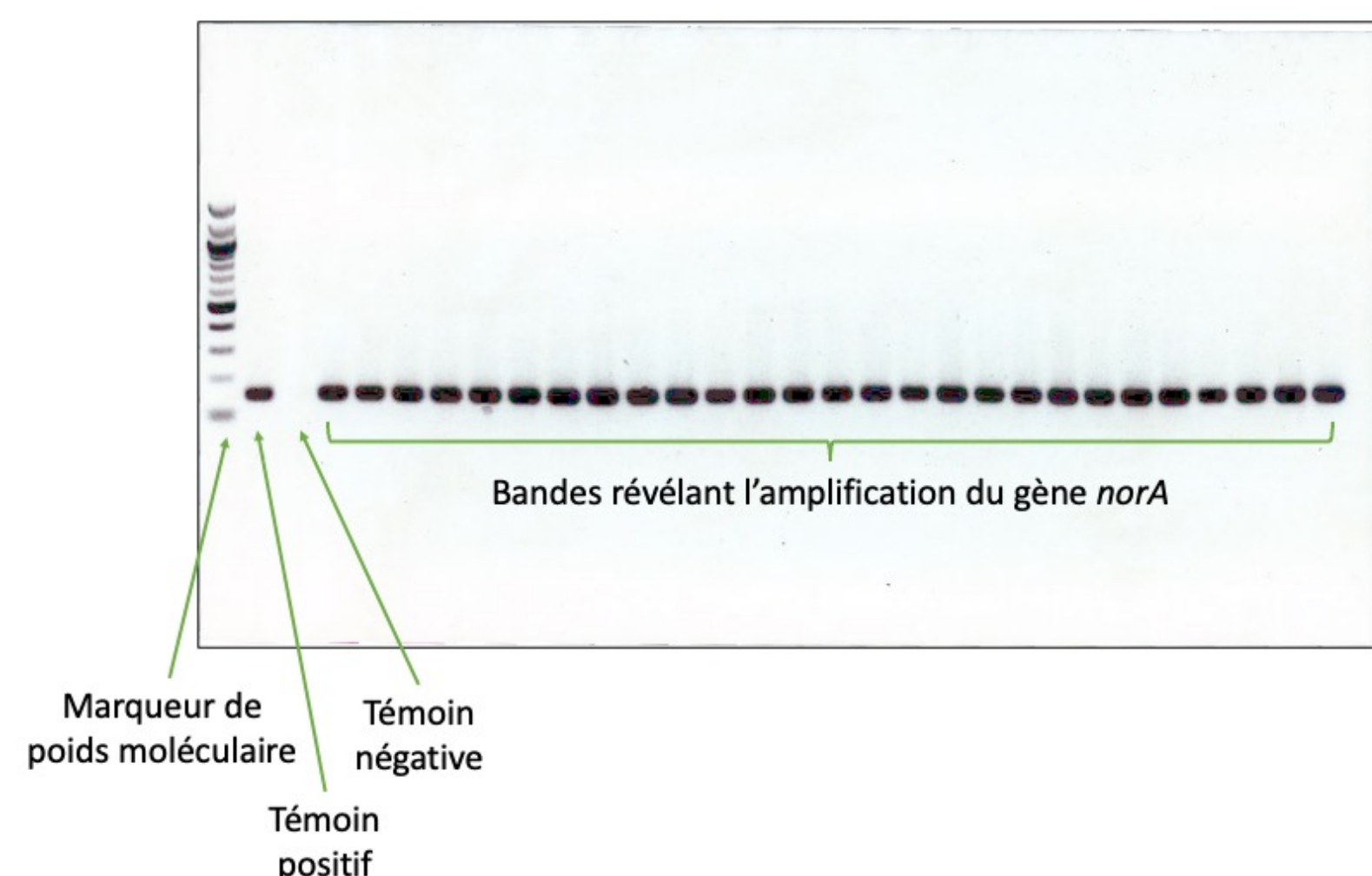


Figure 3 : Exemple d'un gel d'électrophorèse révélant l'amplification du gène *norA*

Gènes de résistance (n=49 souches)	CHXG (CMI en mg/L)				BAC (CMI en mg/L)					
	0,5	1	2		0,25	0,5	1	2	4	8
<i>norA</i> (n=49)	1	42	6		2	3	24	18	1	1
<i>qacA</i> (n=2)	0	0	2		0	0	0	0	1	1
<i>qacC/qacG/qacH/qacJ</i> (n=0)	0	0	0		0	0	0	0	0	0

Tableau 2 : Répartition de la présence des principaux gènes de résistances aux antiseptiques en fonction des CMI du CHXG et BAC. Les souches S aux CHXG et BAC sont en vert et les souches avec une SD en jaune

- Gène *norA* a été identifié chez toutes les souches
- Gène *qacA* identifié chez deux souches
- Aucune souche ne possédait les gènes *qacC*, *qacG*, *qacH* et *qacJ*
- Les 2 souches possédant le gène *qacA* avaient une SD aux deux antiseptiques

### Approche phénotypique

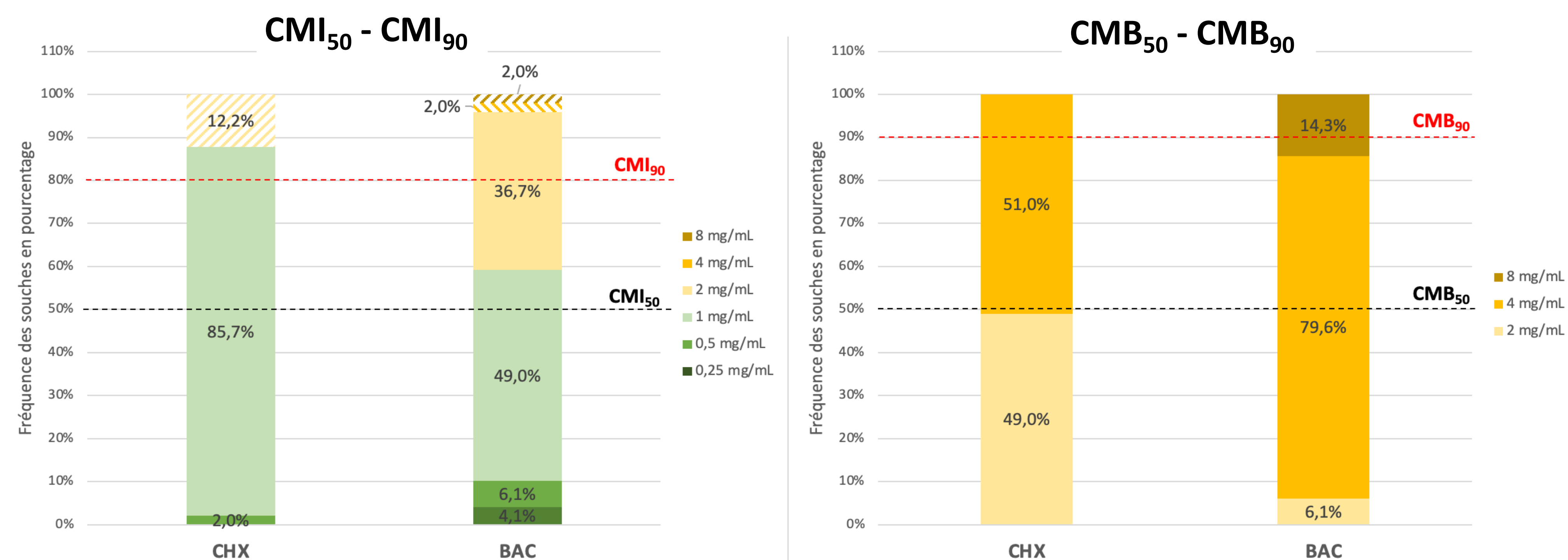


Figure 4 : CMI<sub>50</sub>, CMI<sub>90</sub> et CMB<sub>50</sub>, CMB<sub>90</sub> du CHXG et BAC vis-à-vis des souches de *S. lugdunensis*. Les parties hachurées correspondent aux SD aux CHXG et BAC

- 12,2% des souches avaient une SD au CHXG (6/49 souches)
- 4,1% avaient une SD au BAC (2/49 souches)
- CHXG et BAC :
  - CMI<sub>50</sub> = 1 mg/L
  - CMI<sub>90</sub> = 2 mg/L
- CHXG :
  - CMB<sub>50</sub> = 4 mg/L
  - CMB<sub>90</sub> = 4 mg/L
- BAC :
  - CMB<sub>50</sub> = 4 mg/L
  - CMB<sub>90</sub> = 8 mg/L

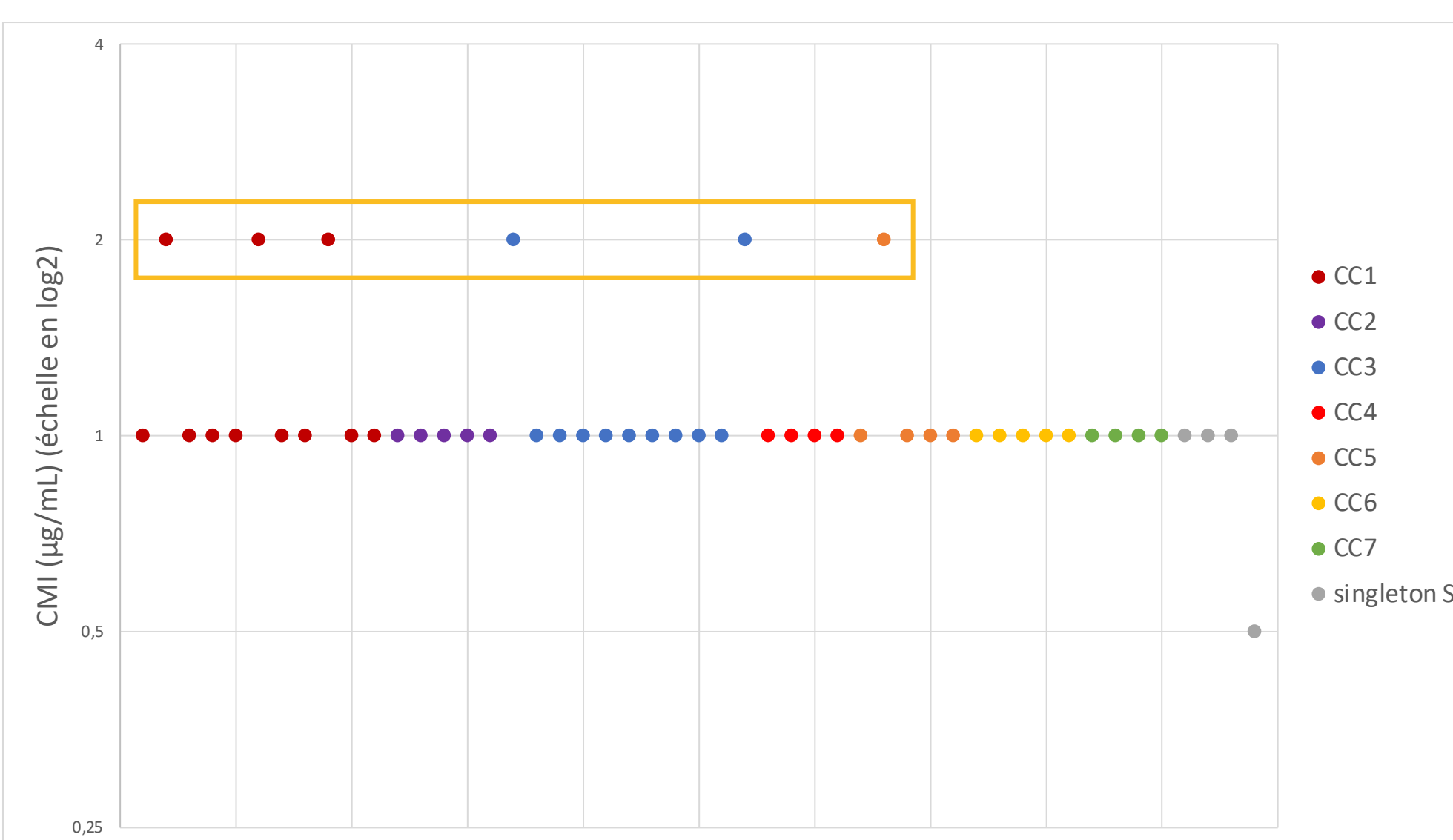


Figure 5 : CMI du CHXG vis-à-vis des souches de *S. lugdunensis* en fonction des CCs. Les souches avec une SD au CHXG sont encadrées

- Pas d'effet CC sur la répartition des CMI du CHXG

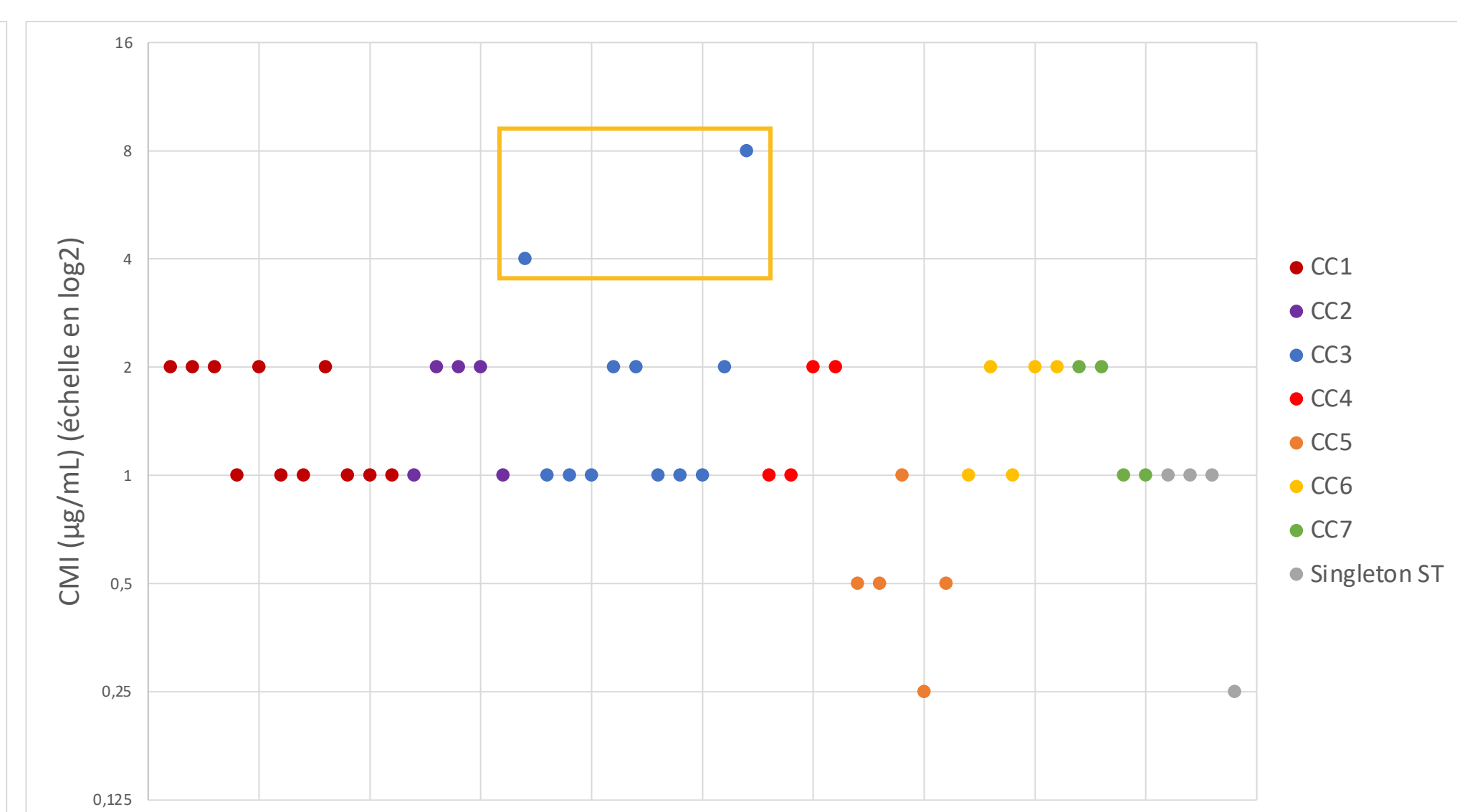


Figure 6 : CMI du BAC vis-à-vis des souches de *S. lugdunensis* en fonction des CCs. Les souches avec une SD au CHXG sont encadrées

- Tendance observée : les CMI du BAC vis-à-vis des souches du CC5 étaient inférieures à celles des autres CCs

## Conclusions & Perspectives

- Gène *norA* identifié chez l'ensemble des souches suggérant son appartenance au **core genome** de *S. lugdunensis*
- Gènes *qac* très peu présents chez *S. lugdunensis*
- La SD aux CHXG et BAC était un phénomène rare, indépendamment du CC
- Ces résultats devront être confirmés par l'étude d'une plus large collection de souches, et l'impact d'une SD évaluée en pratique clinique