

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

L. Destruel¹, M. Lecomte¹, M. Grand¹, M. Pestel-Caron², S. Dahyot²

¹Normandie Univ, UNIROUEN, UNICAEN, Inserm UMR 1311 DYNAMICURE, 76000 Rouen, France, ²Normandie 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 SCN¹ et chez *Staphylococcus aureus*².

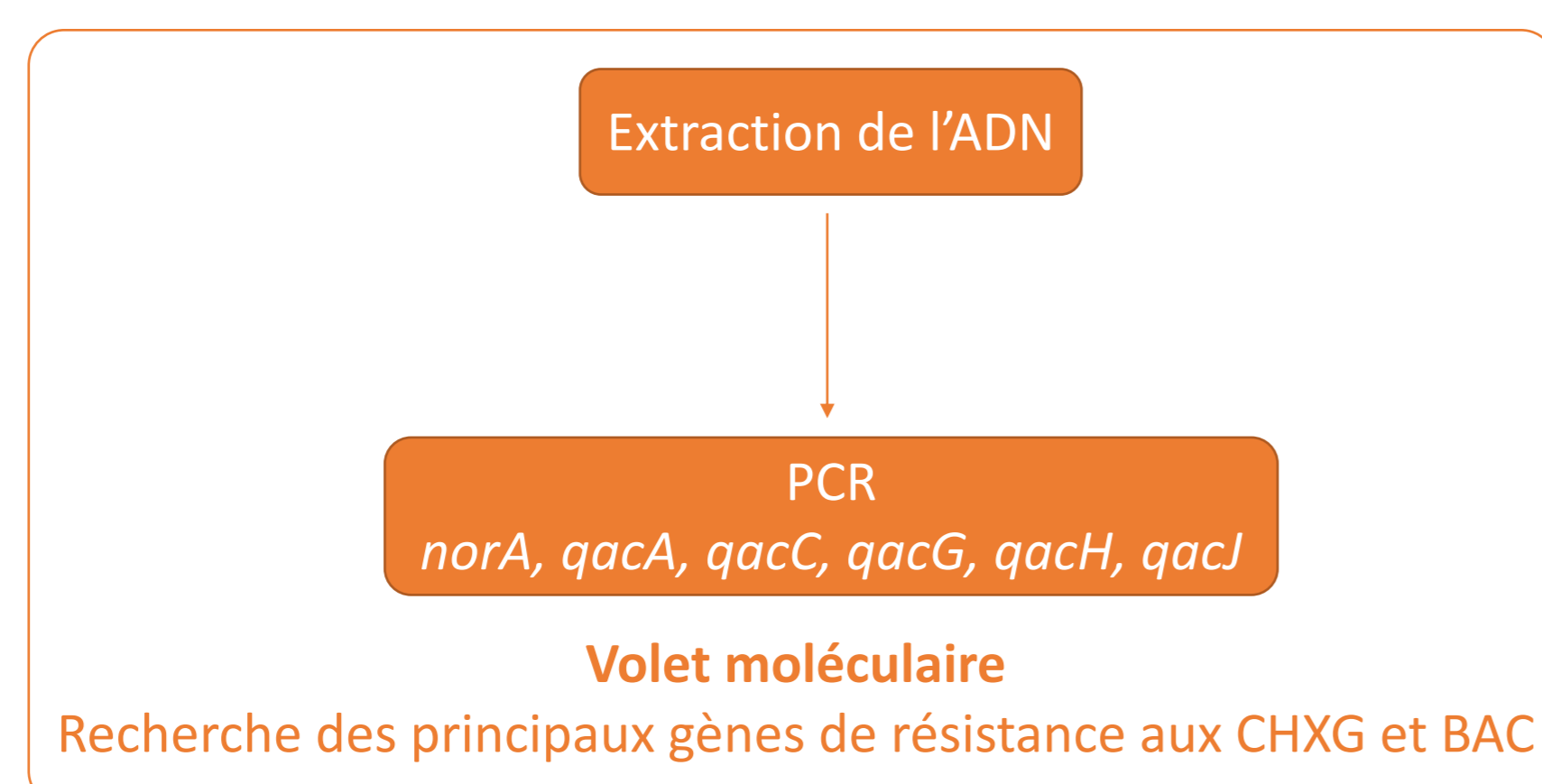
L'objectif de cette étude était d'évaluer la sensibilité de souches de *S. lugdunensis* à deux antiseptiques fréquemment utilisés en milieu hospitalier (**gluconate de chlorhexidine CHXG** et **chlorure de benzalkonium BAC**) sur le plan moléculaire et phénotypique.

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)

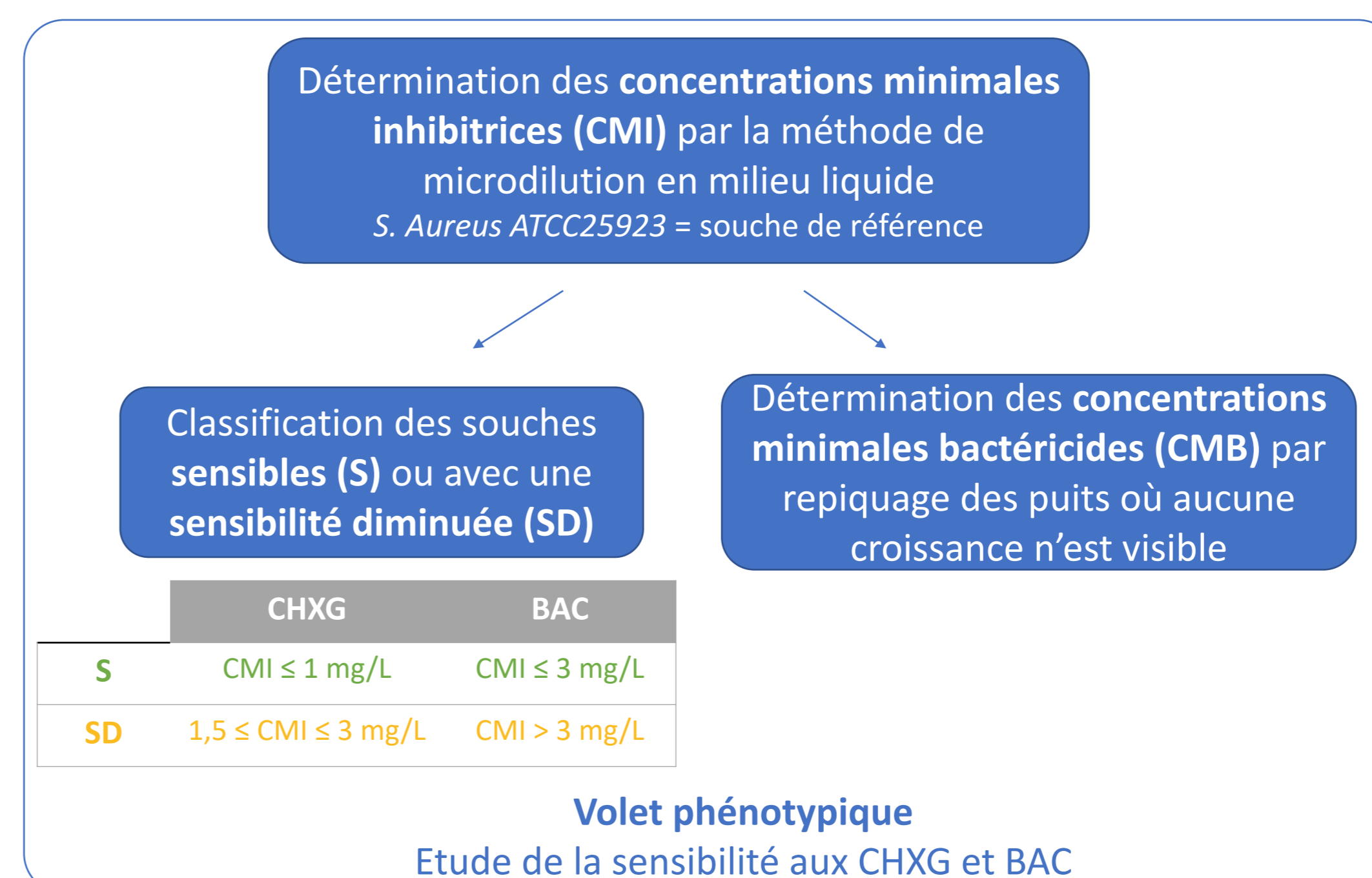


Figure 1 : Démarche expérimentale

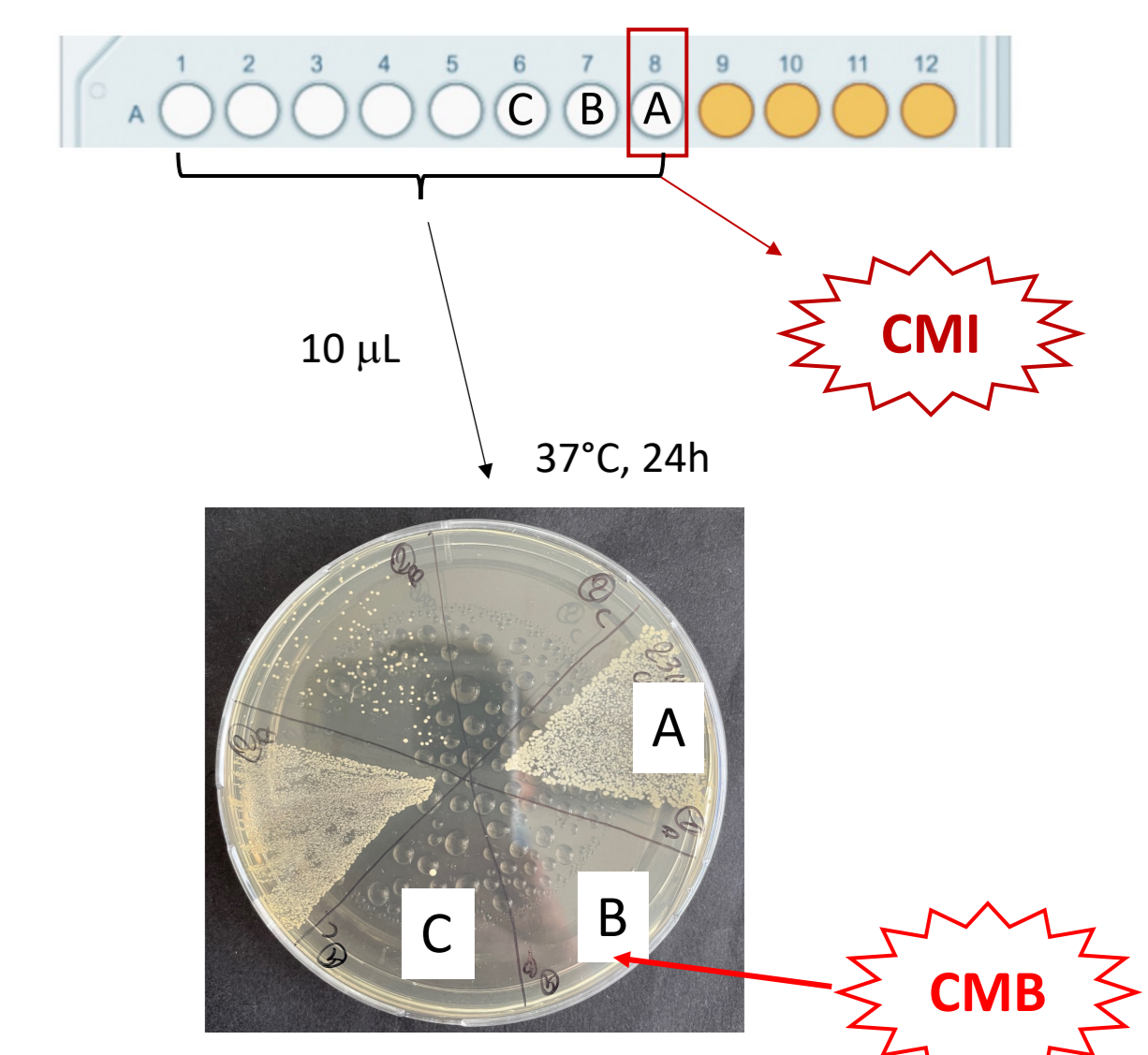


Figure 2 : Détermination des CMI et CMB

Résultats

Approche moléculaire

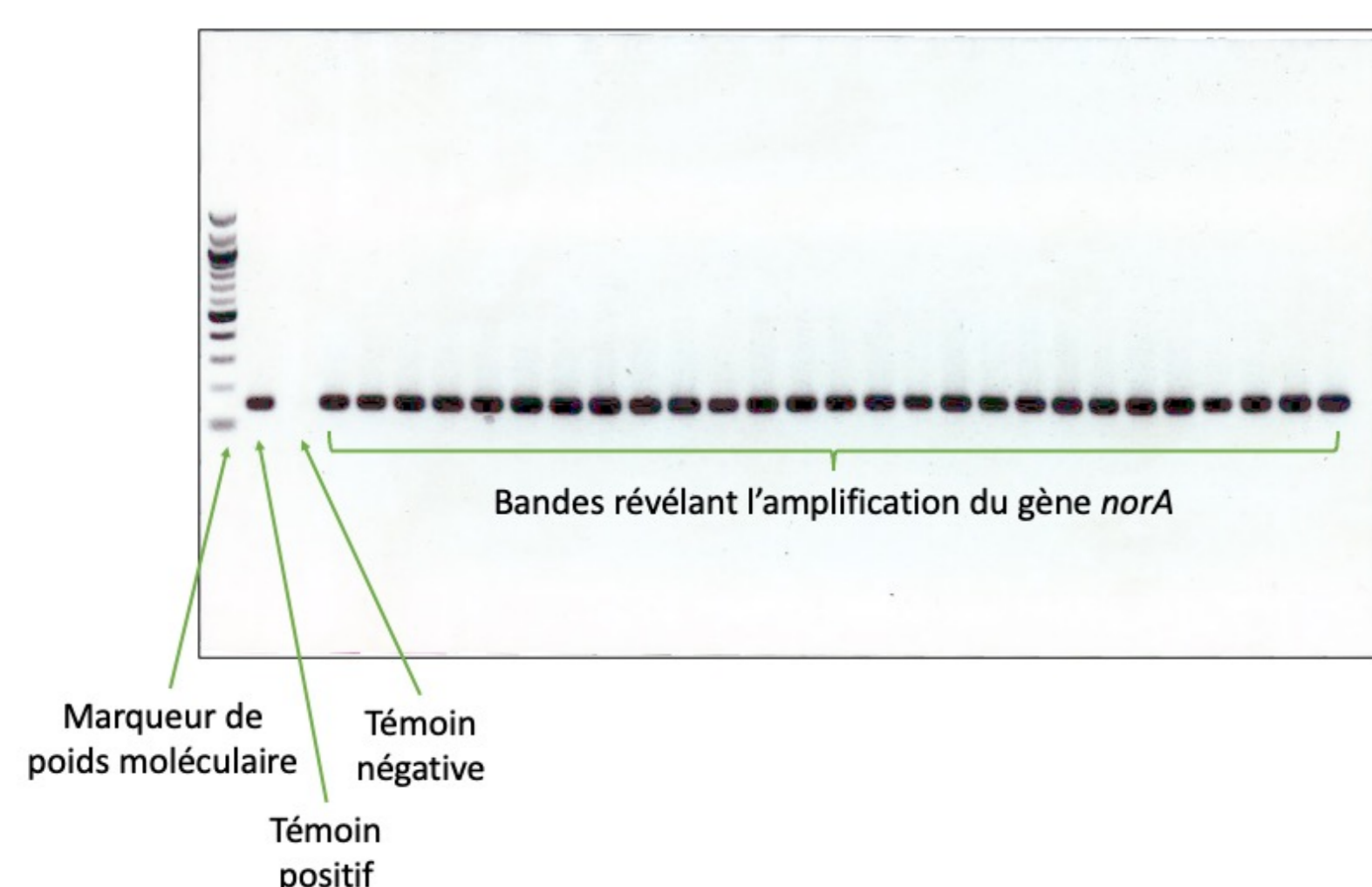


Figure 3 : Exemple d'un gel d'électrophorèse révélant l'amplification du gène *norA*

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

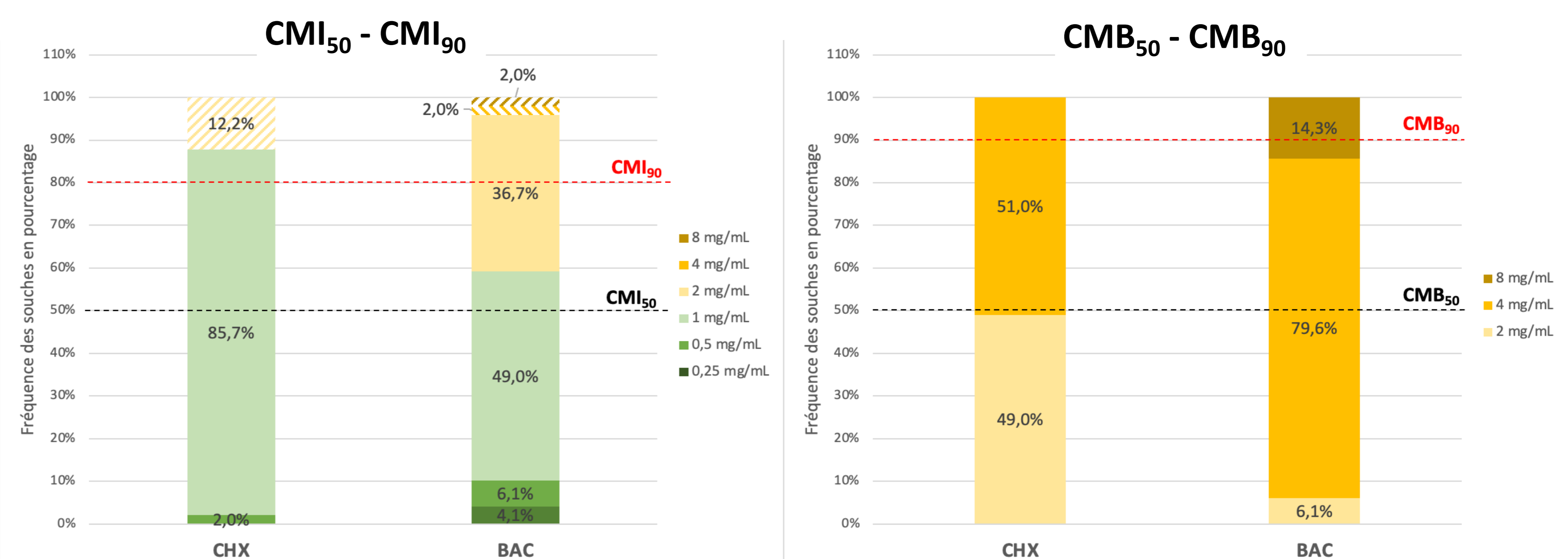


Figure 4 : CMI₅₀, CMI₉₀ et CMB₅₀, CMB₉₀ du CHXG et BAC vis-à-vis des souches de *S. lugdunensis*. Les parties hachurées correspondent aux SD aux CHXG et BAC

- 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 :
 - CMI₅₀ = 1 mg/L
 - CMI₉₀ = 2 mg/L

- CHXG :
 - CMB₅₀ = 4 mg/L
 - CMB₉₀ = 4 mg/L

- BAC :
 - CMB₅₀ = 4 mg/L
 - CMB₉₀ = 8 mg/L

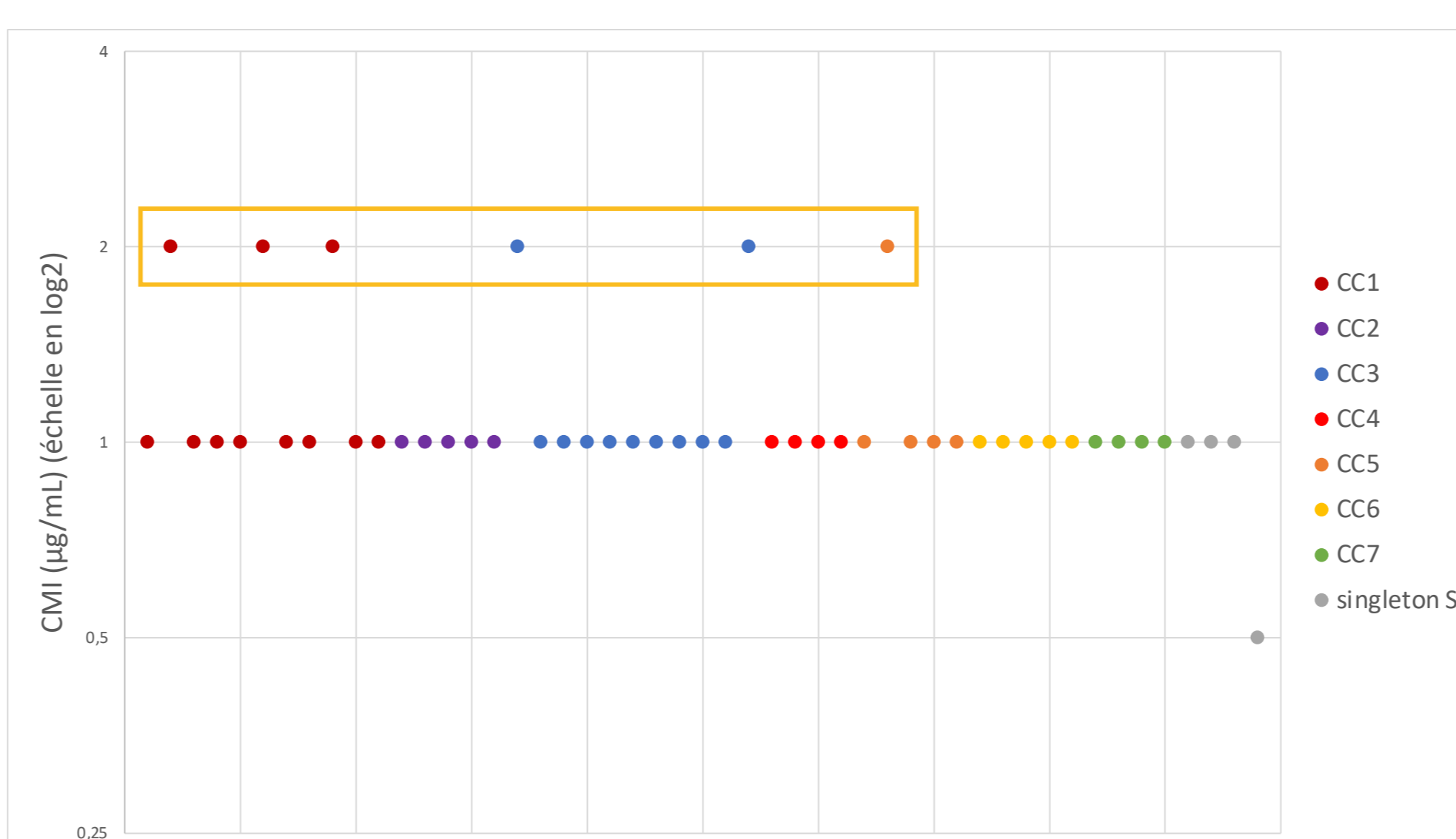


Figure 5 : CMI du CHXG vis-à-vis des souches de *S. lugdunensis* en fonction des CCs. Les souches avec une SD au CHXG sont encadrées

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

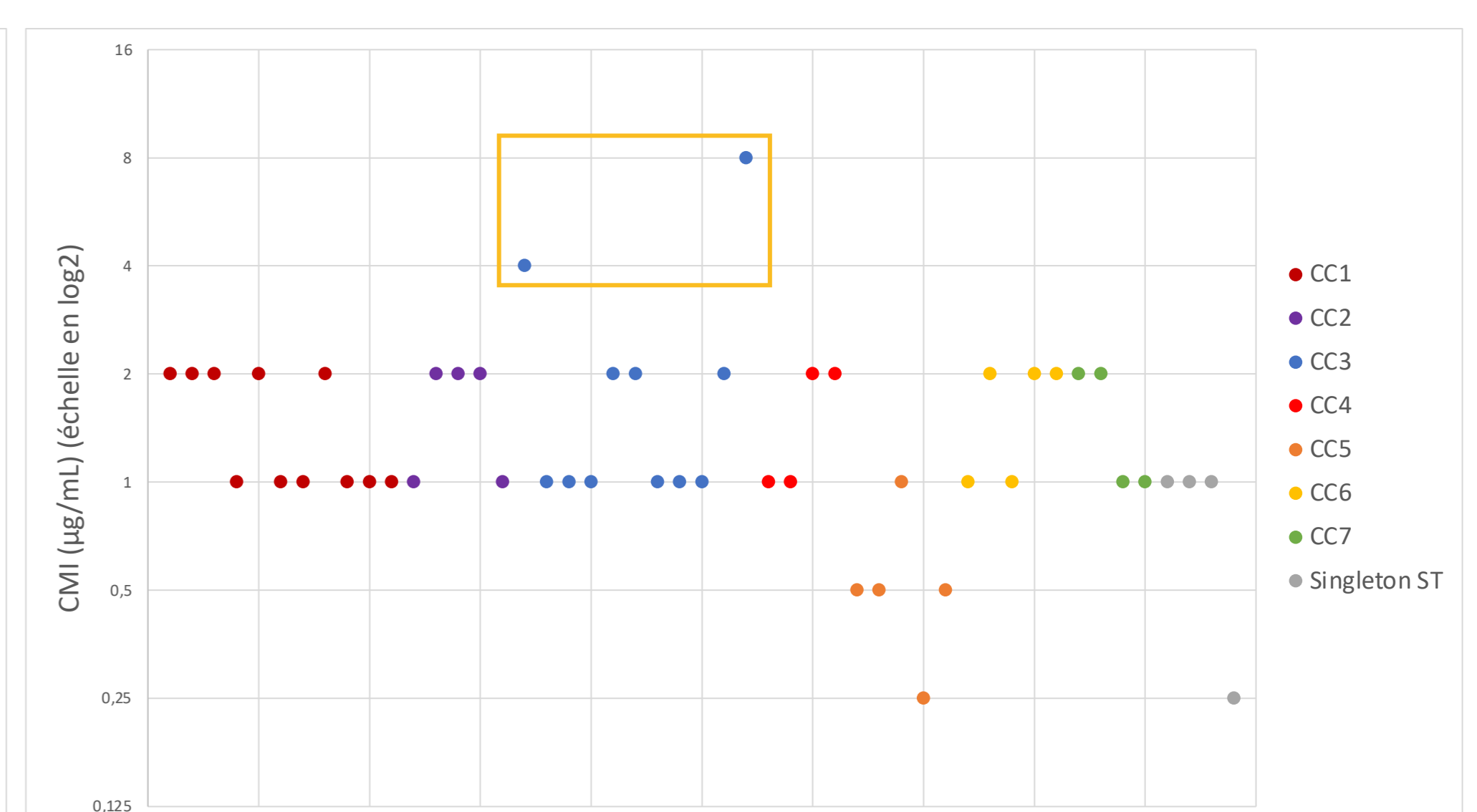


Figure 6 : CMI du BAC vis-à-vis des souches de *S. lugdunensis* en fonction des CCs. Les souches avec une SD au CHXG sont encadrées

- 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