

## AUTRES EXEMPLES DE MULTIRÉSISTANCE : STAPHYLOCOQUES ET SALMONELLES

Pr Alain Philippon<sup>1</sup>

La multirésistance aux antibiotiques (MDR) peut revêtir divers aspects selon les écosystèmes. A titre d'exemples seront choisies une espèce bactérienne à Gram-positif, *Staphylococcus aureus* méticillino-résistant (SARM ou MRSA pour les anglo-saxons) et une espèce à Gram-négatif, *Salmonella enterica*.

Pour le SARM, divers types d'infections sont clairement identifiées : celles d'origine hospitalière (HA-MRSA, Hospital-Acquired), celles d'origine communautaire avec la possible émergence de souches productrices de la toxine de Penton-Valentine (CA-MRSA, Community-Acquired) et enfin celles d'origine animale (LA-MRSA, Livestock-Associated). En France chez l'homme, la méticillino-résistance est de prévalence non négligeable, par exemple de 21,9 % en 2010, par ailleurs associée à la résistance à d'autres antibiotiques (aminosides, fluoroquinolones/FQ....) alors que chez les carnivores (chien, chat), la prévalence est beaucoup plus faible, de l'ordre de 2%. L'identification des clones (Géraldine, Lyon, USA300....) suggère une contamination d'origine humaine d'autant que l'espèce pathogène pour les carnivores est *Staphylococcus pseudintermedius*. Chez le réservoir porcin, pourvoyeur habituel de *S. aureus* CC398, la prévalence du SARM est faible en France (< 2 % en 2008) contrairement à d'autres pays européens (> 30-40 %). La résistance à d'autres antibiotiques est constante pour les tétracyclines et instable pour les macrolides (50 %) mais faible pour les autres antibiotiques comme les fluoroquinolones.

*S. enterica* est une bactérie zoonotique majeure, responsable majoritairement d'infections digestives aiguës (TIAC). La diversité des sérovars recouvre celle de la résistance aux antibiotiques, par exemple chez *S. Enteritidis* et *S. Typhimurium* (STM). Chez STM, la MDR à certains antibiotiques (ASCTSu) est liée à un déterminant génétique en situation chromosomique donc stable: intégron complexe de 13 kb au sein d'un îlot génomique SGII de 43 kb (*Salmonella* Genomic Island). Celui-ci a été récemment identifié chez des souches de *S. Kentucky* résistantes aux FQ, voire aux C3G chez des touristes en provenance d'Afrique. L'origine aquatique est suggérée. Enfin l'isolement d'un variant monophasique 1, 4, [5], 12:i: - panrésistant aux antibiotiques chez un poulet ou encore de sérovars MDR inhabituels (Babelsberg, Concord, Havana...) dans l'entourage d'enfants africains adoptés en France illustre un autre aspect épidémiologique, la contamination par l'homme en relation probable avec une mauvaise prescription des C3G pour le dernier exemple.

---

<sup>1</sup> Membre de l'Académie Vétérinaire de France.