
Epidémiologie de *Staphylococcus aureus* en Afrique : caractérisation moléculaire et dynamique de circulation clonale.

Cheikh Fall*¹

¹Laboratoire d'analyse de biologie Médicale (LABM) – 22, Avenue Pasteur Dakar Senegal BP 220, Sénégal

Résumé

Staphylococcus aureus est un pathogène humain majeur associé à diverses infections aussi bien nosocomiales que communautaires. A l'initiation de notre travail, peu de données existaient sur les caractéristiques moléculaires de *S. aureus* circulant en Afrique. Pour cela, une étude a été lancée en 2008 dans 5 pays d'Afrique : Sénégal, Niger, Maroc, Cameroun et Madagascar avec comme objectifs : (i) la description des infections à *S. aureus*, (ii) la caractérisation moléculaire des clones majeurs (iii) et l'identification de leurs liens phylogénétiques.

Le recrutement des patients ont été menés sur l'ensemble des sites pendant 15 mois et les analyses moléculaires effectuées à Dakar.

Au total, 542 patients ont été inclus sur l'ensemble des sites et 555 souches de *S. aureus* ont pu être isolées dont 86 SARM. L'analyse moléculaire a été réalisée sur près de la moitié des SASM (n=228) et la totalité des SARM (n=86).

Les SARM étaient assignés à 10 clones. Trois des 10 clones incluaient la majorité des isolats (89 %) : ST239/241- SCCmec III, ST88- SCCmec IV et ST5-SCCmec IV. Le 1er clone (n=33, 38 %) était présent sur 3 des 5 sites dont Dakar (8 souches) et était résistant à presque tous antibiotiques. Le 2eme clone majeur (n=24, 28 %) présentait un profil antimicrobien hautement variable (10 profils différents). Le 3eme clone majeur (n=18, 21 %) a été isolé uniquement à Dakar, "clone Dakar " avec une bonne sensibilité à la plupart des antibiotiques.

Plus de la moitié (58 % ; n=132) des SASM investigués (n=228) appartenaient à 5 complexes clonaux (CC), CC121 (19 %), CC15 (12 %), CC1 (9 %), CC152 (9 %) et CC30 (9 %). Ils ne correspondaient à aucun des complexes clonaux des SARM majeurs ci dessus et présentaient quelques caractéristiques communes : i) une forte prévalence des gènes codant pour la PVL, ii) une large distribution géographique, iii) leur présence à la fois à l'hôpital et en communauté, iv) une bonne sensibilité à la plupart des antibiotiques utilisés.

Les complexes clonaux CC121 et CC15 semblaient présenter un environnement génétique peu favorable à l'acquisition d'une cassette SCCmec, contrairement aux 3 autres CCs déjà décrits comme des lignées de SARM majeurs.

*Intervenant

Bien que nos résultats puissent ne pas être représentatifs de la situation globale, nos travaux ont été réalisés avec un large recrutement géographique de patients. Il est essentiel de bien connaître l'épidémiologie de *S. aureus* pour une meilleure prise en charge thérapeutique.

Mots-Clés: *Staphylococcus aureus*, SARM, clones, PVL