
Caractérisation moléculaire de souches de *Salmonella* Grumpensis isolées d'infections nosocomiales néonatales à Dakar.

Amadou Diop^{*†}

¹Laboratoire Bactériologie-virologie Centre Hospitalier National d'Enfants Albert Royer, Dakar –
Laboratoire Bactériologie-virologie Centre Hospitalier National d'Enfants Albert Royer, Dakar, Sénégal

Résumé

A. Diop a,*, **A. Seck b**, **A.A. Wane c**, **B.Sam b,c**, **T.L. Gadi c**, **K. Fall c**, **R. Ka d**, **M.L. Dia d**, **M.F. Cissé a**, **A. Gassama-Sow c**

a : Laboratoire Bactériologie-virologie Centre Hospitalier National d'Enfants Albert Royer, Dakar

b : Laboratoire de Biologie Médicale, Institut Pasteur de Dakar

c : Laboratoire de Bactériologie Expérimentale, Institut Pasteur de Dakar

d : Laboratoire de Bactériologie – virologie du Centre Hospitalier Universitaire de Fann, Dakar

Les infections nosocomiales sont fréquentes en néonatalogie et peuvent engager le pronostic vital.

L'objectif principal de ce travail était de caractériser au plan moléculaire les souches de *S. Grumpensis* isolées d'une épidémie d'infection nosocomiale dans l'Unité de Néonatalogie du Centre Hospitalier Universitaire (CHU) de Dakar, Sénégal.

L'étude portait sur 17 souches de *Salmonella Grumpensis* multi-résistantes isolées entre Mars et Mai 2011. L'identification des souches a été réalisée par la biotypie et le sérotypage, selon le schéma de Kauffmann White. L'étude de la sensibilité aux antibiotiques a été réalisée par la technique de diffusion en milieu gélosé selon les recommandations du CA-SFM 2010. Le typage moléculaire des isolats a été réalisé par électrophorèse en champ pulsé (PFGE).

La détection des intégrons et la recherche des gènes de résistance (bêta-lactamines, quinolones et tétracyclines) ont été réalisées par PCR. L'étude de la transférabilité du matériel génétique a été effectuée par la conjugaison bactérienne.

Le sérotypage a permis d'identifier le sérotype *Grumpensis*. L'antibiogramme a montré un profil homogène de résistance aux antibiotiques; 15 souches sur 17 étaient productrices

*Intervenant

†Auteur correspondant: amadoudioplaba@yahoo.fr

BLSE. La PFGE a montré que ces isolats appartiennent à un pulsotype unique et confirme le caractère épidémique de la souche. Seuls les intégrons de classe 1 ont été détectés : 14 sur 17 (82,35%), leur caractérisation a permis de retrouver la cassette aadA1. Au total nous avons détectés des gènes de résistance aux aminopénicillines, aux céphalosporines (OXA-1, SHV-1, TEM-1, CTX-M1, CTX-M2, CTX-M9) et carbapénèmes (KPC, VIM1/2, VIM1A et VIM2A). Les gènes qnrB et qnrS, codant la résistance aux quinolones, ont été respectivement retrouvés chez 13 et 10 souches. Toutes les souches résistaient aux tétracyclines. Seul le gène TetA a été retrouvé chez 11 souches (64,70%). La conjugaison bactérienne a montré que le support de la résistance était plasmidique.

L'émergence de souches de Salmonella multi-résistantes est une réalité au Sénégal. Il faudra rationaliser l'utilisation des antibiotiques tant en Médecine humaine que vétérinaire.

Mots-Clés: Salmonella, Infections nosocomiales, multi, résistance