



Détection moléculaire des mécanismes émergents de la résistance aux antibiotiques : une décennie de surveillance au CHU d'Alger

M.A.BACHTARZI*, S.BEKKTACHE, M.A.AIBECHE, L.AFER, K.AMMARI, W.AMHIS
 CHU MUSTAPHA, Alger, Algérie
 bachtarzi2008@yahoo.fr

Introduction

Voilà près de dix ans que nous constatons dans notre hôpital l'émergence de nouvelles résistances notamment aux carbapénèmes chez les BGN, aux glycopeptides chez les entérocoques ainsi que plus tard à la colistine et d'une panrésistance à tous les antibiotiques. Il est devenu primordial de surveiller en plus de ces bactéries multirésistantes et hautement résistantes émergentes (BMR et BHRé), les supports génétiques incriminés.

Objectifs

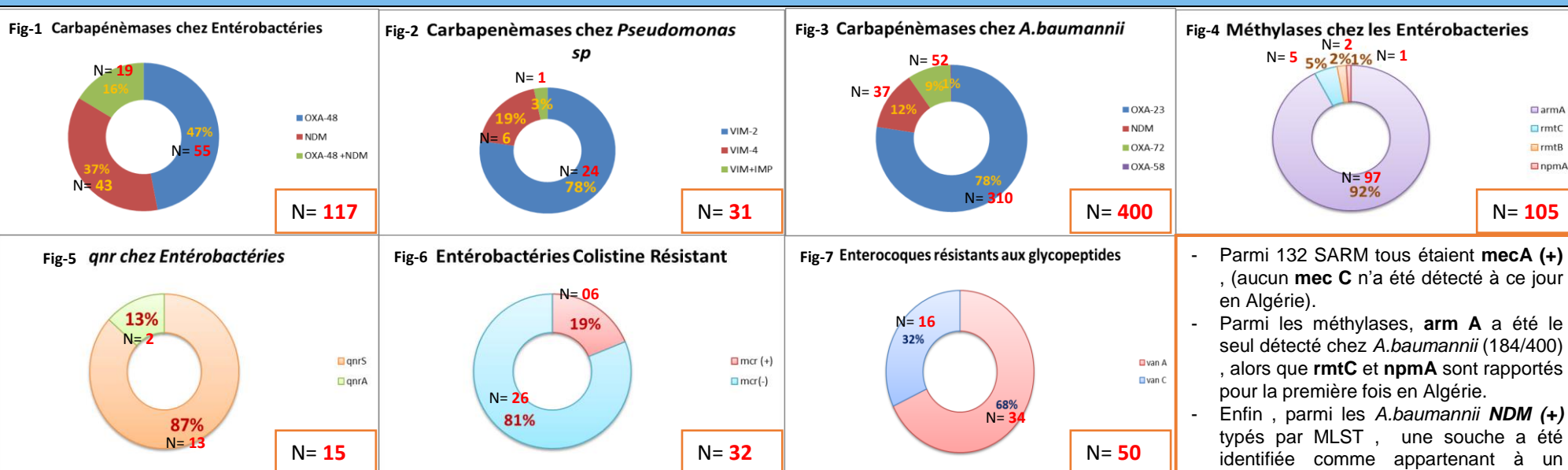
L'objectif de ce travail est de caractériser par biologie moléculaire les gènes responsables de cette résistance chez toutes les catégories de BMR et BHRé.

Méthodes

Il s'agit d'une étude prospective menée au CHU d'Alger sur 10 ans (2012 à 2022) où toute BMR/ BHRé inhabituellement isolée a été recrutée et où des gènes spécifiques de résistance ont été recherchés :

- Chez les BGN résistants aux carbapénèmes, les gènes de carbapénémases ndm, vim, imp, oxa-48 et kpc ont été systématiquement recherchés. Des carbapénémases supplémentaires oxa-23, oxa24 et oxa-58 ont été recherchées chez *Acinetobacter baumannii* (ABRI). D'autres gènes de panrésistance ont été recherchés notamment les méthylases armA, rmtA, rmtB, rmtC et npmA incriminés dans la résistance aux aminosides, Des qnr A, qnrB et qnrS responsables de la résistance plasmidique aux fluoroquinolones ainsi que des gènes mcr-1 et mcr-2 responsables de résistance plasmidique à la colistine.
- Chez les Gram positif : les gènes vanA, vanB et vanC ont été recherchés chez les tous les entérocoques résistants aux glycopeptides (ERV) alors que les gènes mecA et mecC ont été recherchés chez certaines souches invasives de SARM.

Résultats



- Parmi 132 SARM tous étaient **mecA (+)**, (aucun **mec C** n'a été détecté à ce jour en Algérie).
- Parmi les méthylases, **arm A** a été le seul détecté chez *A.baumannii* (184/400), alors que **rmtC** et **npmA** sont rapportés pour la première fois en Algérie.
- Enfin, parmi les *A.baumannii* **NDM (+)** typés par MLST, une souche a été identifiée comme appartenant à un nouveau clone **ST1315** (schéma Pasteur) de 1ere description mondiale (1).

Conclusions

L'instauration d'une surveillance moléculaire de ces mécanismes a permis de déceler des mécanismes émergents (mcr-1), d'autres importés par des transferts médicaux (IMP), certains nouveaux en Algérie (rmtC et npmA) et enfin de détecter un nouveau clone algérien d.*A.baumannii*.

Bibliographie