Commentaire sur l'essai interlaboratoire B9 Microbiologie 2020-4

Échantillon A : Urines de milieu de jet / infection urinaire
Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce) + test de résistance

La bactérie *Pseudomonas aeruginosa* contenue dans cet échantillon a pu être identifiée par tous les participants. *P. aeruginosa* peut également jouer le rôle d'agent pathogène dans les infections urinaires.

Notre souche était très sensible. Cependant, en raison de la modification des directives de l'EUCAST, de nombreux antibiotiques sont désormais interprétés différemment, notamment la pipéracilline / le tazobactam, le céfépime, la ceftazidime, l'imipénem, l'aztréonam, la ciprofloxacine et la lévofloxacine. Ces antibiotiques avaient été signalés par l'EUCAST 2019 (tableaux v. 9.0) comme HE (High Exposure, « forte exposition »), ce qui indique une sensibilité à posologie accrue. Concernant les antibiotiques mentionnés, le breakpoint (concentration critique) sensible est désormais fixé à 50 mm, ce qui donne lieu à une interprétation « I » (increased exposure, « exposition accrue »). Tous les participants qui ont rapporté pipéracilline / tazobactam comme « résistant » ont réalisé le test de résistance au moyen du Vitek 2. Nous avons accepté toutes les valeurs.

L'interprétation concernant les aminoglycosides a également changé. Maintenant, une distinction est faite entre les infections urinaires et les infections systémiques. Dans le cas des infections urinaires, il existe encore des zones d'inhibition. Dans le cas d'infections systémiques, il convient d'avoir recours à une thérapie combinée. Concernant la gentamicine lors de *P. aeruginosa*, il n'y a actuellement plus de zones d'inhibition.

https://www.eucast.org/fileadmin/src/media/PDFs/EUCAST_files/Guidance_documents/Aminoglycoside_guidance_document_20200424.pdf

Nous n'avons pas évalué la moxifloxacine, la norfloxacine et l'ofloxacine car il n'existe pas de valeurs limites pour *P. aeruginosa*. L'indication de ces antibiotiques doit s'accompagner de la mention « résistants ».

P. aeruginosa a toujours une AmpC. Nous n'avons pas évalué cette mention. Veuillez impérativement cocher les mécanismes de résistance spéciaux ou « aucun mécanisme de résistance spécial ». Comme annoncé la dernière fois, nous avons considéré les informations manquantes comme une erreur.

Identification	Nombre
Pseudomonas aeruginosa	59

Échantillon B : Écouvillonage de plaie superficiel / plaie purulente au doigt
Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce) + test de résistance

Il s'agissait d'une souche de *Staphylococcus aureus*. Le diagnostic correct a été établi par tous les participants. *S. aureus* est un agent pathogène fréquent lors d'infections dues à une plaie purulente.

L'interprétation des zones d'inhibition pour *Staphylococcus* spp. a changé pour la ciprofloxacine et la lévofloxacine. Comme pour *Pseudomonas* spp., il n'existe plus ici de zone d'inhibition sensible. Le diamètre de la zone d'inhibition supérieure est fixé à 50 mm. Si les diamètres se situent dans une plage auparavant sensible, cela est maintenant rapporté comme increased exposure « I », c'est-à-dire comme « exposition accrue ». Ici aussi, l'EUCAST 2019 avait indiqué par « HE » la sensibilité à exposition accrue.

Les zones d'inhibition pour les aminoglycosides ont été mises entre parenthèses. Le clinicien doit être informé que les aminoglycosides ne doivent être administrés qu'en association. Concernant l'indication des mécanismes de résistance, voir en dessous de l'échantillon A.

Identification	Nombre
Staphylococcus aureus	59

Échantillon C : Écouvillonnage de plaie profond / fasciite
Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)

Streptococcus pyogenes (streptocoques du groupe A) a été isolé à partir d'un écouvillon de plaie profonde d'un patient atteint de fasciite. L'identification au niveau de l'espèce a été effectuée avec succès à l'aide du MALDI-TOF ou grâce à la détermination du groupe de Lancefield et n'a pas posé de difficultés.

S. pyogenes forme des cocci à Gram positif disposés en chaînettes, est anaérobie facultative, bêta-hémolytique, catalase négative, pyrrolidonyl arylamidase positive (PYR positive) et appartient au groupe A de Lancefield.

S. pyogenes (du grec πύον « pus » – streptocoques provoquant des infections purulentes) est une bactérie courante qui peut provoquer chez l'être humain la scarlatine et une amygdalite purulente. Selon le système immunitaire et la profondeur de l'infection, un impétigo, un érysipèle ou un phlegmon peuvent se développer sur la peau. En cas de faiblesse du système immunitaire (pas d'anticorps contre les protéines M), les infections locales peuvent également se transformer en infection généralisée (septicémie). Il ne faut pas oublier la possible formation de toxines (pyrogènes et autres toxines) qui, en l'absence d'anticorps contre les toxines, peuvent entraîner une fasciite en cas de disposition génétique individuelle.

Les streptocoques bêta-hémolytiques sont toujours sensibles à la pénicilline.

Identification	Nombre
Streptococcus pyogenes	57
Streptocoques bêta-hémolytiques du groupe A	1
Streptococcus suis	1

Échantillon D : Sécrétions trachéales / pneumonie associée à la ventilation
Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)

Le *Proteus vulgaris* isolé dans cet échantillon a pu être identifié par tous les participants. Notre souche manquait de colonies d'essaimage typiques. Des colonies grises avec hémolyse étaient visibles sur la gélose au sang de mouton.

Il a pu être facilement identifié au moyen de l'Api 20E, du Vitek2 et du MALDI-TOF. La biologie interne n'a malheureusement pas pu identifier *P. vulgaris* en raison du manque de mobilité. Contrairement à notre *P. vulgaris*, *Proteus penneri* est indole négatif. *Proteus mirabilis* est indole négatif et doit donc être distingué de *P. vulgaris*.

P. vulgaris compte parmi les pathogènes opportunistes et peut provoquer des infections urinaires, des infections des voies respiratoires, des infections de plaies et une septicémie, en particulier chez les patients immunodéprimés.

Les souches identifiées comme *P. vulgaris* peuvent être divisées en 3 biogroupes. Le biogroupe 1 comprend *Proteus penneri*, qui se caractérise par une production d'indole négative, une fermentation de salicine négative et une hydrolyse négative de l'esculine. La souche type de *P. vulgaris* appartient au biogroupe 3. Les souches de ce groupe sont indole-positives, mais négatives pour la salicine et l'esculine.

https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-50-5-1869

L'ampicilline, la céfuroxime, la nitrofurantoïne et la tétracycline sont intrinsèquement résistantes à *P. vulgaris*. Si ces antibiotiques révèlent une sensibilité in vitro, ils doivent tout de même être signalés comme résistants.

P. vulgaris a une bêta-lactamase inductible de classe A, une céfuroximase, si bien que le céfuroxime est toujours résistant. L'inductibilité est régulée de manière similaire à celle de l'AmpC chromosomique pour *Enterobacter cloacae* (Datz et al. A common system controls the induction of very different genes. The class-A beta-lactamase of *Proteus vulgaris* and the enterobacterial class-C beta-lactamase. Eur J Biochem 1994; 226:149-157). L'acide clavulanique inhibe cette bêta-lactamase de *P. vulgaris*. Une faible résistance à l'imipénème pour *Proteus* sp., *Morganella morganii* et *Providencia* sp. nécessite une posologie accrue (exposition accrue).

Identification	Nombre
Proteus vulgaris	54
Groupe Proteus vulgaris	4
Complexe Proteus vulgaris	1

Échantillon E : Urines recueillies au moyen d'un cathéter permanent / infection urinaire
Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)

La bactérie *Proteus cibarius* contenue dans cet échantillon n'a pu être identifiée que par séquençage. Il s'agit d'un bâtonnet anaérobie facultatif à Gram négatif. *P. cibarius* présente les caractéristiques typiques de la *Proteus* sp., à savoir la mobilité et la croissance en essaim. Elle est catalase et indole positive, et oxydase négative.

Notre souche a été identifiée au moyen du MALDI-TOF avec un score de 2.16 comme *Proteus hauseri*, ce qui implique pour nous de signaler le germe comme *Proteus vulgaris/penneri*. L'Api 20E a permis d'identifier le *groupe Proteus vulgaris* (voir également le lien de l'échantillon D).

Un NGS (next generation sequencing [séquençage de nouvelle génération]) a été réalisé sur cette souche. Le séquençage a permis de révéler *Proteus cibarius*.

Il y avait également une bêta-lactamase présentant 95 % d'identité avec HugA, une bêta-lactamase chromosomique de classe A qui avait été décrite dans le cas de *Proteus penneri*. (Liassine N, Antimicrob Agents Chemother. 2002;45(1):216-219.doi:10.1128/aac.46.1.216-219.2002).

https://www.researchgate.net/publication/329452567_First_Detection_of_Proteus_cibarius_sp_of_clinical_significance

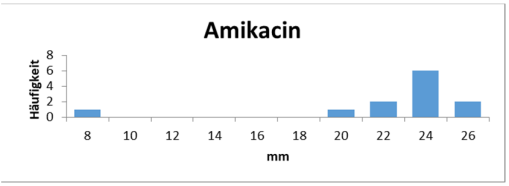
Identification	Nombre
Proteus cibarius	1
Proteus cibarius/hauseri	1
Proteus hauseri	25
Proteus penneri	6
Proteus vulgaris	9
Complexe Proteus vulgaris	3
Groupe Proteus vulgaris	5
Proteus vulgaris/penneri	2
Proteus vulgaris/hauseri	2
Proteus terrae	1
Proteus species	4

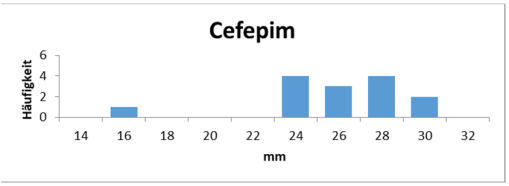
L'EUCAST propose des webinaires sur l'ECOFF (epidemiological cut-off value [seuil épidémiologique]), les catégories S/I/R, l'ATU (Area of technical Uncertainly [zone d'incertitude technique]) et l'EUCAST 2021. Vous pouvez retrouver ces séminaires enregistrés sur la page d'accueil (1re page) https://eucast.org/

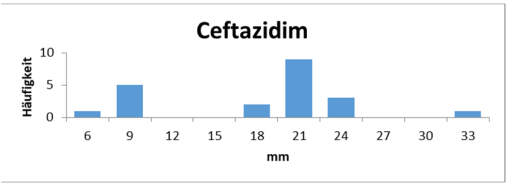
Meilleures salutations

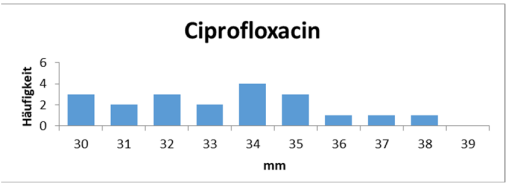
Prof. Dr R. Zbinden *F.S. Hufschmid-Lim*

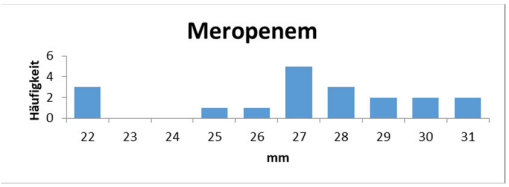
Test de résistance, échantillon A

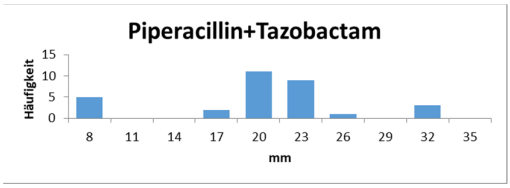


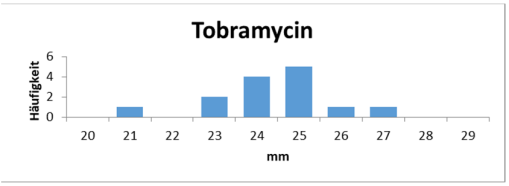
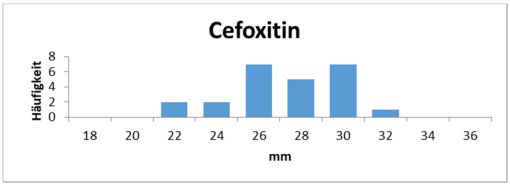
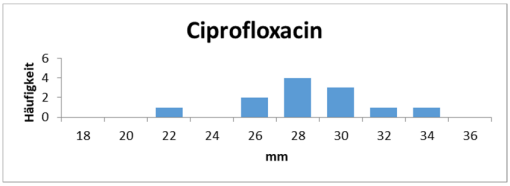
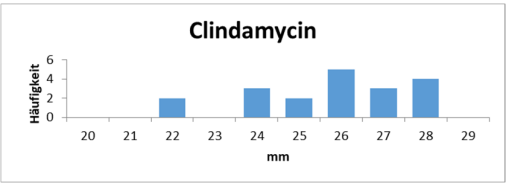
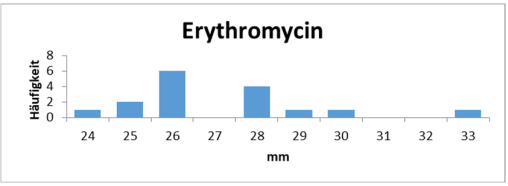
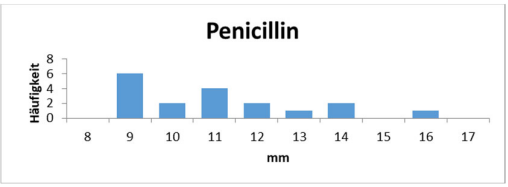
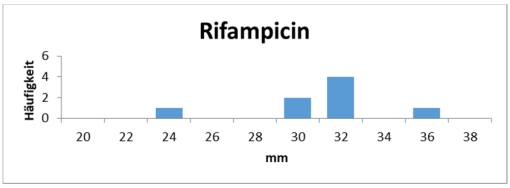
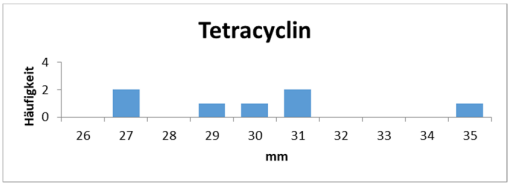












Test de résistance, échantillon B