



Commentaire sur l'essai interlaboratoire B9 Microbiologie 2021-2

Échantillon A : Urines de milieu de jet / infection urinaire

Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce) + test de résistance

Klebsiella pneumoniae, l'agent pathogène responsable de cette infection urinaire, est une bactérie productrice de bêta-lactamases à spectre élargi (BLSE). *K. pneumoniae* a pu être bien identifiée par tous les participants.

Les synergies entre les zones d'inhibition typiques des BLSE ont pu être reconnues, ce qui a simplifié la spécification du mécanisme de résistance. Le phénomène des BLSE était clairement visible entre Augmentin/céfépime, Augmentin/cefepodoxime et Augmentin/ceftriaxone. La clarification concernant les BLSE a montré une différence > 5 mm pour les zones d'inhibition de la ceftazidime avec/sans acide clavulanique et du céfotaxime avec/sans acide clavulanique, ce qui a confirmé le mécanisme des BLSE. La biologie moléculaire a permis de détecter la BLSE de type CTX-M la plus courante dans notre souche. Nous avons accepté tous les résultats pour l'amoxicilline/l'acide clavulanique.

La sensibilité à la fosfomycine a dû être déterminée par la CMI pour obtenir des points, sinon il y avait une déduction.

Tous les participants ont correctement indiqué « BLSE » pour les mécanismes de résistance et ont reçu les points correspondants. L'absence de réponse négative pour « AmpC » et « carbapénémase » n'a pas été évaluée cette fois-ci, mais cela faisait également partie de la spécification correcte des mécanismes de résistance.

Veillez cocher tous les points applicables pour l'isolat respectif, c'est-à-dire pour *Enterobacteriaceae* BLSE, AmpC et carbapénémase, pour *Staphylococcus aureus* SARM et MLS, pour les staphylocoques MLS à coagulase négative, pour les entérocoques VRE et résistants de haut niveau à la gentamicine, pour les streptocoques MLS et résistants de haut niveau à la gentamicine. Nous n'évaluerons pas les informations dans le cas des non-fermenteurs, des corynébactéries et d'autres bactéries.

Identification	Nombre
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	38
Complexe <i>Klebsiella pneumoniae</i>	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i> BLSE	17
<i>Klebsiella pneumoniae/variicola</i>	1

Échantillon B : Corps étranger / infection prothétique

Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce) + test de résistance

Staphylococcus epidermidis en tant qu'agent pathogène responsable d'une infection de prothèse n'a pas posé de difficultés d'identification.

Notre souche était pleinement sensible à l'exception de l'érythromycine. Concernant les quinolones, il n'existe plus selon l'EUCAST de valeurs « sensibles » malgré le grand diamètre de la zone d'inhibition, il est seulement question de « sensible à forte posologie ». L'indication « sensible » n'a donc permis d'obtenir que la moitié du nombre de points.

La pénicilline et l'ampicilline étaient également sensibles et présentaient une zone d'inhibition effilée. Le Comité suisse des antibiogrammes (SAC) a décidé il y a des années que, contrairement à l'EUCAST, nous continuerions pour les staphylocoques à coagulase négative à tester la pénicilline et l'ampicilline avec le test des lamelles et à utiliser les valeurs limites de *Staphylococcus aureus*. Nous aborderons à nouveau cette question dans le cadre du SAC.

Concernant la ceftriaxone, nous avons évalué les informations « sensible » et « i » (correspond à « sensible à forte posologie ») comme correctes. Selon l'EUCAST, le

céfotaxime et la ceftriaxone doivent être indiqués, dans le cas de staphylocoques sensibles à la méticilline » comme « sensibles à forte posologie » (increased exposure).

Depuis l'EUCAST 2020, pour *Staphylococcus pseudintermedius* et *Staphylococcus schleiferi*, l'oxacilline 1 µg doit être utilisée au lieu de la céfoxitine pour le dépistage afin de diagnostiquer une résistance à la méthicilline. Les points de rupture pour l'oxacilline 1 µg sont ≥ 20mm (sensible) et < 20 mm (résistant).

La fosfomycine et la vancomycine doivent être testées au moyen des CIM.

Malgré la résistance à l'érythromycine, notre souche ne présente pas de résistance inductible aux MLS, qui serait visible avec un antagonisme entre l'érythromycine et la clindamycine (aplatissement de la zone d'inhibition de la clindamycine du côté opposé à l'érythromycine). De nombreux participants ont correctement coché « MLS non ». Aucune information ni « MLS oui » n'a donné lieu à une déduction.

À l'avenir, veuillez également cocher l'absence de résistance inductible ou constitutive aux MLS. Dans le cas présent avec une résistance à l'érythromycine qui n'est pas basée sur le mécanisme MLS, l'information sur l'absence de résistance inductible aux MLS doit figurer sur le rapport destiné au médecin car la clindamycine pourrait continuer à être une option thérapeutique.

En cas de résistance aux MLS, les antibiotiques MLS (MLS_B = macrolides, lincosamides, streptogramines B) ne peuvent plus se lier à la sous-unité 23S des ribosomes car le gène erm méthyle l'ARNr 23S ; toutefois, dans le cas d'une résistance aux MLS inductible, seulement après induction par des macrolides. La clindamycine n'induit pas la résistance aux MLS, mais la résistance MLS inductible peut devenir constitutive par une mutation supplémentaire dans la partie régulatrice du gène erm, de sorte que la méthylase est également efficace sans induction.

En présence d'une résistance aux MLS inductible, la clindamycine doit selon l'EUCAST être définie comme résistante, en précisant toutefois dans le rapport qu'un traitement à court terme des infections non critiques de la peau et des tissus mous est possible car la survenue d'une résistance constitutive aux MLS est peu probable en présence d'une résistance aux MLS inductible avec un traitement à court terme.

Identification	Nombre
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	57

Échantillon C : Hémoculture / neutropénie

Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)

Malgré son nom, *Clostridium tertium* est une bactérie qui se développe également de manière aérobie et qui se trouve généralement dans le sang de patients atteints de maladies hématologiques-oncologiques. Elle peut être à l'origine d'entérocologie neutropénique.

L'espèce *Lactobacillus* peut être une erreur de diagnostic typique ; la forte formation de gaz de *C. tertium* ainsi que sa bonne mobilité permettent d'établir la différenciation. Le diagnostic de neutropénie doit mettre le microbiologiste sur la voie de *C. tertium*. *C. tertium* se distingue de *Clostridium difficile* par la morphologie de sa colonie et son odeur. *C. difficile* a l'odeur typique du fumier de cheval et forme de grandes colonies.

C. tertium a montré une acidification de l'ensemble du tube TSI (groupe 1) ; les sucres suivants ont été fermentés : glucose, saccharose, maltose, xylose, mannose, fructose. L'esculine et le nitrate étaient positifs ; la catalase, l'uréase et le test CAMP étaient négatifs. Une formation de gaz était présente et la mobilité était positive (turbidité dans le tube MIO).

C. tertium n'est pas inclus dans la base de données d'Api Coryne, là non plus on ne pouvait donc pas s'attendre à un bon résultat ; *C. tertium* est inclus dans les bases de données des systèmes anaérobies Rapid ID 32A et Api 20A. L'identification à l'aide du Maldi-TOF a été effectuée sans problème.

Identification	Nombre
<i>Clostridium tertium</i>	52
<i>Clostridium difficile</i>	2
<i>Sphingomonas paucimobilis</i>	1
Bâtonnets à Gram négatif	1

Bâtonnets à Gram positif	1
--------------------------	---

Échantillon D : Hémoculture / endocardite

Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)

Cardiobacterium hominis peut, de même que *C. valvarum*, provoquer une endocardite HACEK. *C. hominis* a rarement pu être isolé à partir d'autres matériaux. Si *C. valvarum* est l'agent pathogène responsable de l'endocardite, l'origine de l'infection est généralement odontogène.

L'espèce *Cardiobacterium* pousse de façon très pléomorphe sur gélose au sang de mouton. En revanche, la morphologie de la colonie est un peu plus homogène sur gélose au sang cuit. Il s'agit de bâtonnets à Gram négatif qui sont catalase négative, oxydase positive et indole positif. Dans le cas de la coloration de Gram à partir de l'hémoculture, on peut souvent observer que les bâtonnets à Gram négatif forment des rosettes.

Une identification au niveau du genre a pu être réalisée à l'aide du Maldi-TOF. *C. hominis* est inclus dans la base du système VITEK2 ID-NH. Le séquençage de notre souche a permis une identification de 99,8 % de *C. hominis* avec 1/584 mésappariements.

En raison de sa sensibilité à de nombreux antibiotiques, *C. hominis* peut être bien traité.

Identification	Nombre
<i>Cardiobacterium hominis</i>	49
<i>Cardiobacterium hominis/valvarum</i>	1
Groupe HACEK	1
Espèce <i>Methylobacterium</i>	1
<i>Sphingomonas paucimobilis</i>	2
Bâtonnets à Gram négatif	3

Échantillon E : Urines de milieu de jet / infection urinaire

Exigence : Bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)

Le diagnostic de *Corynebacterium phoceense* n'a pu être établi que par séquençage. L'analyse a montré une probabilité d'identification de 100 % avec 0/734 mésappariements. *C. phoceense* ne se trouve ni dans la base de données du VITEK2 ni dans celle d'ApiCoryne. Le Maldi-TOF permet d'obtenir une identification au niveau du genre. Vous pouvez trouver la description sous ce lien : <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2052297516300919?via%3Dihub> ou en consultant : Cresci M. et al. 2016. *Corynebacterium phoceense* sp. nov., strain MC1^T a new bacterial species isolated from human urine. *New Microbes and New Infections* 14:73-82.

Notre souche était catalase positive, esculine positive et (faiblement) nitrite positif. Le glucose, le saccharose, le maltose et le fructose ont été fermentés. Le milieu TSI a montré la fermentation du groupe 1.

La bactérie *C. phoceense* a été isolée pour la première fois dans les urines d'un patient transplanté rénal à Marseille (la cité phocéenne est l'ancien nom latin de la ville de Marseille). Depuis, nous avons également été en mesure d'obtenir un isolat à partir du frottis vaginal. Nous tenions à vous présenter cette corynébactérie, bien que nous ne sachions pas à quelle fréquence elle est isolée ni si elle est pathogène.

Identification	Nombre
<i>Corynebacterium phoceense</i>	19
<i>Corynebacterium glucuronolyticum</i>	1
<i>Corynebacterium minutissimum</i>	1
<i>Corynebacterium striatum</i>	1
<i>Corynebacterium tuberculostearicum</i>	1
Espèce <i>Corynebacterium</i>	23
<i>Dietzia cinnamomea</i>	1
<i>Kocuria kristinae</i>	5
Bactéries corynéformes	1

Bâtonnets à Gram positif	4
--------------------------	---

Meilleures salutations

Zbinden

Hufschmid

Prof. Dr. R. Zbinden

F.S. Hufschmid-Lim

Test de résistance Échantillon A

Test de résistance Échantillon B



