



Commentaire sur l'essai interlaboratoire B9 Microbiologie 2024-1

Échantillon A : urines de milieu de jet / infection urinaire

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

L'*Escherichia coli* contenue dans cet échantillon a pu être identifiée par tou-te-s les participant-e-s. *E. coli* est l'agent pathogène le plus courant provoquant des infections urinaires non compliquées.

Concernant notre souche, il s'agissait d'une *E. coli* avec une carbapénémase de classe D de type OXA-48 like.

L'OXA-48 a été découverte pour la première fois en Turquie en 2001 avant de se propager dans les pays méditerranéens jusqu'en Europe occidentale. Cette carbapénémase a la particularité de présenter une faible activité hydrolytique par rapport à d'autres types de carbapénémases tels que la KPC ou la NDM. Une série de mutations ponctuelles entraîne l'émergence de nombreux variants au sein du groupe OXA-48.

Concernant notre souche, il s'agit d'un variant spécial de l'OXA-48, à savoir l'OXA-244. Dans un courrier du 29 octobre 2019, le NARA attire l'attention sur le fait que depuis le début de l'année 2019, un nombre croissant de producteurs d'OXA-244 ont été détectés chez *E. coli* dans diverses régions de Suisse. L'OXA-244 présente une activité de carbapénémase encore plus faible que celle de l'OXA-48 et sa détection en laboratoire peut être difficile.

Bien que la plupart des isolats de type OXA-48 like co-expriment une BLSE de type CTX-M, notre souche ne possédait pas de BLSE. Dans cet isolat, toutes les pénicillines se sont révélées résistantes lors des tests conventionnels (y compris en association avec des inhibiteurs de β -lactamase), les céphalosporines étaient sensibles, l'ertapénème était résistant, mais l'imipénème et le méropénème étaient également sensibles. Une résistance à l'association pipéracilline-tazobactam et à la témocilline est un marqueur de substitution très sensible pour la présence d'OXA-48 like. Il s'agit toutefois d'un marqueur très peu spécifique car d'autres mécanismes de résistance peuvent aussi donner lieu à cette résistance. Bien que l'OXA-244 hydrolyse moins la témocilline que l'OXA-48, notre souche était clairement résistante à la témocilline. Le variant a pu être facilement détecté à l'aide de tests antigéniques rapides courants tels que celui de NG Biotech.

Bien qu'il s'agisse d'une souche difficile, presque tou-te-s les participant-e-s (49/54) ont réussi à suspecter ou à confirmer la présence de cette carbapénémase.

Pour plus d'informations, nous vous renvoyons aux documents «EUCAST guidelines for detection of resistance mechanisms and specific resistances of clinical and/or epidemiological importance; Version 2.0; July 2017 » et « Carbapenemase OXA-244 in *E. coli* in Switzerland; Prof. Patrice Nordmann, Dr. Julie Kessler, Dr. Laurent Poirel; NARA Warning, 29.10.2019 ».

| Identification | Nombre |
|-------------------------|--------|
| <i>Escherichia coli</i> | 54 |

Échantillon B : écouvillonnage superficiel de plaie / abcès mammaire**Exigence : bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce) + test de résistance**

Staphylococcus lugdunensis a pu être isolé dans cette plaie superficielle lors d'un abcès mammaire. L'identification n'a pas posé de problème pour les participant·e·s utilisant le MALDI TOF MS. *S. lugdunensis* appartient au groupe des staphylocoques à coagulase négative (SCN). Les réactions positives à l'ornithine décarboxylase et au PYR sont décisives pour l'identification phénotypique.

Le nom *S. lugdunensis* fait référence à la ville de Lyon (latin « Lugdunum »), où il a été décrit pour la première fois. Bien que *S. lugdunensis* fasse partie de la flore cutanée normale, il occupe une position particulière parmi les SCN en raison de divers facteurs de virulence, de sorte que les infections par ce germe sont généralement plus semblables à celles provoquées par *S. aureus* qu'à celles provoquées par d'autres SCN.

La pertinence clinique de la détection de *S. lugdunensis* a cependant fait l'objet de nouvelles discussions dans une mini-revue d'Argemi et al. aus 2017 (J Clin Microbiol. 2017 Nov;55(11):3167-3174) sous le titre « Is *Staphylococcus lugdunensis* Significant in Clinical Samples? ».

Les auteurs suggèrent que *S. lugdunensis* en culture pure à partir d'échantillons cliniques profonds tels que des hémocultures ou des échantillons d'os et d'articulations devrait être considéré comme pathogène jusqu'à ce qu'un autre diagnostic soit démontré, même si un seul échantillon est positif. Ils recommandent toutefois de faire preuve de prudence lors de l'interprétation d'échantillons positifs uniques provenant de la peau, des tissus mous ou d'échantillons prélevés à proximité d'un site typique de colonisation de cette bactérie (aine, aisselle et zone nasale). Dans ces cas, au moins deux échantillons profonds doivent être positifs pour pouvoir classer la bactérie comme cliniquement pertinente.

Concernant notre souche, il s'agissait d'un *S. lugdunensis* ou SLRM résistant à la méticilline, qui a été reconnu comme tel par tou·te·s les participant·e·s. Du fait de la résistance à la méticilline, tous les antibiotiques bêta-lactamines doivent être classés comme « résistants ». Puisqu'il ne s'agissait pas de *S. aureus*, le mécanisme de résistance « SARM » n'a pas été évalué. De tels isolats de MRSL sont de plus en plus souvent observés dans les échantillons de routine.

La ciprofloxacine et la lévofloxacine étaient toutes deux « I » (sensibles à forte posologie) et la moitié des points ont été attribués à la mention « sensible ».

Nous n'avons pas évalué la fosfomycine et l'ofloxacine car, selon l'EUCAST, elles ne doivent pas être testées pour les staphylocoques. La nitrofurantoïne n'a pas non plus été évaluée car, selon l'EUCAST, elle n'est définie que pour les infections urinaires non compliquées et pour *S. saprophyticus*.

| Identification | Nombre |
|--|--------|
| <i>Staphylococcus lugdunensis</i> | 46 |
| <i>Staphylococcus haemolyticus</i> | 4 |
| <i>Staphylococcus hominis</i> | 1 |
| <i>Staphylococcus coagulase négative</i> | 2 |
| <i>Staphylococcus species</i> | 1 |

Échantillon C : frottis conjonctival / conjonctivite**Exigence : bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)**

Haemophilus influenzae est un bâtonnet à Gram négatif et à oxydase positive. *Haemophilus* spp. font partie des germes exigeants car ils nécessitent pour leur croissance des facteurs de croissance provenant des érythrocytes, appelés facteurs X (hémine) et V (NAD). Ce n'est que lorsque les érythrocytes sont lysés par chauffage, comme dans la gélose au sang cuit, que suffisamment de facteur V est libéré pour permettre à ce germe de bien se développer. Sur gélose au sang de mouton, il se développe à proximité immédiate de *Staphylococcus aureus*, qui produit le facteur V et le libère dans l'environnement (croissance satellite ou phénomène dit de nourrice).

Notre souche a pu être aisément identifiée à l'aide de l'Api NH ou du MALDI-TOF MS.

Les muqueuses des voies respiratoires supérieures, y compris la cavité buccale sont l'habitat naturel de *Haemophilus* spp. *H. influenzae* peut provoquer diverses maladies, d'un degré léger à sévère. Il s'agit notamment de l'otite moyenne, de la sinusite, de la pneumonie, de l'épiglottite, de la méningite et de la septicémie. Les infections aiguës et invasives telles que la méningite purulente et la septicémie sont causées exclusivement par le type capsulaire b. L'introduction d'un vaccin spécifique contre les souches de type B a considérablement réduit les infections invasives provoquées par ce type.

| Identification | Nombre |
|---|--------|
| <i>Haemophilus influenzae</i> | 52 |
| <i>Haemophilus influenzae</i> biotype III | 1 |
| Pas de croissance | 1 |

Échantillon D : écouvillonnage vaginal / vaginose bactérienne**Exigence : bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)**

Concernant le germe de cet échantillon, il s'agissait de *Gardnerella* species, plus précisément *Gardnerella swidsinskii* (voir figure 1).

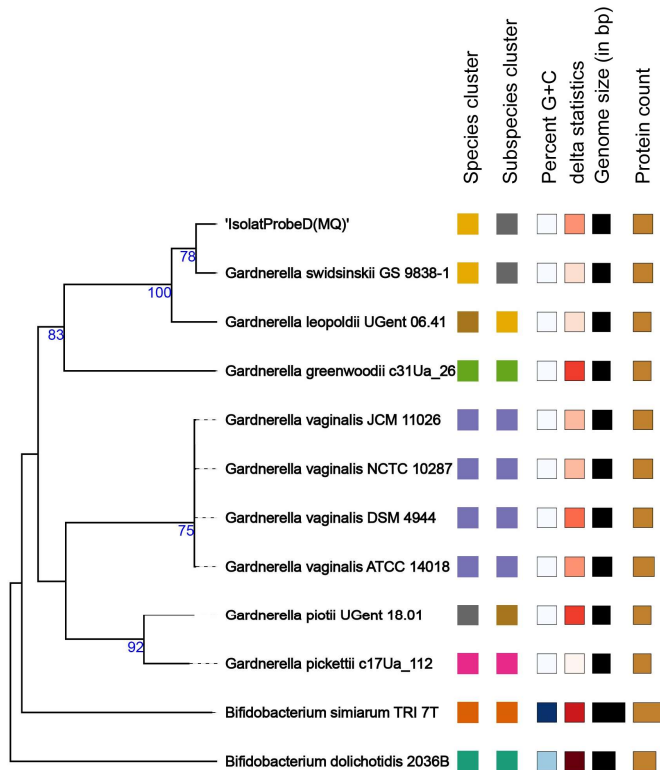
À ce jour, *G. vaginalis* était la seule espèce décrite du genre *Gardnerella*. Les développements récents en génétique moléculaire ont apporté un nouvel éclairage sur la diversité du genre *Gardnerella*, permettant en 2019 une nouvelle description d'espèces supplémentaires de *Gardnerella*, à savoir *Gardnerella leopoldii*, *Gardnerella piovii* et *Gardnerella swidsinskii* (Vanechoutte M. et al.; Int J Syst Evol Microbiol. 2019 Mar;69(3):679-687). En 2023, *G. greenwoodii* et *G. picketii* ont également été décrits (Sousa et al.; Int J Syst Evol Microbiol 2023; 73:6140).

Concernant l'espèce *Gardnerella*, il s'agit d'un bâtonnet à Gram positif, qui apparaît cependant comme Gram labile en raison de sa paroi cellulaire relativement mince. *G. vaginalis* est connu comme le principal germe de la vaginose bactérienne (VB). *G. vaginalis* se développe sur gélose au sang de mouton mais ne présente une hémolyse que sur gélose au sang humain. La réaction catalase est négative, l'hydrolyse de l'hippurate est positive. L'identification à l'aide du Bruker MALDI-TOF MS a permis, avec des colonies bien développées (après 48 heures d'incubation), de révéler *G. leopoldii_swidsinskii* (avec une nette différenciation de *G. vaginalis*).

On se demande si les espèces de *Gardnerella* nouvellement décrites diffèrent par leur potentiel de virulence. Il existe des signes d'une prévalence plus élevée des espèces de *G. vaginalis* et *G. piovii* chez les femmes atteintes de VB par rapport à *G. leopoldii* et *G. swidsinskii*. Cela soulève la question de savoir si des indications précises sur les espèces pourraient à l'avenir se révéler utiles afin de mieux étudier cette question.

G. vaginalis, le complexe *G. vaginalis* et *G. leopoldii_swidsinskii* ont reçu le nombre maximum de points.

Figure 1 : l'analyse numérique de l'hybridation ADN-ADN réalisée à l'aide de la base de données TYGS montre l'identification de l'isolat comme étant *G. swidsinskii*.



| Identification | Nombre |
|--|--------|
| <i>Gardnerella swidsinskii</i> | 1 |
| <i>Gardnerella leopoldii/swidsinskii</i> | 16 |
| <i>Gardnerella leopoldii</i> | 2 |
| <i>Gardnerella vaginalis</i> | 31 |
| Complexe <i>Gardnerella vaginalis</i> | 1 |
| <i>Gardnerella</i> species | 1 |
| <i>Enterobacterie</i> species | 1 |
| Pas de croissance | 1 |

Échantillon E : sécrétions trachéales / pneumonie par aspiration
Exigence : bactéries potentiellement pathogènes (genre + espèce)

Le *Streptococcus pseudopneumoniae* contenu dans cet échantillon a été décrit pour la première fois en 2004 (Arbique et al.; J Clin Microbiol 2004; 42: 4686-4696).

En tant que membre du groupe *S. mitis*, *S. pseudopneumoniae* occupe une position intermédiaire par rapport au *S. pneumoniae* plus virulent et au *S. mitis* moins virulent. Malgré la forte similitude génétique avec *S. pneumoniae*, certains facteurs de virulence tels que la capsule et la pneumolysine ne sont pas présents chez *S. pseudopneumoniae*.

Dans la plupart des cas, l'isolement de *S. pseudopneumoniae* à partir d'échantillons respiratoires n'a pas de signification clinique. Le germe a été décrit comme un agent pathogène opportuniste chez les patients atteints de diverses maladies chroniques sous-jacentes telles que la BPCO ou la mucoviscidose. Une pertinence clinique a été fréquemment rapportée en association avec une pneumonie par aspiration. Dans des cas individuels, il a également été décrit lors de septicémie.

Il existe quelques caractéristiques phénotypiques qui distinguent *S. pseudopneumoniae* de *S. pneumoniae* : pas de formation de capsule, pas de solubilité biliaire, la zone d'inhibition de l'optochine est < 14 mm à 37 °C avec 5 % de CO₂ alors qu'elle mesure > 14 mm à 37 °C sans CO₂. Des réactions croisées avec *S. pseudopneumoniae* ont été décrites lors de tests antigéniques pneumococciques.

Bien que le MALDI-TOF MS donne encore des résultats mitigés en ce qui concerne *S. pneumoniae* et *S. mitis*, qui affichent tous deux un score supérieur à 2.0 et nécessitent donc des éclaircissements supplémentaires, la distinction avec les pneumocoques a gagné en fiabilité ces dernières années grâce à de nouvelles mises à jour de bases de données.

| Identification | Nombre |
|---|--------|
| <i>Streptococcus pseudopneumoniae</i> | 44 |
| <i>Streptococcus pneumoniae</i> | 3 |
| <i>Streptococcus constellatus</i> ssp. <i>pharyngis</i> | 1 |
| <i>Streptococcus thoraltensis</i> | 1 |
| Groupe <i>Streptococcus viridans</i> | 1 |
| <i>Gemella morbillorum</i> | 1 |
| Flore oropharyngée | 1 |
| Pas d'indication | 2 |

Meilleures salutations



Dr. med. vet., PhD V. Hinić



F.S. Hufschmid-Lim

Évaluation du test de sensibilité :**Échantillon A : *Escherichia coli***

| Antibiotique | Valeur cible | S | I | R | Antibiotique | Valeur cible | S | I | R |
|-----------------------------------|--------------|----|---|----|--------------------------------|--------------|----|---|----|
| Amikacine | S | 6 | | | Doxycycline | NE | | | 1 |
| Acide d'amoxicilline clavulanique | R | | | 39 | Ertapénem | R | | 1 | 26 |
| Ampicilline | R | | | 17 | Fosfomycine | S | 33 | | 1 |
| Aztréonam | NE | 1 | | | Gentamicine | S | 12 | | |
| Céfalotine | NE | | | 1 | Imipénem | S/I/R | 13 | 1 | 2 |
| Céfépime | S | 10 | | | Lévofloxacine | R | | | 7 |
| Céfotaxime | S/I | 3 | 1 | | Méropénem | S/I | 18 | 1 | |
| Céfoxitine | NE | 5 | | 1 | Nitrofurantoïne | S | 42 | | |
| Cefpodoxime | S | 4 | | 1 | Norfloxacine | R | | | 9 |
| Ceftazidime | S | 11 | | | Ofloxacine | R | | | 1 |
| Ceftazidime-avibactam | S | 3 | | | Péfloxacine | R | | | 1 |
| Ceftriaxone | S | 25 | | | Pipéracilline-tazobactam | R | | | 20 |
| Céfuroxime axétil | S/R | 2 | | 8 | Sulfaméthoxazole-triméthoprime | R | | | 48 |
| Céfuroxime parentéral | R | | | 5 | Tétracycline | NE | | | 2 |
| Ciprofloxacine | R | | | 44 | Tigécycline | S | 1 | | |
| Colistine | NE | 1 | | 1 | Tobramycine | S | 10 | | |

| Mécanisme de résistance | Valeur cible | Oui | Non | Pas d'indication |
|-------------------------|--------------|-----|-----|------------------|
| BLSE | Non | 0 | 52 | 2 |
| AmpC | Non | 1 | 48 | 5 |
| Carbapénémases | Oui** | 49 | 4 | 1 |

Valeur cible atteinte Moitié des points Retrait obtenu Non évalué (NE)

Valeurs dans le tableau = nombre de participant·e-s avec réponses correspondantes

**obligatoire

Évaluation du test de sensibilité :**Échantillon B : *Staphylococcus lugdunensis***

| Antibiotique | Valeur cible | S | I | R | Antibiotique | Valeur cible | S | I | R |
|-----------------------------------|--------------|----|----|----|--------------------------------|--------------|----|----|----|
| Amikacine | S | 1 | | | Imipénem | R | 1 | | 2 |
| Acide d'amoxicilline clavulanique | R | 1 | | 22 | Lévofloxacine | I | 2 | 19 | |
| Ampicilline | R | 1 | | 5 | Linézolide | S | 9 | | |
| Azithromycine | S | 2 | | | Moxifloxacine | S | 4 | | |
| Céfalotine | R | | | 1 | Nitrofurantoïne | NE | 2 | | |
| Céfoxitine | R | | | 32 | Norfloxacine | S | 2 | | |
| Ceftriaxone | R | | | 4 | Ofloxacine | R | | | 1 |
| Céfuroxime axétil | R | | | 1 | Oxacilline | R | | | 19 |
| Céfuroxime parentéral | R | | | 1 | Pénicilline | R | | 1 | 25 |
| Ciprofloxacine | I | 1 | 14 | | Pipéracilline-tazobactam | R | | | 1 |
| Clarithromycine | S | 2 | | | Rifampicine | S | 15 | | 1 |
| Clindamycine | S | 48 | | | Sulfaméthoxazole-triméthoprime | S | 43 | | |
| Daptomycine | S | 5 | | | Téicoplanine | S | 10 | | |
| Doxycycline | S | 3 | | | Tétracycline | S | 20 | | |
| Érythromycine | S | 27 | | | Tigécycline | S | 3 | | |
| Fosfomycine | NE | 2 | | | Tobramycine | S | 4 | | |
| Acide fusidique | S | 12 | | | Vancomycine | S | 36 | | |
| Gentamicine | S | 12 | | | | | | | |

| Mécanisme de résistance | Valeur cible (SLRM) | Oui | Non | Pas d'indication |
|--------------------------------|---------------------|-----|-----|------------------|
| SARM | | 11 | 29 | 14 |
| MLS _B (induzierbar) | Non | 0 | 50 | 4 |
| ERV | -- | | | |
| Gentamicine forte posologie | -- | | | |

Valeur cible atteinte Moitié des points Retrait obtenu Non évalué (NE)

Valeurs dans le tableau = nombre de participant-e-s avec réponses correspondantes

**obligatoire