

## Introduction -objectif

*Staphylococcus aureus* résistant à la méticilline est l'un des causes les plus fréquentes de morbidité et de mortalité dans le monde [1]. Cet agent pathogène peut être à l'origine d'une grande variété d'infection[2], Sa pathogénicité est due à sa capacité de produire des facteurs de virulence[2], En Algérie, le SARM communautaire appartenait au clone ST-80 est connue pour produire la leucocidine de Panton Valentin (PVL). Peu d'informations sont connues quant au SARM *tst+*, a-t-il un profil phénotypique identique au souche *pvl+* ? est-il reconnaissable ? appartient-il au même clone ? L'objectif de cette étude est de répondre à ces trois questions.

## Matériel et méthode

- Il s'agit d'une étude prospective qui a été menée sur 3 ans (de janvier 2020 à novembre 2023) où toute souche de SARM isolée au service de microbiologie du CHU Mustapha Bacha a été incluse.
- L'identification des souches a été réalisée par staphaurex (Biorad), plasma de lapin puis confirmée par PCR *gyrA*.
- L'antibiogramme a été réalisé par la méthode de diffusion sur gélose selon les recommandations du CLSI, excepté pour la pristinamycine et l'acide fusidique selon les recommandations de la CA,SFM/EUCAST.
- Le gène de virulence de la *tst* ainsi que le gène de résistance à la méticilline (*mecA*), et le gène accessoire de régulation (*agr*) ont été recherchés par PCR.
- Enfin *in Silico*, la MLST (Multi-Locus Séquence Type) a été déterminé pour les souches *tst+* après séquençage du génome entier (whole genome sequencing), l'étude bio-informatique a été réalisée par l'équipe du CNR de Lyon par l'outil PubMed-MLST.

## Résultats

Parmi les 150 SARM isolées, 9/150 souches étaient *tst+* soit une prévalence de 6%. Six souches étaient isolées de pus profonds et 3 de pus superficiels.

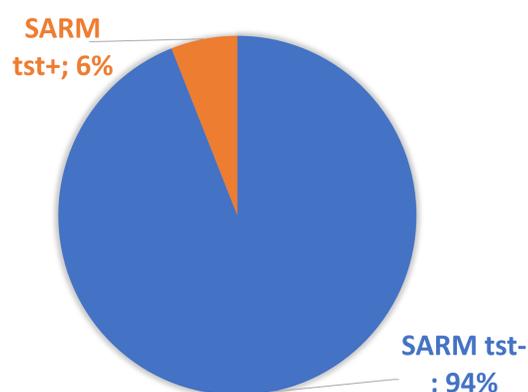


Figure 1: Prévalence des SARM *tst+* isolés au CHU Mustapha Bacha

Trois profils phénotypiques ont été retrouvés :

**Profil-1** (n=6) : P,OX,FOX.

**Profil-2** (n=2) : P,OX,FOX,STX

**Profil-3** (n=1) : P,OX,FOX,E,CMN,AMK,KMN,GMN,TMN.

La caractérisation moléculaire des 9 souches SARM-*tst+* a montré que : 8 souches arborant un profil *agr1*, *mecA+* et 1 souches avaient le profil *agr3*, *mecA+*. La souche possédant le fond génétique *agr3* est associée avec le profil de résistance (P,OX,FOX,E,CMN,AMK,KMN,GMN,TMN).

Le résultat du *in Silico* MLST a montré que les 8 souches SARM-*tst+* *agr1* appartenait au clone ST22 et que la souches SARM-*tst+* *agr3* appartenait au clone ST39.

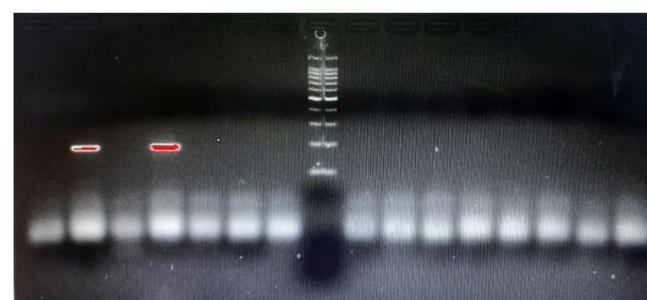


Figure 2: Révélation des produits PCR pour le gène *tst*

Tableau 1: Caractérisation moléculaire de 9 souches SARM-*tst+*

Nombre de souche	Profil moléculaires	Profil de résistance	Séquence type
6	<i>gyrA+</i> , <i>agr1</i> , <i>mecA+</i> , <i>tst+</i>	P,OX,FOX	ST22
2	<i>gyrA+</i> , <i>agr1</i> , <i>mecA+</i> , <i>tst+</i>	P,OX,FOX,STX	ST22
1	<i>gyrA+</i> , <i>agr3</i> , <i>mecA+</i> , <i>tst+</i>	P,OX,FOX,E,CMN,AMK, KMN,GMN,TMN	ST39

## Discussion

A travers cette étude préliminaire il apparaît que le taux de prévalence des SARM *tst+* est faible (6%) avec trois profils phénotypiques retrouvés.

Nos résultats montre que les SARM *tst+* appartiennent majoritairement au clone ST22 (clone de GAZA), ce clone a été déjà rapportée en Moyen-Orient [3],[4].

par contre le clone ST39 semble minoritaire a été que très rarement décrit.

## Conclusion

Cette étude Préliminaire montre que la prévalence des SARM *tst+* est de 6% (9/150) au CHU Mustapha Bacha, ces souches étaient isolées des pus superficielle et profonds, Nos résultats démontrent que SARM *tst+* peuvent avoir des profils phénotypiques différents de celui de SARM PVL+ et que au moins deux clones co-circuleraient en Algérie, ST22 (clone majoritaire) et ST39.

## Références Bibliographiques

1 Kale P, Dhawan B. The changing face of community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. Indian J Med Microbiol. 2016 Jul-Sep;34(3):275-85. doi: 10.4103/0255-0857.188313.

2 Cheung, G.Y.C., Bae, J.S., Otto, M., 2021. Pathogenicity and virulence of *Staphylococcus aureus*. Virulence 12, 547–569. <https://doi.org/10.1080/21505594.2021.1878688>

3 Laham, N. A., Mediavilla, J. R., Chen, L., Abdelateef, N., Elamreen, F. A., Ginocchio, C. C., ... & Kreiswirth, B. N. (2015). MRSA clonal complex 22 strains harboring toxic shock syndrome toxin (TSST-1) are endemic in the primary hospital in Gaza, Palestine. *PLoS one*, 10(3), e0120008.

4, Niek, W. K., Teh, C. S. J., Idris, N., Thong, K. L., & Ponnampalavanar, S. (2019). Predominance of ST22-MRSA-IV clone and emergence of clones for methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clinical isolates collected from a tertiary teaching hospital over a two-year period. *Japanese Journal of Infectious Diseases*, 72(4), 228-236.