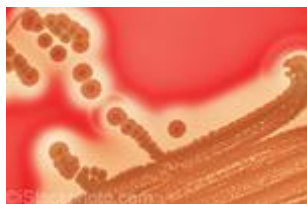


Staphylococcus aureus résistant à la méticilline (SARM)



Staphylococcus aureus est une bactérie commune présente sur la peau et les membranes muqueuses chez 20 à 30 % des personnes en bonne santé. Elle peut parfois provoquer des infections chez l'homme, généralement localisées au niveau de la peau ou de plaies, mais qui peuvent parfois avoir de graves effets sur l'organisme. Par ailleurs, certaines souches de cette bactérie ont développé une **résistance aux antibiotiques bêta-lactamines**, qui comprennent les pénicillines et sont utilisés pour le traitement de nombreuses infections. Ces souches sont appelées *Staphylococcus aureus* résistant à la méticilline (SARM).

L'homme contracte le SARM principalement par **contact direct entre personnes infectées ou par contact avec des appareils et des équipements médicaux**. Le SARM est particulièrement problématique dans les hôpitaux, où les patients dont le système immunitaire est affaibli présentent un risque plus élevé d'infection que la population générale.

Une souche particulière de SARM (CC398) a été signalée chez des **animaux producteurs d'aliments**, le plus souvent chez des porcs, des veaux de lait et des poulets d'élevages intensifs et a également été détectée chez des chevaux et des animaux de compagnie. Le groupe scientifique de l'EFSA sur les dangers biologiques a constaté que des aliments peuvent être contaminés par la souche CC398, mais elle n'a pas été associée à des toxico-infections d'origine alimentaire. Cependant, dans les régions à forte prévalence de SARM chez les animaux producteurs d'animaux, les personnes en contact avec des animaux vivants présentent un risque de contracter la souche CC398 plus élevé que la population générale, bien que les infections soient rares.

1- Analyse de l'étude de référence sur la prévalence du *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) dans les exploitations ayant des porcs d'élevage, au sein de l'UE. 2008

Afin d'évaluer l'apparition et la diversité du *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) dans la production primaire de porcs et d'obtenir des informations relatives aux facteurs potentiels favorisant la contamination, une enquête a été menée dans toute l'Union européenne, parallèlement à une étude de référence sur la prévalence de *Salmonella* dans les exploitations ayant des porcs d'élevage. L'enquête distingue les exploitations d'élevage

(exploitations se consacrant à l'élevage et à la vente de porcs d'élevage aux exploitations d'élevage et aux exploitations de production) et les exploitations de production (exploitations ayant des porcs d'élevage et vendant essentiellement des porcs d'engraissement ou d'abattage). Les échantillons destinés à la détection du SARM ont été prélevés simultanément dans les exploitations qui avaient été sélectionnées pour l'étude sur la prévalence de *Salmonella* spp., entre janvier et décembre 2008. Pour chaque exploitation, des échantillons de poussières ont été prélevés dans cinq enclos. Les échantillons de chaque élevage ont été rassemblés et la présence de SARM, recherchée. Le sous-type de tous les isolats a été caractérisé par les méthodes de typage de protéine A *Staphylococcus* (typage spa). Au total 5 073 exploitations d'élevage de l'Union européenne (24 États membres), de Norvège et de Suisse dont les résultats ont été validés ont été inclus dans les analyses de l'étude, soit 1 600 exploitations d'élevage et 3 473 exploitations de production. L'analyse de la prévalence des exploitations dans lesquelles le SARM a été détecté a déjà été réalisée et a été publiée par l'Autorité européenne de sécurité des aliments le 24 novembre 2009, dans la partie A de ce rapport. La présente partie B du rapport présente une analyse des facteurs favorisant la contamination des exploitations d'élevage et de production, une analyse de la corrélation entre la prévalence du SARM dans les exploitations d'élevage et les exploitations de production, ainsi qu'une étude de la corrélation entre les importations intra-communautaires de porcs d'élevage et la prévalence du SARM dans un pays donné. Figurent également dans ce rapport des analyses complémentaires de la répartition des types spa d'isolats de SARM à travers l'Europe, ainsi que les résultats des tests de détection de la présence de gènes de la leucocidine de Pantone-Valentine (PVL) dans un sous-type d'isolats, réalisés au cours de l'étude de référence.

Des données supplémentaires relatives à un certain nombre de facteurs de référence, collectées par les pays participants à l'étude sur la prévalence de *Salmonella*, ont été examinées en vue d'en déterminer l'incidence sur le risque de présence de SARM dans une exploitation. Parmi ces données figuraient la date de prélèvement de l'échantillon, le type de l'exploitation d'élevage (sélection ou multiplication) ou de l'exploitation de production (naissieur, naisseur-engraisseur ou naisseur-postserveur), la taille de l'exploitation, la politique de remplacement des truies et des verrats de l'exploitation, et le délai écoulé entre le prélèvement de l'échantillon et le test en laboratoire. La probabilité que ces facteurs soient liés à la présence de SARM dans les exploitations a fait l'objet d'une analyse de régression multiple, séparément pour les exploitations d'élevage et les exploitations de production. **Les résultats de ces analyses ont démontré que le risque de contamination par le SARM augmentait avec le nombre de porcs d'élevage présents dans l'exploitation, tant dans les exploitations d'élevage que dans les exploitations de production. Ceci pourrait indiquer un risque accru d'introduction ou de diffusion du SARM à l'intérieur des exploitations de grande taille, par l'intermédiaire par exemple d'un remplacement plus intensif d'animaux d'élevage,** mais met également en exergue l'incidence d'autres facteurs de risque sous-jacents associés aux caractéristiques structurelles et/ou aux pratiques de gestion typiques des grandes exploitations, et qui n'ont pas été analysés ici. En outre, les risques de contamination par le SARM des exploitations d'élevage et des exploitations de production variaient sensiblement d'un pays à l'autre, même en tenant compte de l'effet engendré par la taille de l'exploitation.

Étant donné le commerce intensif de porcs destinés à la reproduction dans et entre les États membres, et le risque de transmission du SARM, une fois colonisé, par ces animaux dans leur exploitation de destination, le lien entre la prévalence des exploitations d'élevage contaminées et la prévalence des exploitations de production contaminées pour un même pays a été étudié, et une forte corrélation a été mise en évidence. En outre, des analyses du commerce intra-

communautaire de porcs d'élevage réalisées au niveau national à l'aide des données du système TRACES (TRAdE Control and Expert System of the Community) ont elles aussi révélé un lien important entre la prévalence des exploitations contaminées et le volume d'importation de porcs d'élevage dans le pays. Ce lien était particulièrement fort dans le cas d'une variable représentative du nombre de porcs d'élevage importés risquant d'être contaminés par le SARM. Cette variable représentative a été obtenue en additionnant pour le pays d'origine la combinaison du nombre de porcs d'élevage importés et de la prévalence des exploitations contaminées. Ces liens positifs suggèrent une dissémination verticale du SARM (du haut vers le bas) dans la pyramide de production porcine à l'intérieur du pays, et laissent également penser que le risque de contamination par le SARM des exploitations ayant des porcs d'élevage dans un pays donné augmente avec le volume des importations de porcs d'élevage en provenance de pays dans lesquelles le SARM est en augmentation.

Une importante diversité des types spa de SARM a été observée au sein de l'Union européenne, et il a été établi que la répartition des types spa des isolats de SARM variait sensiblement entre les pays participants. Les isolats de SARM de type spa appartenant aux lignées ST1, ST5 et ST8, qui sont des types spa connus en médecine humaine, ont été testés en vue de détecter la présence de gènes de la toxine PLV. Aucun des isolats testés ne s'est révélé positif, ce qui suggère que ces souches ne sont pas associées aux souches de SARM contaminées par la PLV et associées à certaines communautés dont la prévalence est avérée chez l'humain dans certaines parties du monde.

Seul un nombre limité de facteurs potentiellement liés à la contamination des exploitations ayant été analysés dans le cadre de l'étude, il pourrait être utile de procéder à des investigations supplémentaires au niveau national afin d'identifier de manière plus précise les facteurs qui favorisent la contamination des exploitations ayant des porcs d'élevage dans des pays spécifiques. Il est également nécessaire de procéder à des recherches afin de déterminer l'opportunité de s'attaquer au SARM par le biais d'une mise en place de mesures de biosécurité dans les élevages et d'une adaptation des pratiques de gestion; ces recherches pourront servir de base à l'élaboration d'éventuelles futures mesures de prévention et d'intervention. Il serait tout particulièrement important de s'intéresser aux mesures qui permettraient de prévenir l'introduction du SARM dans les exploitations saines, telles que la vérification de la non-contamination des porcs d'élevage de remplacement. Il est en outre recommandé de caractériser les isolats dérivés des porcs en utilisant des méthodes de typage moléculaire, afin d'évaluer la diversité de la population du SARM.

2- ÉTUDE SUR LE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* RÉSISTANT À LA MÉTHICILLINE CHEZ LE PORC À L'ABATTOIR AU QUÉBEC, CANADA

Le *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) est un pathogène important qui a été identifié comme agent d'infection chez les animaux d'élevage et les travailleurs exposés à ces animaux. Au Canada, très peu d'informations sont disponibles concernant les SARMs d'origine porcine. L'objectif de cette étude était de déterminer la prévalence des SARMs provenant de porcs à l'abattoir, de caractériser leur résistance aux antibiotiques ainsi que d'évaluer le niveau de séroconversion des porcs envers le *S. aureus* chez les animaux porteurs

ou non du SARM. Un total de 107 isolats ont été identifiés positifs aux SARMs sur 660 échantillons. La prévalence de SARMs à l'abattoir A était de 30,8% et de 23,8% à l'abattoir B. La susceptibilité aux antibiotiques a été déterminée en utilisant la méthode de micro-dilution de Sensititre. Tous les isolats ont démontré une sensibilité envers la ciprofloxacine, la gatifloxacine, la gentamicine, la lévofloxacine, le linézolide, la quinupristine/dalfopristine, la rifampicine, la streptomycine, le triméthoprim/sulfaméthoxazole et la vancomycine. De la résistance a été observée envers la daptomycine (0,93%), l'érythromycine (29%), la clindamycine (29%), la tétracycline (98,1%). De plus, 30% des SARMs isolés étaient résistants à plus de deux antibiotiques autres que les β -lactamines. Par typage, deux clones prédominants ont été obtenus ainsi que deux types de SCCmec (type V et possiblement un nouveau type comprenant les cassettes III et IVb). 15 clones ont été identifiés par typage MLVA, comprenant les clones prédominants VI (40.1%; 43/107) et XI (17.7%; 19/107). Deux souches de SARMs ont été caractérisées par biopuce à ADN et des gènes d'antibiorésistance, de typage (SCCmec et MLST) et de virulence ont été identifiés. Sans considération pour le site de colonisation, les porcs SA-/MRSA- (n=34) et les porcs SA+ (n=194) montrent, respectivement, des taux de séroconversion de 20.6% et 32.5%. Les porcs colonisés par un SARM à un site de iv prélèvement et non colonisés par un SA à l'autre site (n=18) montrent une séroconversion (5.6%) significativement ($P < 0.05$) plus faible comparativement aux porcs colonisés par SA à un ou deux sites de prélèvement et n'ayant pas de SARM.

Nos résultats démontrent que les porcs provenant d'abattoir peuvent être colonisés par des SARMs multi-résistants aux antibiotiques. De plus, ces SARMs sont possiblement capable de coloniser leurs hôtes sans stimuler la production d'anticorps et ce par l'atténuation de la réponse immunitaire ou par la colonisation de porcs qui sont moins immunocompétents.

Les *Staphylococcus aureus* résistants à la méthicilline (SARM) sont des bactéries qui ont une grande importance en médecine humaine. Les souches de SARM sont résistantes à tous les antibiotiques de la famille des bêta-lactamines. De plus, les SARM sont souvent résistants à un grand nombre d'autres antibiotiques. Étant des pathogènes nosocomiaux et communautaires, les SARMs sont la cause de plusieurs inquiétudes pour les agences de santé publique. Le traitement des infections à SARM est beaucoup plus onéreux que celui d'une infection à *S. aureus*. Des études ont démontré qu'aux États-Unis le coût d'hospitalisation d'un patient atteint d'un SARM est deux fois plus élevé que celui d'un patient ayant du *S. aureus* susceptible à la méthicilline (89). Au Canada, une étude a également démontré que le coût annuel associé à SARM dans les hôpitaux varie entre 42 et 59 millions de dollars (75). ...

Il a par ailleurs été démontré que les personnes en contact avec des animaux de fermes, spécialement les porcs, sont plus fréquemment porteurs de SARM que celles n'ayant pas de contact avec ces animaux (145, 150). Dans plusieurs pays, le contact avec des porcs est d'ailleurs considéré comme un facteur de risque pour la colonisation des humains par SARM (23, 138). Des études ont également démontré la possibilité de transmission de SARM entre des porcs, des éleveurs de porcs et les membres de la famille de ceux-ci.