



La Société Tunisienne
de Pathologie Infectieuse



La Société de Pathologie
Infectieuse de Langue Française

33^{ème} Congrès National de la Société
Tunisienne de Pathologie Infectieuse

9-10-11 Mai 2024 Hôtel Le Russelior

Hammamet

Genomic Surveillance of Invasive *Streptococcus pneumoniae* isolated in Sfax region during 2012-2022

Boutheina Ksibi, Fahmi Smaoui, Sonia Ktari, Omar Gargouri, Sonda Mezghani, Basma Mnif, Faouzia Mahjoubi, Hela Karray, Nourelhouda Ben Ayed and Adnene Hammami

Présenté par: Omar Gargouri

Résident en microbiologie

Introduction

- Les infections invasives à *Streptococcus pneumoniae* sont considérées comme une cause significative de morbidité et de mortalité surtout chez les enfants.
- La surveillance des souches invasives de pneumocoque est essentielle pour guider les stratégies thérapeutiques et préventives
- Pendant la dernière décennie, le **séquençage complet du génome (WGS)** s'est imposé comme un outil intéressant et prometteur dans le domaine de la surveillance des maladies pneumococciques

Introduction

Séquençage du
génom**e** bactérien
entier

+

Outils bio-informatiques

Alternative aux techniques de
sérotypage et de génotypage
conventionnelles

Analyse phylogénétique
approfondie

Prédiction de la
résistance aux
antibiotiques

Matériel et méthodes

148 souches **invasives** de *S. pneumoniae*
Période: 2012-2022
Collectées au laboratoire de microbiologie – CHU Habib Bourguiba, Sfax

Analyse phénotypique

- Sérotypage
- Etude de la sensibilité aux antibiotiques

Séquençage du génome entier WGS
(illumina NovaSeq)



Caractérisation
génétique

Prédiction des
sérotypes

Déterminants
génétiques de la
résistance aux ATB

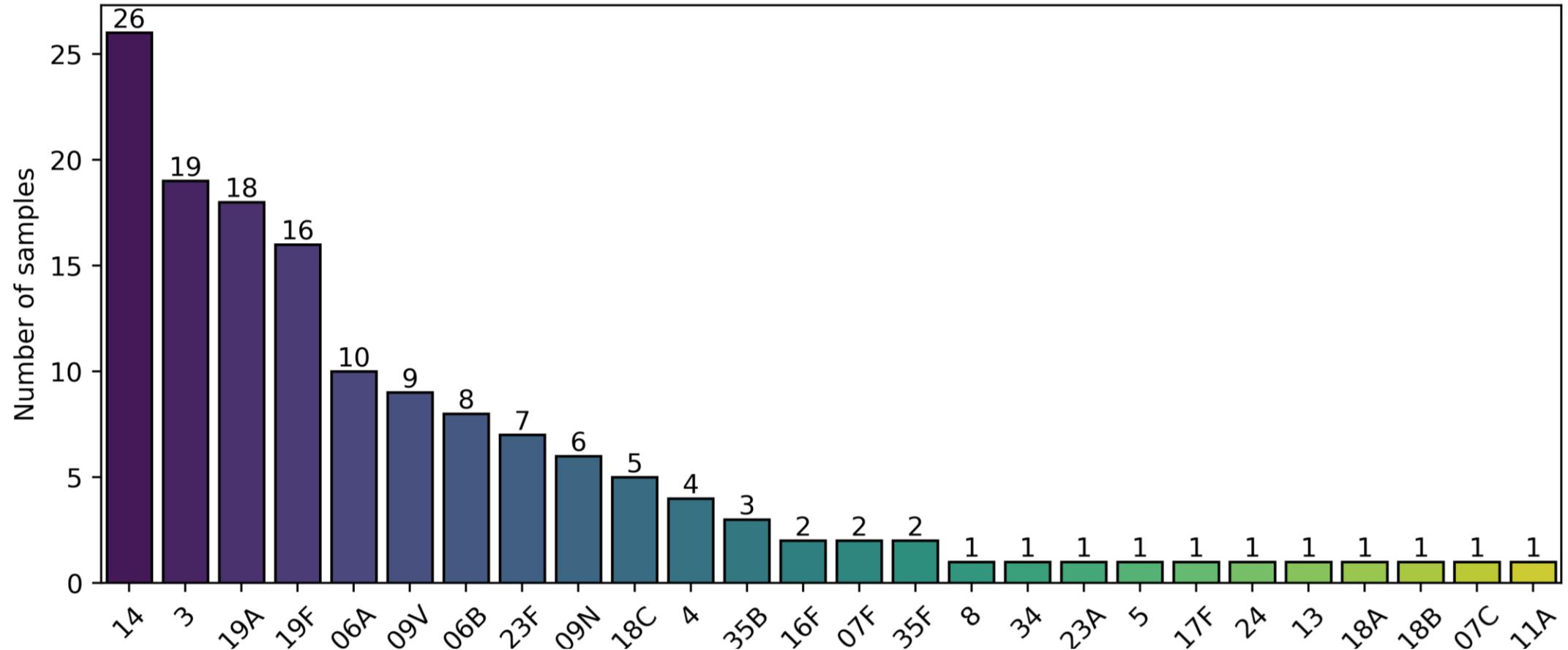
1- Distribution des sérotypes

2- Résistance aux ATB

3- Analyse phylogénétique

Distribution des sérotypes

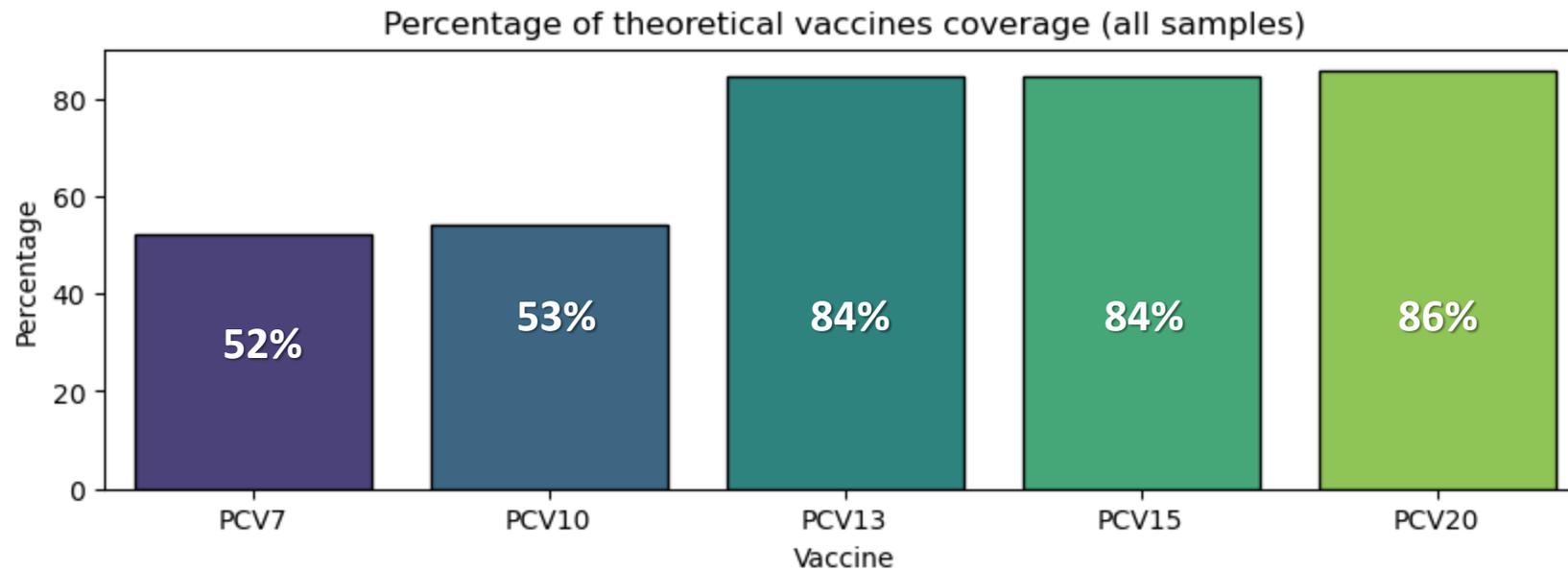
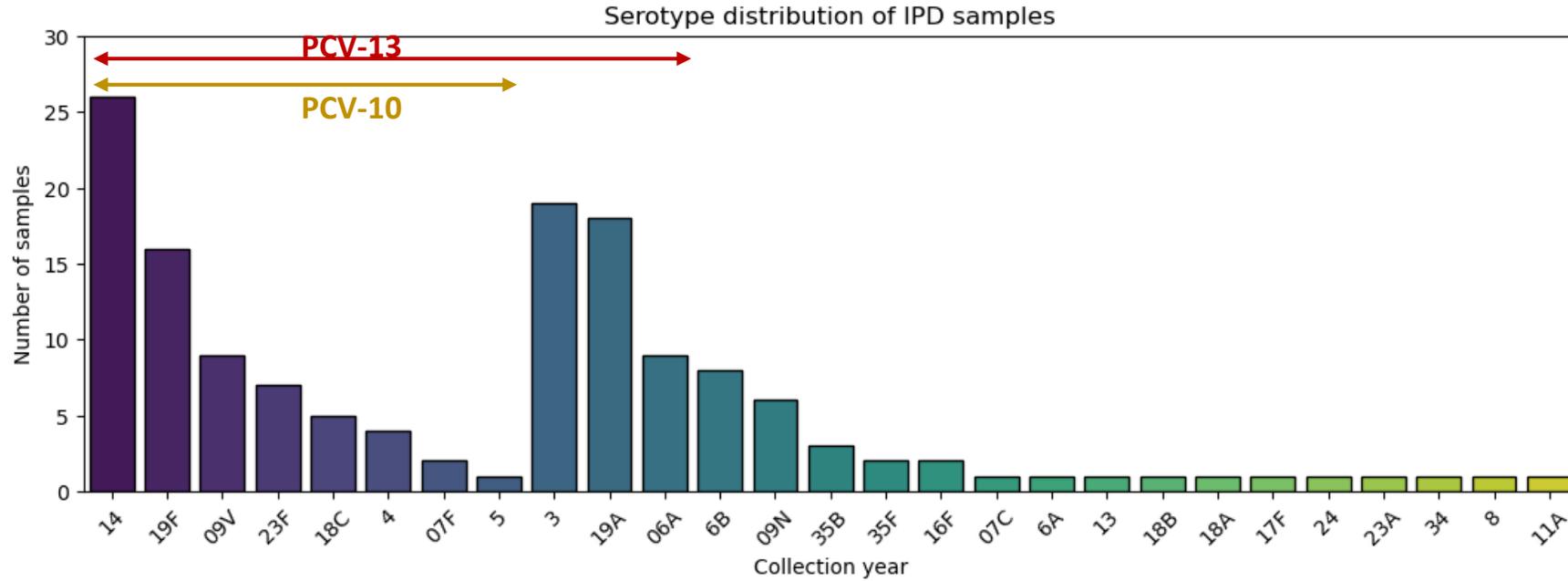
26 sérotypes



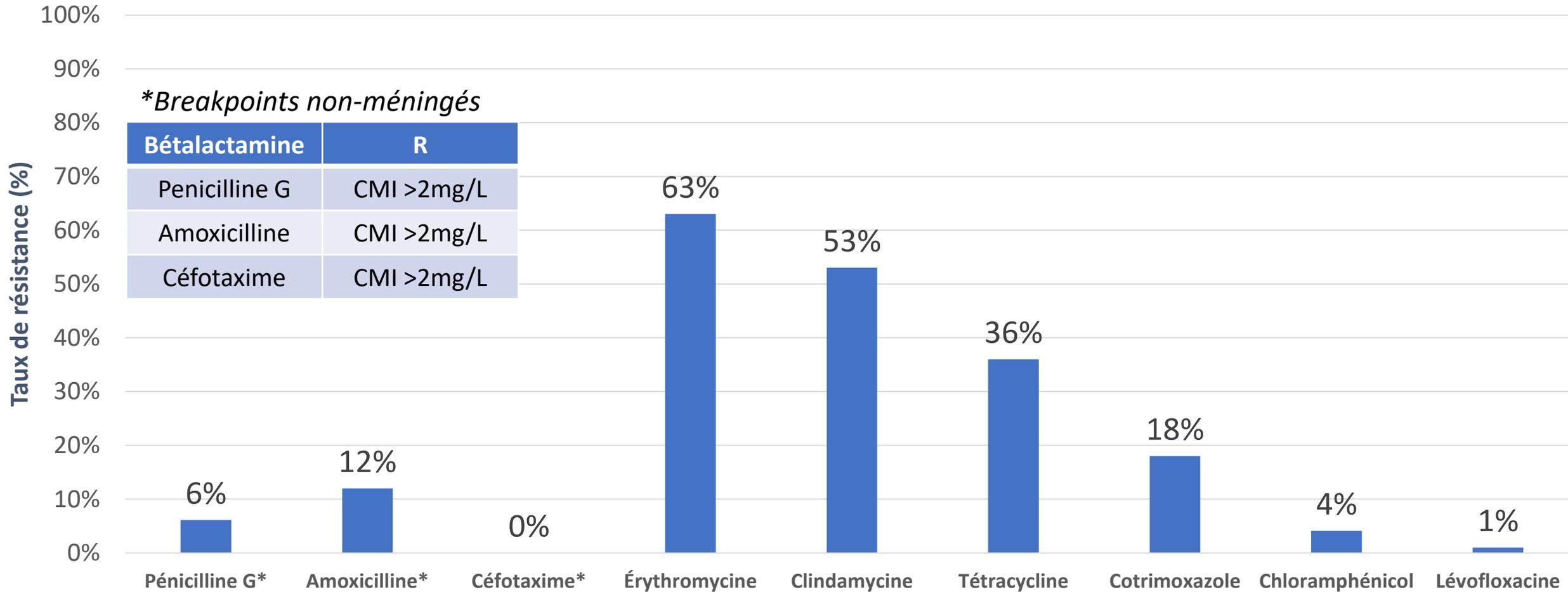
Concordance >95% avec les résultats phénotypiques

Les quelques discordances (<5%) concernent des sérotypes appartenant au même séro groupe

Couverture vaccinale



Résistance aux ATB



MDR: 47%

sérotypes les plus résistants : 23F (100 %MDR) et 19F (88%MDR)

Sérotypes les plus sensibles: 3 et 9N

Résistance aux bêta-lactamines

Détermination des PLP 1a, 2b et 2x



56 profils PLP ont été identifiés



CMI prédite



Catégorisation de la résistance (S ,SFP,R)

Pénicillines ¹	Concentrations critiques (mg/L)		
	S ≤	R >	ZIT
Pénicilline G ²	0,06	2	
Pénicilline G (méningites)	0,06	0,06	

Pénicillines ¹	Concentrations critiques (mg/L)		
	S ≤	R >	ZIT
Ampicilline ³	0,5	1	
Ampicilline (méningites) ³	0,5	0,5	
Amoxicilline iv	1	2	
Amoxicilline iv (méningites)	0,5	0,5	
Amoxicilline <i>per os</i>	0,5	1	

Céphalosporines ¹	Concentrations critiques (mg/L)		
	S ≤	R >	ZIT
Céfépime	1	2	
Céfotaxime	0,5	2	
Céfotaxime (méningites)	0,5	0,5	

Résistance aux autres familles d'ATB

	Erythromycine		Tétracycline	Cotrimoxazole		Chloarmphenicol	Fluoroquinolones
	ermB*	mefA/msrD*	tetM*	folA**	folP**	catpC194*	parC**
% dans S	0%	0%	0%	14%	39%	0%	0%
% dans SFP	-	-	100%	-	-	-	0%
% dans R	84%	17%	100%	88%	100%	100%	100%

**gène de résistance*

***mutation de résistance*

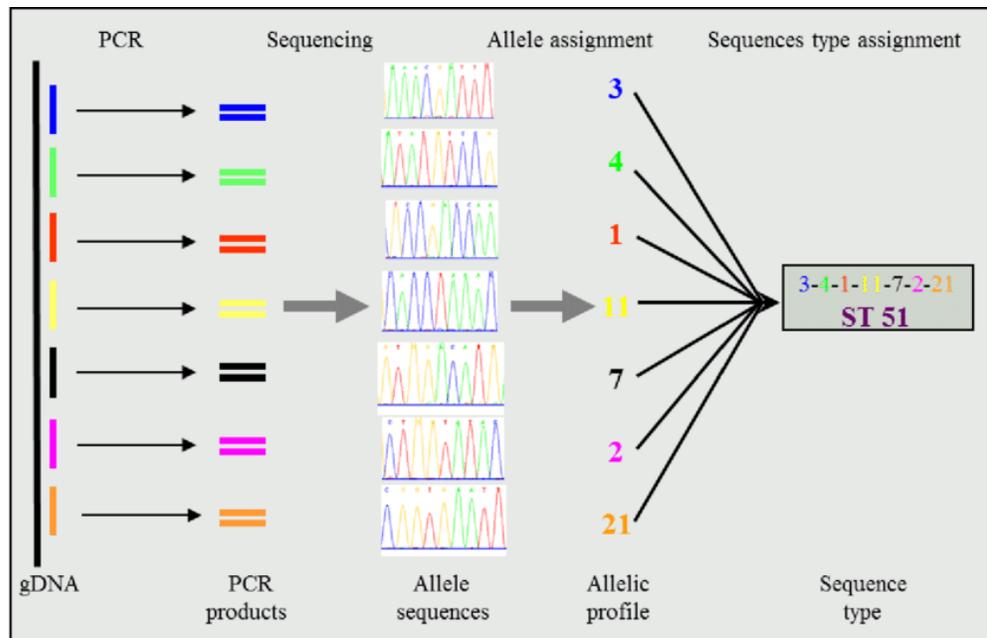
Toutes les souches ne présentant pas des mécanismes de résistances génétiques sont sensible (S ou SFP)

100% des souches résistantes présentent des mécanismes de résistances génétiques



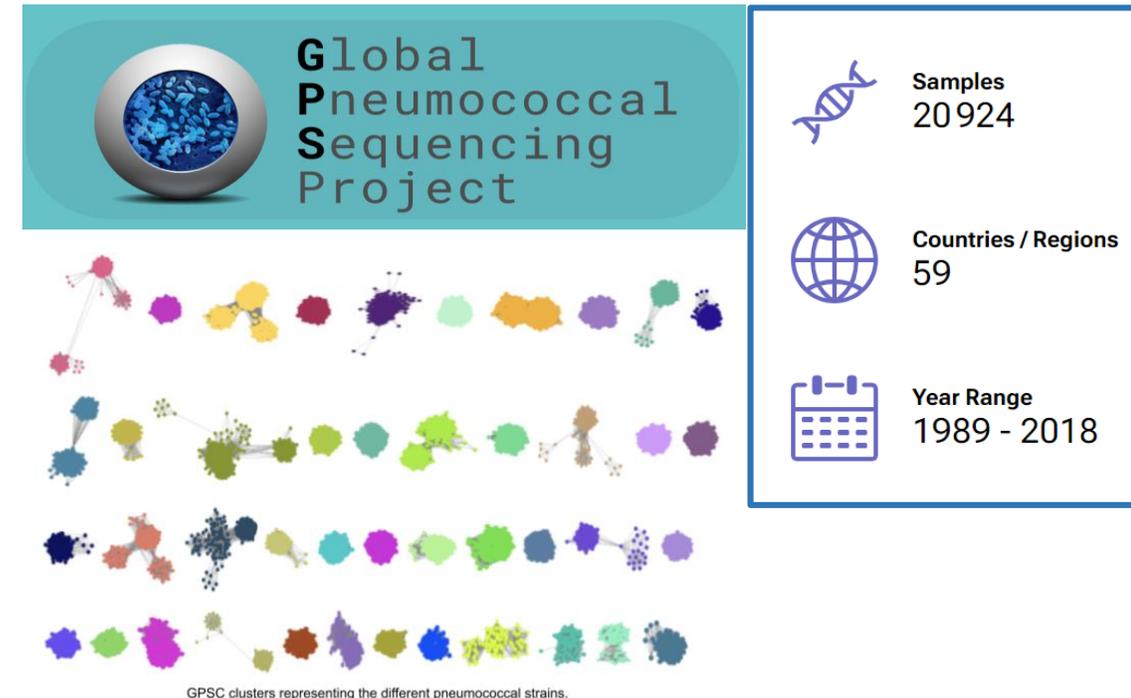
Multilocus Sequence Typing **MLST**

Classification fondée sur la comparaison de la séquence génétique de **7 gènes de ménages** conservés par rapport à une base de données permettant de définir le Sequence Type (ST)

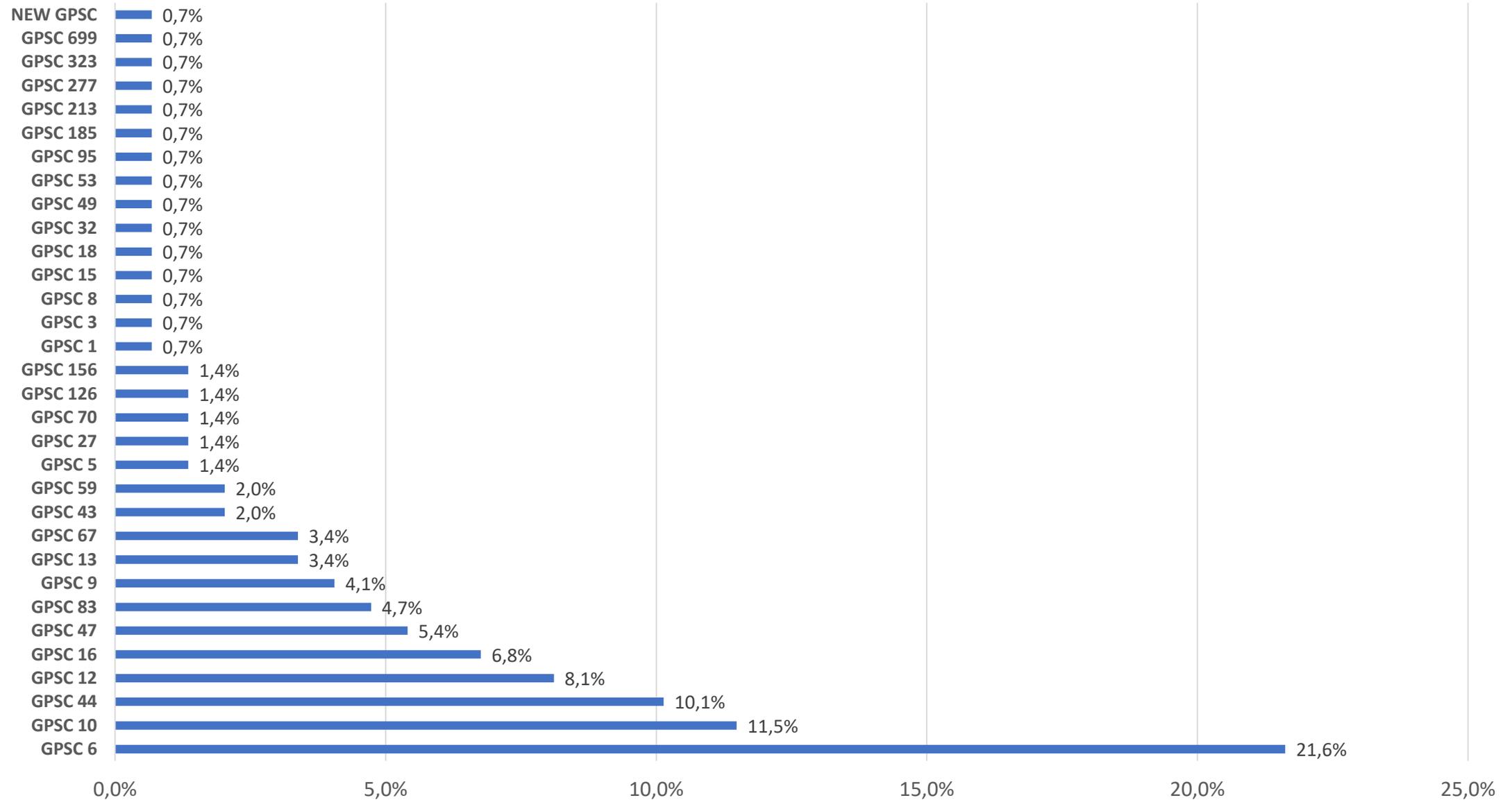


Global Pneumococcal Sequence Cluster **GPSC**

Classification fondée sur le regroupement des souches qui présente une proximité génétique en se basant sur le **WGS**

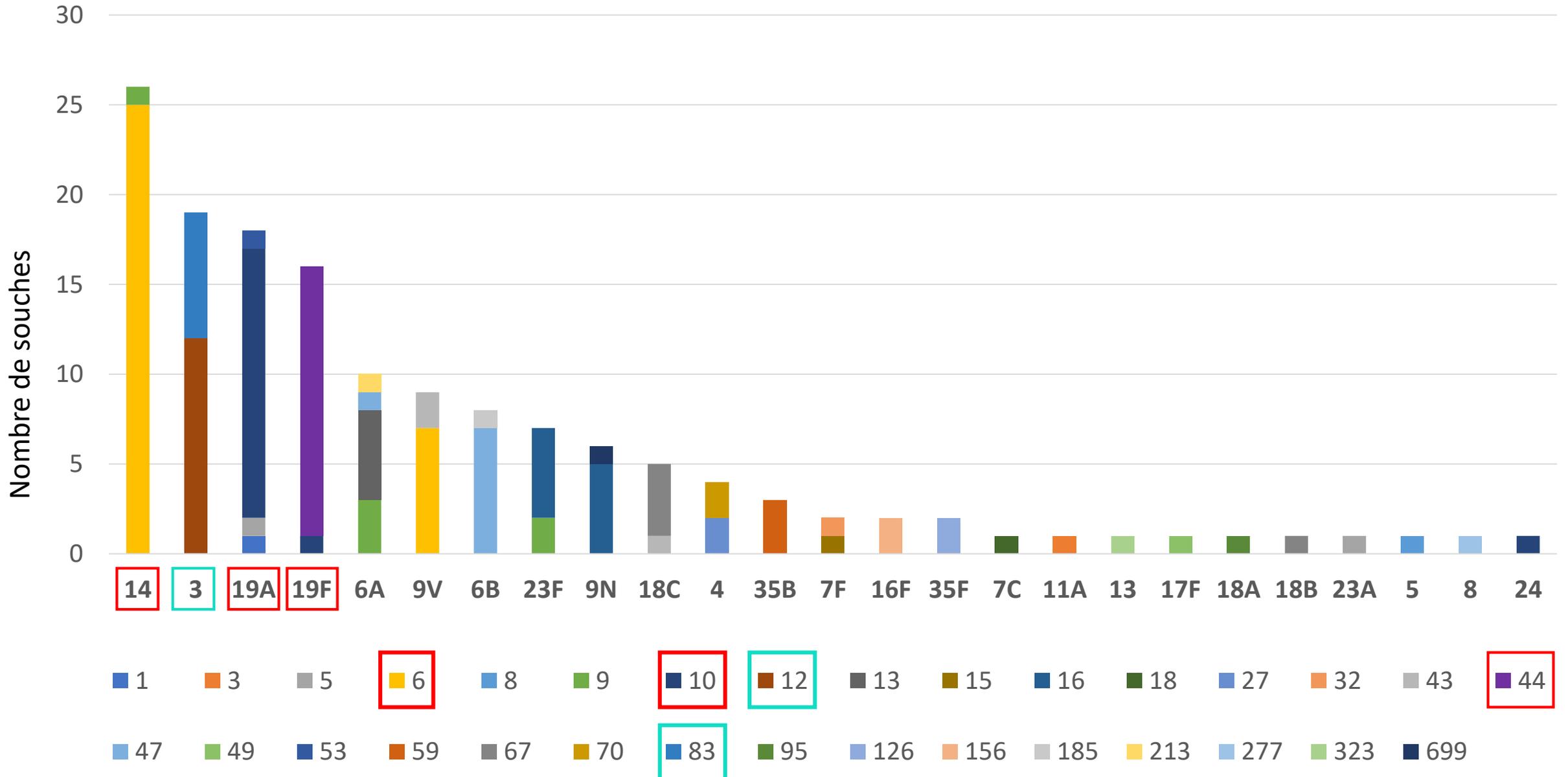


GPSC



Répartition des GPSC des souches invasives de *S.pneumoniae* (n=148)

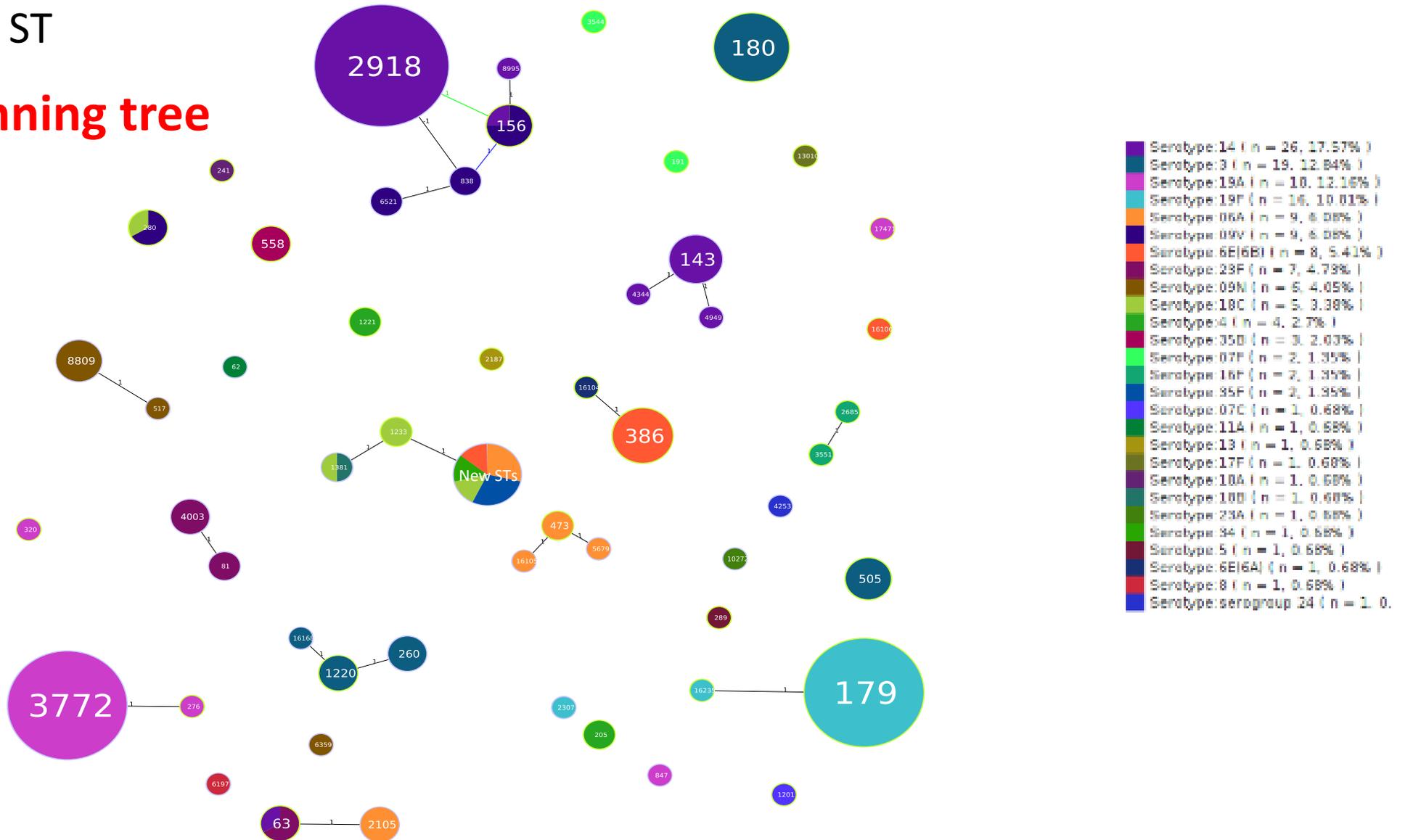
GPSC

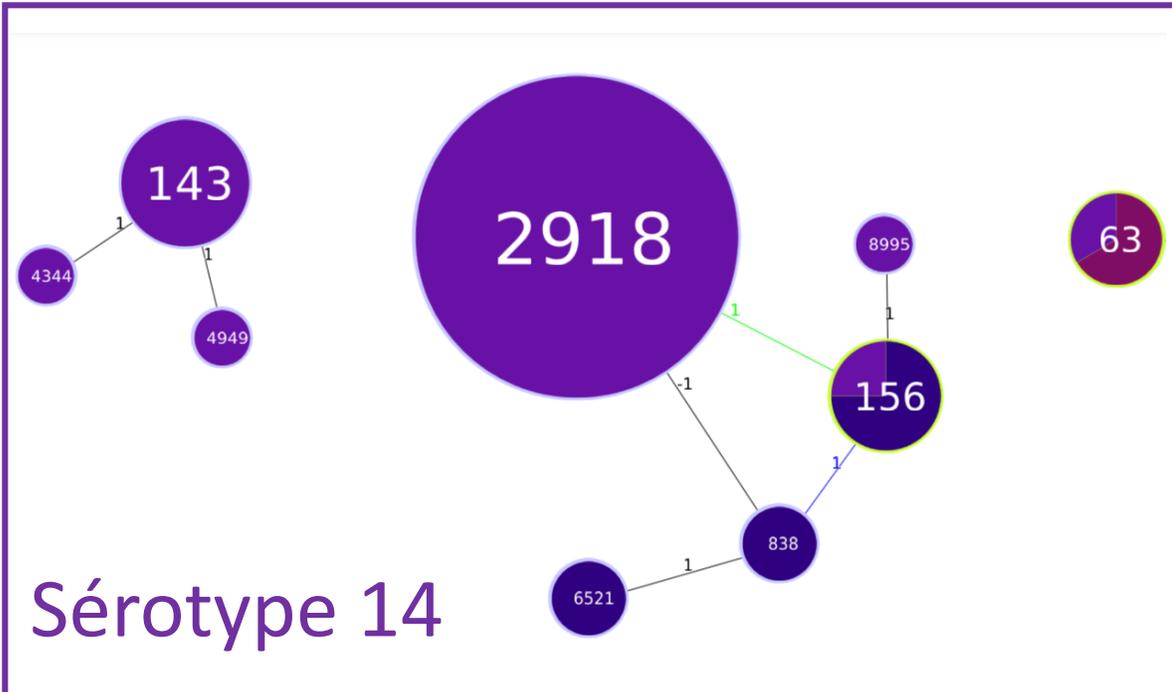


Sequence Type (ST)

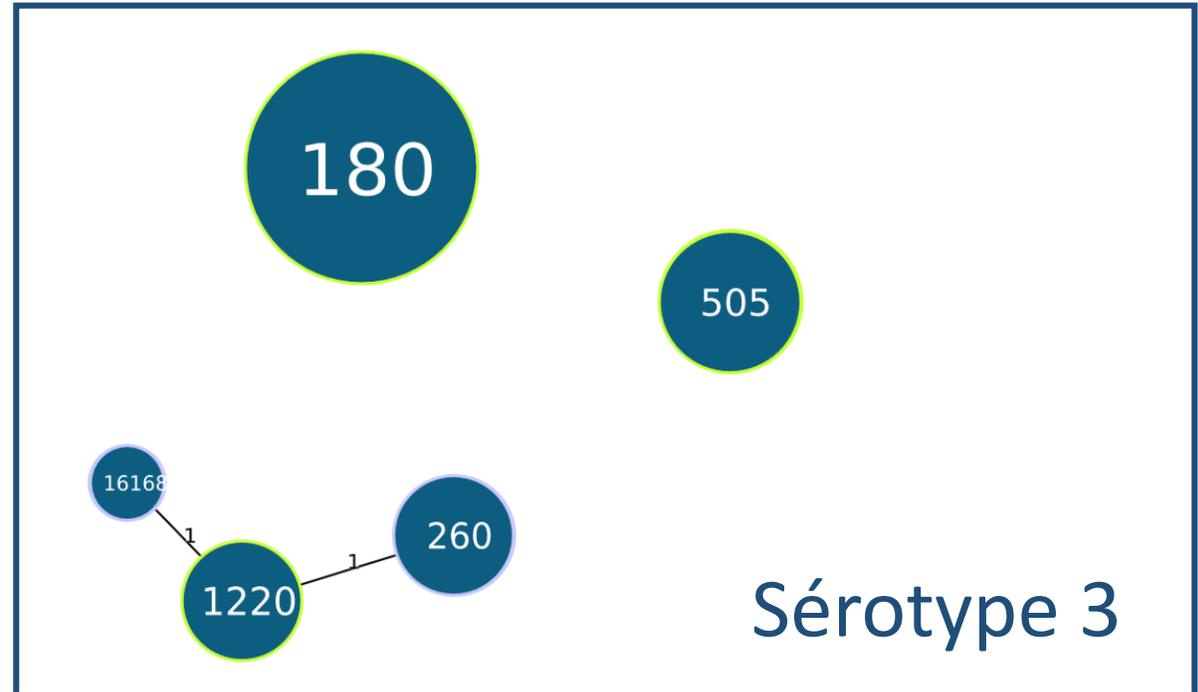
59 différents ST

Minimum spanning tree

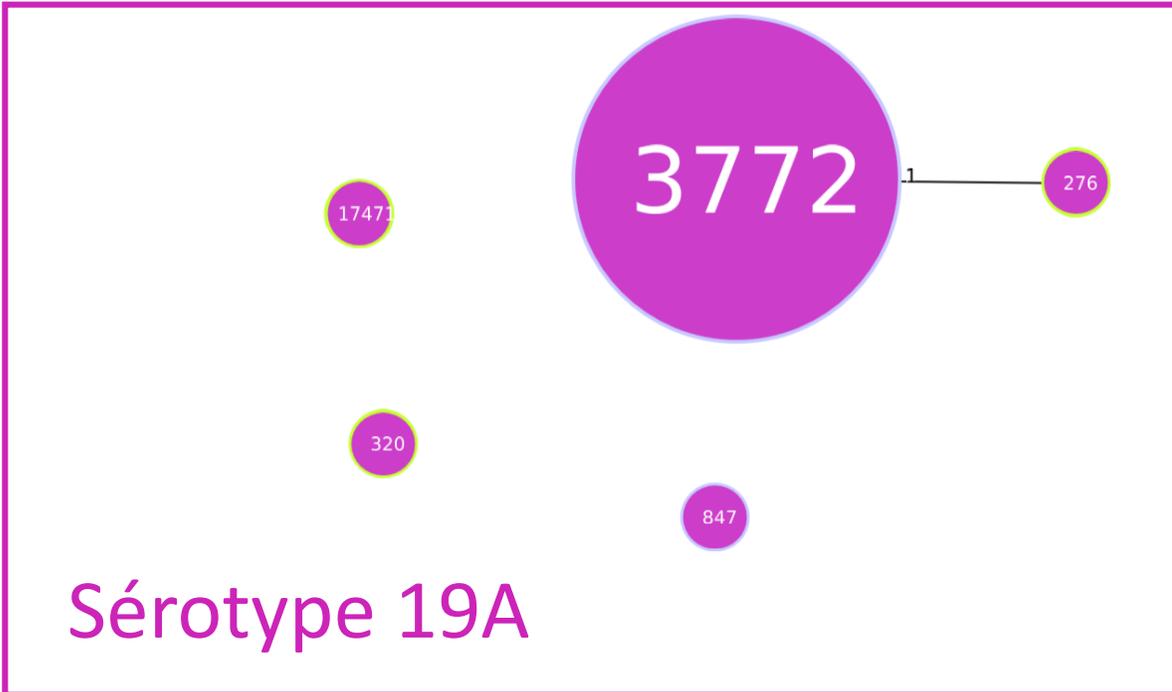




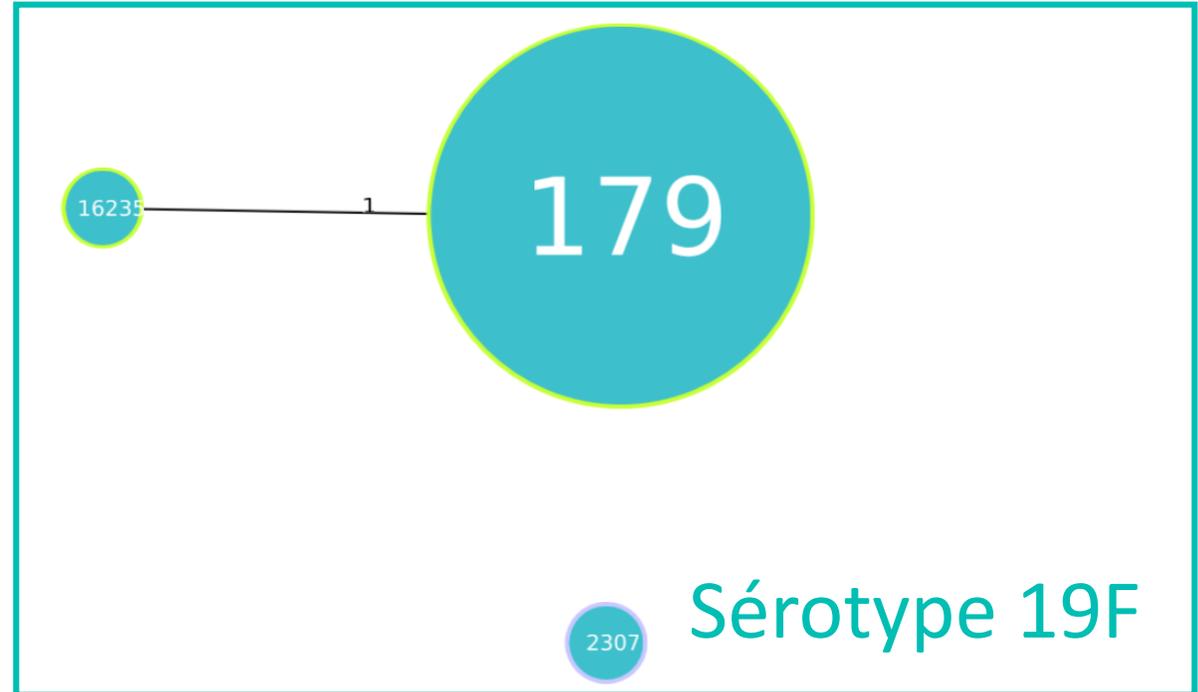
Sérotype 14



Sérotype 3



Sérotype 19A



Sérotype 19F

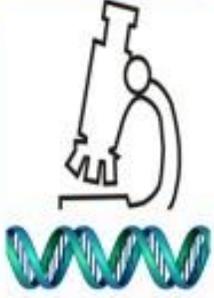
Conclusion

- Hétérogénéité **sérotypique** des souches invasives de pneumocoque avec prédominance des sérotypes 14, 3, 19A et 19F.
- Un taux alarmant de **résistance aux antibiotiques** a été observé, avec une concordance satisfaisante entre les méthodes classiques et les prédictions *in silico*.
- Grande **diversité génétique** des souches invasives de *S.pneumoniae* révélée par l'étude génomique approfondie.

Le WGS représente un outil intéressant pour la surveillance des souches invasives de *S. pneumoniae*.

MERCI POUR VOTRE ATTENTION

LABORATOIRE DE RECHERCHE
MICROORGANISMES & PATHOLOGIE HUMAINE

MPH 

**كلية
الطب
بصفاقس**

