



Surveillance des souches de *Staphylococcus aureus* résistantes à la méthicilline isolées des bactériémies dans la province de Québec

**RAPPORT 2011-2012**

INSTITUT NATIONAL  
DE SANTÉ PUBLIQUE  
DU QUÉBEC

Québec 



Rapport annuel

# Surveillance des souches de *Staphylococcus aureus* résistantes à la méthicilline isolées des bactériémies dans la province de Québec

**RAPPORT 2011-2012**

Laboratoire de santé publique du Québec

Novembre 2012

## **AUTEUR**

Simon Lévesque, microbiologiste  
Laboratoire de santé publique du Québec  
Institut national de santé publique du Québec

## **COLLABORATRICES**

Cécile L. Tremblay, M.D., directrice scientifique  
Laboratoire de santé publique du Québec  
Institut national de santé publique du Québec

Danielle Moisan, M.D., présidente du Comité de surveillance provinciale des infections nosocomiales-*Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SPIN-SARM)  
Institut national de santé publique du Québec

Lise-Andrée Galarneau, M.D., présidente du Comité sur les infections nosocomiales du Québec (CINQ)  
Institut national de santé publique du Québec

## **MISE EN PAGES**

Guylaine Meloche  
Laboratoire de santé publique du Québec  
Institut national de santé publique du Québec

## **REMERCIEMENTS**

Nos remerciements s'adressent à l'ensemble du personnel des laboratoires de microbiologie pour l'envoi des souches au Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) de l'Institut national de santé publique du Québec. Nous remercions également les équipes de prévention des infections pour les informations du questionnaire d'enquête épidémiologique.

Au LSPQ, nous remercions les équipes de travail des secteurs Identification bactérienne, Identification bactérienne - biologie moléculaire et Marqueurs épidémiologiques pour leur travail technique, ainsi que l'équipe ayant travaillé à la fabrication des milieux de culture nécessaires aux analyses d'identification et de sensibilité aux antibiotiques.

*Ce document est disponible intégralement en format électronique (PDF) sur le site Web de l'Institut national de santé publique du Québec au : <http://www.inspq.qc.ca>.*

*Les reproductions à des fins d'étude privée ou de recherche sont autorisées en vertu de l'article 29 de la Loi sur le droit d'auteur. Toute autre utilisation doit faire l'objet d'une autorisation du gouvernement du Québec qui détient les droits exclusifs de propriété intellectuelle sur ce document. Cette autorisation peut être obtenue en formulant une demande au guichet central du Service de la gestion des droits d'auteur des Publications du Québec à l'aide d'un formulaire en ligne accessible à l'adresse suivante : <http://www.droitauteur.gouv.qc.ca/autorisation.php>, ou en écrivant un courriel à : [droit.auteur@cspq.gouv.qc.ca](mailto:droit.auteur@cspq.gouv.qc.ca).*

*Les données contenues dans le document peuvent être citées, à condition d'en mentionner la source.*

DÉPÔT LÉGAL – 1<sup>er</sup> TRIMESTRE 2013  
BIBLIOTHÈQUE ET ARCHIVES NATIONALES DU QUÉBEC  
BIBLIOTHÈQUE ET ARCHIVES CANADA  
ISSN : 2291-2304 (PDF)  
ISBN : 978-2-550-66944-9 (PDF)

©Gouvernement du Québec (2013)

## TABLE DES MATIÈRES

<b>LISTE DES TABLEAUX .....</b>	<b>III</b>
<b>LISTE DES FIGURES .....</b>	<b>V</b>
<b>INTRODUCTION.....</b>	<b>1</b>
<b>1 OBJECTIFS.....</b>	<b>3</b>
<b>2 MÉTHODES.....</b>	<b>5</b>
2.1 Définition des cas.....	5
2.2 Information clinique sur les bactériémies à SARM.....	5
2.3 Souches d'hémocultures .....	5
2.4 Analyses de laboratoire.....	5
2.4.1 Confirmation de l'identification et de la résistance à la méthicilline .....	5
2.4.2 Détection des exotoxines .....	5
2.4.3 Sensibilité aux antibiotiques .....	6
2.4.4 Caractérisation moléculaire .....	6
<b>3 RÉSULTATS .....</b>	<b>7</b>
<b>4 DISCUSSION.....</b>	<b>17</b>
<b>CONCLUSION .....</b>	<b>21</b>
<b>RÉFÉRENCES.....</b>	<b>23</b>
<b>ANNEXE 1 FORMULAIRE D'INVESTIGATION POUR LES BACTÉRIÉMIES À SARM.....</b>	<b>29</b>
<b>ANNEXE 2 RÉPARTITION DES SOUCHES SELON LA RÉGION SOCIO-SANITAIRE (RSS) DU CENTRE HOSPITALIER ET LA RSS DE RÉSIDENCE DU PATIENT .....</b>	<b>33</b>
<b>ANNEXE 3 DISTRIBUTION DES CMI POUR CHAQUE ANTIBIOTIQUE POUR LES DEUX ANNÉES DE SURVEILLANCE .....</b>	<b>37</b>



## LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1	Distribution des foyers primaires présumés des bactériémies selon la catégorie de l'origine de l'infection .....	9
Tableau 2	Facteurs de risque connus des patients répondant à la catégorie 3a (bactériémie d'origine communautaire; n = 31) .....	11
Tableau 3	Sensibilité aux antibiotiques des souches de SARM (n = 265).....	12
Tableau 4	Sensibilité à l'érythromycine et à la clindamycine (constitutive ou inductible) des souches de SARM .....	13
Tableau 5	Distribution des types épidémiques selon la catégorie de l'origine présumée de l'infection .....	14
Tableau 6	Comparaison des souches de la catégorie 3a (infection d'origine communautaire) et des souches des autres catégories .....	14
Tableau 7	Utilisation de la sensibilité à la clindamycine comme critère de prédiction d'un SARM-AC .....	15
Tableau 8	Répartition des souches selon la région sociosanitaire (RSS) du centre hospitalier et la RSS de résidence du patient.....	35



## LISTE DES FIGURES

Figure 1	Répartition des souches selon l'âge et le sexe des patients (n = 265) .....	7
Figure 2	Répartition des souches selon la région sociosanitaire du centre hospitalier et du patient (n = 265) .....	8
Figure 3	Distribution des foyers primaires de l'infection à l'origine des bactériémies à SARM de toutes catégories (n = 265) .....	10
Figure 4	Acide fusidique .....	39
Figure 5	Clindamycine .....	39
Figure 6	Daptomycine .....	40
Figure 7	Doxycycline .....	40
Figure 8	Érythromycine .....	41
Figure 9	Gentamicine .....	41
Figure 10	Lévoﬂoxacine .....	42
Figure 11	Linézolide .....	42
Figure 12	Oxacilline .....	43
Figure 13	Rifampicine .....	43
Figure 14	Tigécycline .....	44
Figure 15	Triméthoprime-Sulfaméthoxazole .....	44
Figure 16	Vancomycine .....	45



## INTRODUCTION

Le *Staphylococcus aureus* résistant à la méthicilline (SARM) a été décrit pour la première fois en 1961<sup>(1;2)</sup>. Il est maintenant devenu un pathogène nosocomial important à travers le monde<sup>(3)</sup>. Depuis le milieu des années 1990, un nouveau phénomène est apparu : la propagation de souches de *S. aureus* résistantes à la méthicilline acquises en communauté (SARM-AC)<sup>(4)</sup>. L'émergence d'infections causées par des souches de SARM-AC représente maintenant une préoccupation importante en santé publique<sup>(5;6)</sup>.

L'infection à SARM-AC est un phénomène observé dans plusieurs communautés rurales et urbaines aux États-Unis et dans les communautés nordiques, autochtones et dans les milieux carcéraux au Canada. La transmission a également été observée dans des familles, des écoles, des prisons et des équipes sportives. Des éclosions ont aussi été signalées dans la communauté homosexuelle et chez les utilisateurs de drogue intra-veineuse<sup>(7-10)</sup>. Le SARM-AC infecte davantage les enfants et les jeunes adultes et peut être plus virulent à cause de la production d'une toxine supplémentaire (*Panton-Valentine leukocidin toxin* ou toxine PVL)<sup>(11)</sup>. Il est principalement responsable d'infections de la peau et des tissus mous, mais a été associé plus rarement à des infections invasives telles arthrite septique, bactériémie, choc toxique, fasciite nécrosante et pneumonie nécrosante<sup>(5;12;13)</sup>.

L'épidémiologie clinique et moléculaire de l'infection à SARM-AC diffère de celle de l'infection à SARM d'origine nosocomiale (SARM-N), ce que traduit le profil génétique des bactéries<sup>(14)</sup>. La cassette chromosomique staphylococcique (CCS) contient le gène *mecA* codant pour la résistance aux bêta-lactamines, ainsi que des déterminants de la résistance à d'autres antibiotiques<sup>(15)</sup>. Les souches de SARM-N sont en général clonales et multirésistantes et elles sont associées aux soins de santé. Les souches de SARM-AC possèdent généralement une CCS de type IV et sont davantage polyclonales et paucirésistantes.

Le SARM-AC a été isolé au Québec, mais son épidémiologie n'a pas été systématiquement étudiée. Le degré de transmission des souches de SARM-N et de SARM-AC entre la communauté et les établissements de soins de santé ainsi qu'à l'intérieur des établissements de soins de santé n'est pas connu.

Le Comité sur les infections nosocomiales du Québec (CINQ) a initié un programme obligatoire de surveillance des bactériémies à *S. aureus* en 2006. L'analyse des résultats de cette surveillance suggère qu'une proportion significative des bactériémies à SARM serait d'origine non nosocomiale et répondrait à la définition de SARM-AC selon les critères des Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Le Comité a jugé important d'étudier le profil des souches de SARM isolées des hémocultures au Québec. Le Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) a été mandaté par le ministère de la Santé et des Services sociaux (MSSS) pour réaliser cette étude. Le but de cette surveillance de laboratoire des souches était d'étudier l'épidémiologie clinique et moléculaire ainsi que les facteurs de virulence des souches de SARM isolées d'hémocultures au Québec. Trois thèmes distincts, mais complémentaires ont été étudiés, soit : (i) la mesure de la prévalence et de l'incidence de toutes les bactériémies à SARM diagnostiquées, qu'elles soient nosocomiales ou communautaires, (ii) la caractérisation moléculaire des souches afin d'identifier certains

gènes de virulence et de déterminer le profil génétique des souches en circulation, et (iii) la détermination du profil de sensibilité aux antibiotiques.

Une première année de surveillance laboratoire des souches a été effectuée en 2009-2010<sup>(16)</sup>. Ce rapport présente des données de la deuxième année de surveillance des souches de SARM, soit 2011-2012.

## 1 OBJECTIFS

Les objectifs spécifiques étaient de :

1. Déterminer l'incidence et la prévalence des bactériémies à SARM au Québec.
2. Préciser l'origine nosocomiale ou communautaire des SARM.
3. Identifier les géotypes des souches afin de :
  - a. établir le portrait régional de base des différentes souches en circulation;
  - b. estimer l'importance et le type épidémique des souches SARM-AC connues.
4. Détecter la présence du gène PVL, un marqueur de virulence des souches de SARM-AC.
5. Établir les liens entre les données de biologie moléculaire et les données épidémiologiques.
6. Déterminer le profil de sensibilité des souches de SARM et établir les corrélations avec les profils génétiques observés.
7. Évaluer l'importance des SARM-AC comme cause de bactériémies tant communautaires que nosocomiales et les facteurs de risque associés.



## **2 MÉTHODES**

### **2.1 DÉFINITION DES CAS**

Un cas de bactériémie à SARM-AC est défini comme survenu dans la communauté si le diagnostic est établi dans les 48 heures suivant l'admission à l'hôpital et si le patient ne présente aucun des critères suivants : antécédents de dialyse, de pose d'un instrument percutané ou d'un cathéter à demeure, de chirurgie, d'hospitalisation, de séjour dans un établissement de soins de longue durée ou de culture positive pour SARM au cours de l'année (12 mois) précédant l'apparition de la maladie. Les critères utilisés sont les mêmes que ceux utilisés dans le cadre du programme de surveillance provinciale des infections nosocomiales (SPIN).

### **2.2 INFORMATION CLINIQUE SUR LES BACTÉRIÉMIES À SARM**

Le comité de surveillance provinciale sur les bactériémies à SARM a développé un formulaire d'investigation spécifique pour les bactériémies à SARM incluant les bactériémies nosocomiales et communautaires. Ce questionnaire (annexe 1) permet de recueillir l'information sur :

- l'origine d'acquisition présumée du SARM responsable de la bactériémie;
- le foyer primaire de l'infection à l'origine de la bactériémie;
- les facteurs de risque associés aux infections à SARM-AC.

### **2.3 SOUCHES D'HÉMOCULTURES**

Les laboratoires hospitaliers devaient acheminer au LSPQ toutes les souches de SARM isolées à partir d'hémocultures (une souche par patient par intervalle de 28 jours) durant les périodes 1 à 13 de 2011-2012. Les isolats ont été expédiés au LSPQ, accompagnés des questionnaires d'enquête dûment complétés pour chaque patient. Le questionnaire demandait les renseignements démographiques, cliniques et épidémiologiques de base nécessaires pour établir les liens entre les résultats de la caractérisation des souches et les données de surveillance cliniques conventionnelles. Dans la plupart des établissements, les infirmières en prévention des infections ont complété les questionnaires.

### **2.4 ANALYSES DE LABORATOIRE**

#### **2.4.1 Confirmation de l'identification et de la résistance à la méthicilline**

La détection des gènes *nuc* et *mecA* a été effectuée par PCR selon la procédure en vigueur au LSPQ<sup>(17)</sup>.

#### **2.4.2 Détection des exotoxines**

La détection du gène PVL a été effectuée par PCR selon la procédure en vigueur au LSPQ<sup>(18)</sup>.

### 2.4.3 Sensibilité aux antibiotiques

Les concentrations minimales inhibitrices (CMI) ont été déterminées par une méthode de microdilution en bouillon selon les lignes directrices du Clinical Laboratory Standards Institute (CLSI)<sup>(19-21)</sup>. La résistance induite à la clindamycine a été vérifiée par la méthode phénotypique du D-test. Les antibiotiques suivants ont été étudiés à des concentrations de 0,06 à 64 mg/L (sauf rifampicine : 0,016 à 16 mg/L) :

- |                                   |                   |
|-----------------------------------|-------------------|
| 1. Oxacilline                     | 7. Lévofoxacine   |
| 2. Vancomycine                    | 8. Linézolide     |
| 3. Acide fusidique                | 9. Daptomycine    |
| 4. Gentamicine                    | 10. Doxycycline   |
| 5. Triméthoprime-sulfaméthoxazole | 11. Clindamycine  |
| 6. Rifampicine                    | 12. Érythromycine |

La concentration minimale inhibitrice (CMI) pour la tigécycline a été déterminée par une méthode de dilution en gradient continu (E-test) selon les recommandations du fabricant<sup>(22)</sup>. La résistance de haut niveau à la mupirocine a été déterminée par diffusion en disque selon les procédures du CLSI.

### 2.4.4 Caractérisation moléculaire

La détermination du type épidémique des souches a été effectuée par typage du gène *spa*<sup>(23)</sup>. Les génotypes obtenus ont été associés à leur type épidémique correspondant selon la procédure du Laboratoire national de microbiologie (LNM)<sup>(24)</sup>.

### 3 RÉSULTATS

Du 1<sup>er</sup> avril 2011 au 31 mars 2012, 265 souches de *Staphylococcus aureus* résistantes à la méthicilline isolées de bactériémies ont été reçues au LSPQ. Toutes les souches possédaient les gènes *nuc* et *mecA*. La figure 1 représente la répartition des souches selon l'âge et le sexe des patients. Pour l'ensemble des patients, l'âge moyen était de 68 ans (médiane de 71 ans; écart de 1 à 103 ans). La majorité des souches (73,6 %) a été isolée de patients de plus de 60 ans. Le ratio homme/femme pour l'ensemble des souches était d'environ 2/1. La figure 2 représente la répartition des souches selon la région sociosanitaire du centre hospitalier et du patient. Plus de la moitié des souches (57,4 %) a été isolée dans les laboratoires de la région 06, suivi de la région 16 (12,1 %) et de la région 12 (9,1 %).

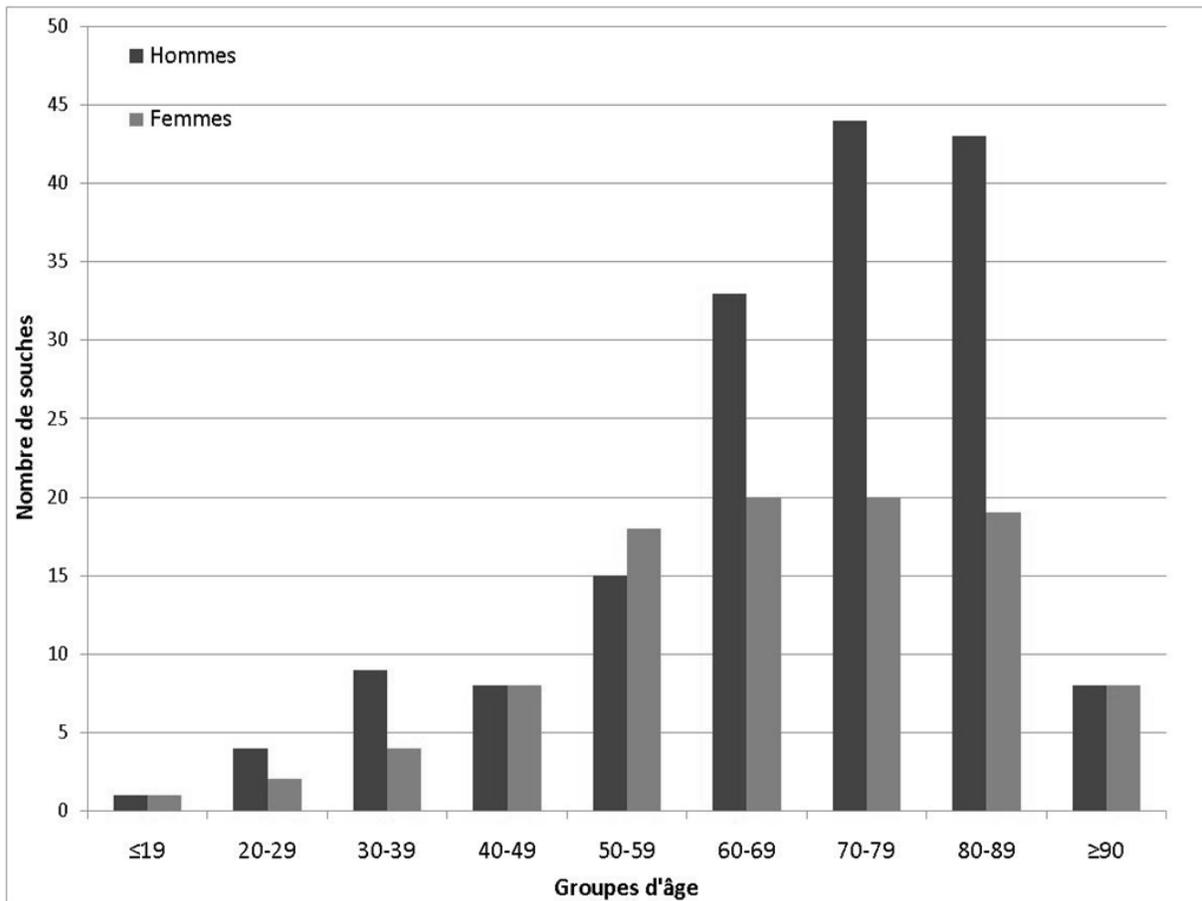
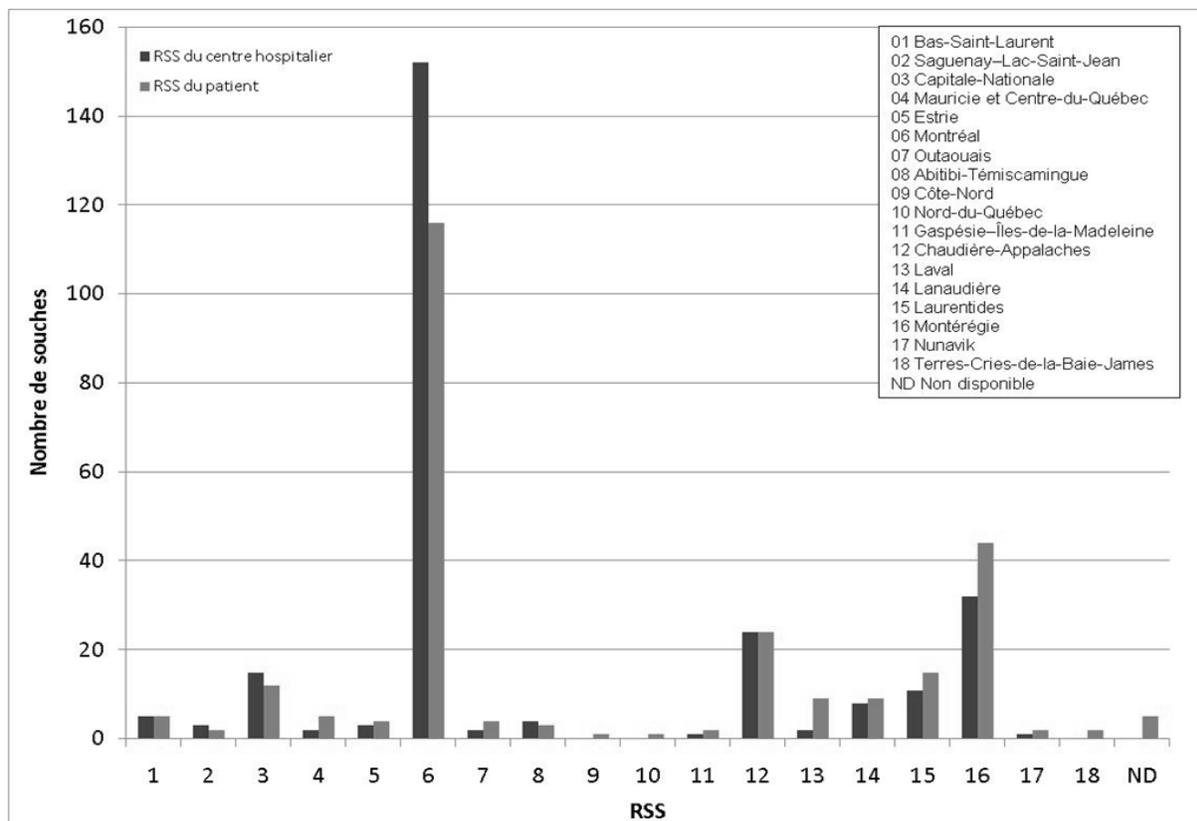


Figure 1 Répartition des souches selon l'âge et le sexe des patients (n = 265)



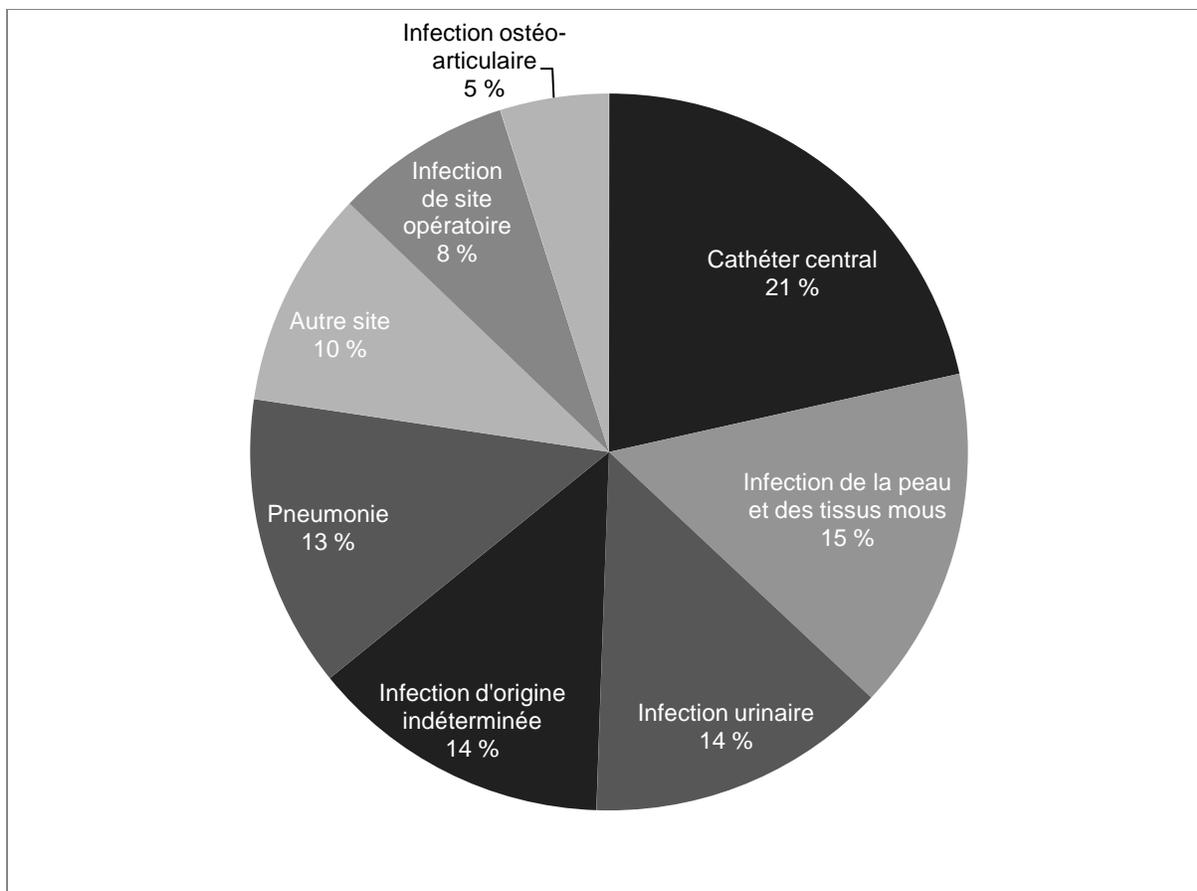
**Figure 2 Répartition des souches selon la région sociosanitaire du centre hospitalier et du patient (n = 265)**

**Tableau 1 Distribution des foyers primaires présumés des bactériémies selon la catégorie de l'origine de l'infection**

Foyer primaire	Catégories <sup>a</sup>							Total
	1	2a	2b	3a	3b	3c	4	
Cathéter central	35	4	18	0	0	0	0	<b>57</b> <b>(21,5 %)</b>
Pneumonie	14	4	1	8	7	1	0	<b>35</b> <b>(13,2 %)</b>
Peau et tissus mous	15	5	2	8	7	3	1	<b>41</b> <b>(15,5 %)</b>
Infection de site opératoire	19	3	0	0	0	0	0	<b>22</b> <b>(8,3 %)</b>
Infection urinaire	13	7	3	5	7	0	1	<b>36</b> <b>(13,6 %)</b>
Infection ostéo-articulaire	4	1	1	2	3	2	0	<b>13</b> <b>(4,9 %)</b>
Foyer indéterminé	12	8	1	4	6	1	3	<b>35</b> <b>(13,2 %)</b>
Autre	11	2	2	4	5	2	0	<b>26</b> <b>(9,8 %)</b>
<b>Total</b>	<b>123</b> <b>(46,4 %)</b>	<b>34</b> <b>(12,8 %)</b>	<b>28</b> <b>(10,6 %)</b>	<b>31</b> <b>(11,7 %)</b>	<b>35</b> <b>(13,2 %)</b>	<b>9</b> <b>(3,4 %)</b>	<b>5</b> <b>(1,9 %)</b>	<b>265</b>

<sup>a</sup> Pour le détail des catégories, se référer à l'annexe 1.

Le tableau 1 résume la distribution des foyers primaires présumés de l'infection qui seraient à l'origine de la bactériémie selon la catégorie à l'origine de l'infection. Pour toutes les catégories confondues, la distribution est relativement égale entre les foyers d'infection, sauf pour les cathéters centraux qui sont légèrement plus fréquents (figure 3). Selon les informations contenues dans le formulaire d'investigation fourni avec chaque souche, 46,4 % des souches ont été catégorisées 1 (bactériémie d'origine nosocomiale), alors que 11,7 % des souches ont été catégorisées 3a (bactériémie d'origine communautaire). Globalement, 69,8 % des souches étaient d'origine nosocomiale (catégories 1 et 2) et 28,3 % d'origine non nosocomiale (catégorie 3). Pour les souches de la catégorie 3a, les infections de la peau et des tissus mous et les pneumonies ont été identifiés comme principal foyer primaire d'infection (25,8 % chacun) suivi par les infections urinaires (16,1 %).



**Figure 3** Distribution des foyers primaires de l'infection à l'origine des bactériémies à SARM de toutes catégories (n = 265)

Le tableau 2 présente les différents facteurs de risque des patients appartenant à la catégorie 3a. Parmi les patients de cette catégorie, 19,4 % étaient des utilisateurs de drogues injectables (IV). Il est cependant à noter que les renseignements n'étaient pas disponibles pour plusieurs patients.

**Tableau 2 Facteurs de risque connus des patients répondant à la catégorie 3a  
(bactériémie d'origine communautaire; n = 31)**

Facteurs de risque <sup>a</sup>	Oui	Non	Inconnu
Contact avec une personne connue porteuse de SARM-AC	2	11	18
Contact dans un milieu lors d'une éclosion de SARM-AC	1	16	14
Enfant de moins de 2 ans	0	30	1
Appartenance à une minorité (autochtone)	1	28	2
Usager de drogue injectable	6	19	6
Homme ayant des relations sexuelles avec un autre homme	1	14	16
Personnel militaire	0	24	7
Prisonnier	0	25	6
Vétérinaire	0	24	7

<sup>a</sup> Catégories non mutuellement exclusives.

Le tableau 3 présente les résultats des études de sensibilité aux antibiotiques des 265 souches. Tel qu'attendu, 100 % des souches étaient résistantes à l'oxacilline. Un pourcentage de résistance très élevé a été observé pour l'érythromycine (98,9 %), la lévofloxacine (97,8 %), et la clindamycine (86,8 %). Un faible pourcentage de résistance a été observé pour l'acide fusidique (6 %), la gentamicine (1,1 %), la rifampicine (1,1 %) et la daptomycine (0,8 %). Toutes les souches étaient sensibles à la doxycycline, au linézolide, à la tigécycline, au TMP-SMX et à la vancomycine. Finalement, aucune des souches analysées ne présentait de la résistance de haut niveau à la mupirocine. La distribution des CMI pour chaque antibiotique est présentée à l'annexe 3.

**Tableau 3 Sensibilité aux antibiotiques des souches de SARM (n = 265)**

Antibiotiques	Écart (mg/L)	CMI 50 (mg/L)	CMI 90 (mg/L)	% résistance
Acide fusidique <sup>a</sup>	≤ 0,06 - > 64	0,25	1	6 %
Clindamycine <sup>b</sup>	≤ 0,06 - > 64	> 64	> 64	86,8 %
Daptomycine	0,12 – 14	0,25	0,5	0,8 %
Doxycycline	≤ 0,06 – 4	0,25	0,5	0 %
Érythromycine <sup>c</sup>	0,25 - > 64	> 64	> 64	98,9 %
Gentamicine	0,25 - > 64	1	4	1,1 %
Lévofloxacine	0,25 - > 64	64	> 64	97,8 %
Linézolide	1 – 4	4	4	0 %
Mupirocine	Absence de résistance de haut niveau <sup>f</sup>			
Oxacilline	4 - > 64	> 64	> 64	100 %
Rifampicine <sup>d</sup>	≤ 0,06 – 16	≤ 0,06	≤ 0,06	1,1 %
Tigécycline <sup>a</sup>	< 0,06 - 0,5	0,12	0,12	0 %
TMP-SMX <sup>e</sup>	≤ 0,06/1,14 - 0,5/9,5	≤ 0,06/1,14	0,12/2,28	0 %
Vancomycine	0,5 – 2	1	1	0 %

<sup>a</sup> Les critères d'interprétation utilisés sont ceux de l'EUCAST<sup>(25)</sup>.

<sup>b</sup> Le pourcentage de résistance combine la résistance constitutive et inducible. Une souche donne une valeur de CMI intermédiaire.

<sup>c</sup> Sept souches donnent des valeurs de CMI intermédiaires.

<sup>d</sup> Une souche donne une valeur de CMI intermédiaire.

<sup>e</sup> TMP-SMX : triméthoprime-sulfaméthoxazole.

<sup>f</sup> La résistance de haut niveau à la mupirocine correspond à un niveau de résistance ≥512 mg/L.

Le tableau 4 présente les résultats pour l'érythromycine et la clindamycine. Globalement, 60,8 % des souches résistantes à l'érythromycine démontraient une résistance constitutive à la clindamycine et 25,7 % des souches une résistance inductible tel que déterminée par la méthode phénotypique du D-test.

**Tableau 4 Sensibilité à l'érythromycine et à la clindamycine (constitutive ou inductible) des souches de SARM**

Érythromycine	Clindamycine	D-test <sup>a</sup>	Nombre de souches	%
Résistant	Résistant (constitutive)	NA	161	60,8
Résistant	Résistant (inductible)	+	68	25,7
Résistant	Sensible	-	26	9,8
Intermédiaire	Sensible	-	7	2,6
Sensible	Sensible	NA	2	0,8
Intermédiaire	Résistant	NA	1	0,4
<b>Total</b>		-	<b>265</b>	<b>100,0</b>

<sup>a</sup> NA : non applicable.

Le tableau 5 montre la distribution des types épidémiques déterminés par typage du gène *spa* selon la catégorie de l'origine d'acquisition présumée de l'infection. Globalement, 90,2 % des souches correspondent au type épidémique canadien CMRSA-2 (profil habituellement nosocomial), 8,6 % au type épidémique canadien CMRSA-10 (profil habituellement communautaire) et 0,4 % chacun au type épidémique américain USA700 et USA1100 (ce dernier étant habituellement un profil communautaire). Une souche présentant un profil unique, non reliée aux profils canadiens CMRSA-1 à 10 ni américains USA100 à 1100, a été identifiée. La majorité des souches présentant un type épidémique nosocomial était catégorisée nosocomiale, tandis que 13 souches ont été catégorisées communautaires. Inversement, la majorité des souches montrant un type épidémique communautaire étaient catégorisées communautaires alors que 4 souches (2 %) ont été catégorisées nosocomiales. Ceci démontre que les souches de type épidémique communautaire ont peu pénétré le milieu hospitalier.

Parmi les souches de type épidémique CMRSA-10, 87 % possédaient le gène de la toxine PVL (caractéristique des souches de SARM-AC), alors que toutes les souches des autres types (CMRSA-2, USA700 et unique) ne le possédaient pas. Pour le profil USA1100, la seule souche étudiée possédait ce gène.

**Tableau 5 Distribution des types épidémiques selon la catégorie de l'origine présumée de l'infection**

Types épidémiques	Catégories							Total (%)
	1	2a	2b	3a	3b	3c	4	
CMRSA-2	119	33	27	13	34	8	5	239 (90,2 %)
CMRSA-10	2	1	1	17	1	1	0	23 (8,6 %)
USA700	1	0	0	0	0	0	0	1 (0,4 %)
USA1100	0	0	0	1	0	0	0	1 (0,4 %)
Unique <sup>a</sup>	0	0	1	0	0	0	0	1 (0,4 %)
<b>Total</b>	<b>122</b>	<b>34</b>	<b>29</b>	<b>31</b>	<b>35</b>	<b>9</b>	<b>5</b>	<b>265</b>

<sup>a</sup> Le type épidémique unique ne correspond pas aux profils canadiens CMRSA-1 à 10 ni aux profils américains USA100 à 1100.

Pour la catégorie 3a, 54,8 % des souches correspondaient au type épidémique CMRSA-10, alors que 6 souches type épidémiques CMRSA-10 se retrouvaient dans d'autres catégories, dont 2 dans la catégorie 1. Des 10 patients de la catégorie 3a qui présentaient un facteur de risque connu pour une infection d'origine communautaire (tableau 2), 7 ont une souche correspondant au type épidémique communautaire CMRSA-10 et un au type épidémique USA1100 (5 utilisateurs de drogue injectable, 1 homme ayant des relations sexuelles avec un autre homme et une personne ayant eu un contact avec une personne connue porteur de SARM-AC). La distribution des différents types épidémiques parmi les foyers primaires présumés de l'infection à l'origine de la bactériémie était assez hétérogène. Cependant, la majorité des CMRSA-10 était associée aux pneumonies et aux infections de la peau et des tissus mous. Au niveau de la distribution géographique des types épidémiques, 45,2 % des CMRSA-10 provenaient de la région 06 (Montréal) et 9,7 % de la région 12 (Chaudière Appalaches).

Le tableau 6 présente la comparaison des souches de la catégorie 3a par rapport aux souches des autres catégories. Un profil communautaire typique caractérisé par un type épidémique CMRSA-10 (ou USA1100), la présence du gène de la toxine PVL, une résistance à l'érythromycine et une sensibilité à la clindamycine ont été identifiés chez 48,4 % des souches de la catégorie 3a. Cinq souches ayant les mêmes caractéristiques sont retrouvées dans d'autres catégories, dont deux dans la catégorie 1.

**Tableau 6 Comparaison des souches de la catégorie 3a (infection d'origine communautaire) et des souches des autres catégories**

Caractéristique	Catégorie 3a (n = 31)	Autres catégories (n = 234)
Sensible à la clindamycine	19 (61,3 %)	16 (6,8 %)
PVL positif	15 (48,4 %)	6 (2,6 %)
CMRSA-10 ou USA1100	18 (58,1 %)	6 (2,6 %)
Les 3 caractéristiques combinées	15 (48,4 %)	5 (2,1 %)

Pour 13 souches (4,9 %), la sensibilité à la clindamycine n'était pas un bon indicateur des SARM-AC (tableau 7). Globalement, la sensibilité à la clindamycine à titre de facteur prédictif d'une souche acquise en communauté (CMRSA-10) avait une sensibilité de 95,8 %, une spécificité de 95,0 %, une valeur prédictive positive de 65,7 % et une valeur prédictive négative de 99,6 %. Une seule souche CMRSA-10 était résistante à la clindamycine. Les données détaillées des figures ainsi que des tableaux supplémentaires sont présentés dans les annexes 2 à 5.

**Tableau 7 Utilisation de la sensibilité à la clindamycine comme critère de prédiction d'un SARM-AC**

	Types épidémiques			Nb de souches
		CMRSA-10	Autres	
Sensibilité à la clindamycine	S	23	12	35
	R	1	229	230
	Nb de souches	24	241	265



## 4 DISCUSSION

Le SARM est reconnu comme étant une cause majeure d'infections nosocomiales à travers le monde. Aux États-Unis, le *S. aureus* compte parmi les deux premières causes de bactériémies nosocomiales<sup>(26)</sup>. Selon le rapport portant sur la surveillance provinciale des bactériémies à *S. aureus* au Québec, le nombre de bactériémies à SARM est en baisse constante depuis le début de la surveillance en 2003<sup>(27)</sup>.

Pour l'année de surveillance 2011-2012, nous avons effectué la caractérisation de 265 souches sur les 300 cas (88,3 %) de bactériémies rapportées dans le système de surveillance provinciale des souches (SPIN-SARM) isolées dans la province au cours de la période étudiée. Cette proportion représente une amélioration par rapport à la première année de surveillance où 78,3 % des souches déclarées dans SPIN-SARM avaient été reçues et analysées au LSPQ. La moyenne d'âge de 68 ans, avec la majorité des cas se situant dans le groupe d'âge des 60 ans et plus, est légèrement plus élevée à ce que l'on retrouve dans la littérature<sup>(28-30)</sup>. Cependant, la plus grande proportion de SARM-AC dans ces études peut expliquer l'âge moins élevé des patients. Il est intéressant de constater qu'une plus grande proportion d'hommes avec un ratio d'environ 2 pour 1 ait développé une bactériémie à SARM. Les données à ce sujet varient dans la littérature passant aussi d'un plus grand ratio hommes/femmes<sup>(31)</sup>, à une proportion égale<sup>(32)</sup>. Dans une étude où la distinction entre le génotype des souches et leur origine (nosocomiale ou communautaire) a été précisée, le ratio homme/femme était plus élevé pour les souches avec un génotype nosocomial, alors que le ratio était similaire avec un génotype communautaire<sup>(33)</sup>. Dans la présente étude, le ratio homme/femme était semblable peu importe le génotype, soit d'environ 2 pour 1. La distribution de l'âge des patients ainsi que le ratio homme/femme est demeuré similaire par rapport à 2009-2010.

Plus de la moitié (57 %) des souches soumises provenait des centres hospitaliers de la région de Montréal. Ce résultat était attendu compte tenu qu'on y a dénombré en 2011-2012 42,7 % du nombre total des bactériémies à *S. aureus*; de ce nombre, 21,3 % étaient des bactériémies à SARM<sup>(27)</sup>. Les régions de la Montérégie, de Chaudière-Appalaches et de la Capitale-Nationale suivent dans l'ordre quant au volume de souches soumises dans le cadre de la surveillance. Ces régions affichaient en 2011-2012 un pourcentage de SARM dans les bactériémies entre 13 et 35,5 %<sup>(27)</sup>.

La distribution des foyers primaires présumés être à l'origine de l'infection était relativement la même pour l'ensemble des bactériémies à *S. aureus* au Québec, mis à part une prédominance des cathéters centraux pour les bactériémies d'origine nosocomiale<sup>(27)</sup>. Les pneumonies et les infections de la peau et des tissus mous sont majoritairement associées aux bactériémies d'origine non nosocomiale. Cette distribution est demeurée relativement la même par rapport à 2009-2010.

Dans la littérature, peu de données sont disponibles à ce sujet. Une étude effectuée sur des bactériémies à SARM en Corée a démontré que les cathéters centraux représentaient le principal foyer primaire de l'infection, suivi des infections de la peau et des tissus mous et de la pneumonie<sup>(34)</sup>. Selon les informations recueillies sur les formulaires d'investigation, 70 % des bactériémies à SARM ont été catégorisées d'origine nosocomiale (catégories 1 et 2). Ce

pourcentage reflète celui obtenu en 2011-2012<sup>(27)</sup> et se compare avec les données de la littérature<sup>(35;36)</sup>.

Au niveau des facteurs de risque connus des patients répondant aux critères d'une infection d'origine communautaire, soit d'utiliser des drogues injectables et d'appartenir à une minorité ou au groupe des hommes ayant des relations sexuelles avec d'autres hommes étaient les facteurs rencontrés les plus fréquemment. Des éclosions bien documentées sont survenues dans ces groupes à risque au Canada<sup>(37-39)</sup>.

En 2011-2012, le ceftobiprole fut retiré de la liste des antibiotiques analysés tandis que la tigécycline et la mupirocine furent ajoutés. La sensibilité à 14 antibiotiques a été déterminée pour l'ensemble des souches reçues. Toutes les souches sauf six étaient résistantes à la lévofloxacine. Les données de la littérature sont variables pour les quinolones puisque les taux de résistance varient de 40 % (Canada) à 95,9 % (Royaume-Uni)<sup>(40-44)</sup>. Les pourcentages de résistance à l'érythromycine et à la clindamycine sont également élevés avec 98,9 % et 86,8 %, respectivement. Si le pourcentage de résistance à l'érythromycine est comparable à ceux rapportés dans la littérature, le taux de résistance à la clindamycine est cependant beaucoup plus élevé dans notre étude. Une proportion élevée de souches SARM-AC dans une étude peut toutefois modifier à la baisse le taux de résistance à la clindamycine car ces souches sont reconnues pour être habituellement sensibles à cet antibiotique<sup>(45)</sup>. La majorité des souches démontrait une résistance constitutive à la clindamycine, comparativement à 25,7 % qui démontraient une résistance inducible par l'érythromycine<sup>(46)</sup>.

Le pourcentage de résistance à la daptomycine, la gentamicine et la rifampicine était d'environ 1 %. Toutes les souches étaient sensibles à la doxycycline, au linézolide, au thriméthoprim-sulfaméthoxazole et à la tigécycline. Pour toutes les souches, aucune résistance à la mupirocine ne fut observée. De plus, toutes les souches étaient sensibles à la vancomycine et aucune n'a montré une CMI intermédiaire à la vancomycine (VISA). Il est donc rassurant de constater que plusieurs antibiotiques de choix pour le traitement des infections à SARM demeurent toujours actifs<sup>(47)</sup>. Nos données se comparent avec celles de la littérature où des pourcentages très faibles de résistance sont observés<sup>(48;49)</sup> à l'exception de deux études où des taux de résistance de l'ordre de 64 % à la gentamicine et de 20 % pour le thriméthoprim-sulfaméthoxazole ont été observés<sup>(50;51)</sup>. En 2011-2012, une hausse générale des valeurs de CMI a été constatée pour la gentamicine et 3 souches ont été trouvées résistantes contre aucune en 2009-2010. Cependant, une autre année de surveillance sera nécessaire pour confirmer cette tendance. Quinze souches de notre étude étaient résistantes à l'acide fusidique, ce qui correspond à un pourcentage de résistance de 6 %. Deux études portant sur des SARM isolés de bactériémie ont rapporté des taux de résistance de 9,3 % et de 14 %<sup>(52;53)</sup> pour cet antibiotique.

La caractérisation moléculaire est primordiale pour l'attribution du profil nosocomial ou communautaire des souches. Pour l'année de surveillance 2011-2012, la méthode de typage moléculaire utilisée fut le typage du gène *spa*, contrairement à l'électrophorèse sur gel en champ pulsé utilisé auparavant. Cette méthode plus rapide et plus précise est utilisée par le LNM et les CDC. Une concordance de plus de 95 % a été démontrée entre les types *spa* et les types épidémiques caractérisés par EGCP. Elle nous permet de déterminer

spécifiquement le type épidémique des souches de SARM grâce à une table de correspondance entre les deux méthodes développées par le LNM<sup>(54)</sup>. Au Canada, le principal profil communautaire des souches de SARM est le type épidémique CMRSA-10, correspondant au type épidémique américain USA300, tandis que le principal profil nosocomial est le type épidémique CMRSA-2, correspondant au type épidémique américain USA100<sup>(55)</sup>. La majorité (90,2 %) des souches de l'étude correspondait au type épidémique CMRSA-2, tandis que 8,7 % correspondait au type épidémique CMRSA-10. Une souche correspondait au type épidémique américain USA1100, reconnu comme un profil communautaire<sup>(56)</sup>. Toutes les souches CMRSA-10 et USA1100, à l'exception de trois, possédaient le gène codant pour la toxine PVL, alors qu'aucune souche de type épidémique CMRSA-2 ne le possédait, ce qui est conforme à ce qui est rapporté dans la littérature<sup>(57,58)</sup>. La présence de ce gène est habituellement reconnue comme étant associée aux souches de SARM-AC<sup>(59)</sup>. Une baisse de 3,5 % du nombre de souches de type épidémique communautaire par rapport à 2009-2010 a été observée.

Au niveau de la concordance entre les catégories cliniques de l'origine présumée de l'infection avec le type épidémique nosocomial ou acquis en communauté, 4 souches de type épidémique CMRSA-10 ont été catégorisées comme infection d'origine nosocomiale, alors que 13 souches de type épidémique CMRSA-2 ont été catégorisées comme infection communautaire. La littérature démontre clairement que ces deux catégories ne sont pas mutuellement exclusives, alors qu'un type épidémique nosocomial peut être acquis en communauté et qu'un type épidémique communautaire peut circuler en milieu hospitalier<sup>(22)</sup>. Le fait que seulement 2 % des souches de type épidémique CMRSA-10 soient placées dans la catégorie nosocomiale indique la faible progression de ces souches en milieu hospitalier. Ce taux est très faible en comparaison avec les États-Unis où les souches USA300 (équivalent de CMRSA-10) sont prédominantes dans les hémocultures positives<sup>(60)</sup>. Globalement, 75 % des souches de type épidémique CMRSA-10 et USA1100 ont été classées acquises en communauté et 74,9 % des souches de type épidémique CMRSA-2 ont été classées nosocomiales. Le fait que le principal facteur de risque d'acquisition d'une infection d'origine communautaire chez les patients de notre étude ait été l'utilisation de drogues injectables peut expliquer la concentration plus importante de souches SARM-AC dans la région de Montréal.

L'analyse plus détaillée des souches de profil CMRSA-10 et USA1100 a révélé que 95,8 % des souches étaient sensibles à la clindamycine, comparativement à seulement 5 % pour les souches des autres types épidémiques. Les souches de SARM-AC sont habituellement reconnues pour être sensibles à la clindamycine et ce facteur est parfois un marqueur de première ligne pour suspecter une souche de SARM-AC<sup>(5,61)</sup>. Pour 4,9 % des souches, la sensibilité à la clindamycine était discordante par rapport au type épidémique. Globalement, l'utilisation de la sensibilité à la clindamycine à titre de facteur prédictif d'une souche acquise en communauté avait une sensibilité de 95,8 %, une spécificité de 95 %, une valeur prédictive positive de 65,7 % et une valeur prédictive négative de 99,6 %. Une baisse du nombre de souches de type épidémique communautaire résistantes à la clindamycine par rapport à 2009-2010 (6 souches) fut observée, ce qui augmente la sensibilité du test pour 2010-2011. Ceci démontre que la sensibilité de ce critère est influencée par l'épidémiologie des souches en circulation et qu'il faut exercer une certaine prudence quant à l'utilisation de ce seul critère pour prédire la présence d'un SARM-AC.



## CONCLUSION

Cette étude a permis de documenter pour une deuxième année la proportion des souches de SARM-AC responsable des bactériémies au Québec. La majorité des souches d'origine communautaire proviennent de la région de Montréal. Le principal type épidémique d'origine nosocomial est le CMRSA-2, tandis que le type épidémique communautaire prédominant est le CMRSA-10. La distribution nosocomiale ou communautaire des types épidémiques n'est pas mutuellement exclusive, puisqu'un type épidémique nosocomial peut être acquis en communauté et qu'un type épidémique communautaire peut circuler en milieu hospitalier. Seulement 2 % des souches de type épidémique communautaire sont retrouvées en milieu hospitalier.

Cette étude a aussi permis de vérifier les profils de sensibilité aux antibiotiques des souches de SARM isolées d'hémocultures au Québec. La majorité des souches sont sensibles aux antibiotiques recommandés pour le traitement de ces infections soit la vancomycine, la daptomycine et le linézolide. La détermination de la sensibilité aux antibiotiques, en combinaison avec les analyses moléculaires, a permis de déterminer que pour la majorité des souches, la sensibilité à la clindamycine est un marqueur acceptable de l'origine communautaire de l'infection tout comme la présence du gène PVL.

Nous avons dressé le portrait des infections à SARM isolées des bactériémies au Québec et un aperçu de la proportion des infections causées par des souches communautaires. Il est certain que la situation des infections à SARM isolées des bactériémies ne reflète pas l'ensemble des infections à SARM, ni la situation chez les patients colonisés. Cependant, cette étude présente un état de la situation représentatif pour les infections invasives à SARM.

Afin de continuer l'évaluation de la distribution des SARM-AC au Québec, il serait intéressant de poursuivre la surveillance pour une troisième année. Ceci permettrait de suivre l'évolution des profils de sensibilité des souches de SARM aux antibiotiques utilisés dans le traitement, de vérifier particulièrement l'émergence de la résistance à la gentamicine et d'étudier l'évolution des souches de type épidémique communautaire et l'émergence de nouveaux types épidémiques pouvant causer des infections sévères.



## RÉFÉRENCES

- (1) BARBER M. Methicillin-resistant staphylococci. *J Clin Pathol* 1961 Jul;14:385-93.
- (2) Mulvey MR, Chui L, Ismail J, Louie L, Murphy C, Chang N, *et al.* Development of a Canadian standardized protocol for subtyping methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* using pulsed-field gel electrophoresis. *J Clin Microbiol* 2001 Oct;39(10):3481-5.
- (3) Mulvey MR, MacDougall L, Cholin B, Horsman G, Fidyk M, Woods S. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, Canada. *Emerg Infect Dis* 2005 Jun;11(6):844-50.
- (4) Barton M, Hawkes M, Moore D, Conly J, Nicolle L, Allen U, *et al.* Guidelines for the prevention and management of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: A perspective for Canadian health care practitioners. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2006;17(Suppl C):4C-24C.
- (5) Hawkes M, Barton M, Conly J, Nicolle L, Barry C, Ford-Jones EL. Community-associated MRSA: superbug at our doorstep. *CMAJ* 2007 Jan 2;176(1):54-6.
- (6) Gilbert M, Macdonald J, Gregson D, Siushansian J, Zhang K, Elsayed S, *et al.* Outbreak in Alberta of community-acquired (USA300) methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in people with a history of drug use, homelessness or incarceration. *CMAJ* 2006 Jul 18;175(2):149-54.
- (7) Main CL, Jayaratne P, Haley A, Rutherford C, Smaill F, Fisman DN. Outbreaks of infection caused by community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in a Canadian correctional facility. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2005 Nov;16(6):343-8.
- (8) Ofner-Agostini M, Simor AE, Mulvey M, Bryce E, Loeb M, McGeer A, *et al.* Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Canadian aboriginal people. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2006 Feb;27(2):204-7.
- (9) Sztramko R, Katz K, Antoniou T, Mulvey M, Brunetta J, Crouzat F, *et al.* Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infections in men who have sex with men: A case series. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2007 Jul;18(4):257-61.
- (10) McDonald RR, Antonishyn NA, Hansen T, Snook LA, Nagle E, Mulvey MR, *et al.* Development of a triplex real-time PCR assay for detection of Panton-Valentine leukocidin toxin genes in clinical isolates of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *J Clin Microbiol* 2005 Dec;43(12):6147-9.
- (11) Simor AE, Ofner-Agostini M, Bryce E, McGeer A, Paton S, Mulvey MR. Laboratory characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Canadian hospitals: results of 5 years of National Surveillance, 1995-1999. *J Infect Dis* 2002 Sep 1;186(5):652-60.
- (12) Ito T, Katayama Y, Asada K, Mori N, Tsutsumimoto K, Tiensasitorn C, *et al.* Structural comparison of three types of staphylococcal cassette chromosome mec integrated in the chromosome in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Antimicrob Agents Chemother* 2001 May;45(5):1323-36.

- (13) Lévesque S, Bourgault AM. Surveillance des souches de *Staphylococcus aureus* résistantes à la méthicilline isolées des bactériémies dans la province de Québec, rapport 2009-2010. Institut national de santé publique du Québec; 2010.
- (14) Geha DJ, Uhl JR, Gustaferra CA, Persing DH. Multiplex PCR for identification of methicillin-resistant staphylococci in the clinical laboratory. *J Clin Microbiol* 1994 Jul;32(7):1768-72.
- (15) Lina G, Piemont Y, Godail-Gamot F, Bes M, Peter MO, Gauduchon V, *et al.* Involvement of Panton-Valentine leukocidin-producing *Staphylococcus aureus* in primary skin infections and pneumonia. *Clin Infect Dis* 1999 Nov;29(5):1128-32.
- (16) CLSI. Performance standards for antimicrobial disk susceptibility test; approved standard - eleventh edition. M02-A11 ed. Wayne, Pennsylvania.: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2012.
- (17) CLSI. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing; twenty-second informational supplement. M100-S22 ed. Wayne, Pennsylvania.: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2012.
- (18) CLSI. Methods for dilution antimicrobial susceptibility tests for bacteria that grow aerobically; ninth edition. M07-A9 ed. Wayne, Pennsylvania.: Clinical and Laboratory Standards Institute; 2012.
- (19) Biomerieux. E-test, antimicrobial susceptibility testing for in vitro diagnostic use. 2010. Biomerieux, Marcy-l'Étoile, France. Ref Type: Generic.
- (20) Harmsen D, Claus H, Witte W, Rothganger J, Claus H, Turnwald D, *et al.* Typing of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in a university hospital setting by using novel software for spa repeat determination and database management. *J Clin Microbiol* 2003 Dec;41(12):5442-8.
- (21) Golding GR, Campbell JL, Spreitzer DJ, Veyhl J, Surynicz K, Simor A, *et al.* A preliminary guideline for the assignment of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* to a Canadian pulsed-field gel electrophoresis epidemic type using spa typing. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2008 Jul;19(4):273-81.
- (22) EUCAST. Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters. [Version 2.0]. 2012. European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases. Ref Type: Generic.
- (23) Davis SL, Perri MB, Donabedian SM, Manierski C, Singh A, Vager D, *et al.* Epidemiology and outcomes of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infection. *J Clin Microbiol* 2007 Jun;45(6):1705-11.
- (24) Comité de surveillance provinciale des infections nosocomiales (SPIN-SARM), Garenc C, Moisan D, Lévesque S, Rocher I, Trudeau M. Surveillance provinciale des bactériémies à *Staphylococcus aureus* : rapport 2011-2012. Institut national de santé publique du Québec; 2012.

- (25) Seybold U, Kourbatova EV, Johnson JG, Halvosa SJ, Wang YF, King MD, *et al.* Emergence of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* USA300 genotype as a major cause of health care-associated blood stream infections. *Clin Infect Dis* 2006 Mar 1;42(5):647-56.
- (26) van dM-M, Domelier AS, Girard N, Quentin R. Epidemiology and typing of *Staphylococcus aureus* strains isolated from bloodstream infections. *J Clin Microbiol* 2004 Dec;42(12):5650-7.
- (27) Park SH, Park C, Yoo JH, Choi SM, Choi JH, Shin HH, *et al.* Emergence of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains as a cause of healthcare-associated bloodstream infections in Korea. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2009 Feb;30(2):146-55.
- (28) Holmes RL, Jorgensen JH. Inhibitory activities of 11 antimicrobial agents and bactericidal activities of vancomycin and daptomycin against invasive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates obtained from 1999 through 2006. *Antimicrob Agents Chemother* 2008 Feb;52(2):757-60.
- (29) Hope R, Livermore DM, Brick G, Lillie M, Reynolds R. Non-susceptibility trends among staphylococci from bacteraemias in the UK and Ireland, 2001-06. *J Antimicrob Chemother* 2008 Nov;62 Suppl 2:ii65-ii74.
- (30) Steward CD, Raney PM, Morrell AK, Williams PP, McDougal LK, Jevitt L, *et al.* Testing for induction of clindamycin resistance in erythromycin-resistant isolates of *Staphylococcus aureus*. *J Clin Microbiol* 2005 Apr;43(4):1716-21.
- (31) Sanford JP. The Sanford guide to antimicrobial therapy. 42 ed. Sperryville,VA,USA: Antimicrobial Therapy,Inc.; 2012.
- (32) McDougal LK, Steward CD, Killgore GE, Chaitram JM, McAllister SK, Tenover FC. Pulsed-field gel electrophoresis typing of oxacillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates from the United States: establishing a national database. *J Clin Microbiol* 2003 Nov;41(11):5113-20.
- (33) Tenover FC, Tickler IA, Goering RV, Kreiswirth BN, Mediavilla JR, Persing DH. Characterization of nasal and blood culture isolates of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from patients in United States Hospitals. *Antimicrob Agents Chemother* 2012 Mar;56(3):1324-30.
- (34) Park SH, Park C, Yoo JH, Choi SM, Choi JH, Shin HH, *et al.* Emergence of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains as a cause of healthcare-associated bloodstream infections in Korea. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2009 Feb;30(2):146-55.
- (35) Holmes RL, Jorgensen JH. Inhibitory activities of 11 antimicrobial agents and bactericidal activities of vancomycin and daptomycin against invasive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates obtained from 1999 through 2006. *Antimicrob Agents Chemother* 2008 Feb;52(2):757-60.

- (36) Park SH, Park C, Yoo JH, Choi SM, Choi JH, Shin HH, et al. Emergence of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains as a cause of healthcare-associated bloodstream infections in Korea. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2009 Feb;30(2):146-55.
- (37) Gilbert M, Macdonald J, Gregson D, Siushansian J, Zhang K, Elsayed S, et al. Outbreak in Alberta of community-acquired (USA300) methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in people with a history of drug use, homelessness or incarceration. *CMAJ* 2006 Jul 18;175(2):149-54.
- (38) Ofner-Agostini M, Simor AE, Mulvey M, Bryce E, Loeb M, McGeer A, et al. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Canadian aboriginal people. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2006 Feb;27(2):204-7.
- (39) Sztramko R, Katz K, Antoniou T, Mulvey M, Brunetta J, Crouzat F, et al. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infections in men who have sex with men: A case series. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2007 Jul;18(4):257-61.
- (40) Davis SL, Perri MB, Donabedian SM, Manierski C, Singh A, Vager D, et al. Epidemiology and outcomes of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infection. *J Clin Microbiol* 2007 Jun;45(6):1705-11.
- (41) Holmes RL, Jorgensen JH. Inhibitory activities of 11 antimicrobial agents and bactericidal activities of vancomycin and daptomycin against invasive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates obtained from 1999 through 2006. *Antimicrob Agents Chemother* 2008 Feb;52(2):757-60.
- (42) Hope R, Livermore DM, Brick G, Lillie M, Reynolds R. Non-susceptibility trends among staphylococci from bacteraemias in the UK and Ireland, 2001-06. *J Antimicrob Chemother* 2008 Nov;62 Suppl 2:ii65-ii74.
- (43) Mulvey MR, MacDougall L, Cholin B, Horsman G, Fidyk M, Woods S. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, Canada. *Emerg Infect Dis* 2005 Jun;11(6):844-50.
- (44) Park SH, Park C, Yoo JH, Choi SM, Choi JH, Shin HH, et al. Emergence of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains as a cause of healthcare-associated bloodstream infections in Korea. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2009 Feb;30(2):146-55.
- (45) Mulvey MR, MacDougall L, Cholin B, Horsman G, Fidyk M, Woods S. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, Canada. *Emerg Infect Dis* 2005 Jun;11(6):844-50.
- (46) Steward CD, Raney PM, Morrell AK, Williams PP, McDougal LK, Jevitt L, et al. Testing for induction of clindamycin resistance in erythromycin-resistant isolates of *Staphylococcus aureus*. *J Clin Microbiol* 2005 Apr;43(4):1716-21.
- (47) Sanford JP. *The Sanford guide to antimicrobial therapy*. 42 ed. Sperryville,VA,USA: Antimicrobial Therapy,Inc.; 2012.

- (48) Davis SL, Perri MB, Donabedian SM, Manierski C, Singh A, Vager D, *et al.* Epidemiology and outcomes of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infection. *J Clin Microbiol* 2007 Jun;45(6):1705-11.
- (49) Holmes RL, Jorgensen JH. Inhibitory activities of 11 antimicrobial agents and bactericidal activities of vancomycin and daptomycin against invasive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates obtained from 1999 through 2006. *Antimicrob Agents Chemother* 2008 Feb;52(2):757-60.
- (50) Hope R, Livermore DM, Brick G, Lillie M, Reynolds R. Non-susceptibility trends among staphylococci from bacteraemias in the UK and Ireland, 2001-06. *J Antimicrob Chemother* 2008 Nov;62 Suppl 2:ii65-ii74.
- (51) Mulvey MR, MacDougall L, Cholin B, Horsman G, Fidyk M, Woods S. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, Canada. *Emerg Infect Dis* 2005 Jun;11(6):844-50.
- (52) Hope R, Livermore DM, Brick G, Lillie M, Reynolds R. Non-susceptibility trends among staphylococci from bacteraemias in the UK and Ireland, 2001-06. *J Antimicrob Chemother* 2008 Nov;62 Suppl 2:ii65-ii74.
- (53) Park SH, Park C, Yoo JH, Choi SM, Choi JH, Shin HH, *et al.* Emergence of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains as a cause of healthcare-associated bloodstream infections in Korea. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2009 Feb;30(2):146-55.
- (54) Golding GR, Campbell JL, Spreitzer DJ, Veyhl J, Surynicz K, Simor A, *et al.* A preliminary guideline for the assignment of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* to a Canadian pulsed-field gel electrophoresis epidemic type using spa typing. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2008 Jul;19(4):273-81.
- (55) Mulvey MR, MacDougall L, Cholin B, Horsman G, Fidyk M, Woods S. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, Canada. *Emerg Infect Dis* 2005 Jun;11(6):844-50.
- (56) McDougal LK, Steward CD, Killgore GE, Chaitram JM, McAllister SK, Tenover FC. Pulsed-field gel electrophoresis typing of oxacillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates from the United States: establishing a national database. *J Clin Microbiol* 2003 Nov;41(11):5113-20.
- (57) Davis SL, Perri MB, Donabedian SM, Manierski C, Singh A, Vager D, *et al.* Epidemiology and outcomes of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infection. *J Clin Microbiol* 2007 Jun;45(6):1705-11.
- (58) Seybold U, Kourbatova EV, Johnson JG, Halvosa SJ, Wang YF, King MD, *et al.* Emergence of community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* USA300 genotype as a major cause of health care-associated blood stream infections. *Clin Infect Dis* 2006 Mar 1;42(5):647-56.

- (59) McDonald RR, Antonishyn NA, Hansen T, Snook LA, Nagle E, Mulvey MR, *et al.* Development of a triplex real-time PCR assay for detection of Panton-Valentine leukocidin toxin genes in clinical isolates of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. J Clin Microbiol 2005 Dec;43(12):6147-9.
  
- (60) Tenover FC, Tickler IA, Goering RV, Kreiswirth BN, Mediavilla JR, Persing DH. Characterization of nasal and blood culture isolates of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from patients in United States Hospitals. Antimicrob Agents Chemother 2012 Mar;56(3):1324-30.
  
- (61) Simor AE, Ofner-Agostini M, Bryce E, McGeer A, Paton S, Mulvey MR. Laboratory characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Canadian hospitals: results of 5 years of National Surveillance, 1995-1999. J Infect Dis 2002 Sep 1;186(5):652-60.

## **ANNEXE 1**

### **FORMULAIRE D'INVESTIGATION POUR LES BACTÉRIÉMIES À SARM**



## **FORMULAIRE D'INVESTIGATION POUR LES BACTÉRIÉMIES À SARM**

Ce formulaire doit être complété par l'infirmière en prévention des infections.

### **1. IDENTIFICATION DE LA SOUCHE SARM**

Nom du CH \_\_\_\_\_ No dossier du patient \_\_\_\_\_  
No souche du laboratoire hospitalier \_\_\_\_\_ No. SPIN-BACTOT \_\_\_\_\_  
No souche du LSPQ si disponible: \_\_\_\_\_

### **2. INFORMATION SUR LE PATIENT**

Âge : \_\_\_\_\_  
Sexe :  M  F

### **3. L'ORIGINE D'ACQUISITION PRÉSUMÉE DE L'INFECTION À LA SOURCE DE LA BACTÉRIÉMIE À SARM – Cocher la case correspondant à la catégorie retenue**

- Catégorie 1 : Bactériémie nosocomiale reliée à une hospitalisation récente dans l'installation déclarante
- Catégorie 2 : Bactériémie nosocomiale non reliée à une hospitalisation récente dans l'installation déclarante
- 2a : Bactériémie nosocomiale reliée à un séjour dans une autre installation ou un centre d'hébergement ou en CHSLD
- 2b : Bactériémie nosocomiale reliée aux soins ambulatoires/longue durée/psychiatrie ou en pouponnière de l'installation déclarante
- Catégorie 3 : Bactériémie d'origine non nosocomiale
- 3a : Souche SARM d'origine communautaire
- 3b : Souche SARM d'origine nosocomiale
- 3c : Souche SARM d'origine inconnue
- Catégorie 4 : Bactériémie d'origine inconnue

### **4. POUR TOUS LES PATIENTS – Veuillez identifier le foyer primaire de l'infection à l'origine de la bactériémie**

- |  |   |
|--|---|
| <input type="checkbox"/> Cathéter central                        | <input type="checkbox"/> Infection de site opératoire     |
| <input type="checkbox"/> Pneumonie                               | <input type="checkbox"/> Infection urinaire               |
| <input type="checkbox"/> Infection de la peau et des tissus mous | <input type="checkbox"/> Infection ostéo-articulaire      |
| <input type="checkbox"/> Autre site                              | <input type="checkbox"/> Infection d'origine indéterminée |
- 
-

**1. POUR TOUS LES PATIENTS RÉPONDANT À LA CATÉGORIE 3**

*Veillez préciser (cocher) le ou les critères suivant(s) connu(s) de votre service ou noté(s) au dossier pour les patients des Catégories 3a - 3b ou 3c. Voir questionnaire ci-dessous*

**Catégorie 3a – Souche SARM d'origine communautaire**

- Aucune hospitalisation, opération ou dialyse ni aucun implant au cours de la dernière année
- Aucun séjour dans un centre de soins de longue durée, centre d'hébergement ou centre d'accueil au cours de la dernière année
- Aucun antécédent de SARM
- Sensible à la Clindamycine

**Facteur(s) de risque connu(s) de votre service ou noté(s) au dossier**

	OUI	NON	Inconnu
Avoir un contact avec une personne connue porteur de SARM-AC	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Avoir un contact dans un milieu lors d'une éclosion de SARM-AC	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Jeune < 2 ans	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Appartenir à une minorité (autochtone)	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Usager de drogue IV	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Homme ayant des relations sexuelles avec un autre homme	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Personnel militaire	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Prisonnier	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Vétérinaire	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

**Catégorie 3b – Souche SARM d'origine nosocomiale**

- Souche SARM isolée qui ne répond pas aux critères associés à une souche d'origine communautaire

**Catégorie 3c – Souche SARM d'origine inconnue**

- Souche SARM pour laquelle il est impossible d'identifier l'origine d'acquisition de la souche SARM

## **ANNEXE 2**

**RÉPARTITION DES SOUCHES SELON  
LA RÉGION SOCIO-SANITAIRE (RSS) DU CENTRE  
HOSPITALIER ET LA RSS DE RÉSIDENCE DU PATIENT**



**Tableau 8 Répartition des souches selon la région sociosanitaire (RSS) du centre hospitalier et la RSS de résidence du patient**

RSS	RSS du centre hospitalier		RSS du patient	
	Nombre de souches	%	Nombre de souches	%
01 Bas-Saint-Laurent	5	1,9	5	1,9
02 Saguenay–Lac-Saint-Jean	3	1,1	2	0,8
03 Capitale-Nationale	15	5,7	12	4,5
04 Mauricie et Centre-du-Québec	2	0,8	5	1,9
05 Estrie	3	1,1	4	1,5
06 Montréal	152	57,4	116	43,8
07 Outaouais	2	0,8	4	1,5
08 Abitibi-Témiscamingue	4	1,5	3	1,1
09 Côte-Nord	0	0,0	1	0,4
10 Nord-du-Québec	0	0,0	1	0,4
11 Gaspésie–Îles-de-la-Madeleine	1	0,4	2	0,8
12 Chaudière-Appalaches	24	9,1	24	9,1
13 Laval	2	0,8	9	3,4
14 Lanaudière	8	3,0	9	3,4
15 Laurentides	11	4,2	15	5,7
16 Montérégie	32	12,1	44	16,6
17 Nunavik	1	0,4	2	0,8
18 Terres-Cries-de-la-Baie-James	0	0,0	2	0,8
Non disponible	0	0,0	5	1,9
<b>Total</b>	<b>265</b>	<b>100</b>	<b>265</b>	<b>100</b>



### **ANNEXE 3**

## **DISTRIBUTION DES CMI POUR CHAQUE ANTIBIOTIQUE POUR LES DEUX ANNÉES DE SURVEILLANCE**



Dans les figures suivantes, les lignes verticales noires représentent les valeurs seuils (*breakpoints*) et désignent les zones délimitant les critères d'interprétation (S : sensible, I : intermédiaire, R : résistant) propres à chaque antibiotique.

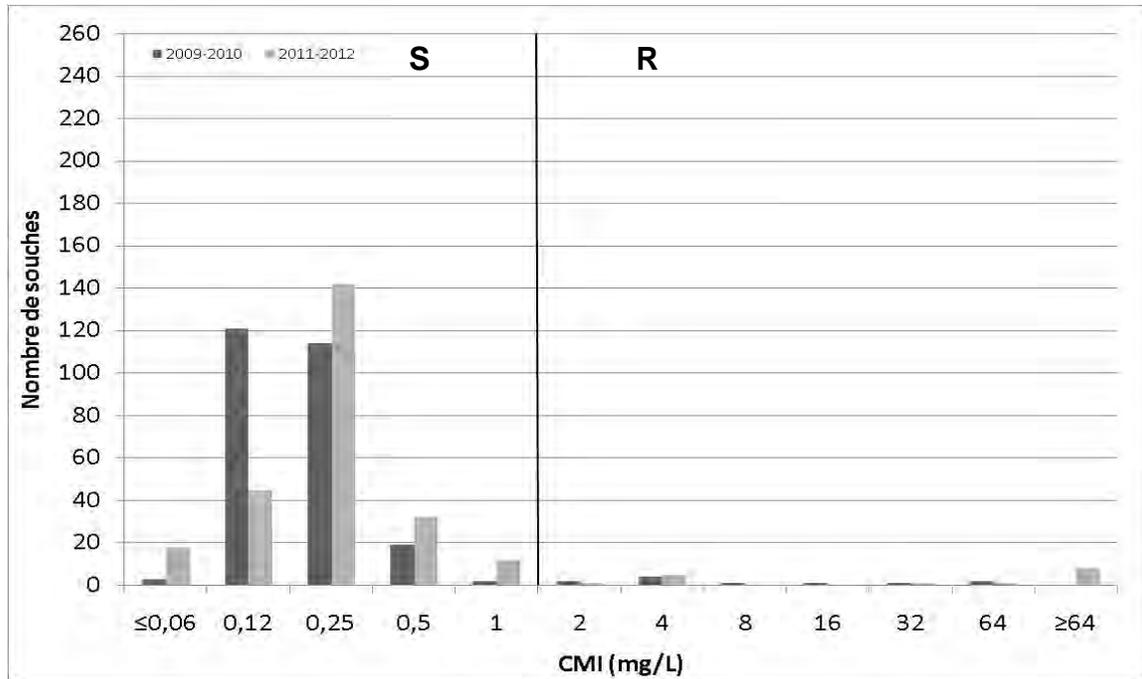


Figure 4 Acide fusidique

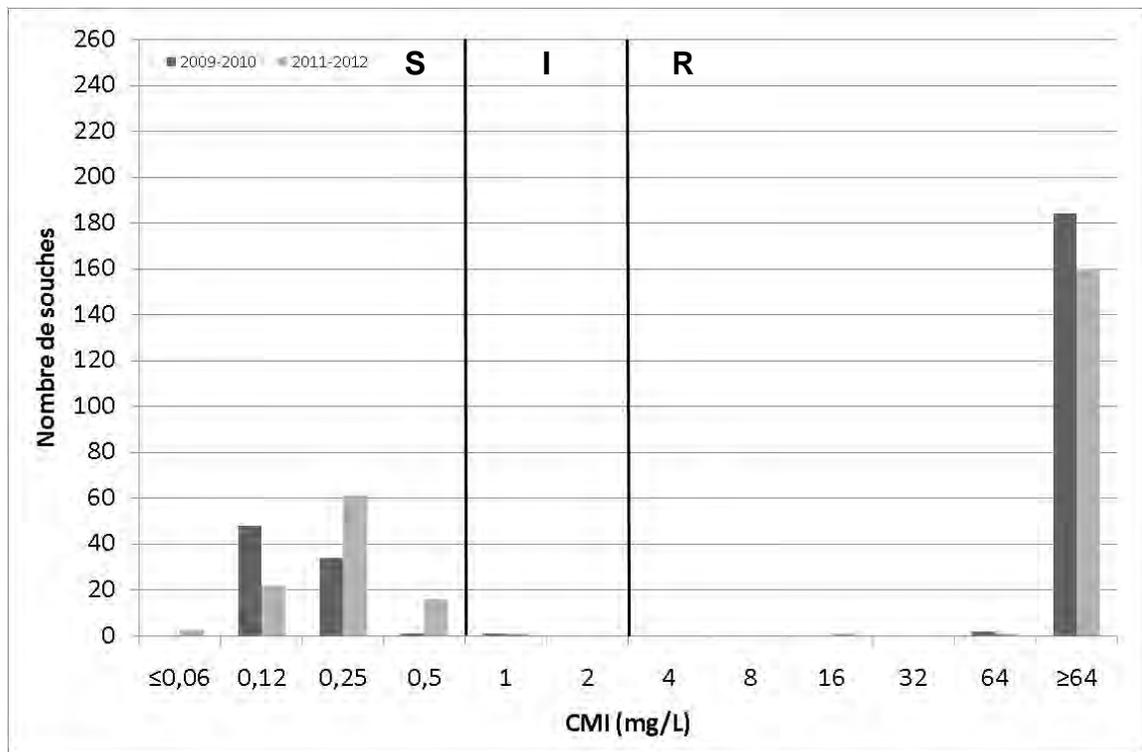


Figure 5 Clindamycine

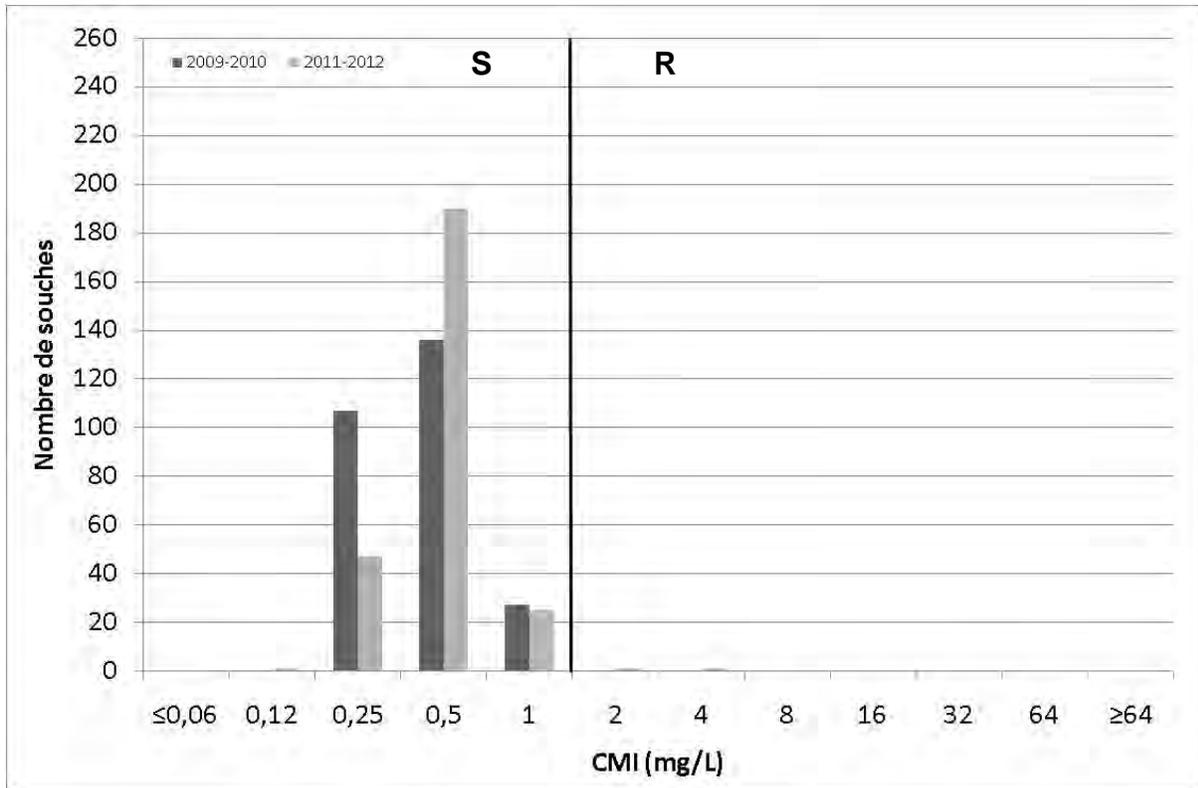


Figure 6 Daptomycine

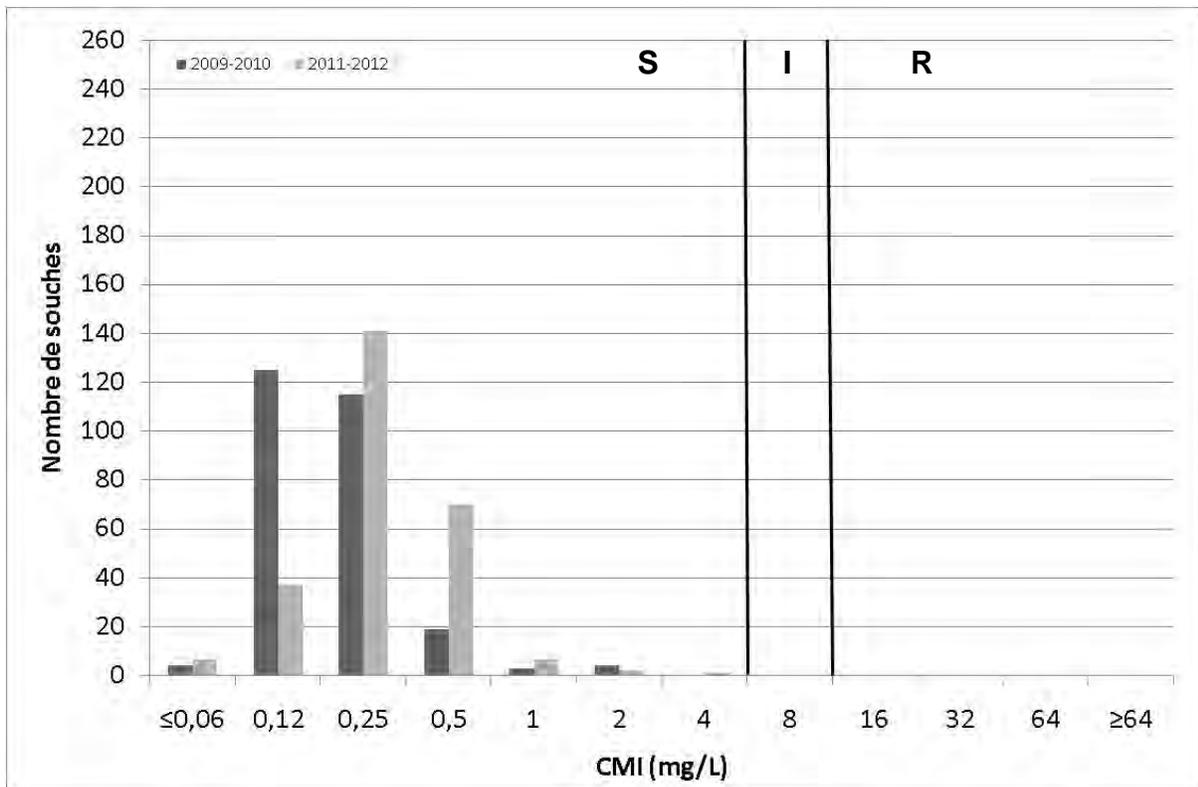


Figure 7 Doxycycline

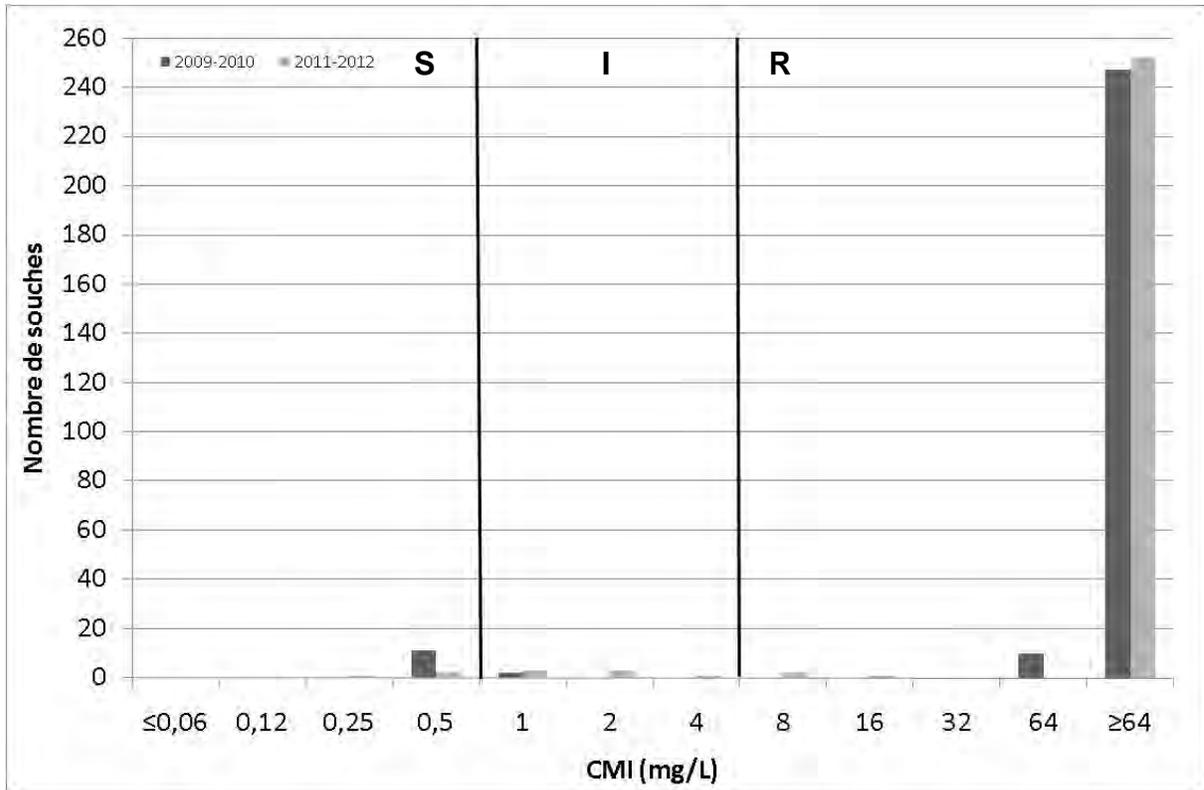


Figure 8 Érythromycine

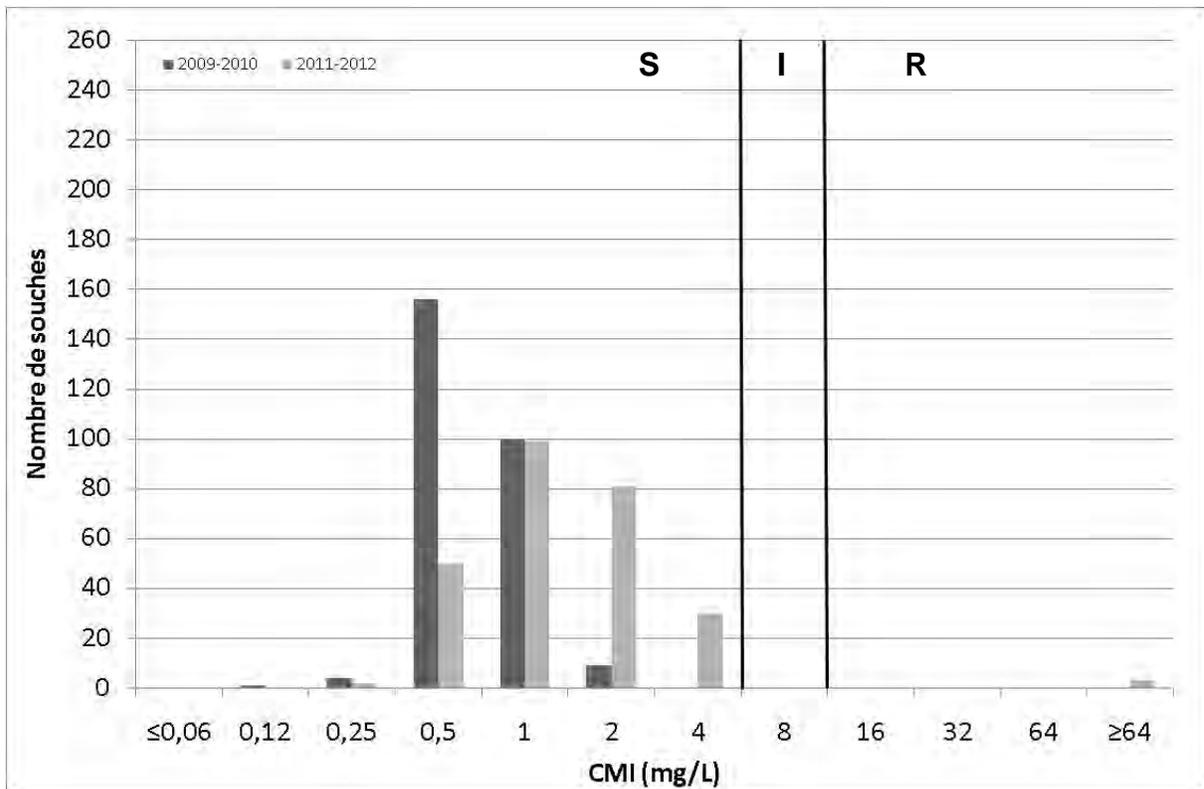


Figure 9 Gentamicine

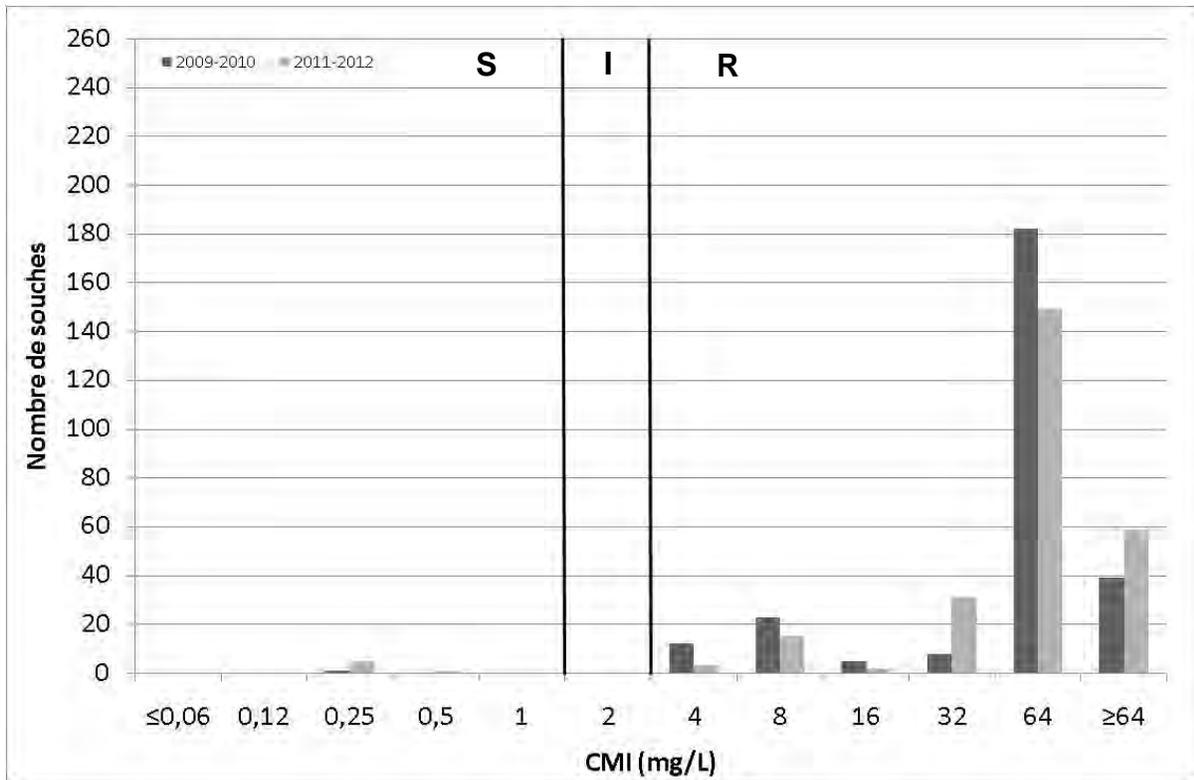


Figure 10 Lévoﬂoxacine

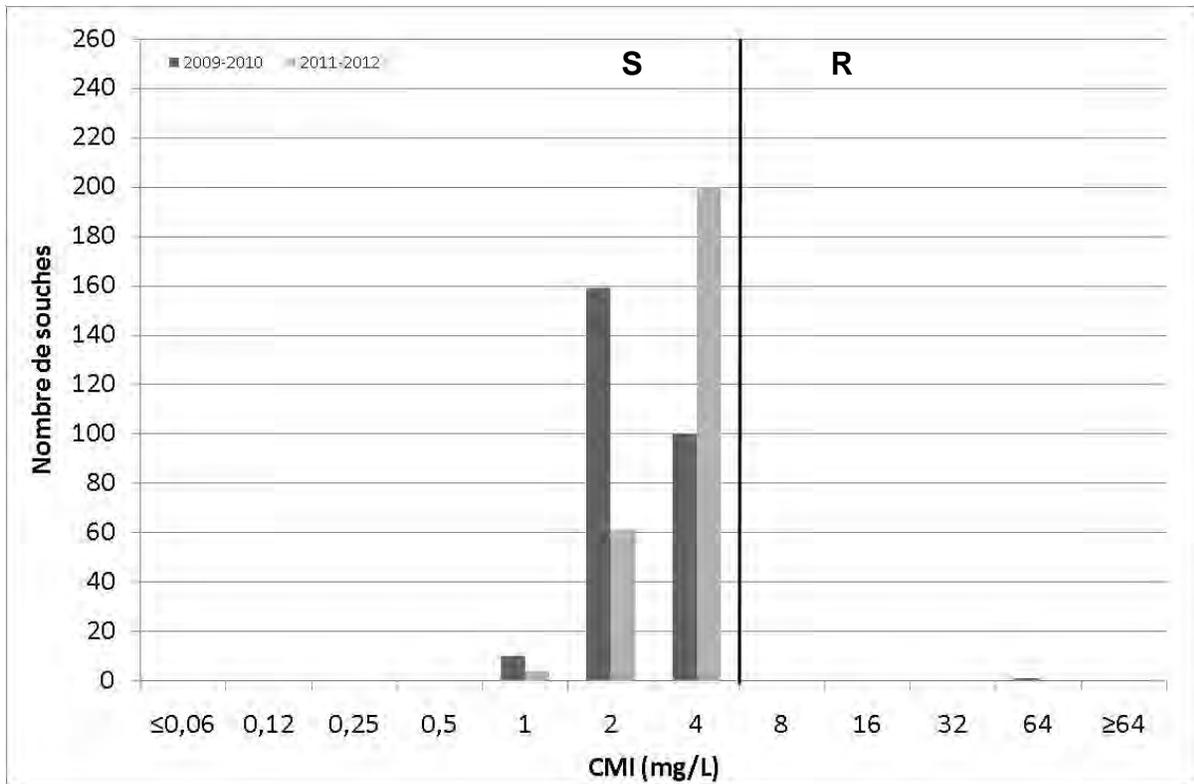


Figure 11 Linézolide

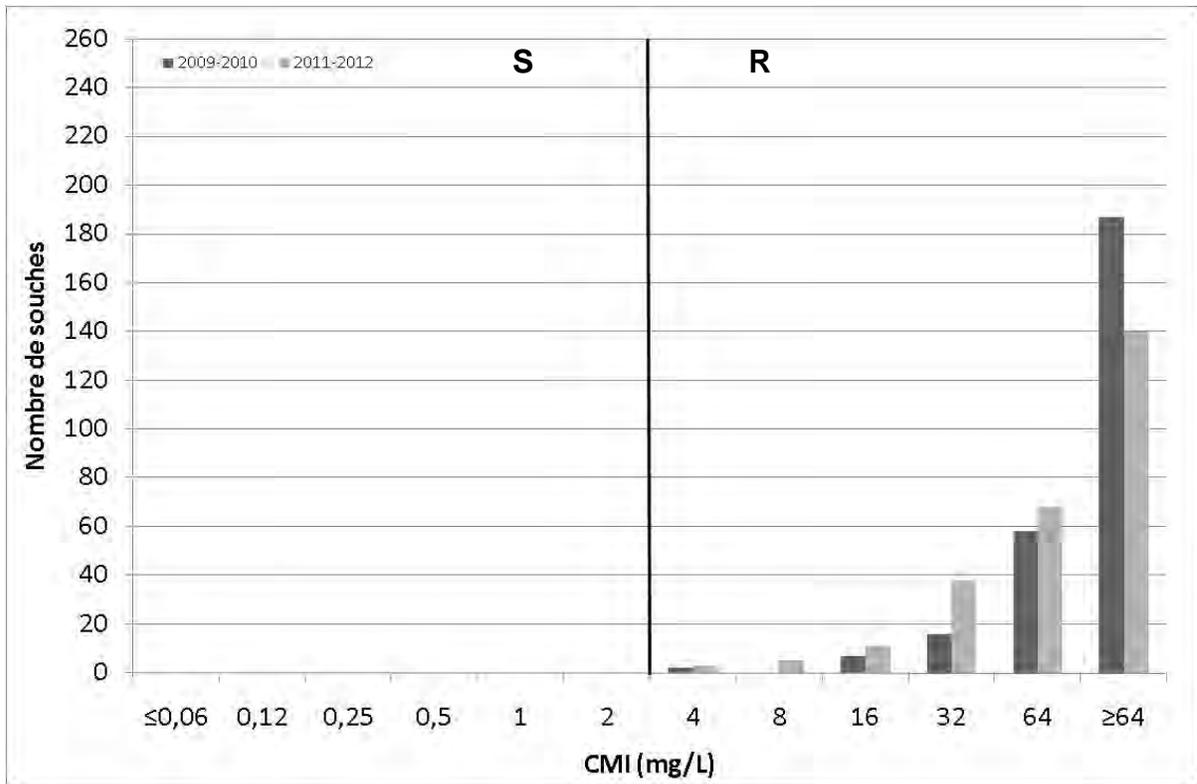


Figure 12 Oxacilline

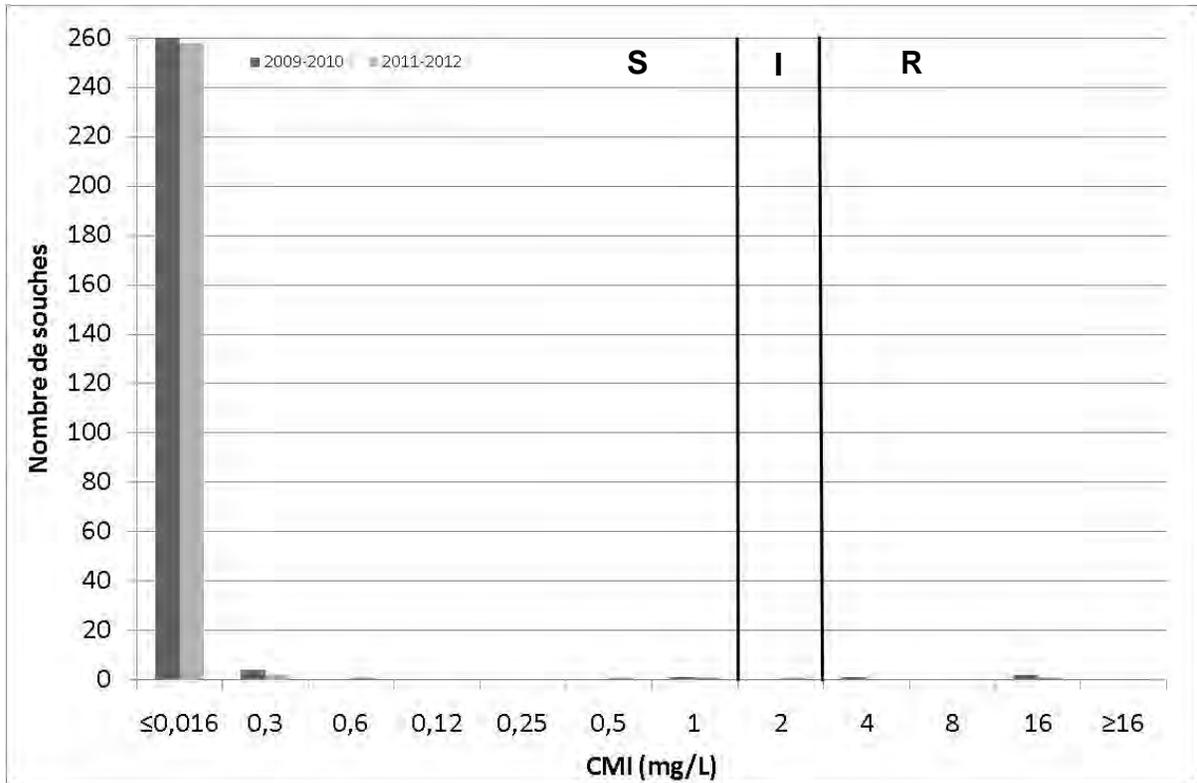
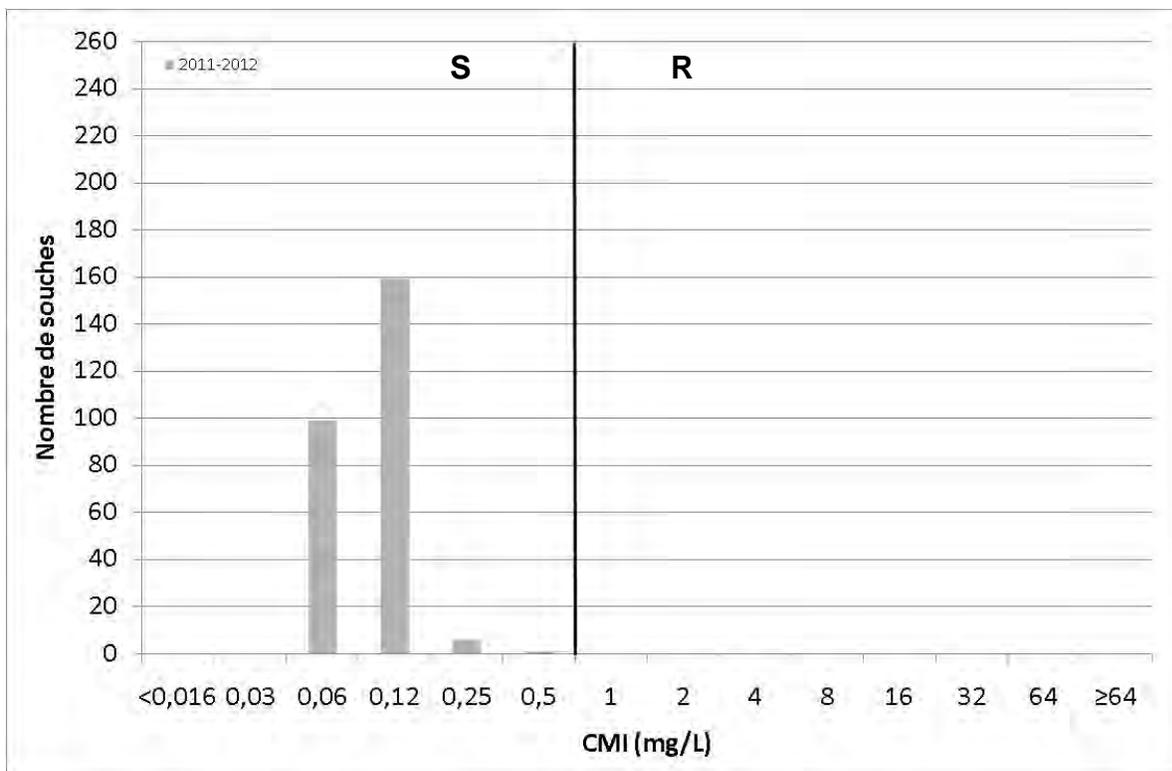
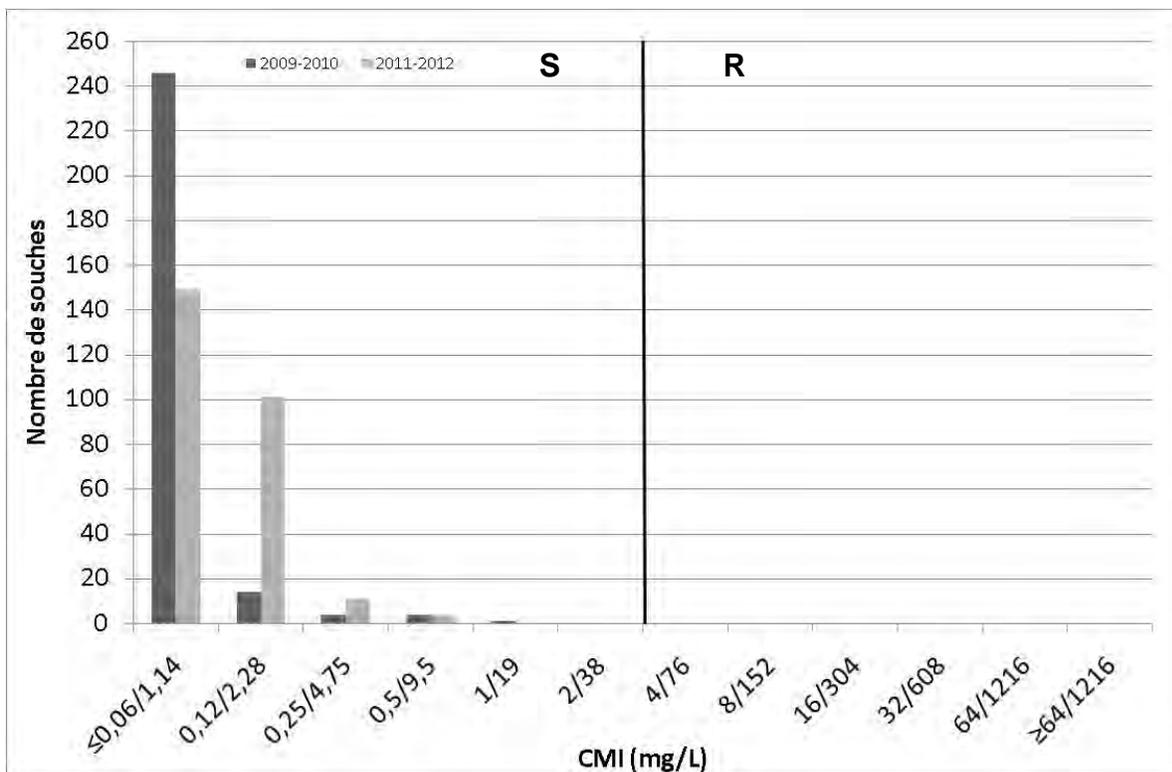


Figure 13 Rifampicine



**Figure 14 Tigécycline**

Note : la surveillance pour cet antibiotique a été initiée en 2011-2012.



**Figure 15 Triméthoprime-Sulfaméthoxazole**

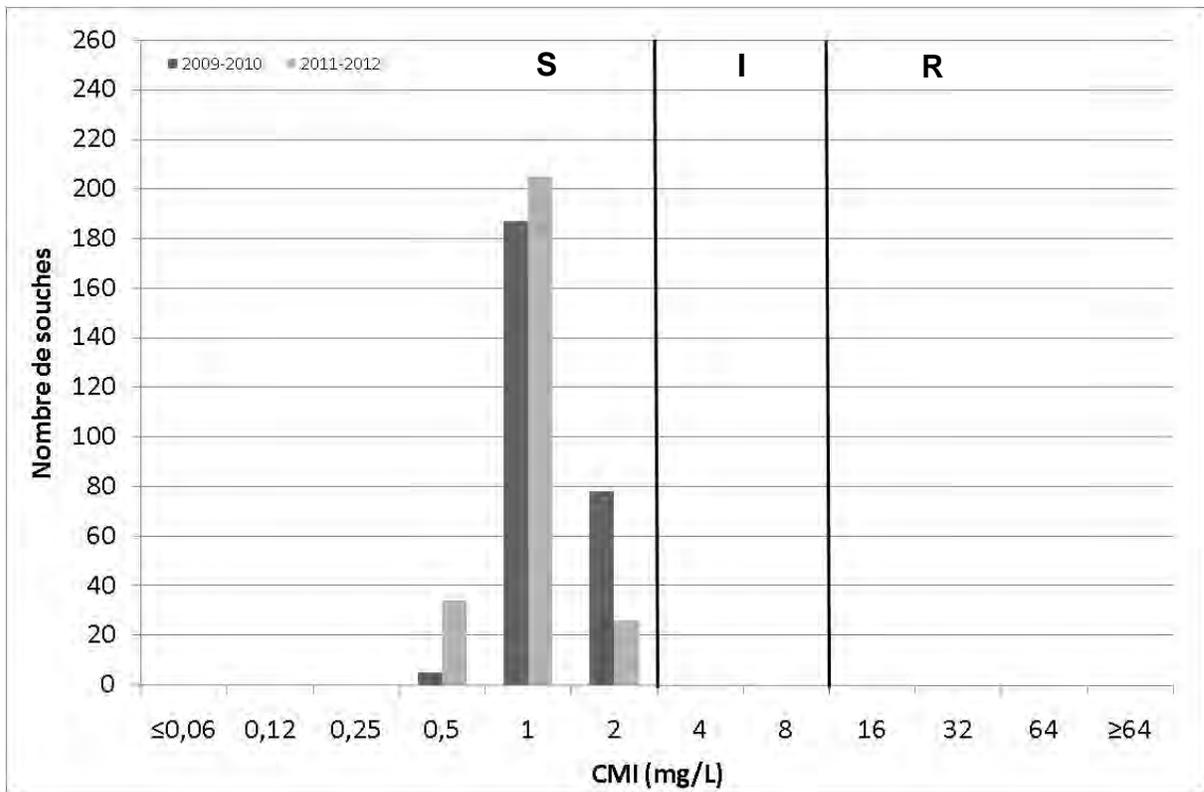


Figure 16 Vancomycine





EXPERTISE  
CONSEIL



INFORMATION



FORMATION

[www.inspq.qc.ca](http://www.inspq.qc.ca)



RECHERCHE  
ÉVALUATION  
ET INNOVATION



COLLABORATION  
INTERNATIONALE



LABORATOIRES  
ET DÉPISTAGE

Institut national  
de santé publique

Québec

