

Enquête nationale 2017 de surveillance des infections à *Neisseria gonorrhoeae* du 4 au 8 décembre 2017 - Newsletter de septembre 2018

Laboratoire expertise gonocoque associé au Centre National de Référence des IST bactériennes, Hôpital St Louis, Paris, France.

Introduction

Afin de caractériser les clones de *Neisseria gonorrhoeae* (NG) responsables d'infections urogénitales circulants en France, il a été proposé à 123 laboratoires de métropole et des départements et régions d'outre-mer (DROM) de collecter du 4 au 8 décembre 2017 les échantillons cliniques positifs à NG par PCR et/ou les souches obtenues en culture et de les envoyer au CNR accompagnés de données clinico-biologiques.

Matériels et méthodes

Les souches de NG ont été transportées en milieu liquide (Eswab, Copan) à 4° C et remises en culture à réception pour déterminer leur CMI à 6 antibiotiques (azithromycine, pénicilline G, ceftriaxone, céfixime, ciprofloxacine, tétracycline). Les déterminants moléculaires de la résistance ainsi que le génotypage ont été recherchés par séquençage à haut débit (NGS), technologie illumina (MiSeq, Illumina, San Diego, CA). L'analyse des données a été effectuée par l'étude *in silico* du génome (NG-MAST, MLST, NG-STAR).

Résultats

Répartition des laboratoires et caractéristiques des échantillons collectés

Soixante-douze laboratoires (40 CHU, 16 CHG, 13 privés, 3 CeGIDD) ont accepté de participer à l'étude (figure 1). Au final, 58 laboratoires (dont 4 en DROM) ont testé 14859 échantillons cliniques (figure 1). NG a été recherché dans 11716 (78,8%) échantillons par PCR, avec 4 systèmes analytiques majoritaires (Hologic, Cepheid, Roche et Abbott), et dans 3143 (21,2%) échantillons après mise en culture.

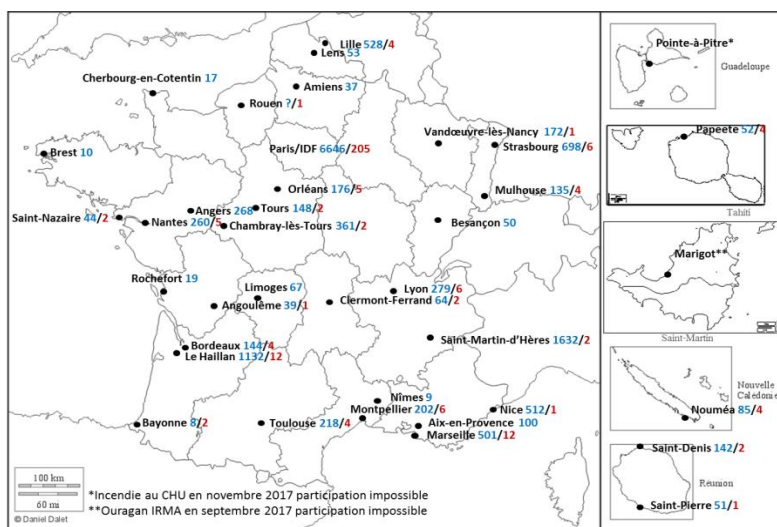


Figure 1. Répartition géographique des laboratoires participant à l'étude du 4 au 8 décembre 2017, avec pour chacun d'entre eux, le nombre total d'échantillons cliniques testés en PCR ou mis en culture (en bleu) et la somme des échantillons cliniques positifs en PCR et des cultures de NG envoyés à l'hôpital Saint-Louis (en rouge).

Les échantillons provenaient d'urines (29,9%), d'anus (25%), de gorge (20,5%), de vagin (13,1%), d'urètre (8,2%). Parmi les 11716 échantillons testés en PCR, 268 étaient positifs (2,3%) et provenaient de 243 patients dont 19% (51/268) femmes, 78,4% (210/268) hommes, 0,7% (2/268) transsexuels et 1,9% (5/268) inconnus. L'âge moyen et médian des patients était de 31 et 29 ans, les 24-33 ans représentant 43,2% des patients. Au total, 10,1% (27/268) des patients étaient séropositifs pour le VIH, 10,8% (29/268) déclaraient avoir des pratiques hétérosexuelles, 22,8% (61/268) étaient des HSH, 0,4% (1/268) était bisexuel et 66% (177/268) avaient des pratiques inconnues. Le CNR a également reçu 32 souches de NG provenant des 3143 échantillons cliniques mis en culture (taux de positivité : 1,0%), dont 25 ont été obtenues en subculture pour antibiogramme et séquençage à haut débit (NGS). Ces souches provenaient de prélèvements génitaux dans 88% des cas et de 2 femmes et 23 hommes.

Les services prescripteurs sont décrits dans la figure 2.

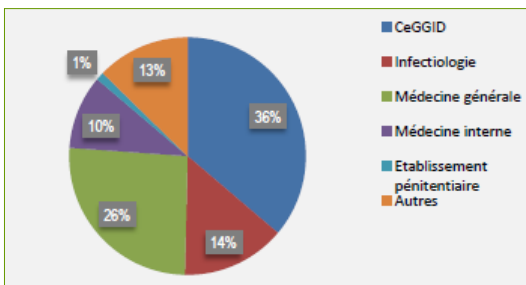


Figure 2. Répartition des services prescripteurs de l'étude.

Sensibilité des souches aux antibiotiques et génotypage

La figure 3 illustre la répartition des CMI au céfixime, ceftriaxone et azithromycine. Les 25 souches étaient intermédiaires ou résistantes dans 80%, 75%, 41,7%, 16% à la tétracycline, pénicilline G, ciprofloxacine, azithromycine, respectivement, et sensibles à la ceftriaxone [CMI<0,002 à 0,016mg/L], au céfixime [CMI<0,0016 à 0,016mg/L] et à la spectinomycine. L'analyse de la résistance à la ciprofloxacine sur échantillons est en cours avec la trousse *ResistancePlus*® GC (SpeedX).

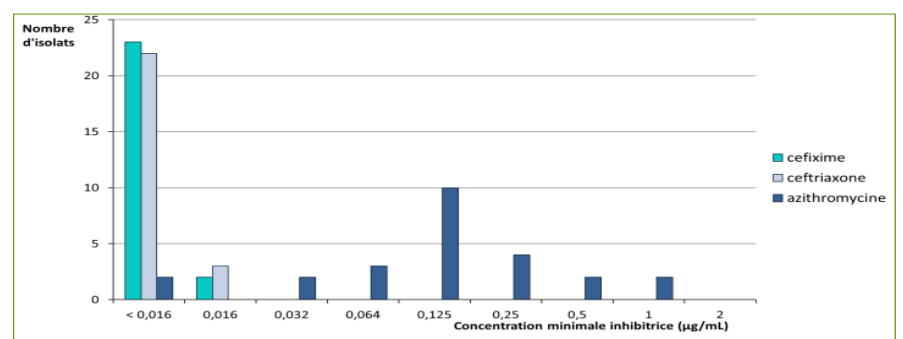


Figure 3. Répartition des CMI au céfixime, ceftriaxone et azithromycine pour les 25 souches de NG.

Les figures 4 et 5 montrent la répartition des génotypes des souches par NG-MAST et alignement des core génomes. Le génotype ST5441 (NG-MAST) était prédominant (12%) ; 24% avaient un ST inconnu.

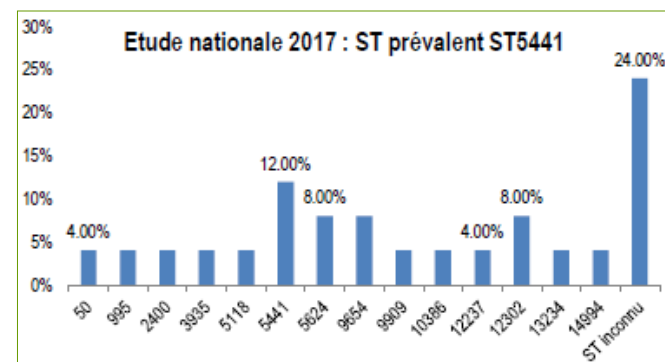


Figure 4. Distribution des ST (en %) pour les 25 souches de NG.

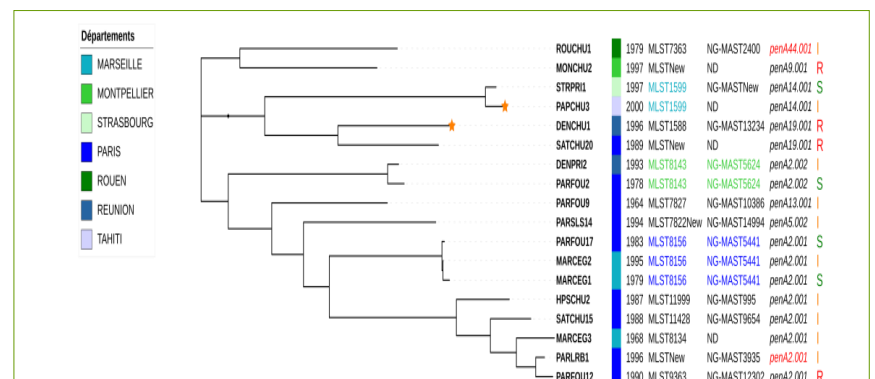


Figure 5. Alignement des core genome de 18 souches de NG par NGS et extraction *in silico* du NG-MAST, MLST, et allèle *penA* de NG.

Conclusion

Cette étude rapporte une prévalence de gonocoques de 2,0% (2,3 % en PCR et 1,0% en culture) dans le réseau observé. Elle montre l'apport du NGS pour l'étude des clones circulants en France. L'observation d'un nombre plus conséquent de souches en France métropolitaine et DROM serait intéressante à envisager en 2018.

Remerciements

Le laboratoire expertise gonocoque associé au Centre National de Référence des IST bactériennes remercie pour leur participation l'ensemble des biologistes des laboratoires et privés et leurs équipes.