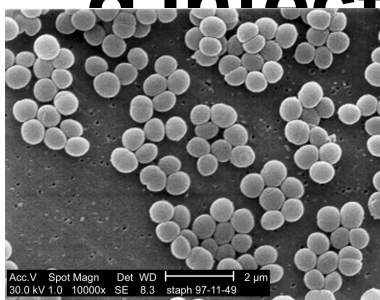


<https://www.ameSSI.org/infections-nosocomiales-nouvelle-strategie-contre-le-sarm-principale-cause-d-infection-nosocomiale>



Infections nosocomiales, nouvelle stratégie contre le SARM, principale cause d'infection nosocomiale



- INFECTIONS NOSOCOMIALES
Date de mise en ligne : dimanche 14 août 2011

Copyright © AMESSI.Org® Alternatives Médecines Évolutives Santé et

Sciences Innovantes ® - Tous droits réservés

Une équipe de chercheurs a défini une stratégie permettant de traquer pour la première fois l'évolution génétique et la transmission du SARM, le staphylocoque doré résistant aux antibiotiques responsable de la majorité des infections nosocomiales, selon des travaux publiés jeudi.

Ces chercheurs ont recouru à de nouvelles technologies de séquençage du génome de ces pathogènes pour comparer des souches isolées chez différents malades hospitalisés et déterminer de manière extrêmement précise leur parenté génétique et comment elles se sont transmises.

Ils ont pu aussi reconstituer les transmissions inter-continentales des différentes souches de SARM et remonter à leur origine, probablement en Europe dans les années 60.

Sommaire

- [Nouvelle stratégie contre le SARM, principale cause d'infection nosocomiale](#)

Nouvelle stratégie contre le SARM, principale cause d'infection nosocomiale

L'émergence de ce staphylocoque mutant correspond à la généralisation des antibiotiques, ce qui corrobore la théorie selon laquelle un usage excessif de ces anti-infectieux a provoqué une mutation des pathogènes pour y résister.

« Nous avons voulu tester notre méthode pour voir si elle permettait de traquer la propagation de l'infection par différentes souches de SARM d'un continent à l'autre tout aussi bien qu'à petite échelle entre des malades du même hôpital », explique le Dr Simon Harris, de l'Institut britannique Wellcome Trust Sanger, co-auteur de ces travaux publiés dans la revue américaine Science du 22 janvier.

Cette nouvelle technologie de séquençage permet de détecter rapidement les moindres variations génétiques entre ces souches et de déterminer le rythme de mutation de leur ADN, ce qui donne un éclairage sans précédent et en temps quasiment réel de l'évolution de ces staphylocoques.

Une des souches de SARM objet de l'étude subissait une mutation toutes les six semaines, précisent ces chercheurs.

Pour leurs travaux, ils ont séquencé le génome de SARM venant d'échantillons rassemblés par des hôpitaux en Amérique du Nord et du Sud, en Europe, en Australie et en Asie au cours des trente dernières années.
[https://www.amessi.org/local/cache-vignettes/L400xH311/Staphylococcus_aureus_01-23e2b.jpg] **staphylocoques**

URL Source : <http://www.france24.com/fr/>