

Augmentation de la prévalence de *Staphylococcus aureus* résistant à la métilcilline dans les élevages de porcs en France

Eric Jouy¹, Laëticia Le Devendec¹, Fabrice Touzain², Virginie Le Caër³, Thomas Lemoine⁴, Corinne Marois-Créhan¹, Claire de Boisséson¹, Isabelle Kempf¹, Yannick Blanchard² et Claire Chauvin³

^{1, 2, 3}Anses – Laboratoire de Ploufragan-Plouzané-Niort
Unités MBA¹, GVB² et EPISABE³, Ploufragan, France
⁴BD Porcs, Rennes, France

Au milieu des années 2000, un clone particulier de *Staphylococcus aureus* résistant à la métilcilline (SARM), le ST398, a été mis en évidence chez différentes espèces animales, dont le porc.

Cette résistance est liée à l'acquisition du gène *mecA* ou, plus rarement, *mecC*. Grâce à ce gène, le SARM résiste à la quasi-totalité des bêta-lactamines, réduisant ainsi l'arsenal thérapeutique dont dispose le clinicien.

En 2008, une enquête pilotée par la Commission Européenne et l'EFSA, à laquelle a participé l'Anses, a montré que la prévalence de SARM dans les élevages de porcs français était faible. Cinq élevages de production avaient été trouvés positifs sur les 185 investigués. Soit une prévalence de 2,7 % (IC_{95%} [1,2 – 6,2]), mais les situations étaient contrastées selon les pays (UE : 26,9 %; IC_{95%} [24,4-29,3]).

Dans certains pays, une forte augmentation de la prévalence de SARM en production porcine a depuis été rapportée. Afin de mesurer l'évolution en France, une nouvelle enquête a été réalisée au cours des années 2021 et 2022 grâce à un financement Ecoantibio du Ministère de l'Agriculture.

Population étudiée

- **Elevages de production porcine** hébergeant des truies
- **Tirés au sort** (base de données BDporc) Métropole. Stratification géographique (région)
- Effectif requis : 75 élevages (hypothèse prévalence SARM : 3% → 15%)
- Liste de 150 élevages tirés au sort (coordonnées, type et taille d'élevage)

Prélèvements

- **5 chiffonnettes de poussières** par élevage dans les salles hébergeant des truies
- Situation sanitaire (COVID) -> réalisation par les éleveurs, techniciens, vétérinaires
Information aux organisations professionnelles
- Echange postal des documents et du matériel (courrier explicatif, instructions, chiffonnettes, gants, enveloppe pré-timbrée, fiche de renseignements)
- Anonymat strict au laboratoire

Analyses

Enrichissement des 5 chiffonnettes analysées poolées
Bouillon Mueller-Hinton + 6,5 % NaCl
24h / 37°C



Isolement (10 µL) sur gélose sélective chromogène
Brilliance™ MRSA 2 (Thermo)
24h / 37°C



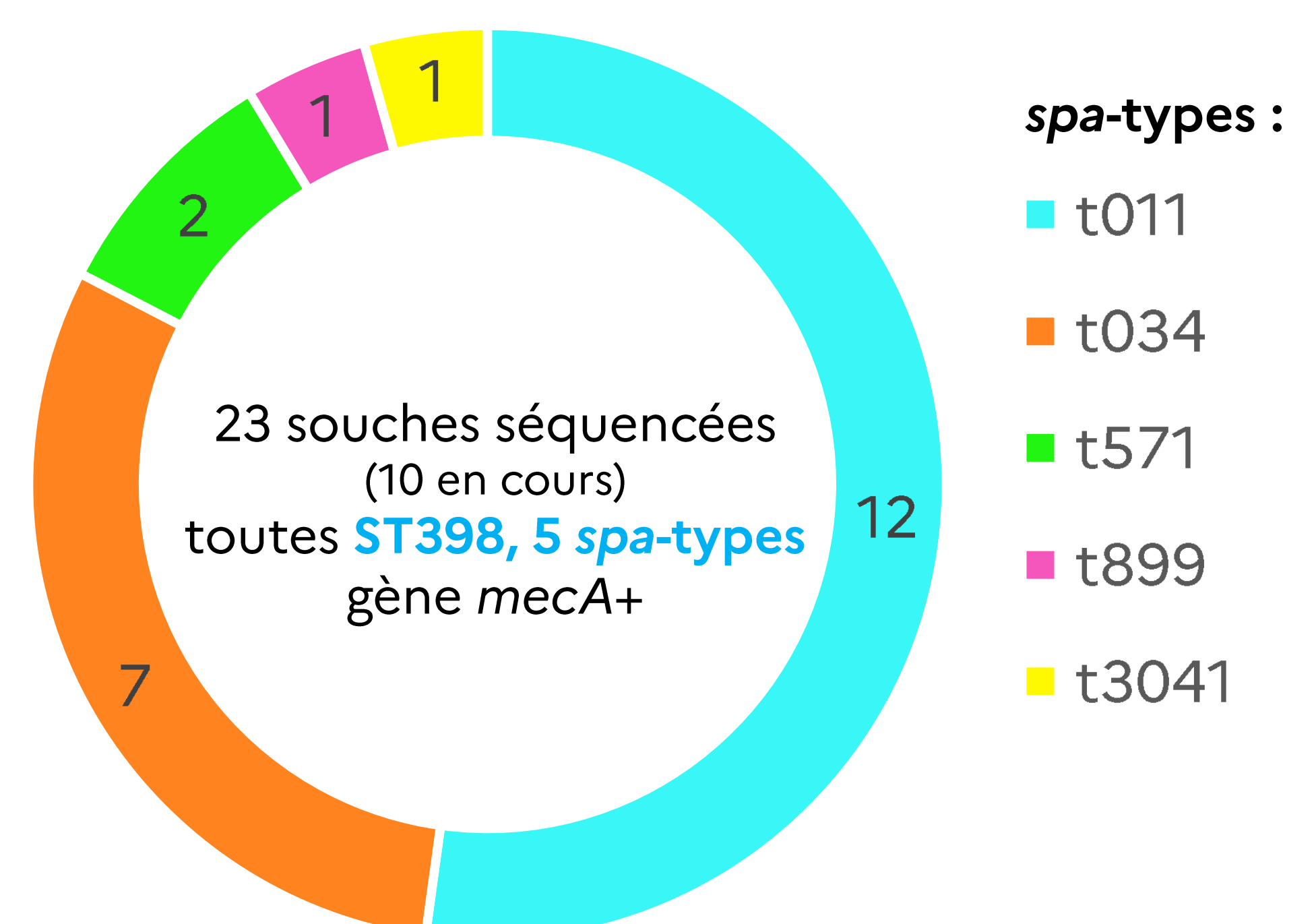
Isolement / purification
Gélose au sang
24h / 37°C



PCR *S. aureus*, *mecA/C*
Séquençage Illumina

Résultats

- Réception de 76 prélèvements de mai 2021 à février 2022
→ **Taux de participation : 51 %**
- Isolement de SARM : **33 / 76 élevages - 43,4 %** ; IC_{95%} [32,9 – 54,6%]
- Absence de lien (seuil de 5%) entre isolement de SARM et :
 - Région
 - Type d'élevage
 - Taille d'élevage
 - Saison
 - Délai de réception des échantillons



Conclusion - Discussion

Augmentation significative de la prévalence de SARM, de type ST398, dans les élevages de porcs en France entre 2008 (2,7 %) et 2021 (43,4 %) [élevages de production hébergeant des truies]

- A l'instar d'autres pays européens, diffusion du SARM ST398 dans le cheptel porcine français
- Malgré la baisse de l'exposition des porcs aux antibiotiques sur la même période
- Exposition des professionnels de la production porcine au SARM ST398

Remerciements

Éleveurs, techniciens, vétérinaires, organisations professionnelles, Inaporc
Plateforme séquençage/bioinformatique Anses/Unité GVB
Ministère de l'Agriculture, Direction Générale de l'Alimentation



Références bibliographiques

Anses - Agence Nationale du Médicament Vétérinaire, 2022, Rapport annuel
Armand-Lefevre et al., 2005, Emerging Infectious Diseases
EFSA Journal 2009; 7(11):1376
EFSA Journal 2010; 8(5):1597
Huijsdens et al., 2006, Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials
Kitti et al., 2020, Applied and Environmental Microbiology
Kock et al., 2009, Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis.
Pirolo et al., 2019, BMC Microbiology
Sieber et al., 2019, Scientific Reports