

La Dimension Géographique Des Infections Nosocomiales

Par Hajo Grundmann

En établissant un grand réseau de collaboration puis en combinant des techniques d'analyse moléculaire et spatiale, nous avons été capables de cartographier des souches spécifiques dans de vastes régions géographiques. À la base, nous avons pu démontrer que les clones de SARM (*Staphylococcus aureus* résistant à la méticilline) ne sont pas distribués au hasard mais regroupés. Mais l'étude a également illustré d'autres applications potentielles de cette approche. Grâce à la combinaison des données démographiques avec les résultats cliniques et les caractéristiques génétiques plus détaillées tels que les gènes codant pour les toxines ou les propriétés de virulence, ces outils de cartographie pourraient devenir extrêmement polyvalents pour les enquêtes épidémiologiques.

Ils permettront l'alerte précoce et l'intervention à l'hôpital concerné et sur les agents pathogènes locaux. Cette information devrait aider à une meilleure compréhension de la transmission, qui se fait également à travers la liaison entre les différents habitats écologiques - comme les élevages, les réservoirs environnementaux - et les humains, les facteurs de risque comme l'exposition causée par les visiteurs ou les professionnels des soins de santé dans les maisons de retraite, etc. et devrait donc être en mesure d'aider à protéger les populations les plus vulnérables.

Published on : Sun, 1 Aug 2010