

RESUME

Introduction : Les Bêta-Lactamases à Spectre Elargie (BLSE) sont des enzymes bactériens plasmidiques ou chromosomiques capables d'inactiver les Pénicillines, les Céphalosporines, l'Aztréonam et inactifs sur les Carbapénèmes et les Céphamides. Ils sont codés par les gènes bêta-lactamase (gènes *bla*) de la famille *TEM* (Temoniera), *SHV* (Sulphydryl Variable), *CTX-M* (Céfotaximase – Munich). Les organismes exprimant ces gènes sont largement répandus dans le monde avec des taux de prévalence très variable d'une région à une autre. La résistance bactérienne par production de BLSE est devenue un problème de santé publique mondiale car compromettant gravement les thérapies antimicrobiennes. Le but de cette étude était de déterminer les gènes de résistance *bla* hébergés par les Entérobactéries productrices de Bêta-lactamases à Spectre Elargi (BLSE) isolées de différents produits pathologiques à l'Institut National d'Hygiène (INH) de Lomé, TOGO.

Méthodologie : Cent soixante-cinq souches (165) d'Entérobactéries résistantes aux Céphalosporines de 3^e génération (C3G) ont été collectées à l'INH de Lomé. La recherche des gènes de résistance codant pour les Bêta-Lactamases à Spectre Elargie (BLSE) a été réalisée au CERBA/LABIOGENE à Ouagadougou par la PCR classique multiplex pour *TEM/SHV* et simplex pour *CTX-M* groupe 1.

Résultats : *Escherichia spp* était l'espèce la plus fréquente (91) suivis de *Klebsiella spp* (64). Isolées majoritairement des Urines (58,18 %), les souches présentaient une forte résistance aux C3G: 98 % (CAZ) à 99 % (CRO, CTX) ; l'Imipénème (98 %), l'Amikacine (97 %) et la Fosfomycine (96 %) ont été les plus actives. Le phénotype BLSE a été retrouvé chez 96 % des souches et 164/165 ont été positives à la PCR. Le gène *CTX-M-G1* (95,73 %) a dominé le profil des gènes de résistances BLSE suivi de *TEM* (82,31 %) et de *SHV* (45,12 %). La BLSE *CTX-M-1* était plus produite par *Escherichia spp* (56,69 %) et la *SHV* par *Klebsiella spp* (66,21 %). *Escherichia spp* est resté l'espèce majoritaire hébergeant ces gènes.

Conclusion : Parmi les 164 souches positives à la PCR, nous avons détecté les BLSE *CTX-M* du groupe 1 chez *Escherichia spp* majoritairement, du *TEM* et du *SHV* beaucoup plus chez *Klebsiella spp*.

Il s'agit ici d'une première détermination de ces gènes bêta-lactamases au Togo.

Le séquençage de ces gènes s'impose pour mieux caractériser les différents types de BLSE qui circulent à Lomé.

Mots clés : Entérobactéries, *blaTEM*, *blaSHV*, *blaCTX-M-1*, INH TOGO.