

Connaissez-vous *Elizabethkingia anophelis* ? Embarquement pour une étude de cas à Nouméa

Christelle Feuillerat¹, Matthieu Pot², Alexandre Bourles², Jessica Denjean¹, Céline Rey¹, Delphine Ripert¹, Tiffany Ruge^{1,2}, Julien Colot^{1,2}

1- Équipe opérationnelle d'hygiène – Centre hospitalier territorial Gaston-Bourret (CHT-GB) – Nouméa – Nouvelle-Calédonie – France

2- Groupe de bactériologie médicale et environnementale – Institut Pasteur de Nouvelle-Calédonie – Nouméa – Nouvelle-Calédonie – France

✉ **Christelle Feuillerat** – CHT-GB – 110, boulevard Joseph-Wamytan – 98849 Nouméa – Nouvelle-Calédonie – France – E-mail : christelle.feuilleurat@ght-gpne.fr

Introduction

Chaque année, près d'un patient sur vingt contracte une infection nosocomiale [1]. Pour rappel, il s'agit d'une infection acquise au cours ou au décours d'une prise en charge dans un établissement de santé et qui n'était ni présente ni en incubation au début de cette prise en charge [2]. En néonatalogie, et notamment en réanimation néonatale, ce type d'infection est

fréquent en raison de la vulnérabilité des patients. Sa survenue est favorisée par des facteurs de risque tels que la prématurité, le faible poids de naissance, l'immaturité des défenses immunitaires, ainsi que la pose d'un cathéter ou l'utilisation de la ventilation mécanique. Ces infections exposent les nouveau-nés à une morbidité augmentée à court ou long terme et

Résumé

Découverte pour la première fois en 2011, *Elizabethkingia anophelis* est considérée comme une bactérie opportuniste émergente responsable de plusieurs épidémies chez l'homme survenues ces dernières années. Cette étude observationnelle rétrospective décrit les étapes d'investigation menées par l'équipe opérationnelle d'hygiène (EOH) du centre hospitalier territorial Gaston-Bourret en Nouvelle-Calédonie, après l'apparition en 2022 de trois cas d'infection à *E. anophelis*, dont deux méningites, chez des nourrissons hospitalisés en néonatalogie. Les investigations comprenaient des analyses de laboratoire, une revue de littérature concernant des épidémies antérieures du germe, ainsi qu'un examen approfondi des dossiers médicaux des cas. Cette démarche a permis d'établir des hypothèses quant à l'origine de la contamination et au mode de transmission de cette suspicion d'épidémie. L'hypothèse d'une source environnementale intermittente a été évoquée pour expliquer la situation. La réalisation de prélèvements environnementaux dans le service, orientée par les recherches bibliographiques et l'étude des dossiers médicaux, a permis de retrouver *E. anophelis*, avec un profil de résistance similaire, sur un débitmètre à oxygène utilisé pour les trois patients. Si les éléments de l'enquête suggéraient une transmission via ce dispositif médical dans le service, les analyses génomiques ont permis d'écarter l'existence d'une épidémie, ce qui a confirmé leur intérêt crucial pour l'investigation. La gestion de cette suspicion a par ailleurs permis de valoriser la coordination pluriprofessionnelle assurée par l'EOH, dont la collaboration en interne comme avec les services partenaires s'est organisée autour d'un objectif commun : l'amélioration de la qualité des soins.

Mots-clés : Épidémie – *Elizabethkingia anophelis* – Désinfection – Dispositif médical – Séquençage de génome complet.

Abstract

Are you familiar with *Elizabethkingia anophelis*? A case study from Nouméa

First identified in 2011, *Elizabethkingia anophelis* is regarded as an emerging opportunistic bacterium responsible for several human outbreaks reported in recent years. This retrospective observational study describes the investigation steps conducted by the infection prevention and control team of the Gaston-Bourret Territorial Hospital Center in New Caledonia, following the occurrence in 2022 of three *E. anophelis* infections, including two cases of meningitis, among newborns hospitalized in the neonatal unit. The investigation involved laboratory analyses, a literature review of previous outbreaks caused by this organism, and an in-depth review of the patients' medical records. This approach led to the formulation of hypotheses regarding the possible source and mode of transmission of the suspected outbreak. An intermittent environmental source was considered to explain the situation. Targeted environmental sampling, guided by the literature review and analysis of clinical data, revealed *E. anophelis* with a similar resistance profile on an oxygen flowmeter used for all three patients. Although the findings suggested transmission through this medical device within the unit, genomic analyses ruled out the existence of an outbreak, highlighting their crucial value for investigation. The management of this suspected event also highlighted the importance of the multiprofessional coordination led by the infection prevention and control team, whose internal and interdepartmental collaboration was organized around a common objective: improving the quality of care.

Keywords: Outbreak – *Elizabethkingia anophelis* – Disinfection – Medical device – Whole-genome sequencing.

augmentent le risque de décès [3]. Si la grande majorité des infections nosocomiales sont causées par des bactéries fréquemment rencontrées comme *Escherichia coli* ou *Staphylococcus aureus* [1], certaines peuvent être attribuées à des bactéries émergentes beaucoup plus rares. Cela a été le cas pour trois nouveau-nés hospitalisés dans le service de néonatalogie du centre hospitalier territorial Gaston-Bourret (CHT-GB) de Nouvelle-Calédonie (Nouméa), qui ont développé des infections à *Elizabethkingia anophelis* et dont deux présentaient une méningite. De la famille des *Flavobacteriaceae*, le genre *Elizabethkingia* a été identifié pour la première fois en 2005. À ce jour, sept espèces sont reconnues et validées par l'International Code of Nomenclature of Prokaryotes¹ pour ce genre : *E. argenteiflava*, *E. meningoseptica*, *E. miricola*, *E. bruuniana*, *E. ursingii*, *E. occulta* et *E. anophelis* [4-7]. *E. anophelis* est décrite comme un agent pathogène opportuniste émergent, responsable de plusieurs épidémies chez l'homme ces dernières années [4,5,6,8-10]. Cette bactérie a été caractérisée en 2011 après avoir été isolée à partir du moustique anophèle [4,6,8,9]. La revue de la littérature fait état de 35 épidémies, survenues majoritairement à Taïwan, en Inde et aux États-Unis. Ces épidémies, responsables le plus souvent de méningites, de pneumonies ou de bactériémies liées aux cathéters, ont été signalées dans des services de soins intensifs pour adultes ou pédiatriques [4,5,11]. Les bactériémies à *E. anophelis* sont associées à une mortalité élevée estimée à 23,5% et à de fréquentes complications sévères [11]. Avec 66 cas confirmés, la plus grande épidémie a été détectée en 2015 dans le Midwest aux États-Unis. Ses réservoirs sont majoritairement environnementaux, soit en particulier les milieux hydriques et le sol, avec un potentiel important de contamination des environnements hospitaliers, notamment des dispositifs médicaux invasifs [4,5,11,12]. Son origine communautaire est assez inhabituelle, les infections à *Elizabethkingia* ayant été jusqu'ici principalement associées aux soins [9]. La prévention des infections est au cœur des missions de l'équipe opérationnelle d'hygiène (EOH). Pour remplir efficacement ce rôle, il est essentiel que ces équipes soient structurées et dotées des ressources nécessaires en adéquation avec les besoins. Elles doivent être composées au minimum d'un temps praticien et d'un temps infirmier, et peuvent intégrer d'autres professionnels (technicien bio-hygiéniste, cadre de santé, etc.), ce qui favorise la pluridisciplinarité et la complémentarité [13]. L'objectif de cette étude est de décrire les étapes de l'investigation, depuis la découverte de la suspicion d'épidémie à *E. anophelis* jusqu'à la mise en place de mesures correctives en néonatalogie au cours de l'année 2022, tout en soulignant l'intérêt de disposer d'outils comme le séquençage de génome complet pour optimiser la gestion d'une suspicion d'épidémie.

Matériel et méthodes

Design de l'étude

Une suspicion d'épidémie à *Elizabethkingia anophelis* a fait l'objet d'une étude observationnelle rétrospective de janvier à décembre 2022 au centre hospitalier Gaston-Bourret.

Participants et contexte

Le CHT-GB est le principal établissement hospitalier public de Nouvelle-Calédonie. Il dispose de 565 lits dont 24 en néonatalogie, répartis en trois secteurs selon le degré de gravité de l'état du nouveau-né : la réanimation néonatale, la médecine 1 et la médecine 2. Une équipe paramédicale est dédiée à chaque secteur. En 2022, 367 patients ont été hospitalisés en néonatalogie, avec une durée moyenne de séjour de 13 jours. L'EOH du CHT-GB est composée d'un équivalent temps plein (ETP) praticien, d'un ETP cadre de santé, de deux ETP infirmier, d'un ETP secrétaire et de 0,9 ETP technicien bio-hygiéniste. Le laboratoire d'hygiène et d'environnement (LHE), géré par la même équipe d'encadrement, compte cinq ETP technicien chargés de l'analyse des contrôles internes, mais également de ceux réalisés hors de l'établissement.

Diagnostic microbiologique

Après examen direct, les échantillons ont été ensemencés sur gélose au sang et sur gélose chocolat enrichie de PolyViteX (PVX) (bioMérieux, Marcy-l'Étoile, France), et incubés à 35°C +/- 2°C en atmosphère enrichie en CO₂ pendant 48 heures. L'utilisation de la spectrométrie de masse MALDI-TOF² (Microflex[®] LT-MS, Bruker Daltonics, Billerica, MA, États-Unis ; base de données BDAL Library) a permis d'identifier *E. anophelis* avec une bonne discrimination. L'étude de la sensibilité aux antibiotiques a été réalisée par la méthode de diffusion sur disque avec Etest[®] (bioMérieux, Marcy-l'Étoile, France) selon les recommandations du comité de l'antibiogramme de la Société française de microbiologie de 2021, en utilisant les break-points (concentrations critiques) des bacilles gram négatif type *Pseudomonas* sp.

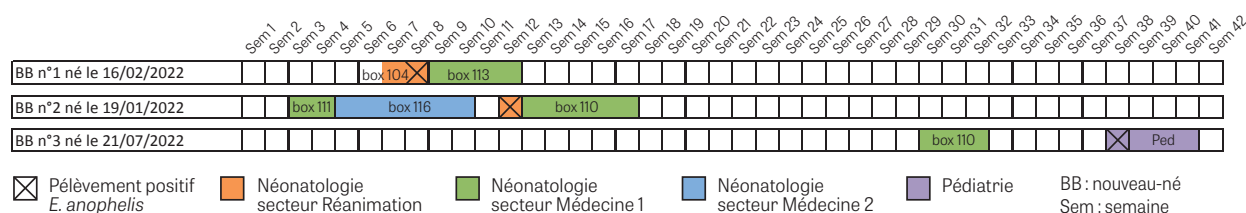
Investigation épidémiologique

Un cas a été défini comme tout patient de néonatalogie présentant un prélèvement positif à *E. anophelis* en 2022.

Interventions

Tout d'abord, une revue bibliographique et l'utilisation de différents outils, tels que le tableau synoptique des cas (Figure 1) et la cartographie du service (Annexe I), ont permis de formuler des hypothèses quant à l'origine de la contamination et à son mode de transmission. En parallèle, trois réunions ont été organisées avec les équipes médicales et paramédicales de néonatalogie, ainsi qu'avec l'équipe d'hygiène, afin de partager les informations sur les cas rencontrés et de coordonner les actions à mettre en œuvre. Nous avons analysé

Figure 1 - Tableau synoptique des cas.



l'historique des résultats cliniques des cinq dernières années via le logiciel de laboratoire (Inlog, Limonest, France). Une recherche dans les dossiers médicaux, extraits du logiciel DxCare® (Dedalus, Milan, Italie), a aussi permis de recouper les dispositifs médicaux communs utilisés lors des soins. Deux séries de prélèvements environnementaux (eaux et surfaces par écouvillonnage) ont été réalisées les 11 et 14 octobre 2022 dans les trois secteurs du service afin de rechercher un potentiel réservoir (Annexe II). Pour ce faire, des écouvillons secs stériles en coton ont été extemporanément trempés dans une solution stérile de neutralisant. Après passage des écouvillons sur les surfaces planes en stries rapprochées sur 25 cm² environ, ou selon un temps de contact de 15 secondes pour les autres surfaces, ceux-ci ont été acheminés jusqu'au LHE. Au laboratoire, une prise d'essai de 100 µL a été mise en culture sur une gélose sélective chromogène pour bactéries coliformes (CCA³), pendant 24 heures à 37°C. Les colonies suspectes ont été identifiées par MALDI-TOF. Les prélèvements d'eau ont été réalisés sur les points d'usage en premier jet d'eau mitigée, puis 100 ml de chaque échantillon ont été filtrés sur une rampe à filtration. Chaque filtre, en ester de cellulose avec des pores de 0,45 µm, a été incubé de la même façon sur une gélose CCA pendant 24 heures à 37°C.

Analyses génomiques

Des analyses génomiques ont été lancées afin de vérifier le lien entre les différentes souches médicales et la souche environnementale. Les ADN⁴ des isolats ont été extraits à partir d'une culture pure avec le kit QIAamp® DNA Mini Kit (Qiagen, Venlo, Pays-Bas). Le génome complet a ensuite été séquencé avec la technologie « short-reads » (à courte lecture) DNB-SEQ PE150 (BGI Tech Solutions, Hong Kong, Chine). L'outil fq2dna⁵ (Institut Pasteur, Paris, France) a ensuite permis de réaliser l'assemblage de novo. Un premier arbre phylogénétique a d'abord été construit avec Mashtree (Mashtree, Calicut, Kerala, Inde) et l'algorithme Mash distances pour les isolats de Nouvelle-Calédonie. La figure associée a été réalisée via l'interface iTOL (Interactive tree of life⁶). Par la suite, afin de mieux mettre en perspective ces génomes, nous avons téléchargé avec l'outil NCBI Datasets (bases de données du National Center for Biotechnology Information, Bethesda, MD, États-Unis) tous les assemblages associés à l'espèce

E. anophelis présents dans la base de données génétiques Genbank NCBI à la date du 27/06/2023.

Résultats

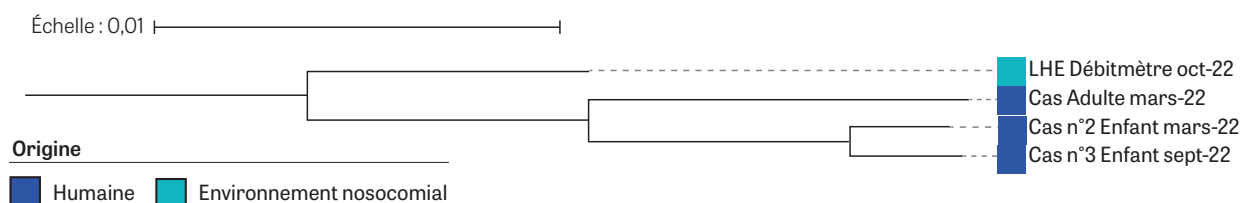
Alerte

L'apparition d'un deuxième cas, un mois après le premier, a immédiatement alerté les biologistes et les médecins de néonatalogie. Le troisième cas, survenu six mois plus tard, a officiellement déclenché l'investigation. Le taux d'attaque, défini par le nombre de nouveaux cas d'infection à *E. anophelis* rapporté au nombre total de patients hospitalisés en néonatalogie pendant la période étudiée, a été estimé à 0,82 %. Une pseudo-épidémie, qui aurait pu être liée à un biais de détection induit par un changement récent de stratégie, de dépistage ou de méthode de diagnostic, a rapidement été écartée.

Présentation des cas

Trois cas de prélèvement positif à *E. anophelis* ont été relevés en 2022 :

- Cas n° 1 : transféré au CHT-GB pour détresse respiratoire sur inhalation méconiale à la suite d'une césarienne en code rouge le 16/02/2022, le nouveau-né a été hospitalisé en réanimation néonatale du 17 au 25/02/2022. Un prélèvement effectué le 22/02/2022 sur sonde d'intubation est revenu positif pour *E. anophelis*. Après prise en charge, l'évolution a été favorable. Le nouveau-né a ensuite été transféré en néonatalogie secteur médecine 1 avant de sortir de l'hôpital le 24/03/2022.
- Cas n° 2 : admis aux urgences le 21/03/2022, puis hospitalisé en réanimation néonatale pour prise en charge d'une méningite et d'un sepsis, un nourrisson né le 19/01/2022 a d'abord reçu un traitement par amoxicilline et céfotaxime. Les prélèvements d'hémoculture et de liquide céphalo-rachidien (LCR) du 21/03/2022 sont revenus positifs à *E. anophelis*. Compte tenu du caractère multirésistant du germe et de l'antibiogramme obtenu, une antibiothérapie associant ciprofloxacine et cotrimoxazole a été commencée sur avis des infectiologues. Après amélioration clinique, le nouveau-né est retourné à domicile le 26/04/2022. L'enquête a également révélé une précédente hospitalisation en néonatalogie, du 19/01/2022 au 24/01/2022 en secteur médecine 1, puis du 24/01/2022 au 11/03/2022 en secteur de médecine 2.

Figure 2 - Arbre phylogénétique des *Elizabethkingia anophelis* de Nouvelle-Calédonie (n=4).

L'arbre a été construit avec Mashtree (Mashtree, Calicut, Kerala, Inde) via l'algorithme Mash distance et annoté sur iTOL* (*Interactive tree of life*). La date de prélèvement est indiquée avec le nom des isolats.

*Letunic I, Bork P. Nucleic Acids Res. 2024. Doi : 10.1093/nar/gkae268.

- Cas n° 3 : le 19/09/2022, un nouveau-né a été hospitalisé en service de pédiatrie après un passage aux urgences pour fièvre isolée sans point d'appel clinique. Les hémocultures du 19/09/2022 sont revenues positives à *E. anophelis*. Le LCR, négatif le 19/09, est revenu positif à *E. anophelis* sur le prélèvement du 22/09. Un switch antibiotique pour mise en place d'une bithérapie ciprofloxacine associée au cotrimoxazole a eu un effet bénéfique sur le nourrisson, qui est rentré à domicile le 14/10/2022. Nous avons noté, dans les antécédents, une précédente hospitalisation en néonatalogie du 31/07/22 au 09/08/2022 en secteur médecine 1.

Le tableau synoptique a suggéré une exposition intermittente (Figure 1). La cartographie du service (Annexe I) a mis en évidence que le phénomène épidémique concernait plusieurs box et l'ensemble des trois secteurs. Les investigations menées dans les dossiers médicaux des trois cas ont montré que tous avaient bénéficié d'une assistance respiratoire par des lunettes nasales à haut débit, ainsi que de sondes naso-gastriques. Les recherches bibliographiques concernant la transmission du germe dans un contexte d'épidémie rapportent l'existence de plusieurs réservoirs hydriques avec une contamination environnementale (robinets d'eau, canalisations), ou d'une contamination interhumaine via des dispositifs médicaux, notamment les équipements respiratoires [3,12].

Résultats de l'investigation environnementale

Les prélèvements ont ciblé les locaux (siphons, plans de travail, postes informatiques) et des dispositifs médicaux (débitmètres à O₂, prises murales de fluides médicaux), que ce soit dans les parties communes ou dans les box. Davantage de prélèvements ont été réalisés dans les box impliqués dans les trois cas. Les prélèvements d'eau (n=17) n'ont pas permis de détecter la présence d'*E. anophelis*, contrairement aux prélèvements de surfaces (n=62), pour lesquels la bactérie a été identifiée sur un site : la sortie d'un débitmètre à oxygène. La souche environnementale isolée a été conservée afin d'être comparée avec les souches d'origine humaine.

Actions immédiates

Le débitmètre a immédiatement été identifié et séquestré. Par mesure de précaution, les autres débitmètres qui

n'avaient pas été prélevés ont fait l'objet d'un prélèvement lors d'une seconde série réalisée le 27/10/2022. Aucun prélèvement supplémentaire ne s'est révélé positif. En guise d'action corrective ponctuelle, une désinfection de bas niveau a été réalisée par immersion de l'olive de sortie de chaque débitmètre dans un bain de solution détergente et désinfectante de type Surfanios® (Laboratoires Anios, Lezennes, France) (trempage de 15 minutes associé à une action mécanique). Cette méthode d'immersion permet un meilleur accès aux surfaces moins accessibles telles que l'embout à visser par exemple [14].

Résultats de l'investigation génomique

L'enquête a permis d'identifier une autre souche d'*E. anophelis* chez un adulte hospitalisé en cardiologie en mars 2022 mais exclue du périmètre défini par notre épidémie. Bien que les souches cliniques des cas n° 2 et n° 3 (la souche du cas n° 1 n'ayant pas été conservée) présentent le même antibiogramme et semblent potentiellement liées, le lien épidémique a été réfuté par l'investigation génomique. En effet, la matrice de distance issue de l'analyse cgMLST (*core-genome multi-locus sequence typing*) (Tableau I) avec les comparaisons par paires révèle une moyenne de 954 différences dans les locus (minimum : 415 ; maximum : 1470), ce qui est bien au-delà des valeurs généralement utilisées pour conclure à une épidémie monoclonale sur la période. L'arbre phylogénétique local (Figure 2) avec les trois souches isolées chez des patients calédoniens (cas n° 2 enfant, cas n° 3 enfant et cas adulte) et la souche retrouvée sur le débitmètre par le LHE, montre que ces isolats sont présents sur différentes branches, suggérant une absence de lien entre les infections constatées et les prélèvements environnementaux réalisés à la même période. Enfin, l'arbre global (Figure 3) regroupant 331 isolats d'*E. anophelis* nous a permis de mieux mettre en perspective notre collection. Il confirme aussi l'absence de lien entre les quatre souches calédoniennes (cgMLST complet et détails des assemblages utilisés en référence [15]).

Discussion-Conclusion

Contrairement à de nombreuses enquêtes qui laissent subsister un doute quant à l'existence d'un lien épidémique, dans le cas présent la comparaison génomique des souches cliniques et de la souche environnementale

a permis d'infirmer la suspicion d'épidémie à *E. anopheles*. La réalisation d'analyses comme le séquençage de génome complet se révèle un outil indispensable en cas de suspicion d'épidémie.

Difficultés et biais

Toutefois, la principale difficulté réside dans le délai de restitution de ces analyses, qui n'ont été communiquées que plusieurs mois après l'apparition du dernier cas. Pendant toute cette période, tous les éléments de l'enquête semblaient conforter notre hypothèse d'une contamination intermittente des patients via le débitmètre à oxygène. De plus, la découverte de ce germe plutôt rare lors de la réalisation de la campagne de prélèvements environnementaux n'a fait qu'étayer, à tort, notre suspicion d'épidémie. Pour être totalement exhaustifs et écarter de façon certaine le lien épidémique, il aurait fallu conserver la souche du cas n° 1 afin de permettre la comparaison génomique. Par ailleurs, le biais principal de cette étude repose sur la mise à jour en 2020 de la base de données du spectromètre de masse. En effet, l'automate MALDI-TOF, avec sa version V3.2, permet une identification efficace et précise de l'espèce *anopheles*, contrairement aux versions précédentes. L'augmentation du nombre de cas pourrait davantage être liée à l'amélioration de la détection de ce germe plutôt qu'à l'émergence d'un nouvel agent pathogène.

Tableau I – Matrice de distance des isolats d'*Elizabethkingia anopheles* retrouvés en Nouvelle-Calédonie et séquencés lors de l'étude.

cgMLST-dists	LHE débitmètre	Cas n° 3 enfant	Cas adulte	Cas n° 2 enfant
Débitmètre	0	1 470	1 444	1 470
Cas n° 3 enfant	1 470	0	1 418	415
Cas adulte	1 444	1 418	0	1 419
Cas n° 2 enfant	1 470	415	1 419	0

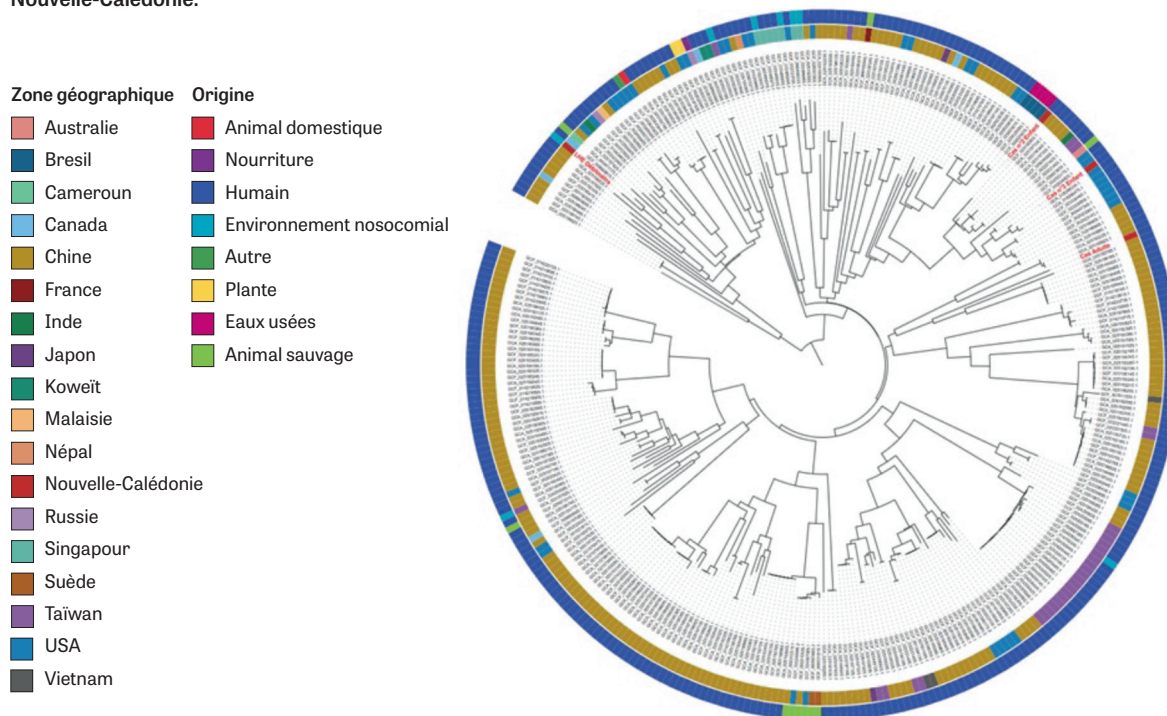
La comparaison par paires est issue des outils chewBBACA (*Molecular Microbiology and Infection Unit* [UMMI] de la faculté de médecine de Lisbonne, Lisbonne, Portugal) et cgMLST-dists, et basée sur le schéma cgMLST (*core-genome multi-locus sequence typing*) du genre *Elizabethkingia* (BIGSdb-Pasteur).

BIGSdb : *Bacterial Isolate Genome Sequence Database* ; LHE : laboratoire d'hygiène et d'environnement.

Actions mises en place

Pour information, l'ensemble des spectres d'*Elizabethkingia* spp. depuis 2014 (n=17) ont été réanalysés avec la nouvelle base de données, relevant la présence antérieure d'*E. anopheles* dans deux prélèvements, l'un humain et l'autre environnemental. Bien que la suspicion d'une épidémie dans un service de soins génère de l'anxiété et une charge de travail supplémentaire, elle conduit à revoir avec les équipes les notions de base de l'hygiène hospitalière. Cet épisode a été l'occasion pour l'EOH d'organiser des sessions de sensibilisation autour des précautions

Figure 3 – Arbre phylogénétique des souches d'*Elizabethkingia anopheles* issues de NCBI (n=327 ; 1982-2021) et de Nouvelle-Calédonie.



L'arbre a été construit avec Mashtree via l'algorithme Mash distance et annoté sur iTOL*.

Le cercle intérieur représente l'origine géographique des isolats. Le second cercle est associé à l'origine du pré-lèvement. Les quatre labels correspondant aux souches de Nouvelle-Calédonie sont indiqués en rouge. Ces souches ont toutes été isolées en 2022. Les autres labels se réfèrent à la nomenclature de l'assemblage retrouvée sur NCBI (*National Center for Biotechnology Information*, Bethesda, MD, États-Unis).

*Interactive tree of life. Letunic I, Bork P. *Nucleic Acids Res.* 2024. Doi : 10.1093/nar/gkae268.

standard et plus particulièrement de la promotion de l'hygiène des mains avec des ateliers théoriques et pratiques, et un focus sur les méthodes de désinfection des dispositifs médicaux. Le protocole de désinfection des débitmètres a également été rappelé aux équipes, en tenant compte d'une potentielle épidémie liée à un défaut de désinfection. Les points clés que sont le démontage des éléments amovibles, la dilution du produit, le temps d'action et le stockage en zone propre ont ainsi été revus.

Valorisation du travail en équipe

Cette gestion d'épidémie a enfin eu le mérite de mettre en valeur le travail d'équipe au sein d'un centre hospitalier, en insistant sur la collaboration et la synchronisation des différents acteurs. La force d'une EOH réside dans sa pluriprofessionnalité : le praticien hygiéniste apporte ses connaissances bibliographiques et méthodologiques indispensables à l'investigation, tandis que le cadre de santé joue le rôle de chef d'orchestre, en assurant le lien entre les services de soins et les actions des autres membres de l'EOH. La complémentarité du binôme infirmière hygiéniste et technicien bio-hygiéniste

est également une plus-value, permettant de cibler les sites les plus pertinents et de réaliser des prélèvements de qualité, grâce à la combinaison de l'expertise terrain des soins et des compétences techniques de prélèvement. Les liens ont également été renforcés avec le service de néonatalogie, dont le personnel s'est senti accompagné durant cette épreuve et déculpabilisé par le résultat des analyses génomiques. Enfin, la collaboration avec le laboratoire de microbiologie qui a identifié les souches et donné l'alerte, ainsi qu'avec l'Institut Pasteur de Nouvelle-Calédonie pour le séquençage des souches, illustre à quel point le travail en équipe peut être fructueux dans la gestion d'une épidémie. ■

- 1- Code international de nomenclature des procaryotes.
- 2- *Matrix assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry*, spectrométrie de masse à temps de vol pour la désorption-ionisation laser assistée par matrice.
- 3- Chromogenic coliform agar.
- 4- Acide désoxyribonucléique.
- 5- *q2dna* (<https://gitlab.pasteur.fr/GIPhy/fq2dna>).
- 6-Letunic I, Bork P. *Nucleic Acids Res.* 2024. Doi : 10.1093/nar/gkae268.
- 7- Typage par séquençage multilocus du génome central.

Références

- 1- Santé publique France (SPF). Principaux résultats de l'enquête nationale de prévalence 2022 des infections nosocomiales et des traitements anti-infectieux en établissement de santé [Internet]. Saint-Maurice: SPF; 2023. Accessible à : <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/infections-associees-aux-soins-et-resistance-aux-antibiotiques/infections-associees-aux-soins/documents/enquetes-etudes/principaux-resultats-de-l-enquete-nationale-de-prevalence-2022-des-infections-nosocomiales-et-des-traitements-anti-infectieux-en-etablissement-de-s> (Consulté le 08-08-2025).
- 2- Comité technique des infections nosocomiales et des infections liées aux soins. Définition des infections associées aux soins. Paris: ministère de la Santé, de la Jeunesse et des Sports; mai 2007. 11 p.
- 3- Société française de néonatalogie (SFN), Société française de microbiologie (SFM), Société française d'hygiène hospitalière (SF2H). Avis relatif aux méthodes de diagnostic des infections, aux pratiques d'antibiothérapie et aux modalités et indications de la surveillance de la flore en secteur de néonatalogie, version 1 du 6 mars 2023. SFN, SFM, SF2H; 2023. 13 p.
- 4- Mallinckrodt L, Huis in 't Veld R, Rosema S, et al. Review on infection control strategies to minimize outbreaks of the emerging pathogen *Elizabethkingia anophelis*. *Antimicrob Resist Infect Control*. 2023;12(1):97.
- 5- Figueroa Castro CE, Johnson C, Williams M, et al. *Elizabethkingia anophelis*: clinical experience of an academic health system in southeastern Wisconsin. *Open Forum Infect Dis*. 2017;4(4):ofx251.
- 6- Lee YL, Liu KM, Chang HL, et al. A dominant strain of *Elizabethkingia anophelis* emerged from a hospital water system to cause a three-year outbreak in a respiratory care center. *J Hosp Infect*. 2021;108:43-51.
- 7- Kim KK, Kim MK, Lim JH, et al. Genus *Elizabethkingia* [Internet]. Braunschweig (D): Leibniz-Institut; 2005. Accessible à : <https://lpsn.dsmz.de/genus/elizabethkingia> (Consulté le 27-08-2025).
- 8- Ichiki K, Ooka T, Shinkawa T, et al. Genomic and phylogenetic characterization of *Elizabethkingia anophelis* strains: the first two cases of life-threatening infection in Japan. *J Infect Chemother*. 2023;29(4):376-383.
- 9- Institut Pasteur. Maladies émergentes : une souche fortement mutante de la bactérie *Elizabethkingia* à l'origine d'une épidémie au Wisconsin [Internet]. Paris: Institut Pasteur; 2017. Accessible à : <https://www.pasteur.fr/fr/espace-presse/documents-presse/maladies-emergentes-souche-fortement-mutante-bacterie-elizabethkingia-origine-epidemie-au-wisconsin> (Consulté le 02-02-2026).
- 10- Frank T, Gody JC, Nguyen LBL, et al. First case of *Elizabethkingia anophelis* meningitis in the Central African Republic. *Lancet*. 2013;381(9880):1876. Accessible à : [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(13\)60318-9/abstract](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(13)60318-9/abstract) (Consulté le 02-02-2026).
- 11- Lau SK, Chow WN, Foo CH, et al. *Elizabethkingia anophelis* bacteremia is associated with clinically significant infections and high mortality. *Sci Rep*. 2016;6:26045.
- 12- Tlemsani A, Kermani S, Djedjig F, et al. Une méningite communautaire à *Elizabethkingia meningoseptica* chez un nourrisson. *Med Mal Infect*. 2015;45(1-2):51-52.
- 13- Société française d'hygiène hospitalière (SF2H). Les éléments clés des programmes de prévention et contrôle des infections (PCI) dans les établissements de santé et médico-sociaux : rôle et missions des équipes opérationnelles d'hygiène et des équipes mobiles d'hygiène. SF2H; 2021. 25 p.
- 14- Société française d'hygiène hospitalière. Guide des bonnes pratiques de traitement des dispositifs médicaux réutilisables, novembre 2022. Hygiènes. 2022;30(5).
- 15- Pot M. *Elizabethkingia anophelis* metadata and Mashtree-based phylogeny [Internet]. London: Figshare; 2025. Doi: 10.6084/m9.figshare.30380218.

Citation : Feuillerat C, Pot M, Bourles A, Denjean J, Rey C, Ripert D, Ruge T, Colot J. Connaissiez-vous *Elizabethkingia anophelis*? Embarquement pour une étude de cas à Nouméa. *Hygiènes*. 2026;34(1):29-34.

Historique : Reçu 14 novembre 2025 – Accepté 4 février 2026 – Publié 23 mars 2026

Financement : les auteurs déclarent ne pas avoir reçu de financement.

Liens d'intérêt : les auteurs déclarent ne pas avoir de lien d'intérêt.

Les annexes sont disponibles sur simple demande à bdeville@edimark.fr et, pour les abonnés numériques, sur le site internet de la revue (hygienes.net).