



Des infections concomitantes ont un effet sur la mortalité due à d'autres maladies

1. Source : Delgado A, Reveles IA, Cabello FT, Reveles KR. **Poorer outcomes among cancer patients diagnosed with *Clostridium difficile* infections in United States community hospitals.** BMC Infect Dis. 23 juin 2017; 17(1):448. DOI : <http://dx.doi.org/10.1186/s12879-017-2553-z>. (En anglais seulement).

CONTEXTE : Le cancer prédispose les patients à une infection à *Clostridium difficile* (ICD) en raison d'expositions dans le cadre des soins de santé et de la prise de médicaments qui perturbent le microbiote intestinal ou entraînent une diminution de la réponse immunitaire. Malgré cette association, le taux d'infection à *Clostridium difficile* chez les patients cancéreux est inconnu à l'échelle nationale. En outre, nous ne pouvons pas encore établir comment l'infection à *Clostridium difficile* influence les résultats cliniques liés au cancer. Le but de cette étude consiste à décrire l'incidence à l'échelle nationale de l'infection à *Clostridium difficile* et les résultats en matière de santé chez les patients cancéreux aux États-Unis (É.-U.).

MÉTHODOLOGIE : Les données de cette étude ont été tirées des enquêtes nationales sur les congés d'hôpital aux États-Unis (U.S. National Hospital Discharge Surveys) menées entre 2001 et 2010. Les patients admissibles incluent ceux qui sont âgés d'au moins 18 ans et qui ont reçu un diagnostic de cancer au moment de leur congé d'hôpital (codes de la CIM-9-MC : 140 à 165.X, 170 à 176.X, 179 à 189.X, 190 à 209.XX). L'infection à *Clostridium difficile* a été identifiée au moyen du code 008.45 de la CIM-9-MC. La pondération des données a été appliquée aux patients composant l'échantillon pour fournir des estimations à l'échelle nationale. L'incidence de l'infection à *Clostridium difficile* a été calculée selon le nombre de congés d'hôpital chez les personnes atteintes d'une infection à *Clostridium difficile* pour 1 000 congés d'hôpital chez les personnes atteintes d'un cancer. Au moyen d'analyses à deux variables, le taux de mortalité ainsi que la durée du séjour en milieu hospitalier ont été comparés entre les patients atteints de cancer et atteints ou non d'une infection à *Clostridium difficile*.

RÉSULTATS : Au total, 30 244 426 de congés octroyés aux personnes cancéreuses ont été inclus dans l'analyse. L'incidence globale de l'infection à *Clostridium difficile* était de 8,6 pour 1 000 congés d'hôpital octroyés aux personnes cancéreuses. L'incidence de l'infection à *Clostridium difficile* a augmenté au cours de l'étude, culminant en 2008 (17,2 par 1 000 congés d'hôpital octroyés aux personnes cancéreuses). Comparativement aux patients qui n'étaient pas atteints d'une infection à *Clostridium difficile*, ceux qui en étaient atteints connaissaient un taux de mortalité nettement plus élevé (9,4 % par rapport à 7,5 %, $p < 0,0001$) et une plus longue durée de séjour médiane (neuf jours par rapport à quatre jours, $p < 0,0001$).

CONCLUSIONS : L'incidence de l'infection à *Clostridium difficile* est à la hausse à l'échelle nationale chez les patients cancéreux admis dans des hôpitaux communautaires aux États-Unis. L'infection à *Clostridium difficile* est associée à une augmentation importante de la mortalité et de la durée du séjour à l'hôpital.

2. Source : Marrie TJ, Tyrrell GJ, Majumdar SR, Eurich DT. **Concurrent Infection with Hepatitis C Virus and *Streptococcus pneumoniae*.** Emerg Infect Dis. 23 juillet 2017; (7):1118-1123. DOI : <http://dx.doi.org/10.3201/eid2307.161858>. (En anglais seulement).

Nous en savons peu au sujet de l'infection concomitante par le virus de l'hépatite C (VHC) et la bactérie *Streptococcus pneumoniae*, qui cause la pneumococcie invasive (PI). Nous avons émis l'hypothèse qu'une co-infection par le virus de l'hépatite C et la bactérie *Streptococcus pneumoniae* augmenterait le risque de mortalité et de complications. Nous avons recueilli des données sociodémographiques et sérologiques chez des adultes ayant contracté une pneumococcie invasive et faisant partie d'une étude de cohorte représentative de la population dans le nord de l'Alberta, au Canada, entre 2000 et 2014. L'utilisation d'un modèle de régression logistique multivariable a permis de comparer les patients atteints d'une pneumococcie invasive et ayant contracté le virus de l'hépatite C à ceux qui ne l'avaient pas contracté pour connaître le risque de décès et de complications en milieu hospitalier. Des 3 251 patients, 355 personnes atteintes d'une pneumococcie invasive étaient co-infectées par le virus de l'hépatite C. Le taux de mortalité en milieu hospitalier était plus élevé chez les patients atteints d'une pneumococcie invasive et infectés par le virus de l'hépatite C. La prévalence des complications les plus fortement associées à la pneumococcie invasive (p. ex. cellulite, insuffisance rénale aiguë, ventilation artificielle) était aussi plus élevée chez les patients infectés par le virus de l'hépatite C. Une infection par le virus de l'hépatite C est courante chez les patients atteints d'une pneumococcie invasive. De façon indépendante, le virus de l'hépatite C est associé à un risque élevé de maladie grave et de mortalité.

Le lait maternel et les microbes

Source : Pannaraj PS, Li F, Cerini C, Bender JM, Yang S, Rollie A, Adisetiyo H, Zabih S, Lincez PJ, Bittinger K, Bailey A, Bushman FD, Sleasman JW, Aldrovandi GM. **Association Between Breast Milk Bacterial Communities and Establishment and Development of the Infant Gut Microbiome.** JAMA Pediatr. 8 mai 2017. DOI : <http://dx.doi.org/10.1001/jamapediatrics.2017.0378> [Publié en ligne avant impression]. (En anglais seulement).

IMPORTANCE : L'établissement du microbiome chez les nourrissons a des répercussions sur la santé et l'immunité tout au long de la vie. Le microbiote intestinal des nourrissons allaités comparativement aux nourrissons non allaités diffère au cours de l'enfance, ainsi qu'à l'âge adulte. Le lait maternel contient une population diversifiée de bactéries, mais nous en savons très peu sur le transfert vertical des bactéries de la mère à l'enfant par l'allaitement.

OBJECTIF : Déterminer la relation qui existe entre le lait maternel, le tissu aréolaire et les communautés bactériennes intestinales chez les nourrissons.

CONCEPTION, MILIEU ET PARTICIPANTS : Dans le cadre d'une étude longitudinale prospective, la composition bactérienne a été déterminée grâce au séquençage du gène de l'ARN ribosomique 16S dans le lait maternel, le tissu aréolaire, et les échantillons des selles des nourrissons chez 107 paires mère-enfant en bonne santé. L'étude a été menée à Los Angeles, en Californie, et à St. Petersburg, en Floride, entre le 1^{er} janvier 2010 et le 28 février 2015.

EXPOSITIONS : La quantité et la durée de l'allaitement quotidien, et le moment d'introduction des aliments solides.

PRINCIPAUX RÉSULTATS ET MESURES : Composition bactérienne dans le lait maternel, le tissu aréolaire et les selles des nourrissons par le séquençage du gène de l'ARN ribosomique 16S.

RÉSULTATS : Des 107 paires mère-enfant en bonne santé (âge médian au moment du prélèvement de l'échantillon : 40 jours; intervalle : 1 à 331 jours), 52 (43,0 %) des nourrissons étaient de sexe masculin. Les communautés bactériennes se distinguaient dans le lait maternel, le tissu aréolaire et les selles, tant sur le plan de la composition que sur le plan de la diversité. Les communautés présentes dans le microbiote intestinal des nourrissons étaient plus étroitement liées au lait et à la peau de la mère, comparativement à une mère aléatoire (différence moyenne de l'indice de dissimilarité de Bray-Curtis de 0,012 et de 0,014, respectivement; $p < 0,001$ pour les deux). L'analyse de suivi des sources a servi à évaluer le rôle joué par les microbiomes, présents dans le lait maternel et le tissu aréolaire, dans le microbiote intestinal des nourrissons. Au cours des 30 premiers jours de vie, les nourrissons qui étaient allaités dans le but d'absorber 75 % ou plus de leur apport de lait quotidien ont reçu une moyenne (écart-type) de 27,7 % (15,2 %) des bactéries présentes dans le lait maternel et de 10,3 % (6,0 %) de celles présentes dans le tissu aréolaire. La diversité bactérienne (diversité phylogénétique de Faith, $p = 0,003$) et les changements dans la composition ont été associés à la proportion de l'apport quotidien de lait maternel, en fonction de la dose administrée, même après l'introduction des aliments solides.

CONCLUSIONS ET PERTINENCE : Les résultats de cette étude indiquent que les bactéries présentes dans le lait maternel sont absorbées par les intestins des nourrissons, ce qui souligne l'importance de l'allaitement dans le développement de leur microbiote intestinal.