

naturellement résistantes à la vancomycine (*Enterococcus gallinarum* et *Enterococcus casseliflavus*). Au total, 73 laboratoires volontaires (dans 44 centres hospitaliers, 23 centres hospitalo-universitaires, 4 hôpitaux privés participant au service public, et 2 hôpitaux d'instruction des armées) répartis dans 39 départements et couvrant 56 025 lits (18 % des lits d'hospitalisation publics) ont participé à au moins l'une des 3 enquêtes. Ils ont analysé 5 900 échantillons réalisés chez 3 939 patients (60 % dans le cadre de l'enquête BMR réanimation, 30 % pour l'enquête *C. difficile* et 10 % pour l'enquête en onco-hématologie). Parmi les 86 isolats adressés au CNR par 21 laboratoires, 19 seulement (14 *E. faecium*, 4 *E. faecalis* et 1 *Enterococcus hirae*) correspondaient aux critères d'identification d'espèce requis. Les 67 autres isolats (55 *E. gallinarum* et 9 *E. casseliflavus*) ont été identifiés à tort comme appartenant à l'espèce *E. faecium* et exclus de l'analyse. La résistance à la vancomycine a été confirmée pour 12 des 19 isolats :

8 résistances *vanA* (dans 8 souches de *E. faecium*) et 4 résistances *vanB* (dans 3 souches de *E. faecium* et 1 *E. hirae*). Ces 12 isolats provenaient de 8 établissements (4 *E. faecium vanA* d'un seul établissement). Pour les 8 *E. faecium vanA*, les valeurs moyennes des CMI de la vancomycine et de la teicoplanine étaient respectivement de 256 mg/l (16-512) et 38 mg/l (12-128). Seulement 30 % des isolats étaient sensibles à l'amoxicilline.

Au total, seulement 0,3 % de l'ensemble des 3 939 patients dépistés au cours de l'enquête était porteur d'ERG (0,51 % dans l'enquête *C. difficile*, 0,09 % dans l'enquête BMR en réanimation, 0,00 % dans l'enquête en onco-hématologie). Les 12 patients porteurs avaient un âge moyen de 67 ans (28-93) ; la moitié d'entre eux avaient reçu des antibiotiques dans les 30 jours, et 10/12 avaient un antécédent d'hospitalisation dans les six mois précédents.

Ces données rassurantes montrent qu'en 2006, en dehors des établissements en situation épidé-

mique, les porteurs digestifs d'ERG sont rares dans la population étudiée. Ces résultats plaident en faveur des recommandations nationales de la prise en charge volontariste des épidémies hospitalières d'ERG dès les premiers cas.

Remerciements

Nous remercions tout particulièrement tous les membres des réseaux suivants fédérés par l'Onerba pour leur participation aux enquêtes ; réseau (représentant à l'Onerba) : Aquitaine (F. Grobost), Aforcopi-Bio (R. Fabre), collégiale de bactériologie de l'AP-HP (N. Fortineau), Col-BVH (P. Pina), AZAY-Résistance (D. Trystram), groupe des microbiologistes d'Île-de-France (Y. Costa), hôpitaux des armées (E. Garrabé), microbiologistes du Cclin Paris-Nord (A. Vachée), microbiologistes du Cclin Sud-Ouest (A. Dubouix), Franche-Comté-RFclin (X. Bertrand), hygiène du centre (P. Laudat), Réussir (JM. Delarbre).

Références

- [1] Lucet JC, Armand-Lefevre L, Laurichesse JJ, Macrez A, Papy E, Ruimy R, *et al.* Rapid control of an outbreak of vancomycin-resistant enterococci in a French university hospital. *J Hosp Infect.* 2007; 1: 42-8.
- [2] Cuzon G, Naas T, Fortineau N, Nordmann P. Novel chromogenic medium for detection of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* and *Enterococcus faecalis*. *J Clin Microbiol.* 2008; 46: 2442-4.

Caractéristiques des souches d'entérocoques résistants aux glycopeptides isolées en France, 2006-2008

Nancy Bourdon, Marguerite Fines, Roland Leclercq (leclercq-r@chu-caen.fr)

Centre national de référence de la résistance aux antibiotiques, Centre hospitalier universitaire, Caen, France

Résumé / Abstract

Depuis 2006, le laboratoire associé entérocoques au Centre national de référence de la résistance aux antibiotiques reçoit, sur la base du volontariat, les souches d'entérocoques résistants aux glycopeptides (ERG) isolées en France. Ces souches proviennent essentiellement d'épidémies, évoluant de manière limitée dans le temps grâce aux mesures d'hygiène strictes mises en place dans les établissements de santé concernés. Plusieurs régions ont été successivement touchées : ouest, centre, Paris en 2006 ; est, Paris en 2007 ; est, nord en 2008. Le plus souvent il s'agit de l'espèce *E. faecium* portant le gène de résistance *vanA*, même si l'apparition récente d'épidémies à *E. faecium vanB* est observée. L'électrophorèse en champ pulsé a montré une diversité des clones entre établissements hospitaliers et parfois au sein d'un même établissement. L'analyse par *multilocus sequence typing* (MLST) d'un représentant de chaque clone a permis de confirmer leur appartenance au Complexe Clonal 17, qui regroupe des souches d'ERG adaptées au milieu hospitalier. Les souches françaises en partagent en outre les caractéristiques : résistance à l'ampicilline et aux fluoroquinolones, association accrue à une résistance de haut niveau à la gentamicine (59,6 % des souches) et présence plus fréquente des gènes de virulence (*esp* et *hyl*).

Characteristics of glycopeptide-resistant enterococci strains isolated in France, 2006-2008

Since 2006 glycopeptide-resistant enterococci (GRE) isolated in France are sent to the National Reference Center for antimicrobial resistance (associated laboratory for enterococci), on a voluntary basis. The isolates were mostly obtained from outbreaks generally limited by the strict infection control measures implemented in the concerned healthcare centers. Several regions of France were successively affected, the West, the Center and Paris in 2006, the East and Paris in 2007, and then the East and the North in 2008. *E. faecium* carrying the *vanA* resistance gene was most frequently involved, although recent emergence of *E. faecium vanB* outbreaks could be observed. Pulsed field gel electrophoresis demonstrated clonal diversity between isolates from different healthcare facilities, and sometimes within the same facility. The analysis by multilocus sequence typing (MLST) of a representative of each clone confirmed that they belonged to Clonal Complex 17, which clusters hospital-adapted strains. The French strains shared similar characteristics including: resistance to ampicillin and fluoroquinolone, frequent association with high level resistance to gentamicin (59.6% of isolates) and frequent presence of virulence genes (*esp* and *hyl*).

Mots clés / Key words

Enterococcus faecium, résistance à la vancomycine, *multilocus sequence typing*, électrophorèse en champ pulsé, facteurs de virulence / *Enterococcus faecium*, vancomycin resistance, Multilocus Sequence Typing, Pulsed Field Gel Electrophoresis, virulence factor

Introduction

Le Centre national de référence (CNR) pour la résistance aux antibiotiques est organisé en réseau depuis mi-2006. Le laboratoire associé du CHU de Caen étudie les entérocoques résistants aux glycopeptides (ERG) adressés par les hôpitaux confrontés à l'émergence de ces bactéries, conformément aux recommandations de la DGS/DHOS (note du 6 décembre 2006 associée à la fiche technique opérationnelle). Ce recueil basé sur le volontariat n'est pas exhaustif, puisque le croisement des données avec celles du signalement, communiquées par l'Institut de veille sanitaire (InVS), montre qu'en 2006, 26 des 28 sites ayant signalé ont envoyé leurs souches, alors qu'en 2007 seulement 50 % des sites l'ont fait. Pour les premiers mois de 2008, presque tous les sites ayant signalé nous ont adressé les souches isolées. On peut considérer que le CNR a pu analyser les souches isolées lors des épidémies majeures survenues en France depuis 2006.

Dès réception des souches au CNR, leur identification et le type de gène *van* sont confirmés par biologie moléculaire. Les souches sont typées et leur contenu en facteurs de virulence analysé. Les entérocoques sont considérés classiquement comme peu virulents, ce dont témoigne le fort ratio nombre de porteurs/nombre d'infectés.

Cet article présente les principales caractéristiques des souches d'ERG en France.

Origine des souches

Le CNR a analysé 507 souches : 27 isolées d'hémocultures (dont une endocardite), 30 de suppurations diverses (notamment intra-abdominales), 10 de drains et cathéters, 68 d'urines et 372 de dépistages dans les selles au cours d'épidémies. Les souches de dépistage ont été obtenues lors des enquêtes menées à la suite de l'isolement d'ERG dans des prélèvements à visée clinique. Bien que les centres hospitaliers ne nous aient pas adressés l'ensemble des souches isolées de dépistage, leur nombre atteste de l'importance du portage fécal des ERG dans l'entourage des cas index. Parmi ces 507 souches, 380 appartenaient aux espèces *Enterococcus faecium* et *Enterococcus faecalis* et contenaient les gènes *vanA* ou *vanB*. Leur répartition est donnée dans le tableau 1.

Les envois de ces souches correspondaient souvent à des cas groupés. La situation a évolué entre fin 2005 et début 2008 en termes d'établissements atteints et de type de souches. En effet, de fin 2005

à début 2006, une grande majorité des souches appartenaient à l'espèce *E. faecium* et contenaient le gène *vanA*. Elles ont été isolées lors d'épidémies dans divers hôpitaux de Paris et sa banlieue, aux CHU de Clermont-Ferrand (voir l'article de O. Lesens et coll. dans ce même numéro, page 404), Lille et Brest, et aux CH de Morlaix et Chalon-sur-Saône. En 2007, le nombre de souches adressées par ces hôpitaux a fortement diminué, correspondant à un contrôle plus ou moins complet des épidémies. En revanche, de nouveaux hôpitaux ont été touchés par des épidémies dans l'est de la France, en particulier le CHU de Nancy, confronté à une épidémie majeure dès la fin 2006 (voir l'article de C. Rabaud et coll. dans ce même numéro, page 394) ainsi que les CH de Remiremont et Frouard et le CHU de Reims. Au début de l'année 2008, une épidémie importante d'*E. faecium vanA* a eu lieu à Strasbourg, et plusieurs autres hôpitaux ont subi des épidémies de moindre ampleur, comme le CH de Beauvais. L'autre événement de cette année 2008 a été la diffusion de souches de *E. faecium* contenant le gène *vanB* dans plusieurs centres hospitaliers du nord de la France (Béthune, Saint-Omer, Lens, Lille). Des souches d'*E. faecium vanB* avaient été isolées les années précédentes en France mais de façon sporadique. Il est à signaler que plusieurs souches de *E. faecium vanB*, responsables de colonisations, nous ont été adressées de Nouvelle-Calédonie en 2007. Quelques souches sporadiques de *E. faecalis* contenant le gène *vanA* nous ont été adressées. Parmi les autres gènes de résistance à la vancomycine, seul le gène *vanD* a été décelé chez deux souches non épidémiques de *E. faecium* et une de *Enterococcus avium*.

Analyse des clones par électrophorèse en champ pulsé

Les souches d'ERG ont été comparées par électrophorèse en champ pulsé. Les ADN totaux des souches sont restreints par l'enzyme *SmaI*. Cette enzyme coupe le chromosome en peu d'endroits et génère un petit nombre de fragments de restriction de grande taille pouvant être séparés en fonction de leur taille par migration électrophorétique en gel d'agarose, selon une technique dite en champ pulsé. Suivant les critères établis par Tenover [1], les souches sont reliées épidémiologiquement si leurs profils sont strictement identiques ; elles sont dites très proches si les profils diffèrent par un maximum de 2 à 3 bandes ; potentiellement reliées en présence de 4 à 6 bandes de différence ; et non reliées s'il apparaît plus de 7 bandes de différence. Les profils sont analysés et conservés en mémoire à l'aide du logiciel FingerprintingII® Bio-Rad.

La comparaison des souches de *E. faecium vanA* entre établissements révèle une diversité de clones. Pour chaque établissement confronté à une épidémie, il existe un petit nombre de clones majoritaires (en général 2 ou 3) et plusieurs clones minoritaires. Ainsi, ont été mis en évidence, à Strasbourg, 2 clones majoritaires et 12 clones minoritaires, à Lille, 2 clones majoritaires et 3 clones minoritaires et à Béthune 1 majoritaire et 2 minoritaires. En général, chaque hôpital possède son ou ses clones distincts de ceux des autres hôpitaux. Cependant, comme on pouvait s'y attendre, on observe une diffusion des souches entre établissements impliqués dans la même filière de soins, par exemple en région Lorraine (figure 1). Il peut rarement exister une dissémination des souches entre établissements

Figure 1 Clones de *E. faecium* résistants à la vancomycine *vanA* et *vanB* (identifiés par électrophorèse en champ pulsé) circulant en France de 2006 à 2008 / Figure 1 Clones of vancomycin-resistant *E. faecium vanA* and *vanB* (identified by pulsed field gel electrophoresis) spreading in France from 2006 to 2008

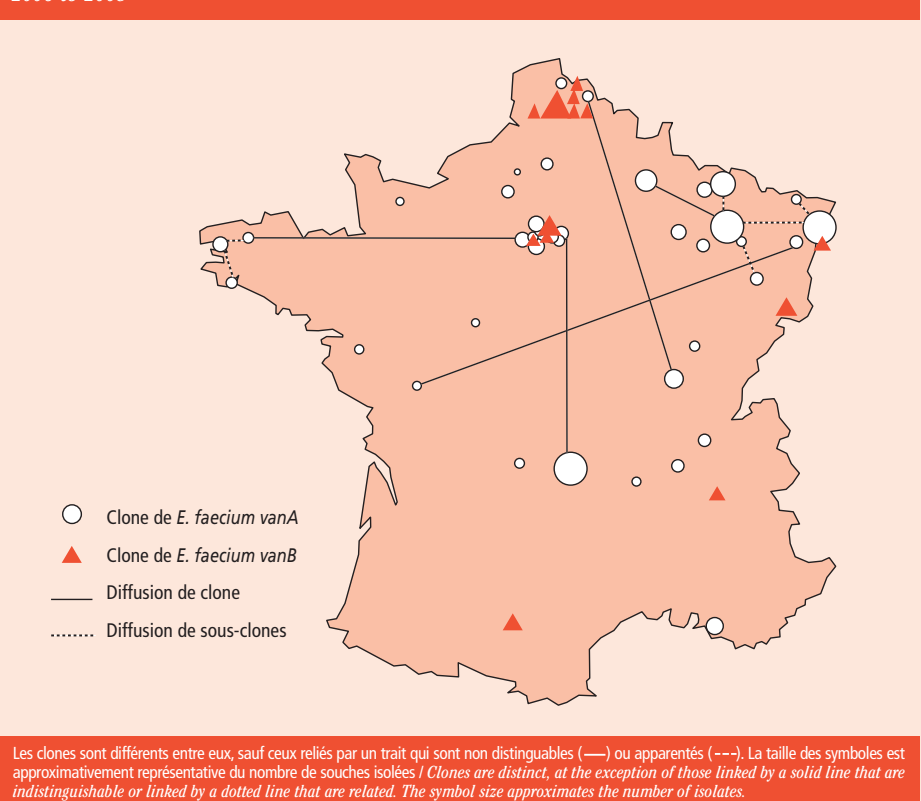


Tableau 1 Répartition des 380 souches de *E. faecium* et *E. faecalis* reçues au Centre national de référence de la résistance aux antibiotiques selon le gène *van* (2006-2008)

Table 1 Distribution of 380 *E. faecium* and *E. faecalis* received by the National Reference Centre according to the *van* gene type, (2006-2008)

Espèce bactérienne	Gène <i>van</i>	Nb de souches (%)
<i>E. faecium</i>	<i>vanA</i>	297 (78,2)
	<i>vanB</i>	69 (18)
<i>E. faecalis</i>	<i>vanA</i>	11 (3)
	<i>vanB</i>	3 (0,8)

éloignés. Ainsi, une des souches de Morlaix dont le profil génomique est similaire à celui d'une souche isolée à Paris, de même pour les profils de 2 souches isolées à Lille et Chalon-sur-Saône et de 2 souches de Nancy et Reims. Plus récemment, le profil des souches isolées à Loudun est apparu très proche de celui des souches isolées à Haguenau. Le lien épidémiologique n'a pas encore été retrouvé, sauf dans le cas de Nancy et Reims où une possible transmission croisée dans un centre d'hémodialyse a été évoquée.

Adaptation des ERG à l'environnement hospitalier

Une technique de typage particulière, le *multilocus sequence typing* (MLST), a été utilisée par Willems *et al.* [2] pour différencier les clones de *E. faecium*. Cette technique est basée sur le séquençage de 7 loci (gènes) indépendants qui présentent des variations intra-spécifiques et sont dits « domestiques » (« *housekeeping genes* »). La comparaison des séquences permet de classer les souches dans divers groupes. Cette technique est moins apte que l'électrophorèse en champ pulsé à distinguer de façon fine les différents clones circulant au cours d'une épidémie locale. En revanche, elle permet de mieux

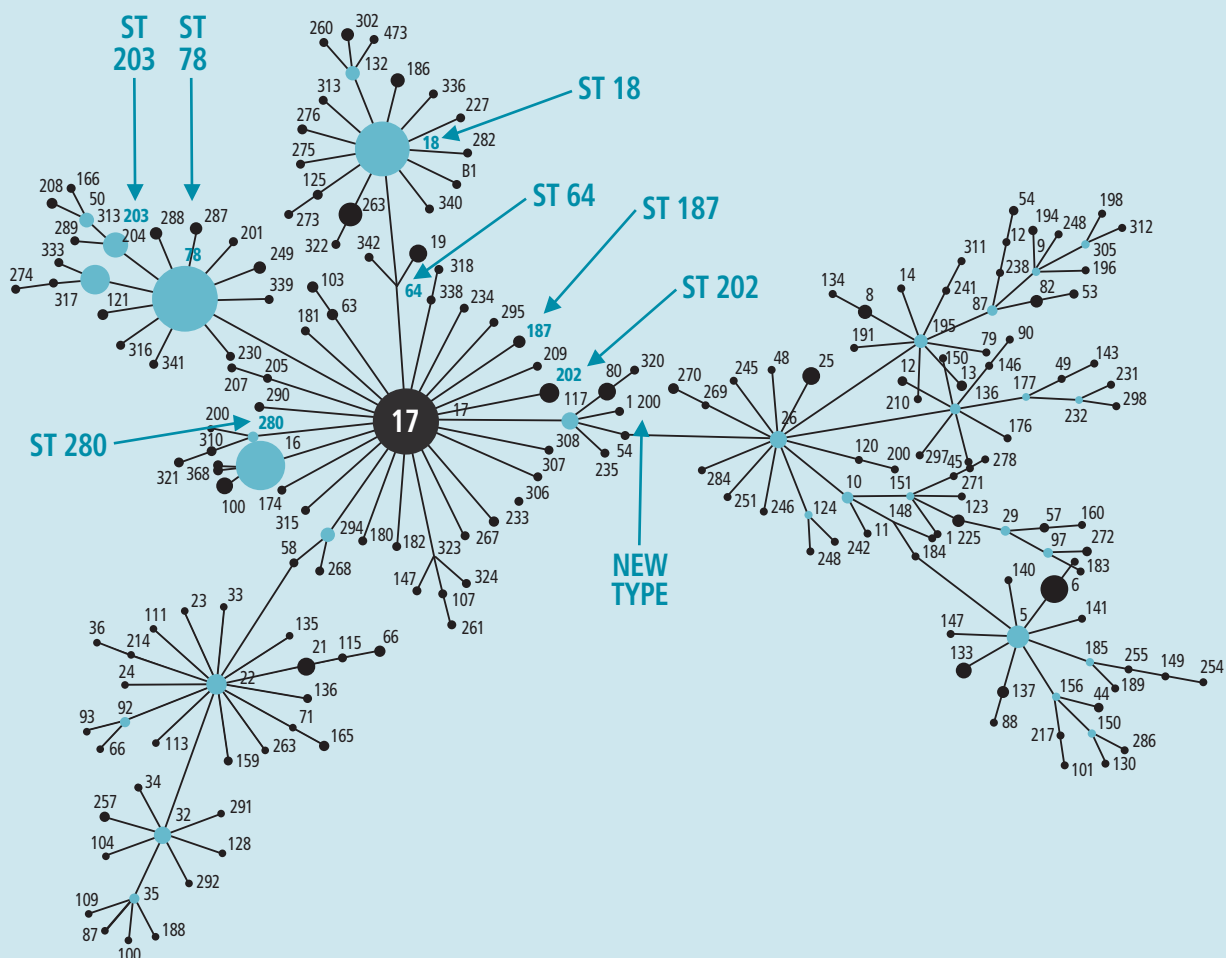
apprécier l'évolution des populations bactériennes sur une échelle de temps plus longue et permet l'échange des données produites dans différents laboratoires.

Un certain nombre de variants adaptés à des niches écologiques ont été identifiés par MLST au sein de l'espèce *E. faecium*, permettant de distinguer des types caractéristiques des animaux, de portage humain communautaire ou hospitalier et d'infections humaines en milieu hospitalier [2]. Il a été ainsi caractérisé une sous-population de *E. faecium* adaptée à l'hôpital, constituée de souches responsables d'épidémies. Les souches de cette population particulière appartiennent à certains types, dénommés ST (pour *Sequence Type*) qui sont tous proches d'un type parental ST17 et groupés dans un même complexe clonal dénommé CC17. Les isolats de ce complexe sont caractérisés par la présence de certains marqueurs de virulence (gènes *esp* et *hyl*), par la résistance de haut niveau à l'ampicilline et aux fluoroquinolones, mais pas nécessairement par la résistance à la vancomycine [2,3]. L'hypothèse sous-tendue par ces travaux est la dissémination épidémique de souches adaptées à l'hôpital qui ont acquis récemment les déterminants de résistance à la vancomycine par transfert

horizontal de gènes. Ces déterminants pourraient provenir de souches de portage communautaire humain ou animal qui n'ont pas pu s'établir de façon stable dans l'environnement hospitalier.

Les principaux clones français font tous partie du CC17, confirmant ainsi les observations faites dans d'autres pays (figure 2, tableau 2). Les types principaux sont ST78 et ST18. Nous avons aussi recherché la présence de gènes de virulence ou d'épidémicité, *esp* et *hyl*. Le gène *esp* (*enterococcal surface protein*) a été d'abord décrit chez *E. faecalis* où il est associé à une virulence accrue, la colonisation des voies urinaires et la formation de biofilm [4]. Un variant du gène *esp* a été identifié comme marqueur de clones de *E. faecium* appartenant au complexe CC17 [5]. Ce marqueur a été aussi détecté chez des souches de *E. faecium* sensibles à la vancomycine. Le gène *hyl* code pour une hyaluronidase homologue aux hyaluronidases de *Streptococcus pyogenes*, *Staphylococcus aureus* et *Streptococcus pneumoniae* qui contribueraient à la colonisation du nasopharynx et à la pneumonie à pneumocoque. Comme on peut le voir dans le tableau 2, la présence de ces gènes n'est pas constante dans nos clones, ce qui avait déjà été observé dans des études allemandes [6].

Figure 2 Complexe clonal CC17 formé par les *sequence-types* (ST) de *E. faecium* isolés en Europe en milieu hospitalier (d'après Willems *et al.* [2])
 Figure 2 Clonal Complex CC17 formed by *sequence-types* (ST) of *E. faecium* isolated in European hospitals (from Willems *et al.* [2])



Chaque cercle représente un ST dont le numéro est indiqué. Les lignes pleines relient les variants pour un seul locus parmi les 7 analysés en MLST. Les clones sont reliés au clone ancestral ST17 indiqué dans le cercle central. Les clones isolés en France sont indiqués par une flèche / Each circle represents a ST, and the type number is indicated in the circle. Solid lines connect single-locus variants (7 loci are analysed by MLST). Clones are linked to the ancestral clone ST17 indicated in the central circle. Clones detected in France are shown by an arrow.

Tableau 2 Principales caractéristiques de clones de *E. faecium* *vanA* circulant en France (2006-2008) / Table 2 Main characteristics of *E. faecium* *vanA* clones spreading in France (2006-2008)

Pulsotype ¹	Sequence-Type (MLST)	Facteurs de virulence ²		Résistance à gentamicine ³
		<i>esp</i>	<i>hyl</i>	
A	ST18	-	-	BN
B	ST18	-	-	BN
B1	ST18	-	-	BN
C	Nouveau type	-	-	HN
D	ST18	-	-	BN
E	ST78	+	-	HN
F	ST280	+	+	HN
G	ST78	+	-	HN
G1	ST78	-	-	HN
H	ST203	-	-	HN
I	ST280	-	+	HN
J	ST18	-	+	HN
K	ST18	-	-	BN
L	ST203	+	-	HN
M	ST64	+	+	HN
N	ST78	-	-	HN
N1	ST78	-	-	HN
O	ST18	-	-	BN
P	ST78	+	+	HN
Q	ST17	+	-	BN
R	ST78	+	-	HN
S	ST187	+	+	HN
T	ST202	+	+	BN
U	Nouveau type	+	-	HN
V	ST203	-	-	HN
V1	ST203	-	-	HN

¹ Les différents clones déterminés en champ pulsé sont désignés par une lettre. Les sous-clones apparentés sont désignés par une lettre et un numéro.

² - : absence ; + : présence.

³ LBN : résistance de bas-niveau à la gentamicine ; HN : résistance de haut-niveau à la gentamicine.

Résistance aux antibiotiques

Comme il est rapporté pour les souches appartenant au complexe CC17, les souches de *E. faecium* étudiées sont toutes résistantes à l'ampicilline et aux fluoroquinolones. L'expression de la résistance à la vancomycine se fait habituellement à haut niveau pour les souches contenant le gène *vanA*. Cependant, il a été rapporté une expression de plus bas niveau et hétérogène de la résistance à la vancomycine chez des souches clonales de *E. faecium* *vanA* isolées à Paris [7]. Ces souches ne sont pas confinées à Paris, puisque des *E. faecium* *vanA* présentant le même mode d'expression nous ont été adressés de villes de province. Elles étaient cependant distinctes génotypiquement du clone parisien. Ces souches, ainsi que les souches *vanB*, peuvent poser un problème de détection de la résistance.

Par ailleurs, la résistance de haut niveau à la gentamicine est fréquente, atteignant 59,6 % de 230 souches que nous avons testées. En fait, cette résistance est variable selon le clone considéré (tableau 2). Plus de 90 % des souches sont sensibles au chloramphénicol et 36 % aux tétracyclines. Toutes les souches que nous avons testées sont sensibles au linézolide, à la tigécycline et à la daptomycine.

Conclusions

Les souches de *E. faecium* *vanA* restent très prédominantes bien que des épidémies à *E. faecium* *vanB* soient survenues récemment dans le nord de la France. L'émergence des souches d'ERG apparaît difficilement prévisible et des hôpitaux qui n'avaient que rarement isolé des souches d'ERG se sont vus confrontés à des situations épidémiques difficiles à contrôler. Tous les hôpitaux sont concernés par le risque d'émergence et de diffusion d'ERG et il convient d'être prêt à réagir rapidement après

l'isolement d'une première souche clinique en suivant les recommandations du Comité technique des infections nosocomiales et des infections liées aux soins (CTINILS) et de la fiche opérationnelle. La dissémination des ERG dans les établissements participant à la même filière de soins a été aussi montrée dans plusieurs cas, ce qui indique l'importance de la prise en compte de ces filières dans la gestion des épidémies.

Remerciements

Nous remercions les nombreux collègues qui ont adressé leurs souches et ont ainsi permis de dresser la situation des ERG en France.

Références

- [1] Tenover FC, Arbeit RD, Goering RV, Mickelsen PA, Murray BE, Persing DH, Swaminathan B. Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed-field gel electrophoresis: criteria for bacterial strain typing. *J Clin Microbiol.* 1995; 33:2233-9.
- [2] Willems RJ, Top J, van Santen M, Robinson DA, Coque TM, Baquero F, et al. Global spread of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* from distinct nosocomial genetic complex. *Emerg Infect Dis.* 2005; 11:821-8.
- [3] Leavis H, Top J, Shankar N, Borgen K, Bonten M, van Embden J, Willems RJ. A novel putative enterococcal pathogenicity island linked to the *esp* virulence gene of *Enterococcus faecium* and associated with epidemicity. *J Bacteriol.* 2004; 186:672-82.
- [4] Shankar V, Baghdayan AS, Huycke MM, Lindahl G, Gilmore MS. Infection-derived *Enterococcus faecalis* strains are enriched in *esp*, a gene encoding a novel surface protein. *Infect Immun.* 1999; 67:193-200.
- [5] Willems RJ, Homan W, Top J, van Santen-Verheul M, Tribe D, Manziros X, et al. Variant *esp* gene as a marker of a distinct genetic lineage of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* spreading in hospitals. *Lancet* 2001; 357:853-5.
- [6] Abele-Horn M, Vogel U, Klare I, Konstabel C, Trabold R, Kurihara R, et al. Molecular epidemiology of hospital-acquired vancomycin-resistant enterococci. *J Clin Microbiol.* 2006; 44:4009-13.
- [7] Naas T, Fortineau N, Snanoudj R, Spicq C, Durrbach A, Nordmann P. First nosocomial outbreak of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* expressing a VanD-like phenotype associated with a *vanA* genotype. *J Clin Microbiol.* 2005; 43:3642-9.

Gestion d'une épidémie de colonisation digestive à entérocoques résistants aux glycopeptides (ERG) au Centre hospitalier universitaire de Nancy, France

Christian Rabaud (christian.rabaud@wanadoo.fr)^{1,2}, Émilie Frentiu¹, Sandrine Hénard², Nejla Aissa¹, Nathalie Diguio¹, Alexis Hautemanière¹, Thierry Lavigne³, Alain Lozniewski¹, Thierry May¹

1 / Centre hospitalier universitaire de Nancy, France 2 / Mission régionale Lorraine pour la maîtrise de l'épidémie ERG, CClin-Est, Nancy, France 3 / Hôpitaux universitaires de Strasbourg, France

Résumé / Abstract

Le Centre hospitalier universitaire de Nancy a été confronté à une épidémie de colonisation digestive à ERG (entérocoques résistants aux glycopeptides). En 2005, une première bouffée épidémique a été contenue par un renforcement de l'hygiène des mains, un accompagnement des équipes confrontées à l'épidémie par l'équipe opérationnelle d'hygiène, la réalisation d'audits de pratique et des rappels sur l'absolue nécessité d'appliquer des précautions particulières de type « contact » face à tout patient ERG+ et face à tout patient « contact », puis par la réalisation d'un regroupement des patients ERG+. Après un an d'accalmie, l'épidémie a repris fin 2006, mais cette fois, seule la promotion exclusive de la désinfection des mains par friction avec

Interventions successively implemented to control an outbreak of vancomycin-resistant enterococci (VRE) in the University Hospital of Nancy, France

A vancomycin-resistant enterococci (VRE) outbreak occurred in the Nancy University Hospital at the end of 2004. At the beginning of 2005, an initial epidemic burst was controlled through the following measures: promotion of hand washing; information for, and education of, all hospital staff concerning required respect of reinforced « contact » precautions for VRE patients and « contact » patients; practice evaluation in units where VRE+ patients had