

Résumé

Clostridium perfringens est une bactérie anaérobie stricte. Elle fait partie de la flore normale du tube digestif de l'homme et de l'animal. Elle peut être à l'origine d'un nombre important d'infections, allant de la bactériémie asymptomatique jusqu'au choc et la mort. Il s'agit de l'espèce bactérienne qui produit le plus grand nombre de toxines dont la principale toxine est la toxine α qui, de par son activité phospholipasique, peut induire une hémolyse intravasculaire massive. Cette pathologie demeure une complication rare mais souvent fatale (80% de décès dans les séries publiées). Dans ce travail, nous nous sommes intéressés à l'étude de la diversité génétique (par MLST) de souches de *Clostridium perfringens* d'origine humaine isolées de divers types de prélèvements et infections en se focalisant sur les souches responsables d'hémolyse intravasculaire massive. La variabilité génétique du gène *plc* et le dosage enzymatique de la phospholipase C ont également été abordés. Les résultats de notre étude n'ont pas pu établir de liens entre un cluster de souches de *Clostridium perfringens* et l'hémolyse intravasculaire massive. Tout au long de la séquence du gène *plc* amplifié (environ 1100 pb), aucune modification n'a été constatée au niveau des 08 aa (acides aminés) fixant le Zn ainsi qu'au niveau des 12 aa fixant le Ca⁺⁺ décrits par Siqueira et al. De manière non absolue, nous avons pu montrer que les cas d'hémolyse intravasculaire massive sont préférentiellement dus à des souches ayant une production *in vitro* moyenne à élevée de PLC.

Mots clés: *Clostridium perfringens*, hémolyse intravasculaire massive, MLST, toxine α , PLC.

Abstract

Clostridium perfringens is strict anaerobic bacteria. It is part of the normal flora of the gastrointestinal tract of man and animals. It can cause a large number of infections, ranging from asymptomatic bacteremia to shock and death. *C.perfringens* is the bacterial species that produces the largest number of toxins. The α -toxin, through its phospholipase activity can induce massive intravascular hemolysis. This disease remains a rare but often fatal complication (80% of deaths published in the literature). In this work, we are interested in the study of genetic diversity (MLST) of *Clostridium perfringens* strains of human origin isolated from various types of samples and infections by focusing on strains causing massive intravascular hemolysis. The genetic variability of *plc* gene and enzyme assay of phospholipase C were also addressed . The results of our study have not been able to link a cluster of strains of *Clostridium perfringens* and massive intravascular hemolysis. Throughout the sequence of the amplified gene *plc* (about 1100 bp), no change was observed at 08 aa (amino acids) as well as fixing the Zn⁺⁺ level of 12 aa fixing the Ca⁺⁺ and described by Siqueira al. Nevertheless, we have shown that cases of massive intravascular hemolysis are preferentially due to strains with *in vitro* production of medium to high PLC .

Key words: *Clostridium perfringens*, massive intravascular hemolysis, MLST, α -toxin, PLC.