

Description des deux premiers cas humains d'infection à *Helicobacter zhangjianzhongii*, un nouvel *Helicobacter* proche de *H. canis*.

Lucie Bénéjat, Sahel Wandji, Quentin Jehanne, Astrid Ducournau, Johanna Aptel,
Marion Levast, Marine Jauvain, [Philippe Lehours](#).

CHU de Bordeaux, CNR des Campylobacters et des Hélicobacters, Bordeaux.
INSERM U1312, UMR BRIC-Team 4, Bordeaux.
CH de Chambéry, laboratoire de Bactériologie.



Un *Helicobacter* de plus : la famille s'agrandit

→ *H. caesarodunsensis*

GEFH 2017, Front Microbiol 2017

→ *H. burdigaliensis*

GEFH 2019, Front Microbiol 2019

→ *H. labetouli*

GEFH 2019, Front Microbiol 2019

→ *H. zhangjianzhongii* (*Helicobacter* chinois)

Wang H *et al.*, Front Genet 2023

> [Front Genet](#). 2023 Sep 26;14:1240581. doi: 10.3389/fgene.2023.1240581. eCollection 2023.

Helicobacter zhangjianzhongii sp. nov., isolated from dog feces

Hairui Wang¹, Yixin Gu¹, Guilan Zhou¹, Xiaoli Chen¹, Xin Zhang¹, Zhujun Shao¹, Maojun Zhang¹

Affiliations + expand

PMID: 37823030 PMCID: [PMC10562538](#) DOI: [10.3389/fgene.2023.1240581](#)

FULL TEXT LINKS

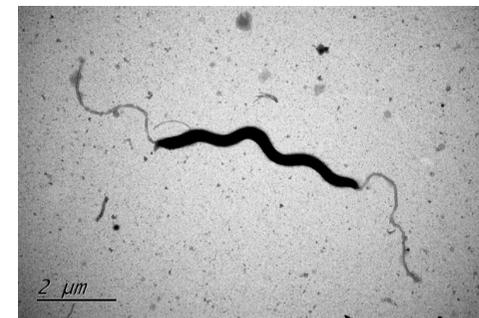
[frontiers](#) Full text
Open access

[FREE](#) Full text [PMC](#)

ACTIONS

“ Cite

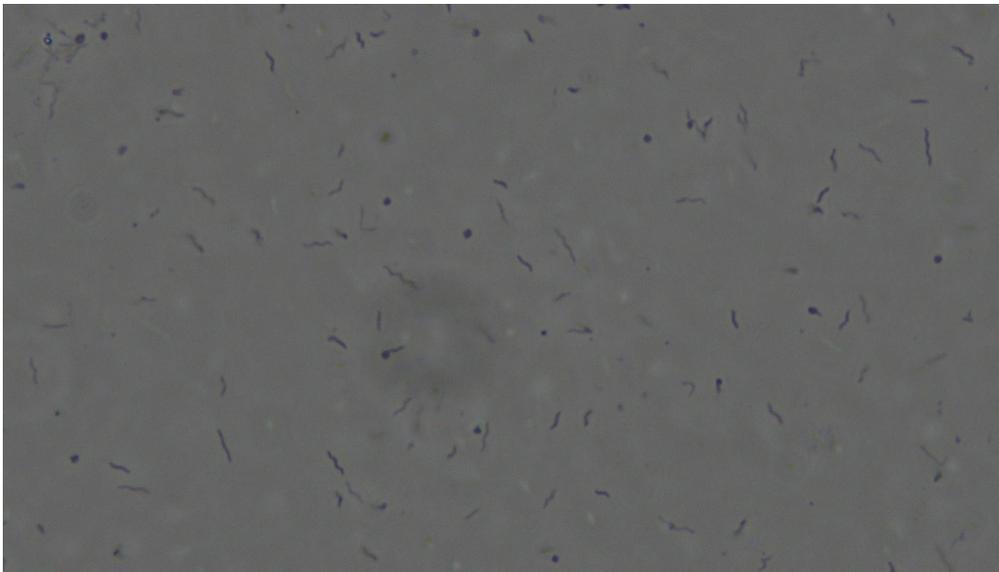
🔖 Collections



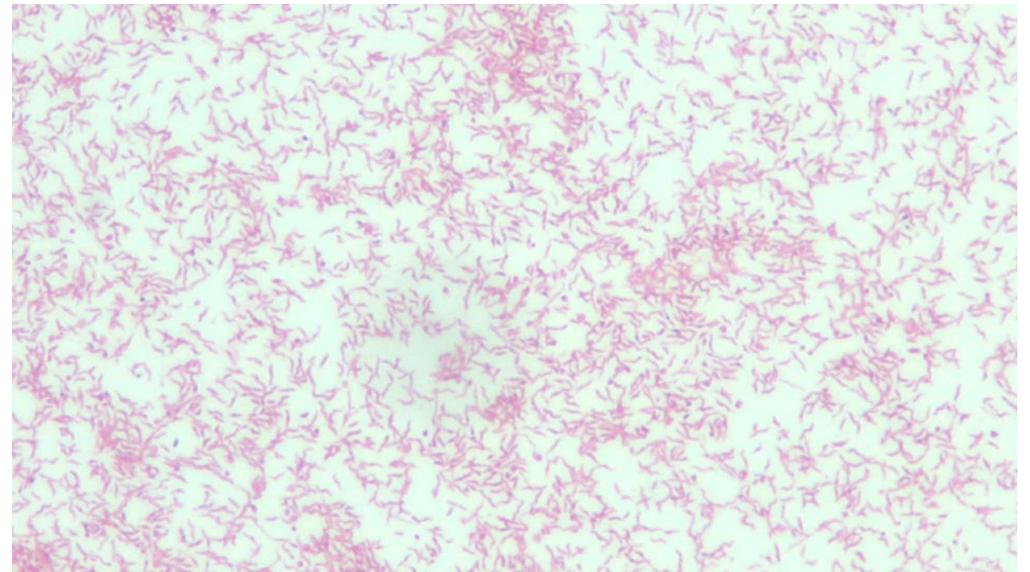
Le contexte

→ Deux cas de bactériémies : 2017 et 2022, Bordeaux-Chambéry

› *Helicobacter sp*



Examen direct (fond noir)



Gram

Cas clinique n°1 (2017, CHU de Bordeaux)-2017-C



- Femme de 58 ans
- Hospitalisée en oncologie thoracique (chimiothérapie)
- Carcinome à petites cellules
- Douleurs abdominales (hépatomégalie)

- Isolement dans un flacon d'hémoculture aérobie à J4 post-incubation d'un bacille à Gram négatif de forme hélicoïdale :
 - › *H. canis* (MALDI-TOF, CNRCH, score 1,7)
 - › aucun marqueur de résistance aux antibiotiques

- Apyrétique, aucun traitement antibiotique
 - › CR₄DxCare ne mentionne pas cette bactériémie



Cas clinique n°2 (2023, CH de Chambéry)-2023-V

- Femme de 78 ans
- Sous Rituximab, vascularite
- Hospitalisée pour douleurs thoraciques
- Anémie et syndrome inflammatoire, fièvre à 39°C
- Isolement dans deux flacons d'hémoculture aérobie positifs en respectivement 87h et 115h, d'un bacille à Gram négatif de forme hélicoïdale :
 - › non identifiable au MALDI-TOF
 - › aucun marqueur de résistance aux antibiotiques
- Traitée par amoxicilline-ac. clavulanique



Dr Marion Levast

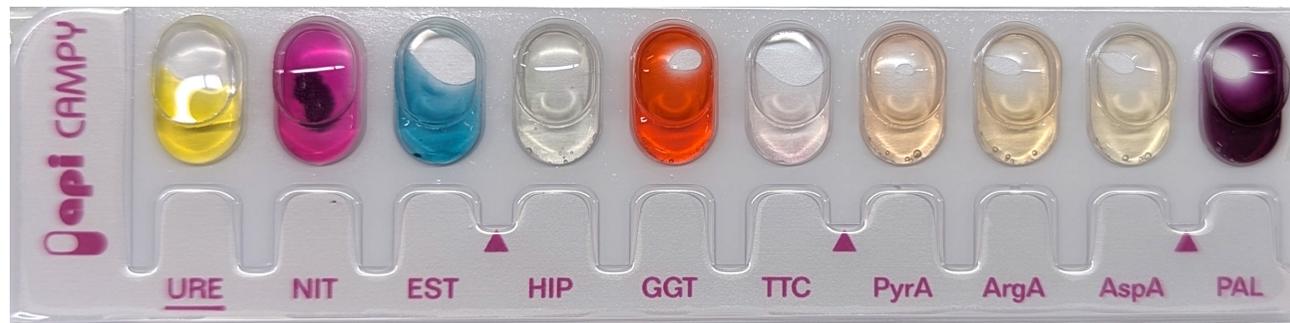
Tests biochimiques

- Oxydase_Pos
- Catalase_Neg
- Uréase-Neg
- Galerie API CAMPY (biomérieux)

2017-C

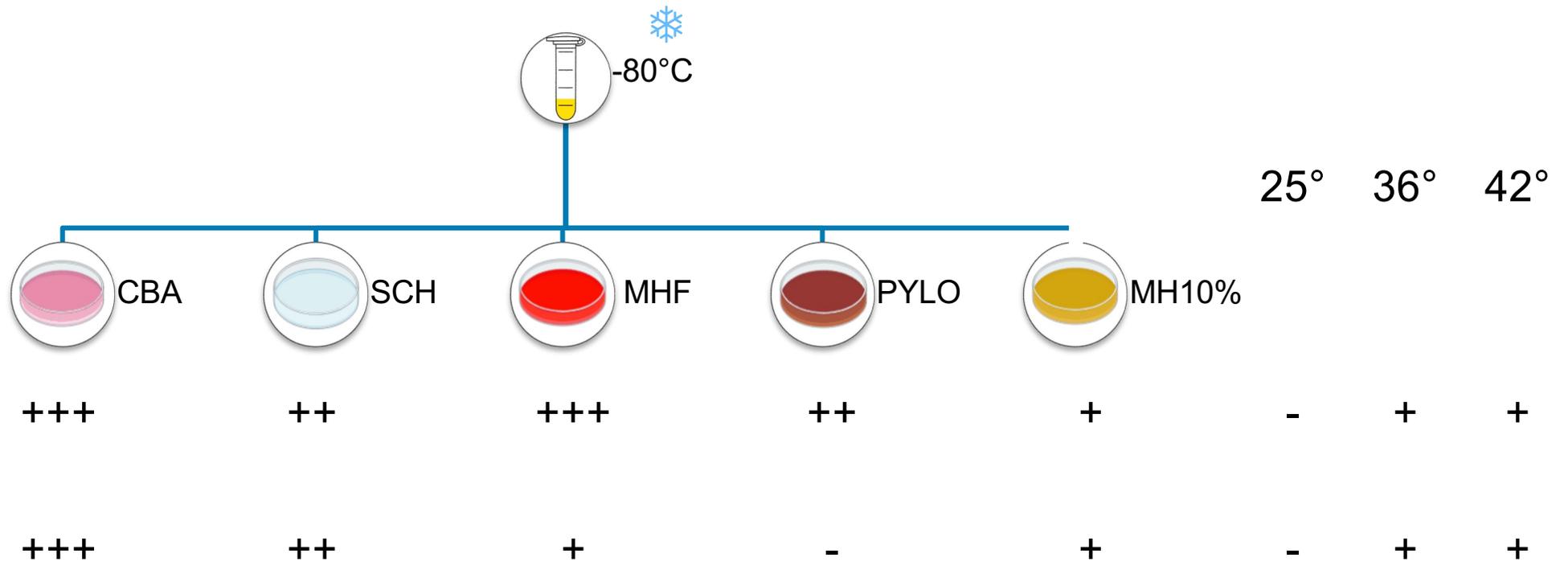


2019-V



- / + + + +

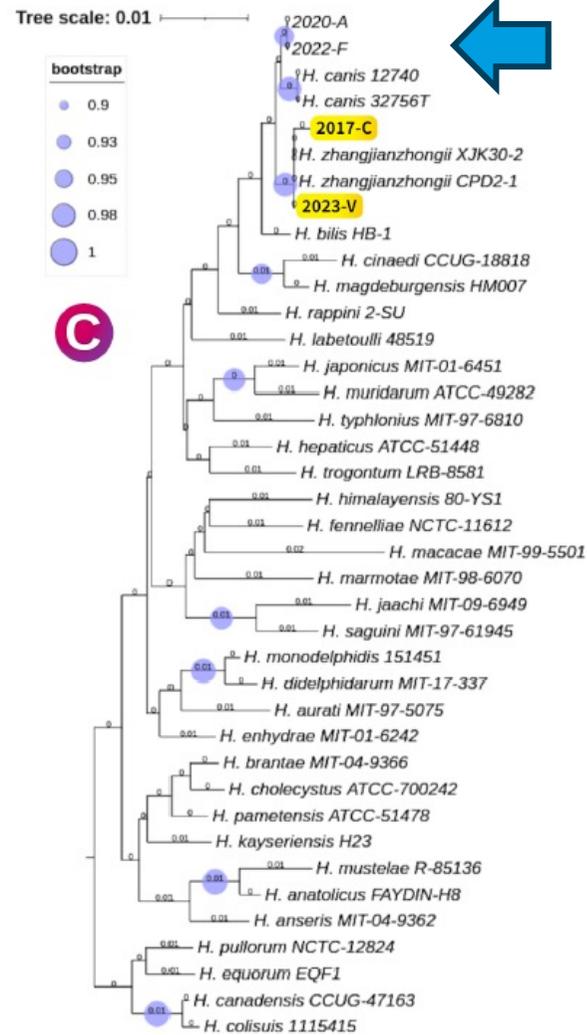
Evaluation du milieu de culture préférentiel



croissance en microaérobie uniquement

Une première approche : ADNr 16S (+ protéine GyrA)

ADNr 16S



H. canis

H. zhangjianzhongii

Comparatifs des tests biochimiques avec *H. canis*

→ Profils biochimiques semblables

Souches étudiées			Galeries biochimiques ApiCampy									Microaérobie	
Nom	Espèce	Source	Uré.	Oxi.	Cata.	Nitrate	APH	GGT	Hip.	TTC	Est.	23°C	37°C
2017-C	?	Sang (humain)											
2023-V	?	Sang (humain)											
2020-A	<i>H. canis</i>	Sang (humain)								-			
2022-F	<i>H. canis</i>	Sang (humain)	-	+	-	-	+	+	-		+	-	+
CPD2-1 ⁽¹⁾	<i>H. zhangjianzhongii</i>	Selles (chien)								+			
XJK30-2 ⁽¹⁾	<i>H. zhangjianzhongii</i>	Selles (chien)											

→ Impossible de différencier les deux espèces

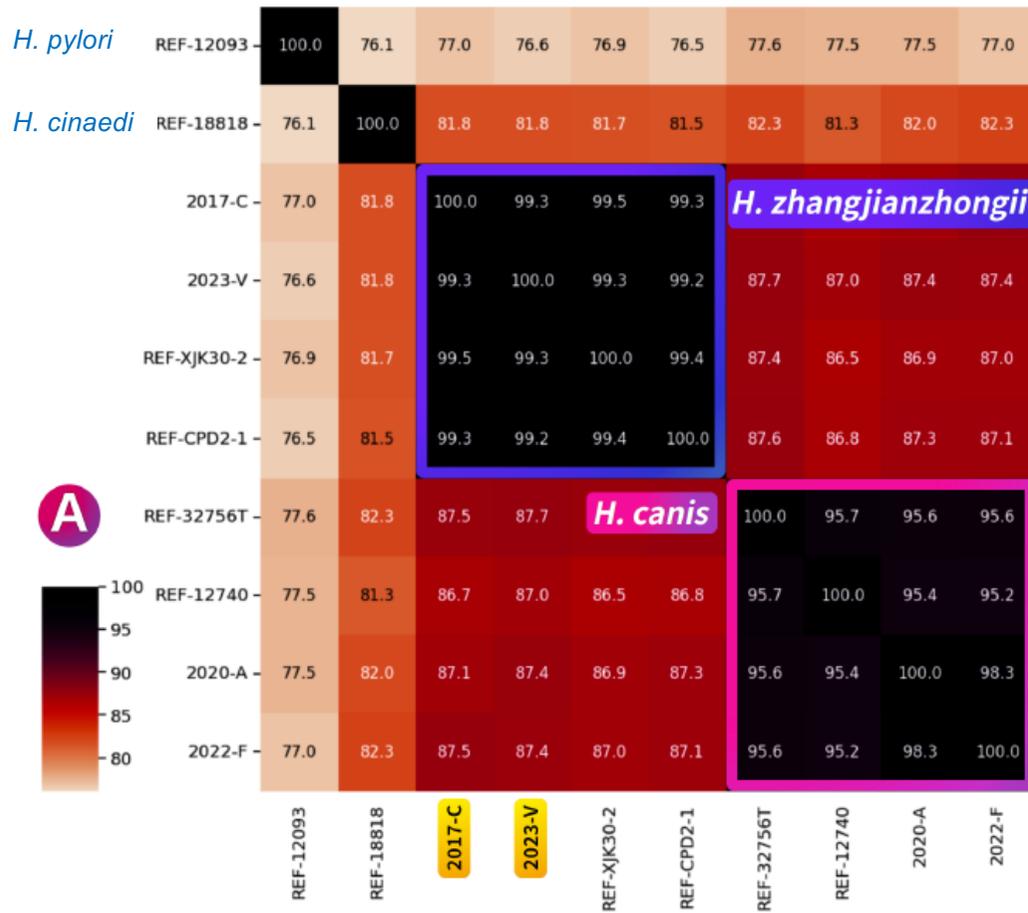
- › enrichir sa base MALDI-TOF (fait et validé en interne au CNRCH)
- › séquencer le génome

Séquençage du génome

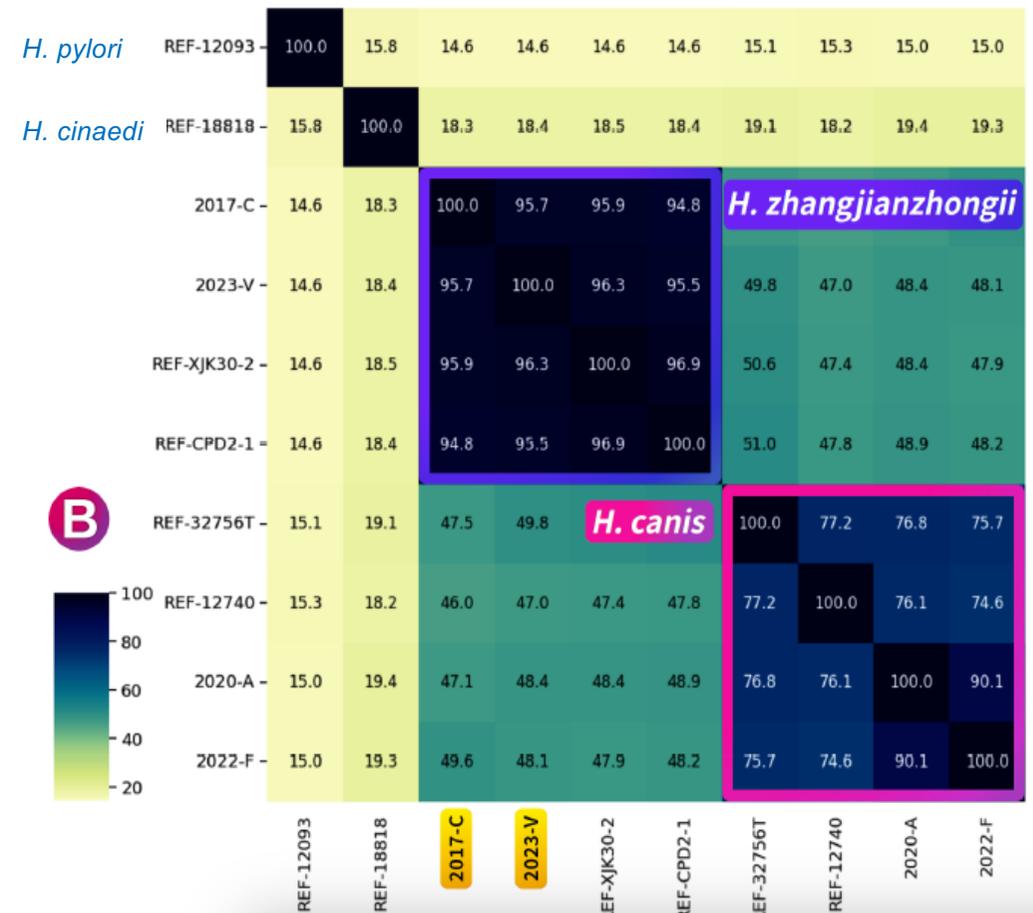
Génome	No. de contigs	Taille de genome (bp)	GC%	No. de CDs
2022-F <i>H. canis</i>	77	2 047 299	44,47	1 948
2020-A <i>H. canis</i>	95	1 971 321	45,01	1 843
<i>H. canis</i> CCUG-32756T	26	1 930 063	44,15	1 800
<i>H. canis</i> NCTC-12740	1	1 932 823	45	1 794
2023-V <i>Helicobacter sp</i>	70	2 434 004	44,5	2 200
2017-C <i>Helicobacter sp</i>	75	2 169 485	43,71	1 969
<i>H. zhangjianzhongii</i> CPD2-1	26	2 096 761	43,88	1 895
<i>H. zhangjianzhongii</i> XJK30-2	29	2 084 878	44,34	1 873

Confirmation de l'appartenance à *H. zhangjanzhongii* pour 2017-C et 2023-V

Average nucleotide identity



B DNA-DNA hybridization



Conclusion

- Premiers cas humains d'infection à *H. zhangjianzhongii*
- Pathogène chez des patients fragilisés

- Espèce initialement décrite dans des selles de chiens en Chine

- Non identifiable par MALDI-TOF ou confusion avec *H. canis*
 - › envoyer au CNRCH vos souches de *H. canis* et *Helicobacter sp*
 - › base enrichie au CNRCH en spectres de *H. zhangjianzhongii*
 - › confirmation par NGS



Se méfier des imitations

→ *H. canis* NCTC-12410

- › génome disponible dans NCBI
- › ANI = 86,6% avec *H. canis* CCUG-32757T ou NCTC-12740
- › ANI = 97,6% avec *H. zhangianzhongii*



A suivre

→ Perspectives

- › valider la nouvelle espèce (changement de nom SVP...)
- › nettoyer les bases de données

Wandji S *et al.*, Eur J Clin Microb Infect Dis 2025

Directeur : Pr Philippe Lehours-Keisler

Biologistes : Dr Marine Jauvain

Ingénieurs : Lucie Bruhl-Bénéjat, Quentin Jehanne, Léo Gillet

Techniciennes : Astrid Ducournau, Johanna Aptel, Claudie Perreau, Marie Taymont

Adjoint administratif : Erick Keisler

