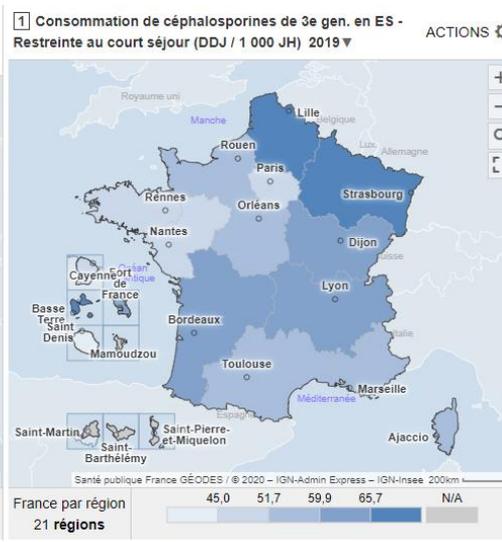
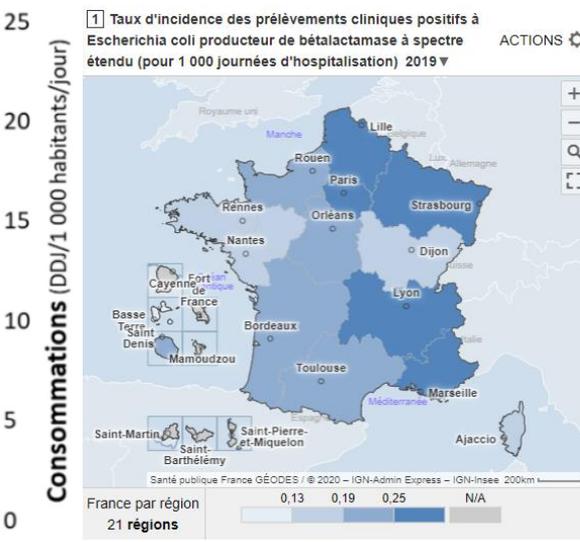
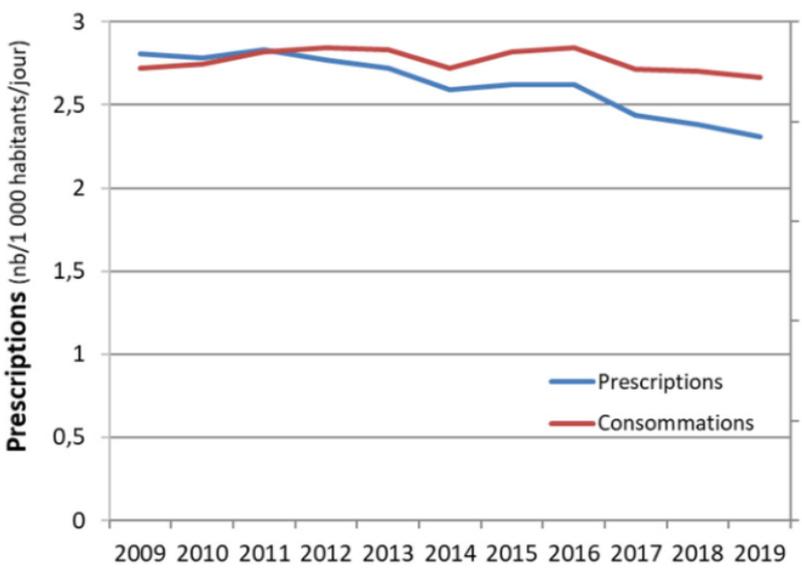
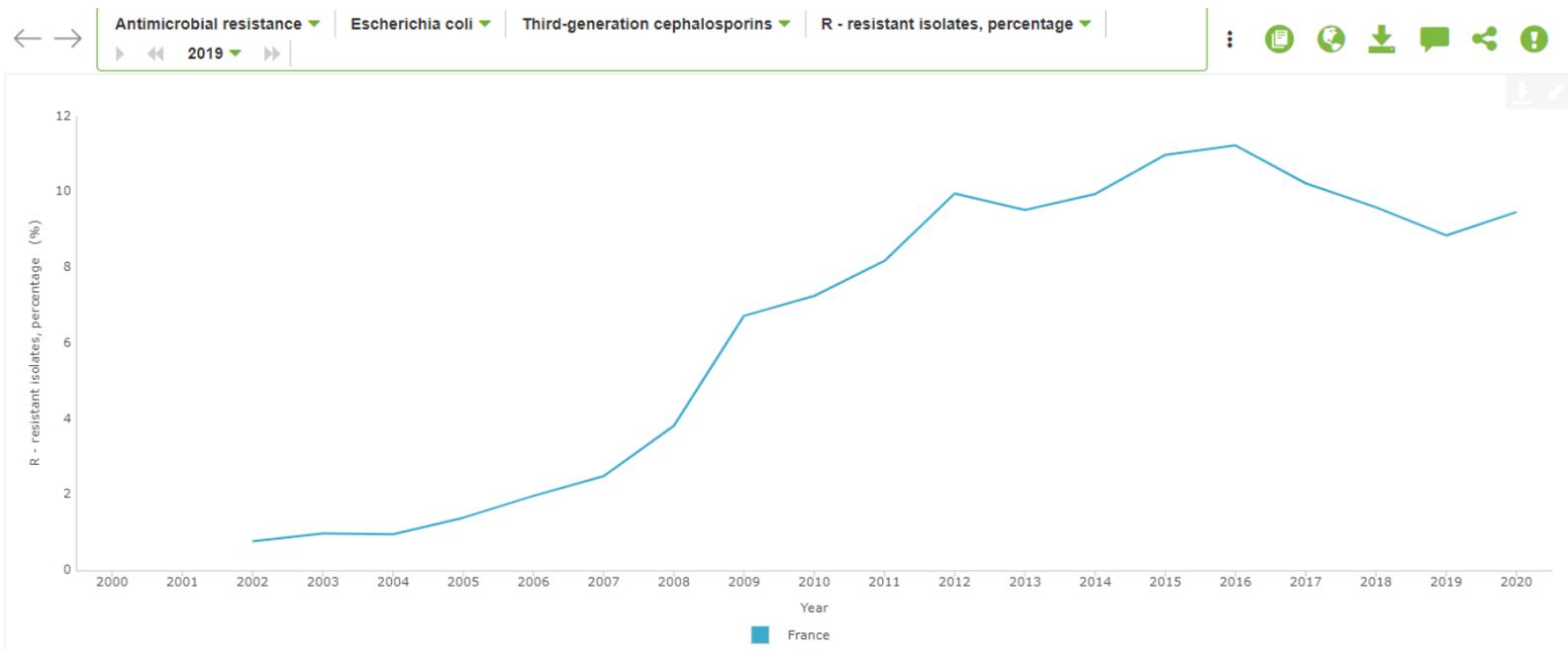
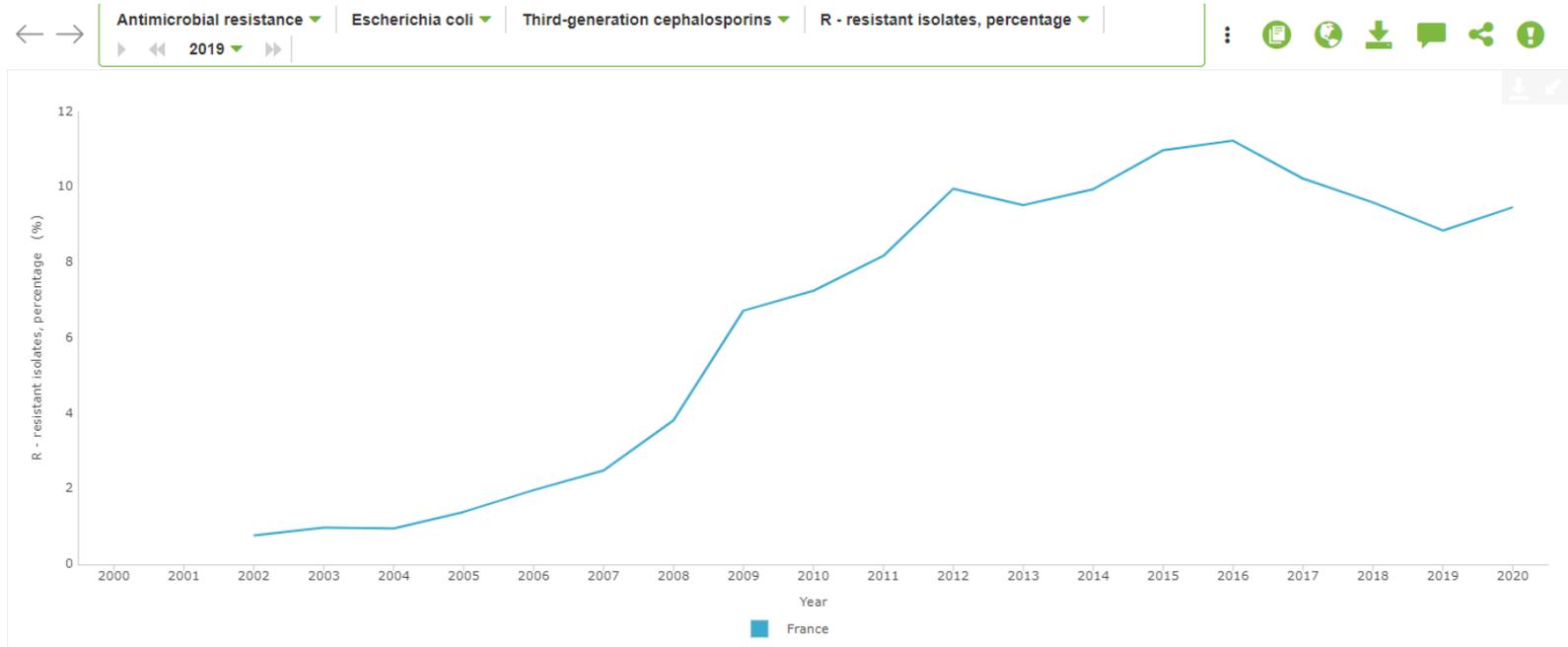


# Une modélisation de la progression de la résistance bactériennes aux antibiotiques

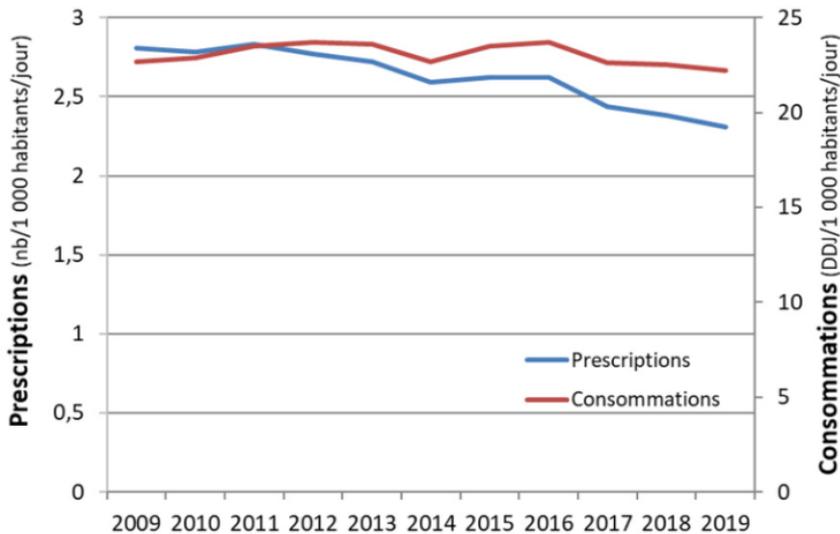
On veut collecter des données sur la résistance aux céphalosporines de la 3<sup>e</sup> génération chez *Escherichia coli* et tester l'hypothèse d'une sélection naturelle qui favorise les bactéries résistantes, pour rendre compte de la progression de l'antibiorésistance chez cette espèce.

# Etape 1 exploitation des bases de données pour retracer la progression de l'antibiorésistance





Graphique représentant les données sur la résistance aux céphalosporines de 3<sup>ème</sup> génération chez Escherichia coli

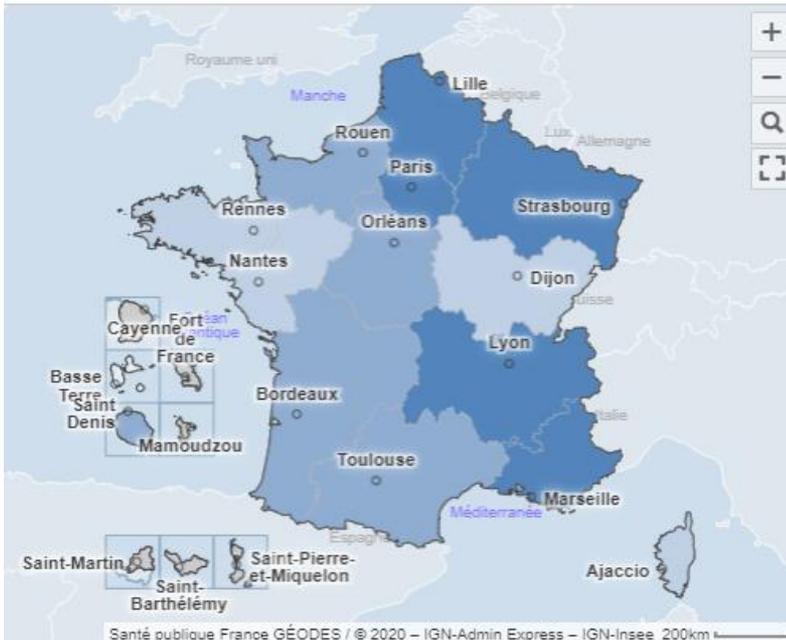


On observe qu'à partir de 2019, il y a une diminution du nombre de bactéries résistantes (dans le doc1), on constate également que la proportion de médicaments prescrits et consommés n'est pas respecté, puisque (dans le doc2) on remarque que le nombre de médicaments consommés est supérieur à ceux prescrits

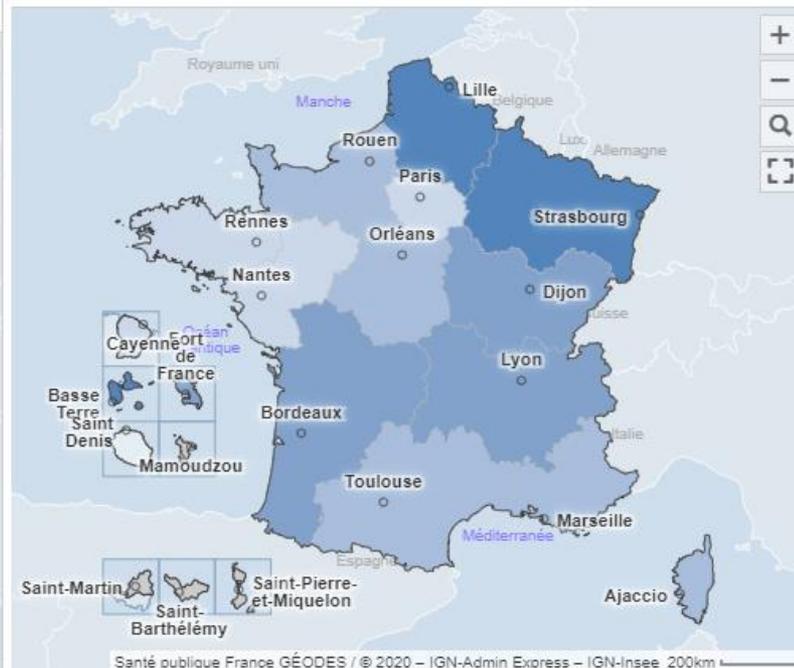
Graphique représentant la consommation et la prescription de médicaments en fonction du temps

# Cartes de France représentant le taux de bactéries résistantes et l'utilisation d'antibiotiques:

1 Taux d'incidence des prélèvements cliniques positifs à *Escherichia coli* producteur de bêta-lactamase à spectre étendu (pour 1 000 journées d'hospitalisation) 2019 ▼



1 Consommation de céphalosporines de 3e gen. en ES - Restreinte au court séjour (DDJ / 1 000 JH) 2019 ▼



On remarque une corrélation entre le taux de bactéries résistantes (*Escherichia coli*) et l'utilisation d'antibiotiques. On peut donc penser que l'utilisation des antibiotiques a un rapport avec la prolifération de la bactérie résistante.

## Etape 2 : la construction d'un modèle numérique pour expliquer la progression de l'antibiorésistance :

- Résumé du modèle

• -----

- Environnement :

• -----

- 50 lignes / 50 colonnes

- Agents :

• -----

- Nom :bactérie S
- Demi-vie :200
- Probabilité de déplacement : 50
- Effectif initial : 150

Bactéries  
sensibles aux  
antibiotiques

- Nom :bactérie R
- Demi-vie :20
- Probabilité de déplacement : 50
- Effectif initial : 5

Bactéries  
résistantes  
aux  
antibiotiques

- Nom :Antibiotique
- Demi-vie :50
- Probabilité de déplacement : 10
- Effectif initial : 0

- Règles :

• -----

- Nom de la règle :mutation
- Type : réaction entre agents
- Probabilité : 0.000001%
- Réactifs : bactérie S
- Produits : bactérie R

- Nom de la règle :multiplication S
- Type : réaction entre agents
- Probabilité : 1%
- Réactifs : bactérie S
- Produits : bactérie S, bactérie S

- Nom de la règle :multiplication R
- Type : réaction entre agents
- Probabilité : 1%
- Réactifs : bactérie R
- Produits : bactérie R, bactérie R

- Nom de la règle :Transfert horizontal des gènes
- Type : réaction entre agents
- Probabilité : 0.01%
- Réactifs : bactérie S, bactérie R
- Produits : bactérie R, bactérie R

Contact entre  
bactéries  
résistante et  
sensible

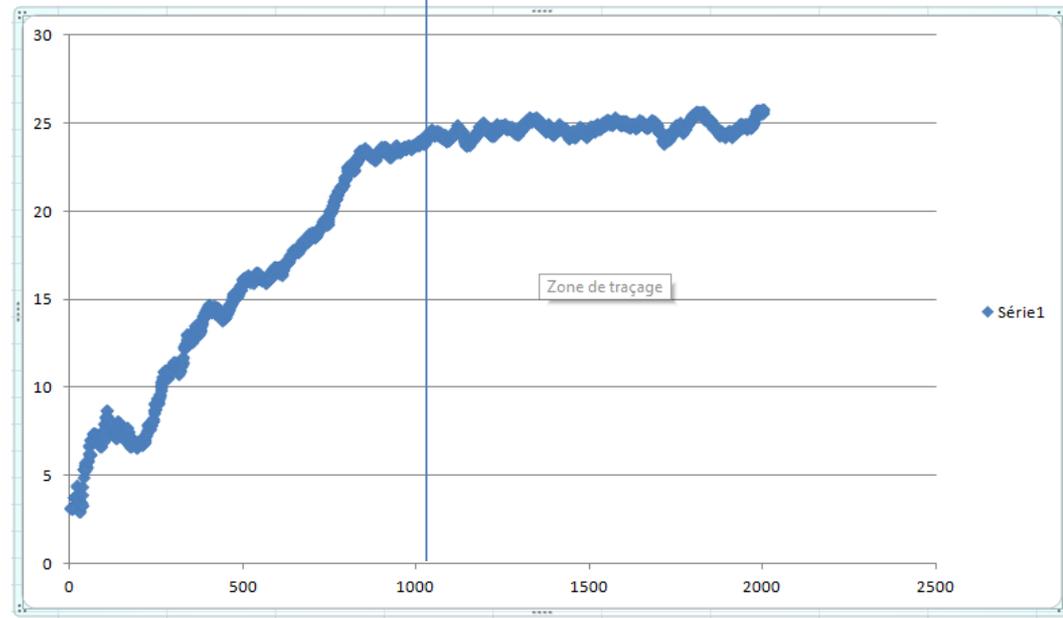
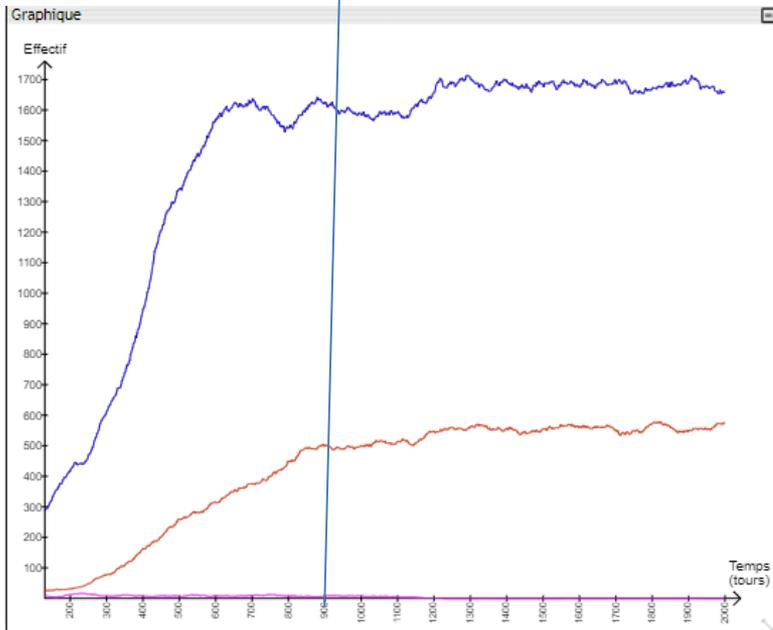
- Nom de la règle :Action de l'antibiotique
- Type : réaction entre agents
- Probabilité : 50%
- Réactifs : Antibiotique, bactérie S
- Produits : Antibiotique

Réaction entre  
la bactérie  
sensible et  
l'antibiotique

- Nom de la règle :Utilisation de l'antibiotique
- Type : apparition spontanée d'agents
- Probabilité : 10%
- Produits : Antibiotique

Apparition de  
l'antibiotique

## Arrêt de la prise d'antibiotique



### Conclusion:

pour conclure, on remarque que dès lors que l'antibiotique n'est plus présent dans le corps la courbe des bactéries résistantes et le taux de pourcentage de résistance aux antibiotiques devient constante. On peut donc affirmer que le modèle suit bien notre hypothèse qui affirmait que la présence d'antibiotique influe sur la sélection naturelle et donc la présence de bactéries résistantes.