

Bacillus cereus : spores à haut risque

Pierre Cassier^{1,2}, Ani Horikian¹

1- Service de bactériologie – Institut des agents infectieux (IAI) – Hospices civils de Lyon (HCL) – Lyon – France.

2- Unité mixte de recherche (UMR) Centre international de recherche en infectiologie (Ciri) – Université de Lyon – Institut national de la santé et de la recherche médicale (Inserm U1111) – Université Claude Bernard Lyon 1 – Centre national de la recherche scientifique (CNRS UMR5308) – École normale de Lyon – Lyon – France

✉ Dr Pierre Cassier – Service de bactériologie – IAI – HCL – 103, Grande-Rue de la Croix-Rousse – 69317 Lyon – France – E-mail : pierre.cassier@chu-lyon.fr

Bacillus cereus est une bactérie ubiquitaire que l'on retrouve notamment dans les sols, les sédiments marins, l'eau, les aliments [1]. À la faveur de différents stress environnementaux (carence nutritive, compétition microbienne), elle est en capacité de former du biofilm, et de former des spores qui sont résistantes à la chaleur, aux UV, à la déshydratation et aux pH extrêmes, participant ainsi à sa dissémination dans l'environnement hospitalier. Connu depuis longtemps pour son rôle dans les toxi-infections alimentaires collectives (TIAC), ce micro-organisme est aujourd'hui reconnu comme un pathogène opportuniste responsable d'infections sévères, notamment chez les immunodéprimés et chez les nouveau-nés prématurés (NNP).

Caractéristiques microbiologiques

Caractères culturels

Bacille à Gram positif, mobile grâce à une ciliature péritriche, aérobie ou anaérobie facultatif non exigeant, *B. cereus* a une croissance rapide à 30 ou 37°C sur milieux conventionnels. Sur gélose au sang, les colonies sont grandes (3-5 mm de diamètre), mates et plates, avec des bords irréguliers. Elles présentent une hémolyse de type bêta due à la production d'hé-

molysine BL. Sur les milieux sélectifs et chromogènes contenant notamment de l'émulsion de jaune d'œuf, la bactérie produit une phospholipase C qui hydrolyse la lécithine, formant un halo opaque autour des colonies (Figure 1). Ces caractéristiques microbiologiques permettent une détection aisée dans les prélèvements cliniques et environnementaux.

Facteurs de virulence

B. cereus dispose d'un arsenal de facteurs de virulence, parmi lesquels des entérotoxines porogènes, le céréulide, ou encore des hémolysines. Ces facteurs de virulence sont décrits ci-après.

Entérotoxines

Les entérotoxines sécrétées par *B. cereus* sont des toxines dites porogènes : l'hémolysine BL (HBL) et l'entérotoxine non hémolytique (NHE) composées chacune de 3 sous-unités, ainsi qu'une toxine à un seul composant, la cytotoxine K (CytK, également connue sous le nom d'hémolysine IV). Ces toxines sont produites et sécrétées principalement pendant la phase exponentielle de la croissance bactérienne. Elles endommagent les cellules épithéliales intestinales

Résumé

Longtemps considéré comme un agent de toxi-infections alimentaires, *Bacillus cereus* est également un pathogène opportuniste responsable d'infections invasives sévères, notamment chez les nouveau-nés prématurés (NNP). Sa capacité à sporuler favorise sa persistance dans l'environnement hospitalier. La diversité taxonomique du groupe *Bacillus cereus*, révélée par les techniques de séquençage du génome complet, complexifie son identification en routine et l'interprétation des infections invasives. Chez les NNP, ces infections, probablement sous-estimées, sont associées à une mortalité élevée. L'identification des sources de contamination est parfois difficile en raison de la multiplicité des réservoirs environnementaux et du caractère parfois polyclonal des épisodes. La prévention repose sur une approche multidisciplinaire associant caractérisation microbiologique, surveillance environnementale ciblée, mesures d'hygiène et maîtrise du bionettoyage.

Mots-clés : *Bacillus cereus* – *Bacillus cereus sensu lato* – Infections invasives – Nouveau-nés prématurés – Environnement hospitalier – Prévention du risque infectieux.

Abstract

Bacillus cereus: high-risk spores

Long considered a cause of foodborne illness, *Bacillus cereus* is also an opportunistic pathogen responsible for severe invasive infections, particularly in preterm infants (PTIs). Its ability to form spores contributes to its persistence in the hospital environment. The taxonomic diversity of the *Bacillus cereus* group, revealed by whole genome sequencing techniques, complicates its routine identification and the interpretation of invasive infections. In PTIs, these infections—which are likely underestimated—are associated with high mortality. Identifying sources of contamination is sometimes difficult due to the multitude of environmental reservoirs and the polyclonal nature of the outbreaks. Prevention relies on a multidisciplinary approach combining microbiological characterization, targeted environmental surveillance, hygiene measures, and effective disinfection protocols.

Keywords : *Bacillus cereus* – *Bacillus cereus sensu lato* – Invasive infections – Preterm infants – Hospital environment – Infection prevention.

Figure 1 - Culture de *Bacillus cereus* sur gélose chromogène sélective après 24 heures d'incubation à 30°C.



en formant des pores, ce qui conduit à un efflux d'ions K⁺ activant plus ou moins rapidement selon la toxine une activation de l'inflammasome NLRP3 conduisant à une lyse osmotique des cellules par pyroptose et, par conséquent, à une diarrhée [2].

Céréulide

Le céréulide est un dodécadépsipeptide cyclique, apparenté à un ionophore de potassium, perturbant le potentiel membranaire des cellules et favorisant la lyse mitochondriale. L'effet émettant de cette toxine est dû à l'activation des récepteurs 5HT₃ (ou récepteurs 5-hydroxytryptamine de type 3) à la sérotonine des cellules intestinales. Le céréulide est sécrété principalement pendant la phase stationnaire de la croissance bactérienne. Thermostable, résistant à la protéolyse et aux milieux acides, il est retrouvé dans des aliments riches en amidon (riz, pâtes) et des produits laitiers [3,4].

Hémolysines

L'hémolyse observée chez *B. cereus* peut être induite par HBL, NHE et CytK grâce à leur capacité à former des pores au niveau des érythrocytes. *B. cereus* exprime également l'hémolysine I (ou céréolysine O), l'hémolysine II et l'hémolysine III, dont le mécanisme de formation des pores reste encore mal connu [2]. De plus, certains travaux ont montré que l'action combinée de la phospholipase C et d'une sphingomyélinase peut conduire également à une hémolyse [5].

Gènes de résistance

En dehors de *B. anthracis*, *B. cereus sensu lato* est fréquemment résistant aux pénicillines et aux céphalosporines en produisant jusqu'à trois β-lactamases chromosomiques (*bla1*, *bla2* et *bla3*). En revanche, il reste sensible aux carbapénèmes. L'expression des β-lactamases chromosomiques varie considérablement entre les espèces du groupe *Bacillus cereus* [6]. La bactérie est également sensible aux glycopeptides, aux fluoroquinolones, au linézolide et aux aminoglycosides. La vancomycine, parfois associée à un aminoside reste donc le traitement de première intention [1].

Bacillus cereus sensu lato, fruit d'une taxonomie complexe

De l'ère pré-séquençage au séquençage du génome complet

Avant 1998, le groupe *Bacillus cereus* (Bc) ou *Bacillus cereus sensu lato* ne comprenait que quatre espèces différenciées sur des critères phénotypiques :

- *Bacillus anthracis*, immobile et encapsulé, agent de l'anthrax,
- *Bacillus cereus sensu stricto*, organisme éponyme du complexe d'espèce dont le nom vient du latin *cera* (cire) en référence à l'aspect cireux des colonies,
- *Bacillus thuringiensis*, producteur de cristaux protéiques utilisés comme bio-insecticide,
- *Bacillus mycoides*, reconnaissable à l'aspect caractéristique de ses colonies en rhizoïdes.

B. pseudomycoides et *B. weihenstephanensis* ont ensuite été décrits, et les techniques génétiques ont offert un pouvoir de discrimination supérieur aux tests biochimiques et microbiologiques pour lesquels on sait qu'il existe des variations intra-espèces et inter-espèces [7], et qui étaient les principales méthodes utilisées pour établir ces dernières comme de nouvelles espèces.

Avant l'adoption de méthodes de typage à un seul locus ou multi-loci (SLST¹ et MLST² respectivement), des techniques telles que le RAPD³ ou l'électrophorèse en champ pulsé (PFGE) ont joué un rôle déterminant dans la différenciation des membres du groupe Bc. Parmi les approches SLST, le gène de ménage de la pantoate-β-alanine ligase (*panC*) est devenu un locus cible populaire en 2008, lorsque Guinebretière et al. ont défini sept groupes phylogénétiques (I à VII) au sein du groupe Bc [8]. Cette classification a été établie à partir des données phylogénétiques du séquençage partiel de ce gène chez 425 souches, couplées à leur plage de température de croissance spécifique (psychrotrophe, mésophile et thermophile). Elle est encore utilisée pour caractériser des souches notamment dans un contexte épidémique [9,10]. Cependant, parmi

ENCADRÉ 1

***Bacillus anthracis*, une identification sous haute surveillance.**

B. anthracis est l'agent étiologique de l'anthrax ou maladie du charbon, maladie enzootique et zoonotique de répartition mondiale, septicémique, hémorragique et très souvent mortelle, qui touche principalement les mammifères herbivores sauvages et domestiques.

Chez l'être humain, la maladie est présente sous 3 formes liées aux voies de transmission des spores :

- cutanée en cas de souillure de plaies ou à la faveur d'effraction cutanée lors de la manipulation de carcasses, ou de produits (peaux, cornes, os) issus d'animaux infectés,
- digestive, consécutive à l'ingestion de viande contaminée,
- respiratoire, par inhalation de spores, et considérée comme la forme la plus grave.

Sans traitement antibiotique, la dissémination septicémique est systématiquement mortelle.

B. anthracis peut être détourné à des fins d'arme biologique ou pour le bioterrorisme. En 2001 aux États-Unis, des attaques par lettres contenant des spores mêlées à de la poudre, l'ont démontré avec 22 cas confirmés (11 cutanés, 11 par inhalation) dont 5 décès, illustrant le besoin urgent d'améliorer les méthodes de détection et d'identification précoces [12].

Comme évoquée précédemment, la bactérie possède des caractères phénotypiques particuliers : immobilité, absence d'hémolyse, sensibilité à la pénicilline. *Bacillus anthracis* possède par ailleurs deux plasmides essentiels à sa virulence : pXO1 (182 kb), qui code la synthèse de la toxine, et pXO2 (96 kb), qui code la synthèse des éléments de la capsule. La présence des deux plasmides est indispensable pour identifier les souches pathogènes, la perte de l'un ou l'autre atténue fortement sa virulence, la perte des deux la supprime totalement. Son identification peut donc reposer sur ces critères phénotypiques et sur des méthodes moléculaires, notamment la PCR ciblant les gènes chromosomiques et plasmidiques. Néanmoins, l'identification peut être relativement longue (>24 heures), et certaines souches peuvent présenter des caractéristiques atypiques complexifiant de fait davantage le diagnostic [12].

Quant au MALDI-TOF qui allie rapidité, coût modéré et fiabilité diagnostique, la bactérie n'est référencée que dans les bases de spectres dédiées au bioterrorisme. Ainsi, une souche de *B. cereus sensu stricto* pourrait être identifiée à tort comme *anthracis* si cette seule base est utilisée, en effet certains biomarqueurs d'identification manquent de spécificité, ne permettant pas une distinction fiable par espèce. Il est donc impératif de combiner les deux bases pour valider l'identification [13].

Toutefois, la situation se complique encore en raison du fait que *B. cereus sensu lato* peut acquérir les deux plasmides pXO1 et pXO2 par transfert horizontal, donnant naissance à des souches *anthracis-like* appelées *B. cereus biovar anthracis*. Ces souches, capables de provoquer d'authentiques cas d'anthrax chez l'animal et l'humain, sont également classées comme agent de bioterrorisme. Pourtant leur identification reste imparfaite, avec des lacunes persistantes.

les approches MLST qui reposent sur plusieurs gènes de ménage, le schéma MLST à sept gènes PubMLST à partir des loci *glp*, *gmk*, *ilv*, *pta*, *pur*, *pyc* et *tpi* demeure la base de caractérisation des espèces.

Depuis l'avènement du séquençage nouvelle génération (NGS), le groupe s'est enrichi de nouvelles espèces et ne cesse d'évoluer. En 2022, près d'une vingtaine d'espèces ont ainsi été décrites comme phylogénétiquement proches, telles que *B. mobilis* ou *B. paranthracis* [1,11].

Implication pour l'identification au laboratoire

En routine, malgré l'ajout progressif de différentes espèces du groupe dans les bases d'identification par MALDI-TOF, il semble plus prudent de rendre le résultat sous la forme « *B. cereus sensu lato* » ou « *B. cereus* group », si l'on accepte l'anglicisme. De plus, les bases standard ne couvrent pas la totalité des espèces, et notamment *B. anthracis* (Encadré 1, [12-13]).

En définitive, seul le séquençage génomique permet d'identifier les espèces du groupe, notamment pour établir un lien entre espèce et tableau clinique, et en particulier pour documenter précisément les cas d'infection.

**Pouvoir pathogène
Infections digestives**

B. cereus est principalement connu pour être responsable d'infections gastro-intestinales, parfois appelées « syndrome du riz frit », en référence au riz laissé à température ambiante pendant une période prolongée puis frit, permettant le développement de la bactérie et la production de toxine [14]. Dans le rapport de surveillance des TIAC 2023 publié cette année par Santé publique France, *Bacillus cereus* demeure l'un des pathogènes les plus fréquemment suspectés sur la base des informations épidémiologiques et cliniques, mais sans avoir été nécessairement confirmé sur le plan microbiologique, contrairement aux *Salmonella* [15]. *Bacillus cereus* peut en effet être à l'origine de deux tableaux cliniques principaux.

Les cas d'intoxication alimentaire se manifestent suite à l'ingestion d'une toxine émétique alimentaire, le céréulide. Cette situation clinique a été très médiatisée en 2026 car la toxine était présente dans une huile riche en acide arachidonique entrant dans la composition de laits infantiles. L'aliment contient donc la toxine déjà formée, qui peut être présente même en l'absence de bactéries vivantes, et le réchauffage de l'aliment ne suffit pas toujours à éliminer le risque, le céréulide étant thermostable comme évoqué précédemment. Les vomissements apparaissent rapidement après l'ingestion (30 minutes à 6 heures). Ces cas d'intoxication ne font pas l'objet d'un diagnostic biologique dans les prélèvements humains car les symptômes sont habituellement de courte durée. Les *Bacillus* incriminés sont des Bc du groupe phylogénétique III

associés à des matrices amylacées (riz, pâtes, pommes de terre) mal conservées.

L'autre présentation clinique est la conséquence d'une intoxication par des aliments contenant des spores viables. En effet, les bactéries sont ingérées, se multiplient dans le tube digestif, et produisent des entérotoxines, notamment l'Hémolysine BL (Hbl), l'entérotoxine non hémolytique (Nhe) et la Cytotoxine K (CytK-1 et CytK-2) [16]. Les symptômes surviennent plus tardivement après la consommation de l'aliment contaminé (de 6 à 24 heures) et associent douleurs abdominales et diarrhées. Le diagnostic biologique de ces cas de toxi-infection repose essentiellement sur la recherche d'entérotoxines dans l'aliment contaminé, plutôt que dans les prélèvements humains. La bactérie peut toutefois être recherchée dans les selles (par test PCR ciblant les gènes de toxines, dans des laboratoires spécialisés).

Infections extra-digestives

Par ailleurs, *B. cereus* est associé à de nombreuses manifestations cliniques extra-digestives, qu'elles soient localisées ou invasives : abcès cérébraux, endophtalmies, pleuro-pneumopathies, infections ostéoarticulaires, bactériémies avec sepsis, méningites, etc. [2]. Les endophtalmies en sont un exemple frappant : principalement post-traumatiques, elles illustrent parfaitement tout l'arsenal de virulence du groupe Bc. En effet, les dégâts oculaires qu'elles provoquent sont plus sévères que ceux causés par des staphylocoques comme *S. epidermidis* ou *S. aureus*.

Les infections invasives à Bc dépendent étroitement du statut immunitaire du patient : chez les patients immunocompétents, elles restent rares et surviennent généralement en post-opératoire ou après des fractures ouvertes, souvent dans un contexte plurimicrobien. Elles sont beaucoup plus fréquentes chez les patients immunodéprimés, en particulier ceux atteints d'hétopathies malignes, qui présentent un risque accru de bactériémies [2,13], mais également chez les NNP. Ces infections ont par ailleurs un caractère saisonnier, avec une augmentation de leur incidence en été [17,18]. Concernant les mesures de prévention, celles-ci sont détaillées ci-après dans le contexte spécifique de la néonatalogie. Cependant, la plupart de ces mesures peuvent être étendues aux autres secteurs de soins.

Le cas particulier des nouveau-nés prématurés

Infections invasives chez les NNP

Les NNP (nés à moins de 37 semaines d'aménorrhée) font partie des populations à haut risque d'infections invasives au groupe Bc. Trois facteurs principaux expliquent cette vulnérabilité : l'immaturité de leur système immunitaire, la présence de dispositifs invasifs et la durée prolongée de leur hospitalisation.

La revue de la littérature menée par Lotte et al. a révélé

qu'elles étaient probablement sous-estimées, tout en étant en forte augmentation, et associées à une mortalité élevée, de l'ordre de 30% [1]. On peut donc raisonnablement s'interroger sur le fait que certaines espèces soient plus à même d'infecter ces jeunes patients, notamment si elles présentent des facteurs de virulence qui pourraient expliquer la gravité des cas. Pour répondre à ces questions et approfondir ces observations, une étude multicentrique, menée dans 14 services de réanimation de 12 villes françaises, a caractérisé les souches de Bc ayant infecté 40 NNP entre 2010 et 2022 [19]. Les résultats montrent des

ENCADRÉ 2

Quelle surveillance microbiologique environnementale en néonatalogie ?

Les bactéries du groupe Bc, omniprésentes dans l'environnement hospitalier, ne provoquent que rarement des infections ou une colonisation chez les nouveau-nés prématurés. Ces cas surviennent lorsque plusieurs facteurs (liés à la bactérie, à l'hôte ou à l'environnement) s'alignent, conformément à la théorie de James Reason, plus connue sous le nom de modèle du fromage suisse.

Une surveillance environnementale ciblée sur *Bacillus cereus* dans un service de néonatalogie permet de suivre la pression environnementale du groupe Bc et, in fine, d'adapter les mesures de prévention du risque infectieux. Parmi les méthodes disponibles, la technique par culture est privilégiée.

Le choix de la méthode de prélèvement repose sur deux critères principaux : sa performance analytique et le niveau d'expertise technique requis. Dans l'étude de Manin et al., plusieurs outils sont décrits :

- géloses contact : pour la surveillance annuelle post-bionettoyage du service ;
- chiffonnettes de prélèvement : pour l'investigation environnementale autour des cas ;
- écouvillons : pour la surveillance ciblée du groupe Bc.

Les écouvillons, dont le liquide de transport contient un milieu neutralisant les désinfectants, associés à une culture de 24 heures à 30°C sur milieu chromogène sélectif, s'avèrent être la solution optimale pour cette surveillance [22].

Les prélèvements positifs permettent d'identifier les zones nécessitant un renforcement du bionettoyage. Cependant, l'interprétation la plus pertinente pourrait reposer sur le taux de positivité global des échantillons. En s'inspirant du seuil de 30% utilisé pour les légionelles [23,24], il serait possible de définir un seuil critique (par exemple, 20%) au-delà duquel la pression environnementale liée à Bc deviendrait préoccupante. Ce seuil devra cependant s'appuyer sur un échantillonnage suffisamment large pour être fiable. Cela dit, cette stratégie s'est déjà appliquée à *B. cereus* : une équipe japonaise a établi des valeurs régionales et saisonnières de référence pour sa détection dans des échantillons cliniques, notamment en cas de bactériémies, qui pourraient servir de base comparative aux hôpitaux pour évaluer la nécessité d'une intervention en prévention du risque infectieux [11].

différences cliniques et microbiologiques marquées selon l'issue de l'infection : les patients décédés ($n=15$; 37,5%) présentaient plus fréquemment un sepsis d'installation rapide ($p=0,004$), ainsi que des atteintes neurologiques ($p=0,0038$) et circulatoires ; la répartition des espèces différait également de manière significative : *Bacillus cereus sensu stricto* était isolé chez 46% des NNP décédés avec une prépondérance des gènes de virulence de l'hémolysine BL et de sidérophores, contre 68% de *Bacillus paranthracis* chez les survivants ($p<0,001$) avec au sein de cette espèce la prédominance du gène codant le céréulide.

De manière globale, parmi les 40 souches isolées, sept espèces ont été identifiées. Une analyse du *core genome* MLST ($n=1567$ loci) a mis en évidence une grande diversité génétique avec néanmoins deux particularités notables. D'une part 11 souches de *B. paranthracis* ST26 ont été identifiées. Cette bactérie a d'ailleurs été impliquée dans une épidémie de TIAC en Chine [20]. D'autre part, il a été mis en évidence trois souches de *B. mobilis* ST992, très proches, et correspondant à trois patients d'un même établissement infectés à des

périodes différentes (2016, 2017 et 2018). Cette dernière observation suggère la possibilité d'un réservoir environnemental.

Sources possibles d'infection

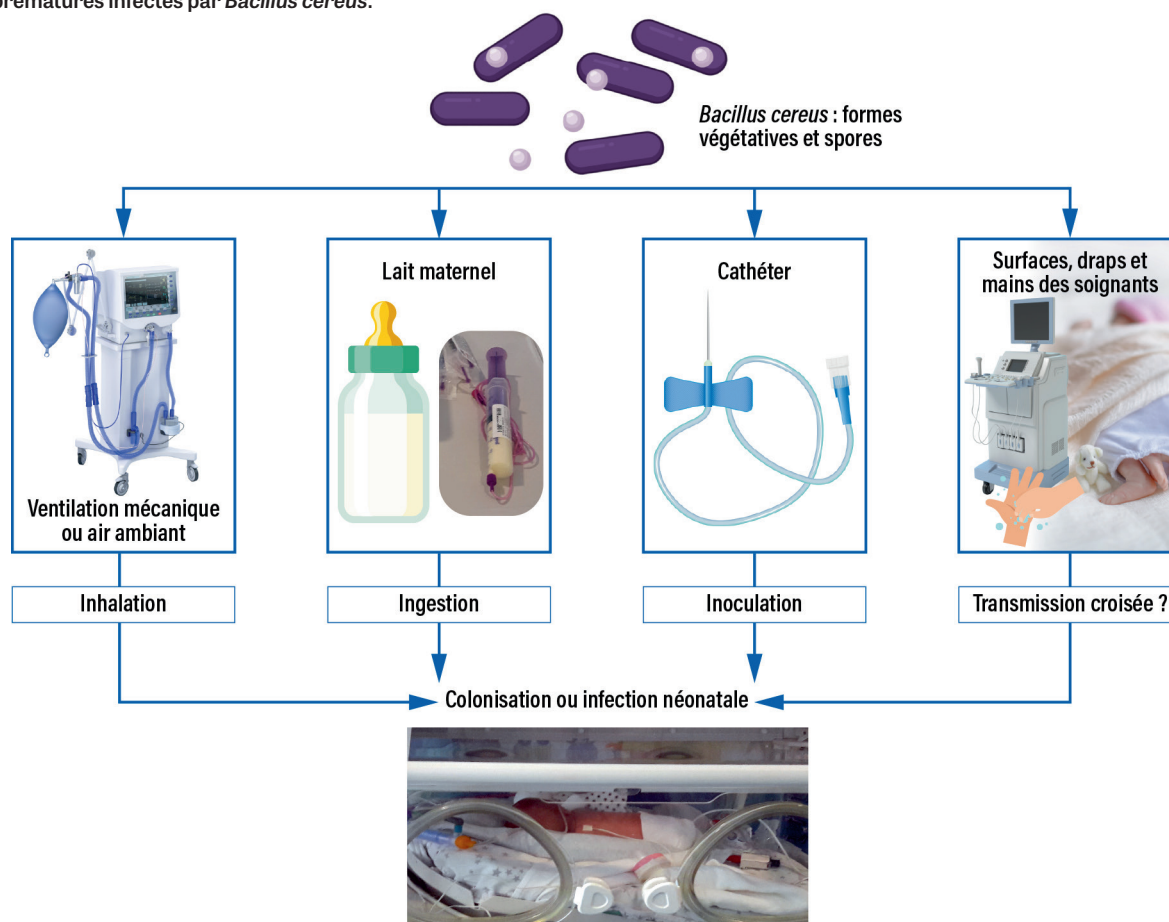
L'environnement hospitalier des services de néonatalogie constitue un réservoir potentiel de *Bacillus cereus sensu lato*, avec de multiples sources de contamination : respirateurs, lait maternel, cathéters, linge, surfaces, etc.

Les modes de transmission le plus souvent suspectés (bien que pas toujours confirmés par typage génomique) incluent : l'inhalation, l'ingestion, l'inoculation de spores, ou encore la transmission croisée à partir de surfaces contaminées ou des mains du personnel (Figure 2).

Investigation de cas groupés et implémentation de mesures de prévention

L'identification des sources d'infection environnementales est cruciale pour maîtriser les épidémies. Pourtant, deux investigations menées à Marseille et

Figure 2 - Représentation schématique des différentes sources environnementales potentielles d'infection chez les nouveau-nés prématurés infectés par *Bacillus cereus*.



D'après Lotte R, Chevalier A, Boyer L, et al. *Bacillus cereus* invasive infections in preterm neonates: an up-to-date review of the literature. Clin Microbiol Rev. 2022;35(2):e00088-21. Doi: 10.1128/cmr.00088-21.

Tableau I - Mesures possibles de prévention en service de néonatalogie.

Type de mesure	Mesure clés
Mesures de prévention structurelles et logistiques	Optimisation de la qualité de l'air : Scellement des fenêtres et portes pour limiter l'entrée d'air contaminé Nettoyage des systèmes de ventilation et climatisation (filtres, grilles) Installation de purificateurs d'air dans les couloirs Désinfection aérienne des pièces sans patients (ex. salles de stockage)
	Réparation des faux plafonds et murs (étanchéification, repeinture)
	Gestion du linge et des équipements : Lavage à haute température (90°C pendant 10-20 min) pour inactiver les spores Stockage dans des boîtes plastiques fermées Désinfection des incubateurs à la vapeur + nettoyage avec des produits sporicides
Mesures d'hygiène renforcées	Renforcement de l'hygiène des mains : lavage des mains au savon, complété par une friction hydro-alcoolique Nettoyage et désinfection des surfaces avec produits sporicide, ou microfibre à l'eau pour les zones proches des patients
Surveillance environnementale et clinique	Surveillance environnementale : monitoring de la pression environnementale de <i>B. cereus sensu lato</i> (Encadré 2 [23-24]) Surveillance clinique : dépistage systématique sur prélèvement de selles hebdomadaires chez tous les patients
Mesures organisationnelles	Fermeture temporaire de lits pour permettre un nettoyage approfondi Sensibilisation du personnel et des parents : rappel des mesures d'hygiène

Lyon ont illustré toute la complexité de cet exercice en raison du caractère polyclonal des cas décrits et des liens de clonalité établis entre souches cliniques et environnementales [21,22]. L'enquête doit néanmoins cibler dès l'alerte ces six sources possibles : cathéters, équipements médicaux, lait maternel et nutrition parentérale, contamination aérienne (poussières, travaux), surfaces et mains du personnel.

En matière de prévention, des mesures préventives ou correctives de plusieurs types peuvent être appliquées : renforcement de l'hygiène, surveillance environnementale et clinique, mesures organisationnelles, structurelles et logistiques (Tableau I).

Conclusion

Bacillus cereus se révèle être bien plus qu'un simple agent de toxi-infections alimentaires. D'une part, si les avancées en séquençage génomique ont permis de

mieux comprendre la diversité du groupe Bc, identifiant de nouvelles espèces, associées à des profils de virulence distincts, son identification en routine reste imprécise. D'autre part, grâce à sa capacité à former des spores, la bactérie qui persiste dans les environnements hospitaliers, peut provoquer des infections invasives graves, notamment chez les nouveau-nés prématurés, avec une mortalité préoccupante. Les mécanismes de transmission, souvent multifactoriels, et la complexité des investigations épidémiologiques rappellent que la lutte contre ce pathogène exige une approche multidisciplinaire impliquant les ressources cliniques, microbiologiques et de prévention du risque infectieux.

1- Single locus strain typing. 2- Multi locus strain typing. 3- Random amplified polymorphic DNA ou amplification aléatoire d'ADN polymorphe.

Références

- 1- Lotte R, Chevalier A, Boyer L, et al. *Bacillus cereus* invasive infections in preterm neonates: an up-to-date review of the literature. Clin Microbiol Rev. 2022;35(2):e00088-21. Doi: 10.1128/cmr.00088-21.
- 2- Enosi Tuipulotu D, Mathur A, Ngo C, et al. *Bacillus cereus*: epidemiology, virulence factors, and host-pathogen interactions. Trends Microbiol. 2021;29(5):458-471. Doi: 10.1016/j.tim.2020.09.003.
- 3- Agata N, Ohta M, Yokoyama K. Production of *Bacillus cereus* emetic toxin (cereulide) in various foods. Int J Food Microbiol. 2002;73(1):23-27. Doi: 10.1016/S0168-1605(01)00692-4.
- 4- Agata N, Ohta M, Mori M, et al. A novel dodecadepsipeptide, cereulide, is an emetic toxin of *Bacillus cereus*. FEMS Microbiol Lett. 1995;129(1):17-20. Doi: 10.1016/0378-1097(95)00119-P.
- 5- Beecher DJ, Wong ACL. Cooperative, synergistic and antagonistic haemolytic interactions between haemolysin BL, phosphatidylcholine phospholipase C and sphingomyelinase from *Bacillus cereus*. Microbiology. 2000;146(12):3033-3039. Doi: 10.1099/00221287-146-12-3033.
- 6- Nishihara Y, Nakano R, Nakano A, et al. Differences in β -lactamase activity and carbapenem resistance among the *Bacillus cereus* group. Antimicrob Agents Chemother. 2026;70(3):e0130225. Doi: 10.1128/aac.01302-25.
- 7- Stenfor Arnesen LP, Fagerlund A, Granum PE. From soil to gut: *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. FEMS Microbiol Rev. 2008;32(4):579-606. Doi: 10.1111/j.1574-6976.2008.00112.x.
- 8- Guinebreière MH, Thompson FL, Sorokin A, et al. Ecological diversification in the *Bacillus cereus* Group. Environ Microbiol. 2008;10(4):851-865. Doi: 10.1111/j.1462-2920.2007.01495.x.
- 9- Glasset B, Herbin S, Granier SA, et al. *Bacillus cereus*, a serious cause of nosocomial infections: epidemiologic and genetic survey. PLoS One. 2018;13(5):e0194346. Doi: 10.1371/journal.pone.0194346.
- 10- Bonis M, Felten A, Pairaud S, et al. Comparative phenotypic, genotypic and genomic analyses of *Bacillus thuringiensis* associated with foodborne outbreaks in France. PLoS One. 2021;16(2):e0246885. Doi: 10.1371/journal.pone.0246885.
- 11- Carroll LM, Cheng RA, Wiedmann M, et al. Keeping up with the *Bacillus cereus* group: taxonomy through the genomics era and beyond. Crit Rev Food Sci Nutr. 2022;62(28):7677-7702. Doi: 10.1080/10408398.2021.1916735.
- 12- Salgado JR, Cardozo M, Cavalcante SFA, et al. Tracking *Bacillus anthracis*: The legacy of MALDI-TOF Biomarkers in scientific literature, a review. ACS Omega. 2026;11(1):229-238. Doi: 10.1021/acsomega.5c08472.
- 13- Manzulli V, Rondinone V, Buchicchio A, et al. Discrimination of *Bacillus cereus* group members by MALDI-TOF mass spectrometry. Microorganisms. 2021;9(6):1202. Doi: 10.3390/microorganisms9061202.
- 14- Leong SS, Korel F, King JH. *Bacillus cereus*: A review of "fried rice syndrome" causative agents. Microbial Pathogenesis. 2023;185:106418. Doi: 10.1016/j.micpath.2023.106418.
- 15- Santé publique France (SPF). Surveillance des toxi-infections alimentaires collectives (Tiac), données de la déclaration obligatoire, 2023. Saint-Maurice: SPF; 2026. 11 p.
- 16- Glasset B, Sperry M, Dervyn R, et al. The cytotoxic potential of *Bacillus cereus* strains of various origins. Food Microbiol. 2021;98:103759. Doi: 10.1016/j.fm.2021.103759.
- 17- Kobayashi A, Higashi H, Shimada T, et al. Baseline and seasonal trends of *Bacillus cereus* and *Bacillus subtilis* from clinical samples in Japan. Infect Prev Pract. 2023;5(2):100272. Doi: 10.1016/j.infpip.2023.100272.
- 18- Kato K, Matsumura Y, Yamamoto M, et al. Seasonal trend and clinical presentation of *Bacillus cereus* bloodstream infection: association with summer and indwelling catheter. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 2014;33(8):1371-1379. Doi: 10.1007/s10096-014-2083-1.
- 19- Chevalier A, Ben Khedher M, Tran A, et al. Genomic determinants of *Bacillus cereus* and outcomes of infection in preterm neonates: a multicentre retrospective study. Clin Microbiol Infect. 2026;32(7):1117-24. Doi: 10.1016/j.cmi.2026.01.023.
- 20- Zhang P, Yao H, Ji L, et al. Epidemiological and genomic characterization of a rare foodborne outbreak caused by *Bacillus paranthracis* in Huzhou, China, 2024. Int J Food Microbiol. 2025;439:111265. Doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2025.111265.
- 21- Maalouf E, Tosello B, Schipani S, et al. Environmental investigation of 10 cases of nosocomial *Bacillus cereus* bacteraemia between 2018 and 2023. Antimicrob Resist Infect Control. 2025;14(1):62. Doi: 10.1186/s13756-025-01586-7.
- 22- Manin A, Souche A, Martins Simões P, et al. Two years *Bacillus cereus* outbreaks: investigations and effective management of contamination in a neonatal intensive care unit. Antimicrob Resist Infect Control. 2026;15(1):65. Doi: 10.1186/s13756-026-01730-x.
- 23- Nagy DJ, Dziewulski DM, Codru N, et al. Understanding the distribution of positive *Legionella* samples in healthcare-premise water systems: using statistical analysis to determine a distribution for *Legionella* and to support sample size recommendations. Infect Control Hosp Epidemiol. 2021;42(1):63-68. Doi: 10.1017/ice.2020.384.
- 24- Stout JE, Muder RR, Mietzner S, et al. Role of environmental surveillance in determining the risk of hospital-acquired legionellosis: a national surveillance study with clinical correlations. Infect Control Hosp Epidemiol. 2007;28(7):818-824. Doi: 10.1086/518754.

Citation : Cassier P, Horikian A. *Bacillus cereus* : spores à haut risque. Hygiènes. 2026;34(4):304-310.

Historique : Reçu 24 août 2026 – Accepté 28 août 2026 – Publié 22 septembre 2026

Financement : les auteurs déclarent ne pas avoir reçu de financement.

Liens d'intérêt : les auteurs déclarent ne pas avoir de lien d'intérêt.