

# Caractérisation phénotypique et moléculaire d'isolats urinaires de Pseudomonas aeruginosa

A Cottalorda, S Dahyot, J Lebeurre, A Soares, M Réveillon, F Croustillères, E Jumas-Bilak, M. Pestel-Caron

▶ **To cite this version:**

A Cottalorda, S Dahyot, J Lebeurre, A Soares, M Réveillon, et al.. Caractérisation phénotypique et moléculaire d'isolats urinaires de Pseudomonas aeruginosa. RICAI 2017, Dec 2017, Paris, France. hal-02269321

**HAL Id: hal-02269321**

**https://normandie-univ.hal.science/hal-02269321**

Submitted on 22 Aug 2019

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

P-099

# Caractérisation phénotypique et moléculaire d'isolats urinaires de *Pseudomonas aeruginosa*

Cottalorda A[1], Dahyot S[1,2], Lebeurre J[1], Soares A[1,2], Réveillon M[2], Croustillères F[2], Jumas-Bilak E[3], Pestel-Caron M[1,2]

[1] GRAM EA2656, Normandie Univ, UNIROUEN, Rouen ; [2] Laboratoire de Bactériologie, CHU de Rouen; [3] Laboratoire d'Hygiène Hospitalière, CHU de Montpellier - Equipe « Pathogènes Hydriques Santé Environnement », UMR 5569 Hydrosciences, Université de Montpellier

## Introduction

*Pseudomonas aeruginosa* est un pathogène opportuniste responsable d'infections urinaires (IU) souvent associées aux soins. Beaucoup d'études décrivent la diversité des souches infectant l'arbre respiratoire des patients mucoviscidosiques mais peu concernent les souches urinaires. Dans ce contexte, notre étude vise à décrire la diversité phénotypique et moléculaire de souches responsables de colonisation (C) ou d'IU et à étudier la diversité entre les isolats d'un même prélèvement.

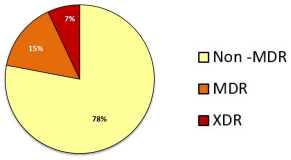
## Matériels et Méthodes

Ce travail a été réalisé sur 2 à 5 colonies (appelées isolats) de *P. aeruginosa* isolées en culture pure à partir d'Examen Cyto-Bactériologique des Urines (ECBU) adressés au Centre Hospitalo-Universitaire de Rouen. Une étude de la sensibilité aux antibiotiques par méthode des disques selon les recommandations du CA-SFM 2017 et un typage par *MultiLocus Sequence Typing* (MLST) ont été entrepris pour 102 isolats collectés lors de 33 ECBU chez 27 patients (17 épisodes d'IU et 16 de C).

## Résultats

### Etude de la sensibilité aux antibiotiques

78% des isolats étaient Non-*MultiDrug Resistant* (MDR) (résistants à moins de 3 familles d'antibiotiques), 15% étaient **MDR** (résistants à au moins 3 familles d'antibiotiques) et 7% *Extensively Drug Resistant* (**XDR**) (résistants à au moins 6 familles d'antibiotiques). Les phénotypes de résistance des isolats issus d'un même ECBU différaient chez 5 patients.



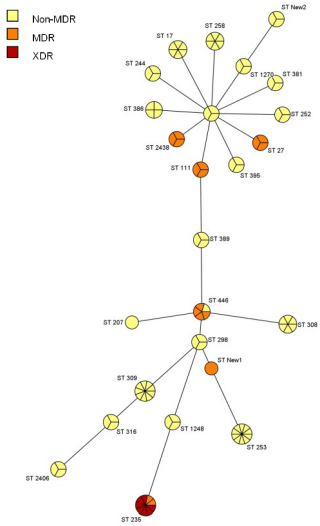

***Profil de sensibilité aux antibiotiques des 102 isolats urinaires de P. aeruginosa***

| Mécanismes de résistance (R) | | | R isolée aux FQ | Altération de la porine OprD | | | Efflux MexAB-OprM surexprimé | Oxacillinase | | Céphalosporinase de haut niveau | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Familles d'antibiotiques | Antibiotiques | Phénotype sauvage | P1 | P2 | P3 | P4 | P5 | P6 | P7 | P8 | P9 | P10 | P11 | P12 |
| Pénicillines | Ticarcilline (TIC) | S | S | S | S | S | R | R | R | S | S | R | R | R |
| | Ticarcilline - Acide clavulanique (TCC) | S | S | S | S | S | R | R | R | S/R | R | R | R | R |
| | Pipéracilline (PIL) | S | S | S | S | S | S | R | R | R | R | R | R | R |
| | Pipéracilline - Tazobactam (PTZ) | S | S | S | S | S | S | R | R | R | R | R | R | R |
| Céphalosporines | Ceftazidime (CZD) | S | S | S | S | S | S | S | S | S/R | S | R | R | R |
| | Cefépime (FEP) | S | S | S | S | S | S | R | R | S | S | R | R | R |
| Monobactame | Aztréonam (ATM) | S/I | S | S | S | S/R | I/R | I/R | S/I | I/R | R | R | R | R |
| Carbapénèmes | Imipénème (IMP) | S | S | R | R | R | S | R | I | S | R | S | R | R |
| | Méropénème (MEM) | S | S | I/R | R | R | S | R | S | S | R | I | R | R |
| Aminosides | Gentamicine (GMN) | S | S/R | S | S | R | S | R | R | S | S | R | R | R |
| | Tobramycine (TMN) | S | S | S | S | S | S | R | R | S | S | R | R | R |
| | Amikacine (AKN) | S | S | S | S | S | S | R | R | S | S | R | S | R |
| Fluoroquinolones (FQ) | Lévofloxacine (LVX) | S | R | S | R | R | R | R | R | S | R | R | R | R |
| | Ciprofloxacine (CIP) | S | R | S | R | R | S/R | R | R | S | R | R | R | R |
| | n (isolats) | 60 | 7 | 5 | 7 | 4 | 3 | 2 | 3 | 3 | 1 | 2 | 1 | 4 |
| | n (patients) | 20 | 2 | 2 | 2 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| | Profils de résistance | Non-MDR | Non-MDR | Non-MDR | Non-MDR | MDR | MDR | XDR | MDR | MDR | MDR | MDR | XDR | XDR |

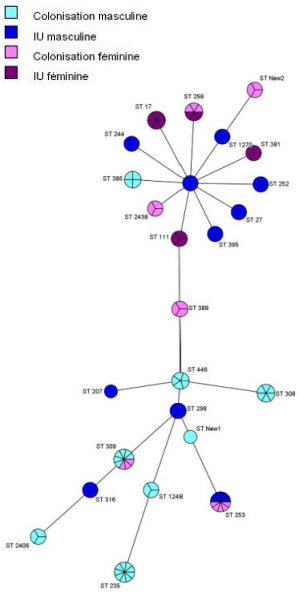
***Phénotypes de sensibilité aux antibiotiques des 102 isolats de P. aeruginosa, collectés chez 27 patients***
***S : isolat sensible à l'antibiotique testé ; I : sensibilité intermédiaire ; R : isolat résistant à l'antibiotique***

### Génotypage par MLST

Parallèlement, le typage par MLST a identifié 24 *Sequence Types* (ST) dont 3 retrouvés chez plusieurs patients (ST253, ST235 et ST309). Seulement 2 des 27 patients possédaient des isolats de STs différents au sein d'un même ECBU. Comme décrit dans la littérature [1], les ST235 et ST111 clones épidémiques à haut risque, étaient associés à des contextes d'antibiorésistance (**MDR**, **XDR**). De plus, les isolats **MDR**/ **XDR** semblaient être majoritairement groupés dans certains STs (dont les ST235 et ST111) alors que la diversité génétique des isolats Non-MDR semble plus importante. Par ailleurs, aucun ST n'a été montré spécifiquement associé à un contexte de C ou d'IU, féminine ou masculine, à *P. aeruginosa*.

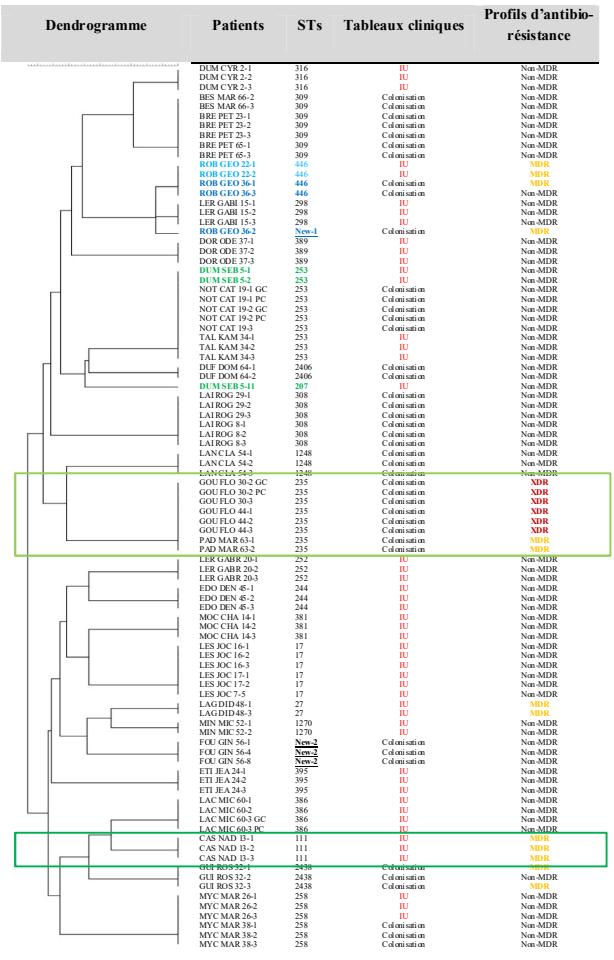



***Arbre phylogénétique par Minimum Spanning Tree des STs en fonction des profils de résistance aux antibiotiques***




***Arbre phylogénétique Minimum Spanning Tree des STs en fonction des contextes cliniques***

*Sur ces arbres, chaque cercle représente un ST et sa taille est proportionnelle au nombre d'isolats.*




***Dendrogramme réalisé par UPGMA à partir des profils alléliques de MLST des isolats, corrélés aux données cliniques et phénotypiques***

## Conclusion

Cette étude montre une diversité génotypique importante des isolats urinaires de *P. aeruginosa.* En effet, aucun clone épidémique spécifiquement adapté à l'arbre urinaire n'a été mis en évidence. Les C et IU semblent majoritairement monoclonales alors que la diversité inter-isolats en termes de sensibilité aux antibiotiques est plus importante. Ces résultats devront être confirmés par un nombre supérieur de patients et d'isolats par ECBU.

[1] Mulet X, Cabot G, Ocampo-Sosa AA, et al. Biological Markers of Pseudomonas aeruginosa Epidemic High-Risk Clones. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*. 2013;57(11):5527-5535. doi:10.1128/AAC.01481-13.