



HAL
open science

Épidémiologie génomique des *E. coli* multi-résistantes aux antibiotiques au CHU de Caen

François Gravey, L Fabre, C. Isnard, M Fines-Guyon, Fabien Guérin, O.
Join-Lambert, A Mouet, S. Le Hello

► **To cite this version:**

François Gravey, L Fabre, C. Isnard, M Fines-Guyon, Fabien Guérin, et al.. Épidémiologie génomique des *E. coli* multi-résistantes aux antibiotiques au CHU de Caen. 38ème Réunion Interdisciplinaire de Chimiothérapie Anti-Infectieuse, Dec 2018, Paris, France. 2018. hal-02407004

HAL Id: hal-02407004

<https://normandie-univ.hal.science/hal-02407004>

Submitted on 12 Dec 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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial 4.0 International License

Épidémiologie génomique des *E. coli* multi-résistantes aux antibiotiques au CHU de Caen

F. Gravey^{1,2,3,4}, L. Fabre², C. Isnard^{3,4}, M. Fines-Guyon³, F. Guerin³, O. Join-Lambert^{3,4}, A. Mouet⁵, S. Le Hello^{2,3,4,5}

1 Université Paris Diderot, Paris, France
2 Institut Pasteur, Unité Bactéries Pathogènes Entériques, Paris, France
3 CHU de Caen, Laboratoire de bactériologie, Caen, France
4 Groupe de Recherche sur l'Adaptation Microbienne (GRAM 2.0) Normandie Université, UNICAEN, UNIROUEN, GRAM 2.0, 14000 Caen, France
5 CHU de Caen, Laboratoire d'Hygiène Hospitalière, Caen, France
Correspondant : lehello-s@chu-caen.fr

Introduction

Les entérobactéries sécrétrices de bêta-lactamase à spectre étendu (BLSE) sont responsables d'une augmentation de la morbi-mortalité infectieuse. Cette étude s'est intéressée à la diversité génomique des souches d'*E. coli* sécrétrices de BLSE au CHU de Caen sur une période de 5 ans.

Méthode

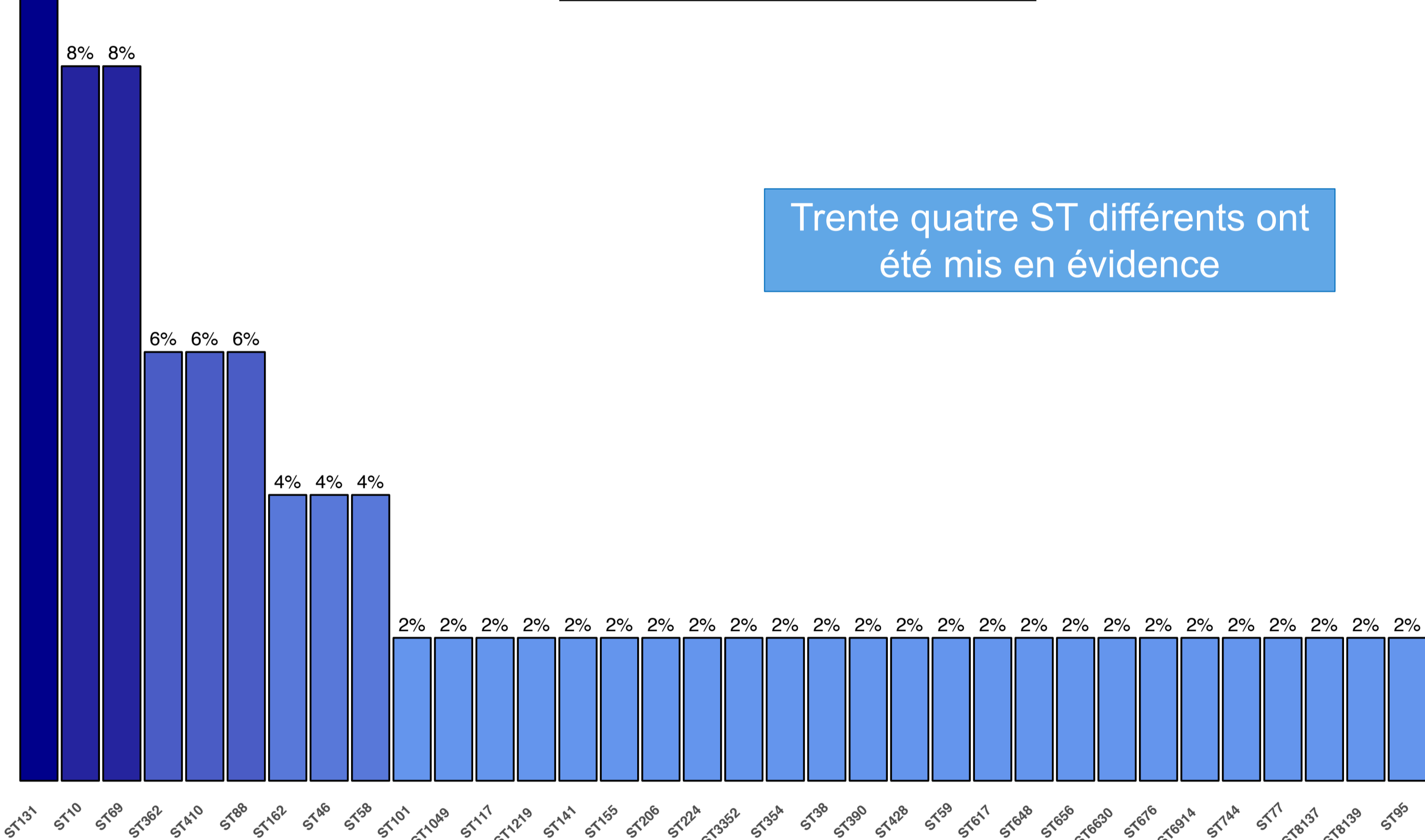
Cinquante-trois souches représentant la première identification d'une BLSE chez des patients uniques, isolées entre 2012 et 2016, à partir d'écouvillonnages rectaux ont été séquencées en génome entier (Illumina, Nextseq500, Plateforme P2M, Institut Pasteur). Les caractéristiques microbiologiques suivantes, Multi-Locus Sequence-Type (ST), sérotype moléculaire, gènes de résistance et de virulence ont été déterminés *in silico* sur séquences assemblées⁽¹⁻³⁾.

Les bactéries isolées après 48 heures d'hospitalisation étaient considérées comme une colonisation d'origine nosocomiale.

Résultats

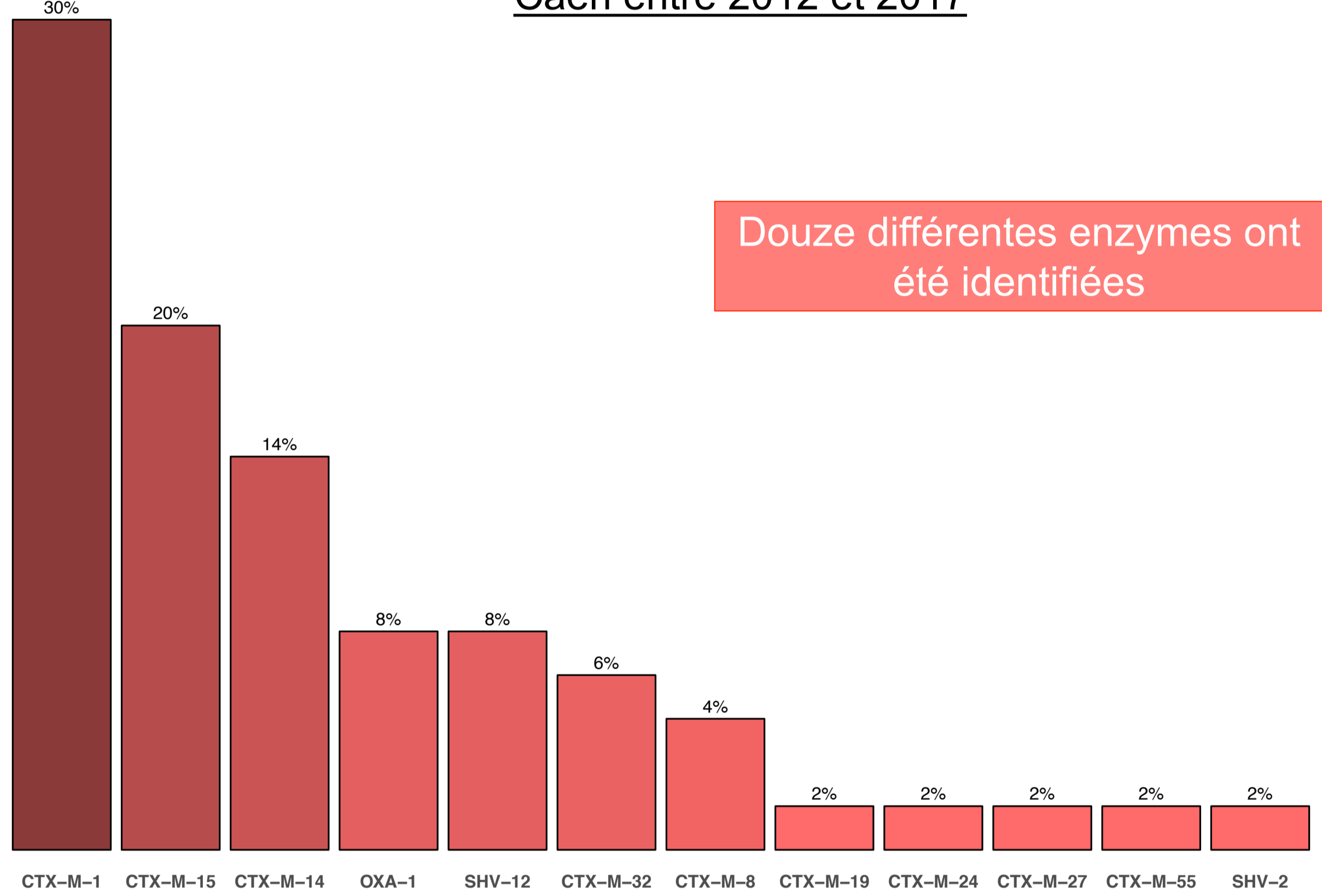
Les prélèvements provenaient de 16 différents services, majoritairement les services de médecine, de chirurgie puis de réanimation (40%, 31%, 29% respectivement). Le sex ratio H/F était de 0,9. L'âge moyen des patients était de 64 ans ; 55% avaient été hospitalisés dans les 3 mois précédents ; 51% avaient reçu une antibiothérapie au cours de leur hospitalisation et 14% avaient voyagé hors de France. Pour 27 patients (49%), la souche d'*E. coli* BLSE a été identifiée avant 48h d'hospitalisation

Proportion des ST isolés parmi les souches BLSE d'*E. coli* provenant du CHU de Caen entre 2012 et 2017



Trente quatre ST différents ont été mis en évidence

Proportion des BLSE isolées parmi les souches d'*E. coli* provenant du CHU de Caen entre 2012 et 2017



Douze différentes enzymes ont été identifiées

Répartition des BLSE en fonction du caractère communautaire ou nosocomial selon l'acquisition en avant/après 48h

	Communautaire	Nosocomial	chi ² value	p-value
CTX-M-1	7	12	1,1	0,4
CTX-M-14	7	2	4,2	0,06
CTX-M-15	3	9	2,8	0,13
CTX-M-24	1	0	1,2	0,46
CTX-M-32	3	0	3,7	0,11
CTX-M-55	1	0	1,2	0,46
CTX-M-8	1	2	0,2	1
SHV-12	2	3	0,1	1
SHV-2	1	0	1,2	0,46
CTX-M-19	0	1	0,9	1
CTX-M-27	0	1	0,9	1

CTX-M-14 était fréquemment isolée avant les 48h d'hospitalisation, tandis que l'enzyme « nosocomiale » était volontiers CTX-M-15 : délai moyen d'acquisition 19 jours, min/max : 0/66 jours

Répartition des BLSE en fonction du type de service d'hospitalisation

	Medecine	Chirurgie	Reanimation	chi ² value	p value
CTX-M-1	8	6	2	3,4	0,2
CTX-M-15	6	3	2	1,9	0,44
CTX-M-19	1	0	0	1,7	1
CTX-M-32	1	2	0	2	0,51
CTX-M-8	3	0	0	5,4	0,09
CTX-M-14	0	3	5	7,1	0,02
CTX-M-24	0	1	0	2	0,64
SHV-12	0	1	4	7,2	0,02
SHV-2	0	1	0	2	0,64
CTX-M-27	0	0	1	2,4	0,29
CTX-M-55	0	0	1	2,4	0,3

Les enzymes CTX-M14 et SHV-12 étaient significativement plus fréquemment retrouvées au sein des services de réanimation

Conclusion

Cette étude d'épidémiologie génomique a permis de révéler une grande diversité de population des souches d'*E. coli* sécrétrices de BLSE au CHU de Caen depuis 2012. De plus, 50% des cas le portage de ces bactéries était probablement d'origine communautaire (détection dans les 48h après l'admission). D'autres souches hospitalières, communautaires et vétérinaires sont en cours de séquençage afin d'augmenter la puissance de l'étude sur leurs attributions et leurs circulations en Normandie qui semblent assez étendues.

References

- Wirth T, Falush D, Lan R, Colles F, Mensa P, Wieler LH, et al. Sex and virulence in *Escherichia coli*: an evolutionary perspective. Mol Microbiol. juin 2006.
- Center for Genomic Epidemiology Available on : <http://www.genomic Epidemiology.org/>
- Ghosh H, Bunk B, Dojjad S, Schmiedel J, Falgenhauer L, Spröber C, et al. Complete Genome Sequence of bla CTX-M-27 -Encoding *Escherichia coli* Strain H105 of Sequence Type 131 Lineage C1/H30R. Genome Announc. 3 août 2017;5(31):e00736-17