



**HAL**  
open science

## Où se place Caen dans le monde de l'E. coli ST131 ?

François Gravey, L Fabre, C. Isnard, M Fines-Guyon, O. Join-Lambert, A  
Mouet, C Lesteven, F-X Weill, S Le Hello

### ► To cite this version:

François Gravey, L Fabre, C. Isnard, M Fines-Guyon, O. Join-Lambert, et al.. Où se place Caen dans le monde de l'E. coli ST131 ?. 38ème Réunion Interdisciplinaire de Chimiothérapie Anti-Infectieuse, Dec 2018, Paris, France. 2018. hal-02407019

**HAL Id: hal-02407019**

**<https://hal-normandie-univ.archives-ouvertes.fr/hal-02407019>**

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

# Où se place Caen dans le monde de l'*E. coli* ST131 ?

F. Gravey<sup>1,2,3,4</sup>, L. Fabre<sup>2</sup>, C. Isnard<sup>3,4</sup>, M. Fines-Guyon<sup>3</sup>, O. Join-Lambert<sup>3,4</sup>, A. Mouet<sup>5</sup>, C. Lesteven<sup>5</sup>, F-X Weill<sup>2</sup>, S. Le Hello<sup>2,3,4,5</sup>

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@chu-caen.fr

## Introduction

*Escherichia coli* représente 62% des entérobactéries sécrétrices de bêta-lactamase à spectre étendu (BLSE) en France. Une surveillance génomique a été initiée sur les *E. coli* sécrétrices de BLSE au CHU de Caen depuis 2012. Au cours de cette étude, deux épidémies d'*E. coli* sécrétrices de BLSE au sein de services de réanimation néonatale ont été particulièrement investiguées.

## Méthode

Entre Juin et Aout 2017, 28 souches d'*E. coli* sécrétrices de BLSE isolées dans les services de réanimations néonatales des hôpitaux de Cherbourg et de Caen ont été collectées. Au total 94 souches ont été séquencées dans le cadre de la surveillance. Les caractéristiques microbiologiques : Multi-Locus Sequence-Type (ST), sérotype moléculaire, gènes de résistance, de virulence et plasmides ont été déterminés *in silico* sur séquences assemblées<sup>(1-2)</sup>. Une phylogénie basée sur la recherche de *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) a été réalisée par mapping sur un génome de référence<sup>(3)</sup> puis par comparaison à l'ensemble des 3765 génomes d'*E. coli* ST131 disponibles dans les bases de données.

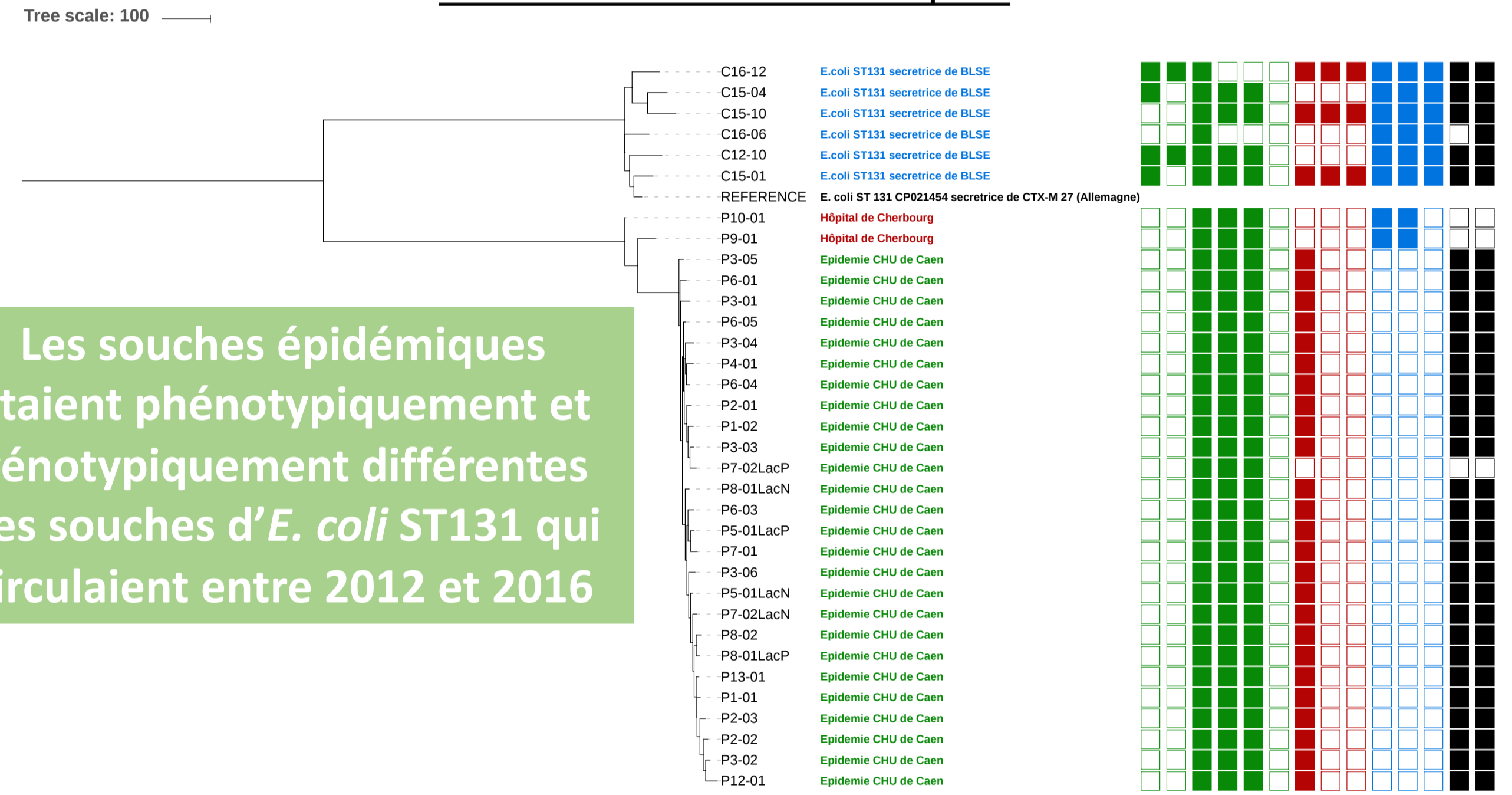
## Résultats

Douze patients âgés d'un à cinq mois ont été colonisés ou infectés par une souche d'*E. coli* sécrétrice de BLSE entre Juin et Aout 2017. Les bactéries ont été isolées à partir de selles (n=22), yeux (n=3), hémocultures (n=2) et tractus respiratoire (n=1).

Nom d'étude	Sexe	Age	Origine	ST	O:H	Beta-lactamase
P1-01	M	51	Ceill	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P1-02	M	68	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P2-01	M	57	Ceill	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P2-02	M	62	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P2-03	M	82	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P3-01	M	19	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P3-02	M	20	Hémocultures	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P3-03	M	23	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P3-04	M	37	Hémocultures	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P3-05	M	49	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P3-06	M	50	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P4-01	M	14	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P5-01LacN	M	6	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P5-01LacP	M	6	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P6-01	F	24	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P6-03	F	40	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P6-04	F	40	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P6-05	F	62	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P7-01	M	40	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P7-02LacN	M	48	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P7-02LacP	M	48	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P8-01LacN	M	21	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P8-01LacP	M	21	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P8-02	M	22	Ceill	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P9-01	M	70	Aspi bronchique	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P10-01	F	20	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P12-01	M	26	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27
P13-01	M	17	Selles	ST131	O16:H5	CTX-M-27

L'ensemble des souches isolées au CHU de Caen et à l'hôpital de Cherbourg appartenait au séquence type ST131 et au sérotype O16:H5. Toutes étaient productrices de la BLSE CTX-M-27.

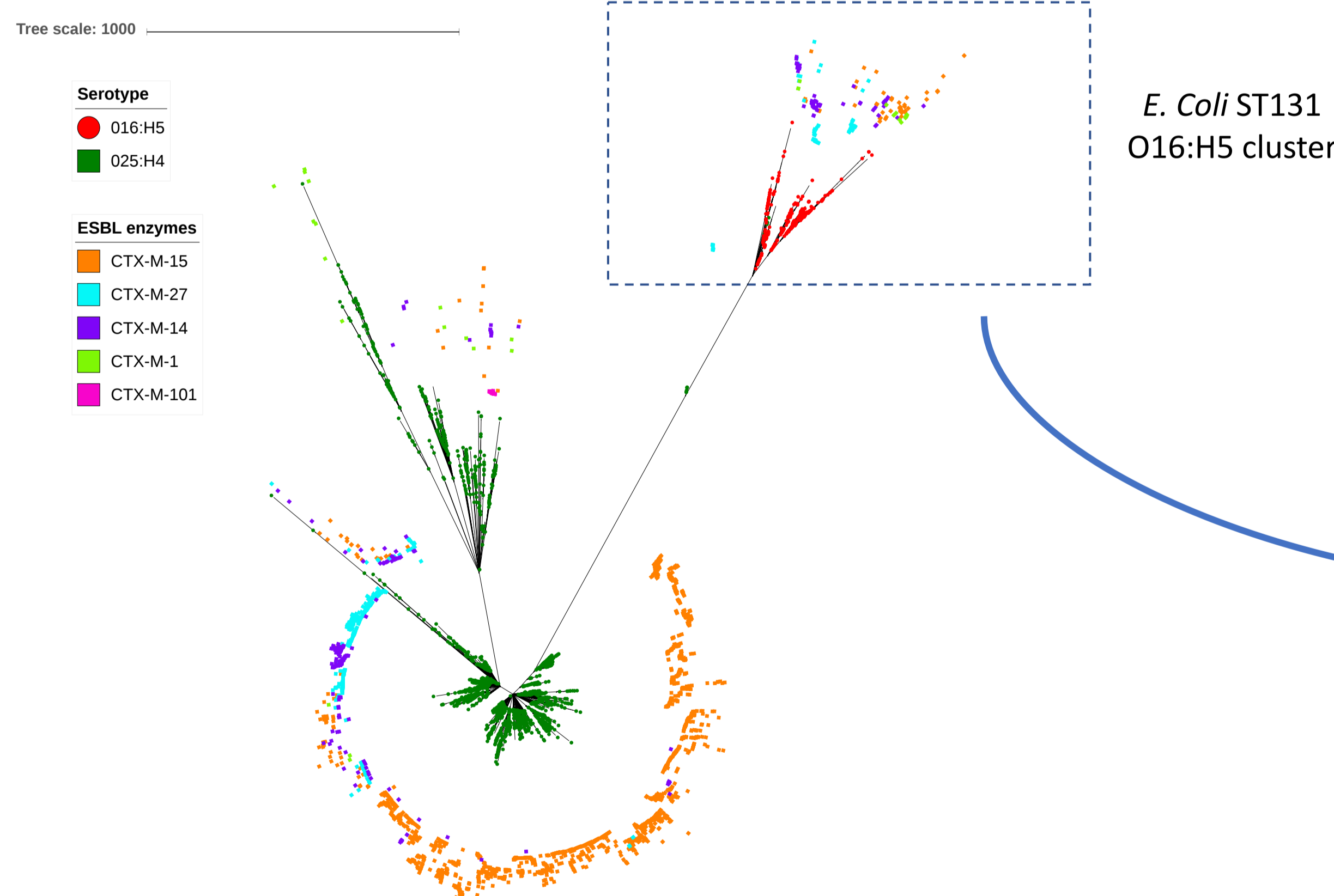
## Phylogénie des souches d'*E. coli* ST131 isolées en Normandie et profils de résistance aux antibiotiques



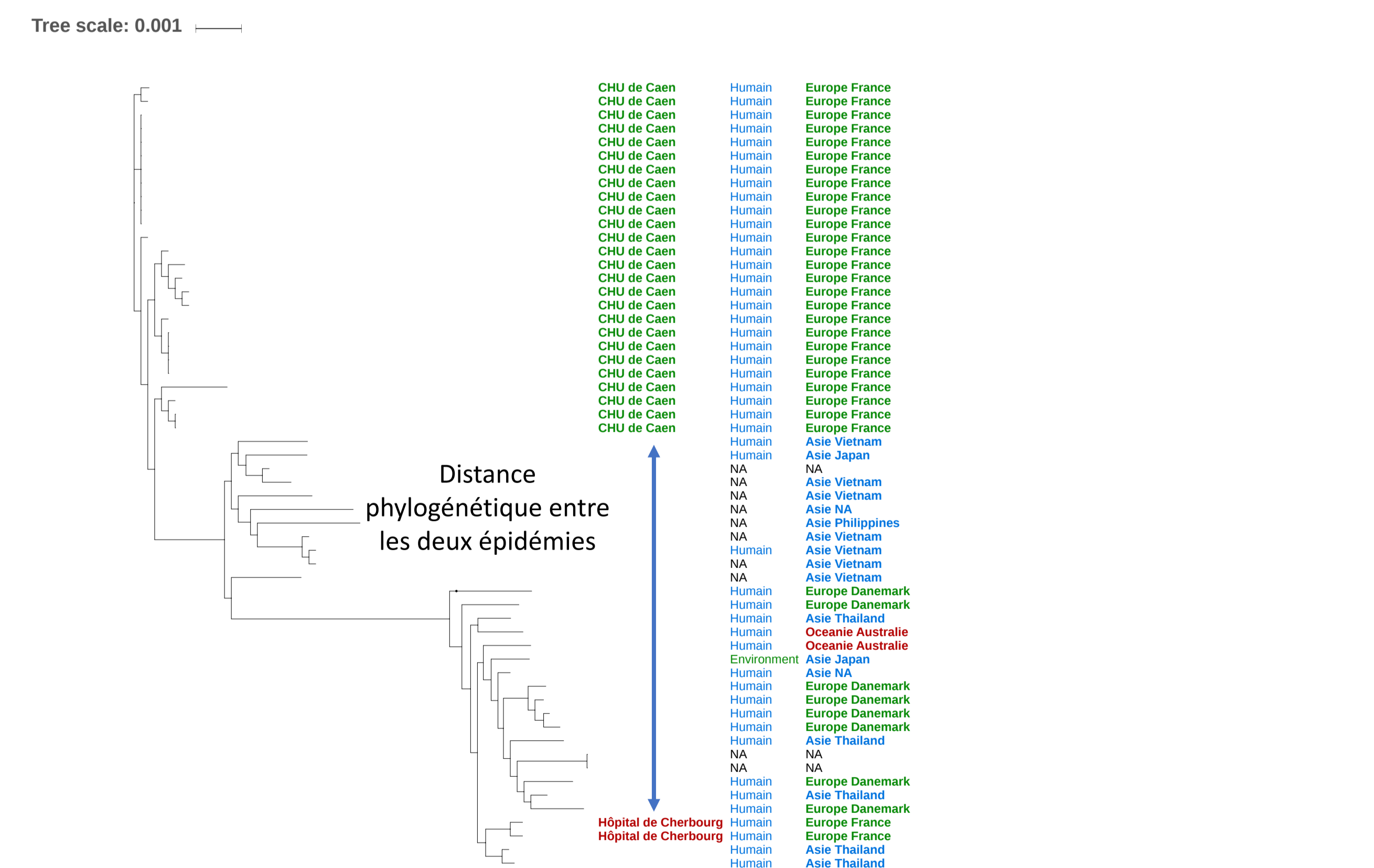
Les souches épidémiques étaient phénotypiquement et génotypiquement différentes des souches d'*E. coli* ST131 qui circulaient entre 2012 et 2016

Arbre de maximum de vraisemblance réalisé à partir de 33 souches isolées au CHU de Caen (n=31) et à l'hôpital de Cherbourg (n=2). Tous les fichiers fastq ont été alignés en utilisant bowtie2 contre la souche de référence *E. coli* ST 131 CTX-M 27 CP021454 isolée en Allemagne. Les souches dont marquées en bleu circulaient au CHU de Caen entre 2012 et 2016. Abréviations T2P: Piperacilline + Tazobactam, FOX: Cefoxitine, CTX: Cefotaxime, CAZ: Ceftazidime, FEP: Impenem, STE: Streptomycine, SPE: Spectinomycine, KAN: Kanamycine, NAL: Acide nalidixique, CIP: Ciprofloxacine, SXT: Sulfaméthoxazole + triméthoprime, AZT: Azithromycine. Les cases pleines indiquent la résistance aux antibiotiques tandis que les vides, indiquent la sensibilité.

## Phylogénie internationale des souches d'*E. coli* ST131



Cg MLST réalisé à partir de 3765 génomes d'*E. coli* ST131, génomes disponibles dans la base de données Enterobase<sup>(4)</sup>.



Arbre de maximum de vraisemblance réalisé via snpnp incluant les 28 souches épidémiques et les 30 souches d'*E. coli* ST131 les plus proches retrouvées dans la base de données Enterobase.

*E. coli* ST131 est principalement composée de deux serotypes : O24:H5 et O16:H5

Les deux épidémies ne sont pas liées

## Conclusion

La bêta-lactamase CTX-M-27 dissémine rapidement au sein d'hôpitaux Français via un clade émergent d'*E. coli* ST131 O16:H5 *Fim* 41 différent des clades précédemment décrits<sup>(6-7)</sup>. Des études phénotypiques doivent être menées afin de comprendre le succès de ce clone.

## 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.genomicepidemiology.org/>
- Ghosh H, Bunk B, Doijad 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
- Enterobase Available on : <http://enterobase.warwick.ac.uk>
- Matsumura Y, Pitout JDD, Gomi R, Matsuda T, Noguchi T, Yamamoto M, et al. Global *Escherichia coli* Sequence Type 131 Clade with bla CTX-M-27 Gene. *Emerg Infect Dis*. nov 2016.
- Matsumura Y, Johnson JR, Yamamoto M, Nagao M, Tanaka M, Takakura S, et al. CTX-M-27- and CTX-M-14-producing, ciprofloxacin-resistant *Escherichia coli* of the H30 subclonal group within ST131 drive a Japanese regional ESBL epidemic. *J Antimicrob Chemother*, fev 2015.