



HAL
open science

Épidémiologie des souches d'entérobactéries productrices de BLSE isolées dans 18 hôpitaux français en 2012

F. Robin, Nejla Aissa, L. Bret, N. Brieu, Vincent Cattoir, A. Chapuis, Philippe Lanotte, J.M. Scheftel, R. Bonnet

► To cite this version:

F. Robin, Nejla Aissa, L. Bret, N. Brieu, Vincent Cattoir, et al.. Épidémiologie des souches d'entérobactéries productrices de BLSE isolées dans 18 hôpitaux français en 2012. 33. Réunion Interdisciplinaire de Chimiothérapie Anti-Infectieuse (RICAI 2013), Nov 2013, Paris, France. , 2013. hal-02748847

HAL Id: hal-02748847

<https://hal.inrae.fr/hal-02748847>

Submitted on 3 Jun 2020

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.

Épidémiologie des souches d'entérobactéries productrices de BLSE isolées dans 18 hôpitaux français en 2012.

F. Robin⁹⁻⁷⁻⁸, N. Aissa¹⁴, L. Bret¹⁶, N. Brieu¹, V. Cattoir⁵, A. Chapuis¹⁰, H. Chardon¹, N. Degand¹⁵, F. Doucet-Populaire⁶, V. Dubois⁴, N. Fortineau¹², P. Lanotte²⁰, D. Leyssene², I. Patry³, M.C. Ploy¹³, I. Podglajen¹⁷, C. Recule¹¹, A. Ros¹⁸, J.M. Scheffel¹⁹, R. Bonnet⁹⁻⁷⁻⁸

¹Laboratoire de bactériologie, CH Pays d'Aix, Aix En Provence ²Laboratoire de bactériologie, CH Bayonne, Bayonne ³Laboratoire de bactériologie, CHU Besançon, Besançon ⁴Laboratoire de bactériologie, CHU Bordeaux, Bordeaux ⁵Laboratoire de bactériologie, CHU Caen, Caen ⁶Laboratoire de bactériologie, AP-HP hôpital Antoine Bécère, Clamart ⁷Laboratoire de bactériologie, CHU Clermont-Ferrand ⁸M2ISH, INSERM1071, usc INRA 2018, Clermont université, université d'Auvergne ⁹Laboratoire associé BLSE/Céphalosporinase, CNR Résistance aux antibiotiques, Clermont-Ferrand ¹⁰Laboratoire de bactériologie, CHU Dijon, Dijon ¹¹Laboratoire de bactériologie, CHU Grenoble, Grenoble ¹²Laboratoire de bactériologie, AP-HP hôpital Bicêtre, Le Kremlin-Bicêtre ¹³Laboratoire de bactériologie, CHU Limoges, Limoges ¹⁴Laboratoire de bactériologie, CHU Nancy, Nancy ¹⁵Laboratoire de bactériologie, CHU Nice, Nice ¹⁶Laboratoire de bactériologie, CH Orléans, Orléans ¹⁷Laboratoire de bactériologie, AP-HP hôpital Européen Georges Pompidou, Paris ¹⁸Laboratoire de bactériologie, CHU Saint-Etienne, Saint-Etienne ¹⁹Laboratoire de bactériologie, CHU Strasbourg, Strasbourg ²⁰Laboratoire de bactériologie, CHU Tours, Tours, France

Introduction

La diffusion très large des BLSE chez les Entérobactéries dans le milieu hospitalier et la communauté, notamment celle des CTX-M, est actuellement particulièrement préoccupante. Cette diffusion est généralement associée à la diffusion d'autres gènes de résistance plasmidiques, en particulier aux aminosides (*aac(6')*-Ib, *aac(3)*-II, méthylases) et aux fluoroquinolones (*qnr*, *qepA*, *oqx*, *aac(6')*-Ibcr). Nous disposons actuellement de peu de données épidémiologiques françaises sur ces résistances et leur association avec les BLSE.

Objectifs

L'objectif de cette étude était de collecter 200 souches d'Entérobactéries productrices de BLSE isolées de prélèvements à visée diagnostique dans 18 CH ou CHU répartis sur l'ensemble du territoire afin de caractériser les BLSE et les principaux mécanismes de résistance plasmidiques aux aminosides et aux fluoroquinolones diffusant actuellement en France.

Méthodes

200 souches d'Entérobactéries productrices de BLSE isolées de prélèvements à visée diagnostique ont été collectées au sein d'un réseau de 18 laboratoires de CH et CHU répartis sur l'ensemble du territoire.

Les données démographiques concernant les patients ont été collectées et analysées,

Les BLSE produites ont été identifiées par isoélectrofocalisation, PCR et séquençage.

Les gènes codant les *aac(6')*-Ib, *aac(3)*-II, les méthylases *amrA*, *rmtB* et *rmtC* ont été recherchés par PCR.

Les gènes *qnr* (A, B, C, D et S), *aac(6')*-Ibcr, *qepA* et *oqx* ont été recherchés par PCR et séquençage

Résultats

La majorité des souches ont été isolées de prélèvements urinaires (66 %) et d'hémocultures (10 %). Le sex-ratio (M/F) des patients était de 0,82. La médiane des âges était de 65 ans, la moyenne de 62,8 ans. Ces souches ont été principalement isolées dans des services de médecine (39,5 %) et de chirurgie (20,5 %) et plus rarement aux urgences (15,5 %), dans les services de soins de suite (10,5 %) et les réanimations (11 %) et exceptionnellement dans les services de pédiatrie (3 %).

La répartition des espèces et des BLSE produites sont présentées dans les figures 1 à 4.

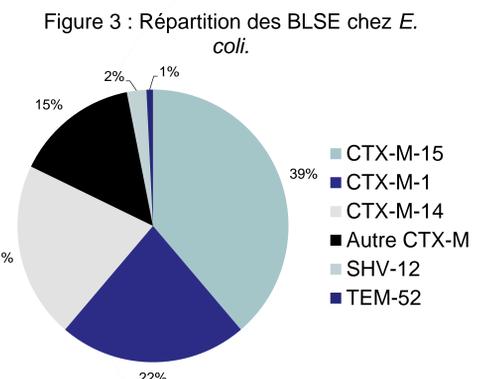
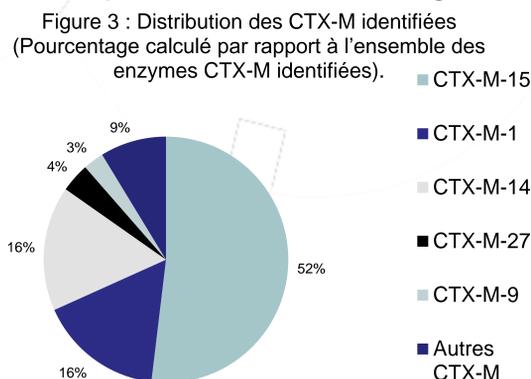
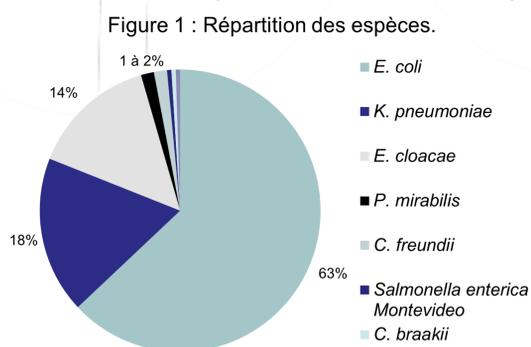


Figure 4 : Répartition des BLSE chez *K. pneumoniae*.

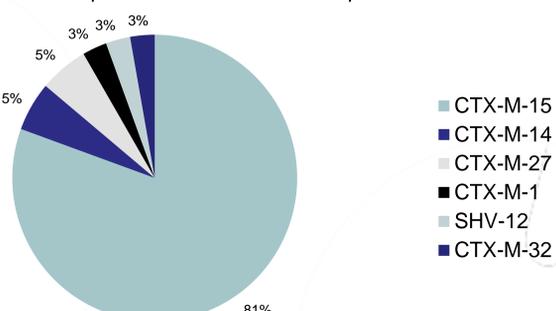
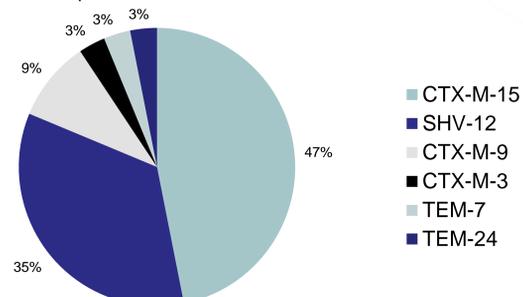


Figure 4 : Répartition des BLSE chez *E. cloacae*.



Aucune méthylase n'a été détectée dans ces souches. Les enzymes AAC(6')-Ib et AAC(3)-II étaient retrouvées chez 45 et 37,5% des souches respectivement.

Concernant la résistance plasmidique aux quinolones, le gène codant l' AAC(6')-Ibcr étaient très fréquent (38,5%), tout comme les gènes de type *qnrB* (19,5%). Les gènes codant les *qnrA* et S et la pompe *qepA* étaient plus rares (3,5%, 5,5% et 0,5%).

Conclusions

Cette étude confirme la large diffusion des BLSE CTX-M chez toutes les espèces d'Entérobactéries, l'implantation de CTX-M-15 chez *K. pneumoniae* et *E. cloacae*, ainsi que l'association avec les gènes codant l' AAC(6')-Ibcr et les protéines *qnr*.