

## Réanimation : Microbiologie

ID: 144

### Epidémiologie moléculaire des souches cliniques de *Pseudomonasaeruginosa* isolées en réanimation en France en 2022.

M. Pisani\*(1), E.Gauthier(2), M.Bour(3), G.Besch(4), K.Jeannot(3)

(1) anesthésie-réanimation, CHU Jean Minjoz, Besançon, France , (2) Laboratoire associé au Centre National de la Résistance aux antibiotiques, CHU Jean MINJOZ, Besançon, France , (3) Laboratoire associé au Centre National de Référence de la Résistance aux antibiotiques, CHU Jean MINJOZ, Besançon, France , (4) Anesthésie-réanimation, CHU Jean MINJOZ, Besançon, France

*\*Auteur présenté comme orateur*

#### Position du problème et objectif(s) de l'étude:

*Pseudomonas aeruginosa* est un pathogène opportuniste bien connu des services de réanimation. Cependant peu de travaux ont fait l'état de la sensibilité aux antibiotiques et de l'épidémiologie moléculaire des isolats cliniques de *P. aeruginosa* présents dans les réanimations françaises après la pandémie de COVID-19. Ainsi, cette étude multicentrique avait pour objectif de faire un point épidémiologique de la sensibilité de ces isolats aux antibiotiques et de décrire leur épidémiologie moléculaire.

#### Matériel et méthodes:

Tous les isolats provenaient de prélèvements cliniques effectués chez des patients hospitalisés en réanimation en France en février 2022. Les isolats issus de patients atteints de mucoviscidose, de dépistage rectal et de l'environnement hospitalier ont été exclus. Un isolat par patient a été inclus quel que soit son profil de résistance à l'antibiogramme. La détermination de la sensibilité à 20 antibiotiques a été réalisée par microdilution en milieu liquide à l'aide de microplaques à façon (Sensititre, ThermoFisher) à l'exception du céfidérol dont la CMI a été déterminée selon la méthode de référence définie par la Clinical Laboratory Standard Institute. La catégorisation clinique des isolats a été effectuée selon les recommandations de l'EUCAST 2023. Les génomes de l'ensemble des isolats ont été séquencés selon la technologie Illumina (Plateforme PibNet, Pasteur) et analysés à l'aide des outils bioinformatiques mis en place par le CNR de la résistance aux antibiotiques.

#### Résultats & Discussion:

390 isolats cliniques issus de 85 hôpitaux répartis en France et les régions d'Outre-mer ont été analysés. 64%, 12%, 11% et 13% étaient respectivement d'origine respiratoire, urinaire, sanguine et diverses. 24,9% des isolats étaient résistants à la ceftazidime et 18,4% aux carbapénèmes. Les isolats Multidrug-resistant, extensively drug-resistant et Difficult to Treat resistant représentaient respectivement 24,0%, 2,0% et 2,5%. Seuls 2,5% des isolats étaient producteurs de  $\beta$ -lactamases (OXA-14, OXA-35, PAC-1 et PER-1) et/ou de carbapénémases (GES-5, VIM-2, et VIM-4). Les nouvelles associations comme la ceftazidime/avibactam (CZA), le ceftolozane/tazobactam (CT) et le céfidérol étaient sensibles chez 94,1%, 95,4% et 98,3% des isolats. L'analyse moléculaire a permis d'identifier 152 Sequence Type (ST) différents, dont 5 prédominaient (ST244, ST253, ST308, ST309 et ST395), correspondant pour la plupart à des clones à haut risque qui ont largement diffusés dans le monde.

#### Conclusion:

La résistance aux antibiotiques de première intention tels que la ceftazidime et la pipéracilline/tazobactam reste faible en France. Bien que le pourcentage soit encore faible (moins de 5%), certains isolats cliniques de *P. aeruginosa* ont déjà une sensibilité diminuée aux nouvelles associations (CZA, CT et imipénème/relebactam) et au céfidérol. Par ailleurs, ce travail a permis d'établir une cartographie moléculaire des isolats cliniques de *P. aeruginosa* circulants dans les réanimations en France en 2022 et de mettre en évidence les clones à haut risques les plus fréquents.

Les auteurs déclarent ne pas avoir toute relation financière impliquant l'auteur ou ses proches (salaires, honoraires, soutien financier éducationnel) et susceptible d'affecter l'impartialité de la présentation.