

P-040

Investigation génomique d'épidémies à  
*Klebsiella pneumoniae* BLSE en Réanimation NéonataleF Gravey<sup>1</sup>, L Lemée<sup>2</sup>, S Dahyot<sup>2</sup>, C Chefson<sup>3</sup>, A Cottalorda<sup>4</sup>, D Pinquier<sup>5</sup>, M Pestel-Caron<sup>2</sup>, S Le Hello<sup>1</sup> et S Boyer<sup>2</sup><sup>1</sup>Normandie Univ, UNICAEN, GRAM 2.0, CHU Caen Normandie, Service de microbiologie, 14000 Caen,; <sup>2</sup>Normandie Univ, UNIROUEN, GRAM 2.0, CHU Rouen, Service de Microbiologie, 76000 Rouen, France<sup>3</sup>CHU Rouen, Service de Microbiologie, 76000 Rouen, France; <sup>4</sup>CHU Rouen, DPIAS, 76000 Rouen, France; <sup>5</sup>CHU Rouen, Service de Pédiatrie néonatale-réanimation, 76000 Rouen, France

sophie.boyer@chu-rouen.fr +33 6 72 09 21 41



## Introduction

Le service de Réanimation néonatale du CHU de Rouen a été confronté à 2 épisodes de cas groupés de *K. pneumoniae* productrices de BLSE (KPBLSE) chez 22 enfants d'avril à novembre 2020 puis 15 d'avril à août 2021. Il s'agissait de 29 colonisations digestives, 5 bactériémies (3 en 2020) et 3 infections de cathéter (2 en 2021). L'antibiotype et les typages par REP PCR des isolats plaident pour une souche épidémique.

## Objectifs

Néanmoins l'absence d'enfant porteur commun entre les 2 épisodes et de réservoir environnemental retrouvé ainsi que les mesures d'hygiène renforcées ne permettaient pas d'étayer cette hypothèse. Nous avons procédé à une analyse des génomes complets afin de déterminer s'il s'agissait d'une souche épidémique ou d'une épidémie de plasmide entre différentes souches de KP.

## Méthodes

**Souches** n=5 issues de 2 selles (avril, août 2020), 1 hémoculture (dernier enfant novembre 2020), 2 cathéters (2 premiers cas d'avril et mai 2021) adressées à la Cellule Régionale d'Epidémiologie génoMique CREM de Normandie

**Antibiogramme** par diffusion en gélose selon les recommandations du CaSFM 2021 et comportant 44 molécules

**Séquençage génomique** sur automate Illumina Nextseq 500 après préparation des bibliothèques via le kit Nextera.

**Typage in silico** détermination du séquence type ST sur la base de données Bigsdb Pasteur

**Résistome** outil Resfinder. La présence des gènes était retenue si les taux d'identité et de couverture  $\geq 90\%$  des gènes cibles

**Virulôme** recherché sur base de données spécifique de l'Institut Pasteur Bigsdb Pasteur *Klebsiella*

**Mapping** sur génome de référence KP17-16, détermination du nombre de SNP (parsnp) et comparaison à 178 génomes de KP ST15



## Résultats

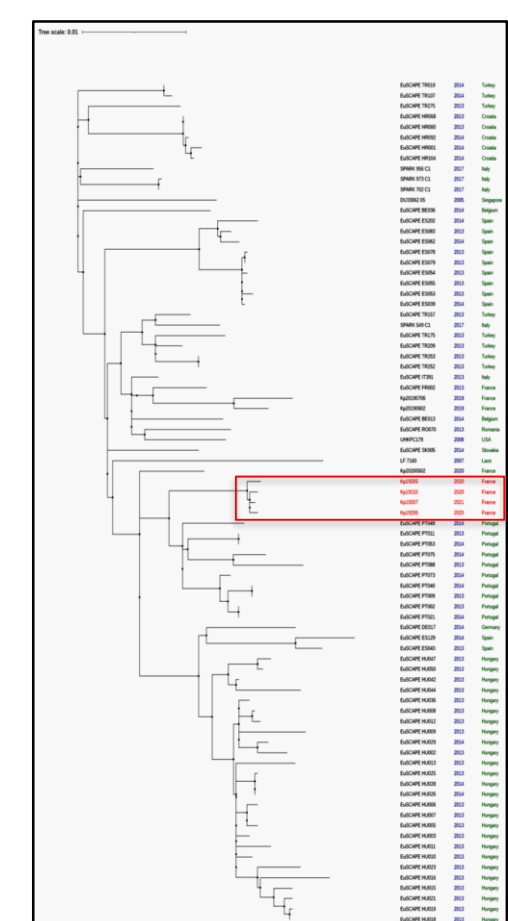
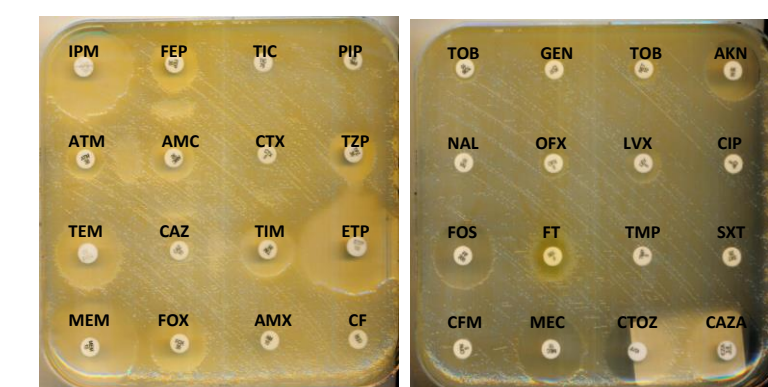
**Antibiogramme** toutes les souches présentaient le même antibiogramme et restaient sensibles aux carbapénèmes, nouvelles associations C3G/inhibiteurs, amikacine, mécilinam, colistine, furanes

**Résistome** gènes identiques entre les souches codant pour les  $\beta$ -lactamases **CTX-M-15, TEM-1B, SHV-100 et OXA-1** et de résistance aux aminosides (AAC6', APH), quinolones (*aac(6')-Ib-cr*), fosfomycine, sulfamides, triméthoprime

**Schéma MLST** toutes les souches avaient **même séquence type ST 15**

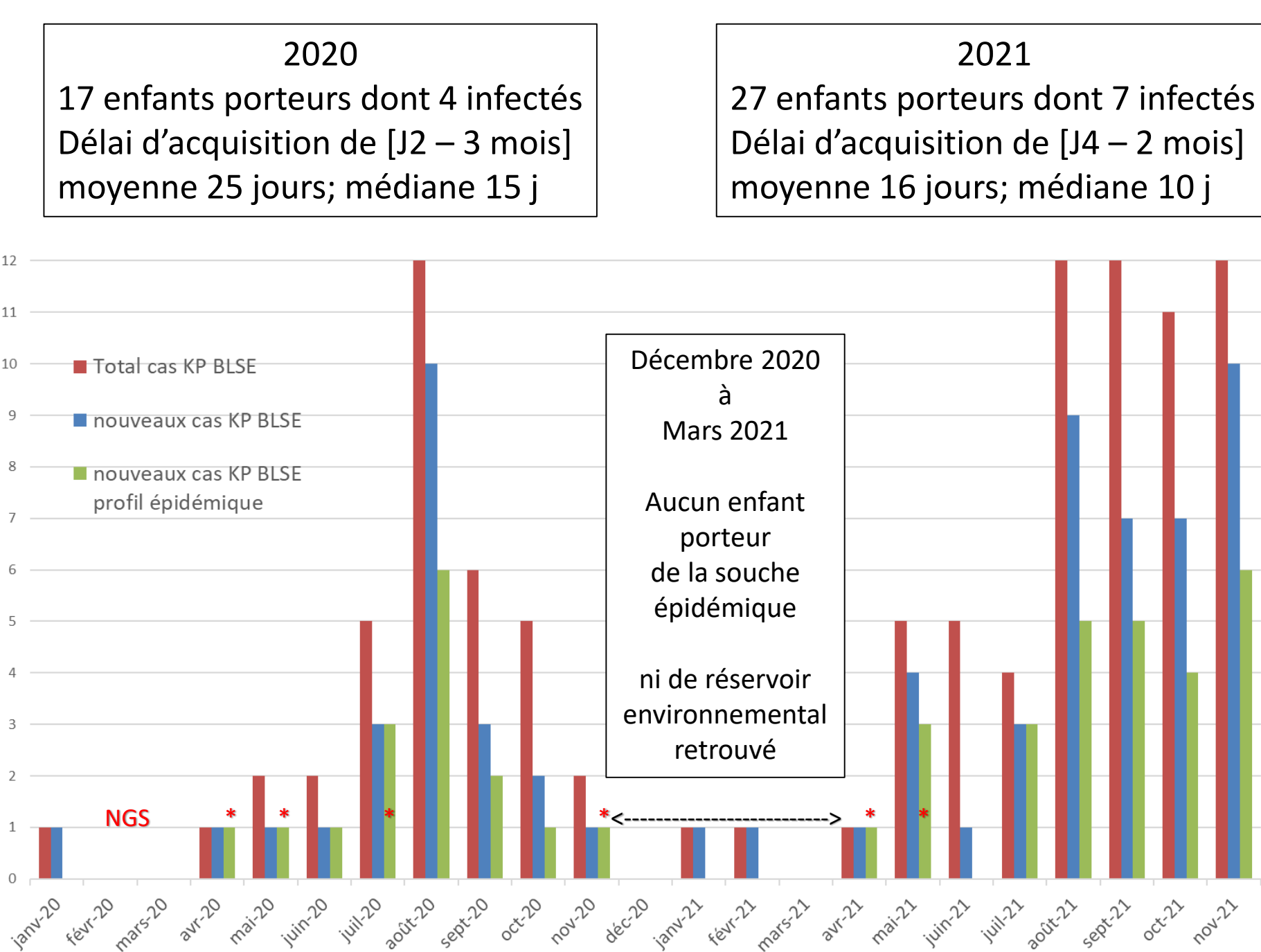
**Virulome** gènes de **virulence identiques entre les 5 souches** : yersiniabactine, sidérophores, fimbriae type 3

**Comparaison génomique** les génomes différaient entre eux par au **maximum 8 SNP**  
**clône distinct spécifique** au sein de 178 génomes de KP ST15 (dendrogramme vs 83 souches ci contre)

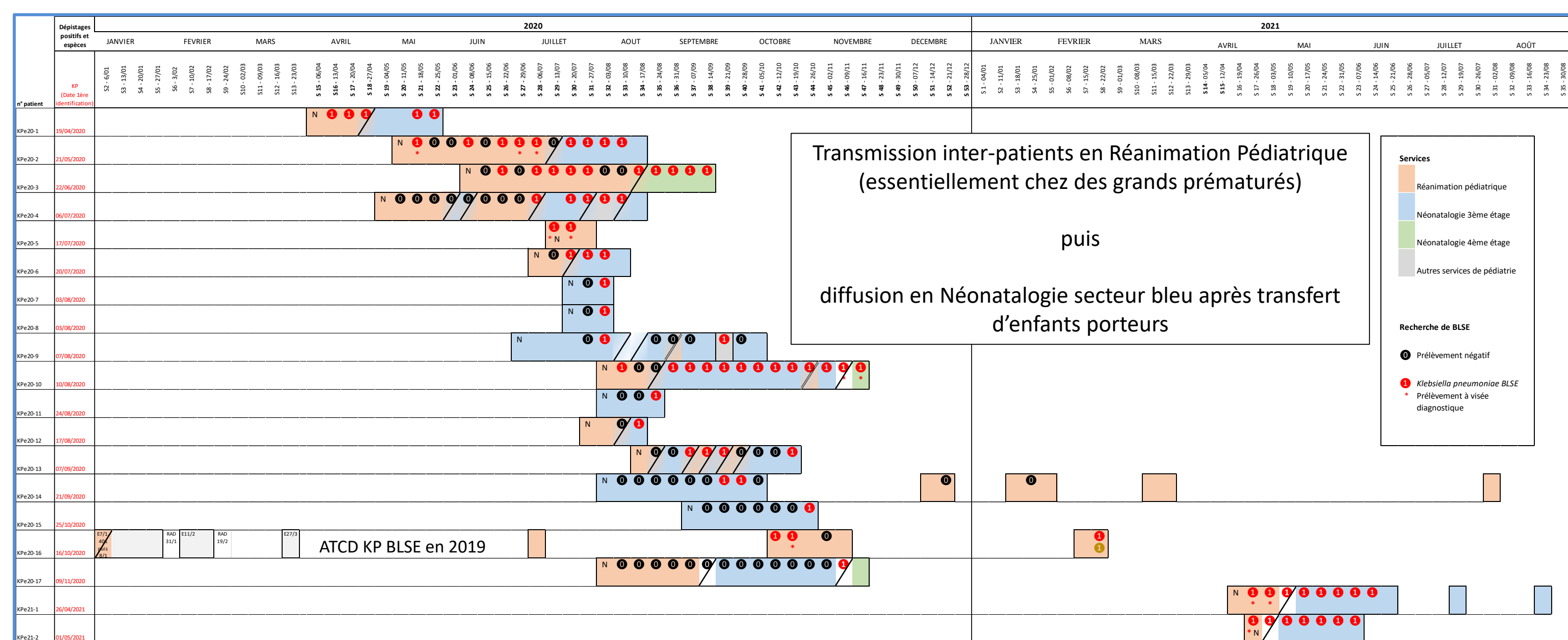


## Souche unique épidémique KP BLSE ST15 entre les 2 épisodes 2020 et 2021

## Courbe épidémique des cas



## Tableau synoptique des cas



## Conclusions

L'analyse génomique montre qu'il s'agit d'une **même souche épidémique** entre les 2 épisodes et **spécifique à ce service**. Le mode de persistance de cette souche reste inconnu sans patient commun ni réservoir environnemental retrouvé. L'épidémie est non contrôlée à ce jour. Des investigations complémentaires sont en cours : enquête environnementale élargie notamment aux couveuses et séquençage génomique de souches antérieures (2019) de phénotype antibiotique similaire.