

Session A3-01 / Courtes Communications

Pdt de séance : L. Carezzo

09h30 – 09h45

Pseudomonas aeruginosa en médecine vétérinaire: diversité génomique et point sur la résistance aux antibiotiques et désinfectants par une approche One health

Marine Pottier^{1,2}, *Sophie Castagnet*^{1,2}, *François Gravey*^{2,3}, *Michel Auzou*, *Guillaume Leduc*, *Simon Le Hello*^{2,3, 4}, *Albertine Léon*^{1,2, *}

1. LABÉO, Pôle Recherche, Développement et Innovation, Caen, France,
2. Normandie Univ, CAEN/ ROUEN Universités, DYNAMICURE, INSERM U1311, France,
3. Service de microbiologie, CHU - Caen (France),
4. Service d'hygiène hospitalière, CHU - Caen (France)

* Coordination équivalente

Financements : Conseil Régional de Normandie et Ministère de l'Agriculture (Plan EcoAntibio)

Projet labélisé par le pôle HIPPOLIA, pôle de compétitivité de la filière équine

Comité d'éthique : non concernée

Conflit d'intérêt : aucun

Contexte *Pseudomonas aeruginosa* (PSAE) est une bactérie notamment responsable d'infections nosocomiales chez l'Homme, d'infections sexuellement transmissibles chez les équidés¹ et d'otites chez le chien¹. Elle est classée comme priorité critique par l'Organisation mondiale de la santé, notamment liée à l'émergence de clones nosocomiaux hautement résistants. Certaines souches présentent également une sensibilité diminuée à un détergent-désinfectant utilisé en médecine, le chlorure de didécylmethylammonium (CDMA). Cette étude rend compte du niveau de résistance aux antimicrobiens et de la diversité génomique de souches vétérinaires de PSAE.

Matériel et Méthodes Rétrospectivement, 168 souches isolées entre 1996 et 2017 ont été sélectionnées avec une diversité sur l'année, l'espèce d'isolement (135 de chevaux, 30 de chiens) et le type de prélèvement (89 prélèvements génitaux, 27 auriculaires). Ces souches sont issues de prélèvements reçus pour analyse à l'Anses, Laboratoire de Santé Animale (Dozulé, France) et à LABÉO (Saint-Contest, France). La sensibilité aux antimicrobiens a été étudiée sur 7 classes d'antibiotiques (utilisés chez l'Homme et l'animal) et au CDMA en diffusion sur gélose et par microdilution en bouillon respectivement, d'après les recommandations de l'EUCAST/CASFM^{3,4}. Pour le CDMA, la diminution de la sensibilité a été fixée pour une CMI₅₀ ≥ 62,9 mg/L selon sa concentration dans une solution désinfectante, conformément aux

instructions du fabricant. Les profils de résistance ont permis de sélectionner 41 souches pour séquençage complet de génome, ce qui a permis le sérotypage, typage multi-locus (MLST), core genome MLST⁵ et l'identification des gènes de résistance acquise.

Résultats Dix-huit pourcents des souches présentent des résistances sur 1-2 classes d'antimicrobiens, 20% sur 3-4 classes et 1% sur 5 classes. Pour le CDMA, une diminution de la sensibilité est retrouvée depuis 2017 et concerne 11% des souches, dont 2% cumulant ce phénotype avec une résistance à au moins 3 classes d'antibiotiques. Au niveau génomique, sept sérotypes, notamment O6 (39%) et O11 (27%), et 28 séquences type, en particulier ST395 (15%) et ST309 (10%) ont été identifiés, dont au moins 7 associés à des clones à haut risque d'acquisition des résistances (HRC).

Discussion/Conclusion Bien que moins représentés en médecine vétérinaire, les niveaux de résistance de PSAE aux antimicrobiens soulignent la nécessité de maintenir les efforts sur leurs bonnes pratiques d'utilisation, particulièrement pour les antibiotiques de dernier recours. Malgré une population plus diversifiée, la présence de HCR problématiques chez l'Homme rend compte d'échanges entre les différents réservoirs, difficiles à maîtriser du fait de la résistance cumulée aux désinfectants et antibiotiques dont les mécanismes sont investigués.

Références:

1. Anses 2021. Résapath, 2021. Réseau d'épidémiosurveillance de l'antibiorésistance des bactéries pathogènes animales, bilan 2020. Anses, Lyon et Ploufragan-Plouzané-Niort, France.
2. del Barrio-Tofiño, E., López-Causapé, C., Oliver, A., 2020. Pseudomonas aeruginosa epidemic high-risk clones and their association with horizontally-acquired β -lactamases : 2020 update. International Journal of Antimicrobial Agents 56, 106196. <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2020.106196>
3. Société Française de Microbiologie, 2021. CASFM / EUCAST : Société Française de Microbiologie, Recommandations 2021 V.1.0 avril.
4. Société Française de Microbiologie, 2013. CASFM : Société Française de Microbiologie, Recommandations 2013.
5. Tönnies, H., Prior, K., Harmsen, D., Mellmann, A., 2021. Establishment and Evaluation of a Core Genome Multilocus Sequence Typing Scheme for Whole-Genome Sequence-Based Typing of Pseudomonas aeruginosa. J Clin Microbiol 59, e01987-20. <https://doi.org/10.1128/JCM.01987-20>