

Escherichia coli bovines beta-lactames résistantes : gènes identifiés par microarrays

Guérin V.¹, Thiry D.¹, Cawez F.², Mercuri P.², Saulmont M.³, Mainil J.¹

¹Bactériologie, Département des Maladies Infectieuses et Parasitaires, FARAH et Faculté de Médecine Vétérinaire, Université de Liège, Liège, Belgique ; ²Macromolécules Biologiques, Département des Sciences de la Vie, Centre d'Ingénierie des Protéines (CIP), Université de Liège, Liège, Belgique ; ³Association Régionale de Santé et d'Identification Animale (ARSIA), Ciney, Belgique.

Le mécanisme de résistance aux β -lactamines le plus fréquent est la production de β -lactamases (BLA), enzymes qui inactivent ces antibiotiques. Leur classification actuelle est très complexe [1,2], mais 4 classes peuvent être résumées : BLA classiques (C), BLA à spectre étendu (BLSE), céphalosporinases (AmpC) et carbapénémases (CPE). Une 5^{ème} classe a été définie sur base des résultats des antibiogrammes réalisés à l'ARSIA, par la méthode de diffusion de disques sur gélose (DDA), avec 8 β -lactamines : C associée à une résistance à la céfoxitine (C_FOX) (Tableau I).

Le but de cette étude est d'identifier les gènes encodant les BLA présents chez des *Escherichia* (*E.*) *coli* présentant différents profils de résistance aux β -lactamines, isolées de jeunes veaux diarrhéiques ou septicémique entre novembre 2017 et février 2018. Parmi les 607 isolats, 94 ont été choisis sur base de leurs profils de résistance (Tableau II) pour être testés par *microarrays* avec le kit Check-MDR CT103XL® (Check-points BV, Pays-Bas) [3].

Tableau I – Phénotypes de résistance observés à l'antibiogramme pour les 8 β -lactamines testées.

Antibiotiques	AMX	AMC	XLN	CFQ	CTX	CTC	FOX	MER
C	R	S/R	S	S	S	S	S	S
C_FOX	R	S/R	S	S	S	S	I/R	S
BLSE	R	S/I	R	R	R	S/I	S	S
AmpC	R	R	R	R	R	R	R	S
CPE	R	R	R	R	R	R	R	R

AMX: amoxicilline; AMC: amoxicilline + acide clavulanique; XLN: ceftiofur; CFQ: cefquinome; CTX: céfotaxime; CTC: céfotaxime + acide clavulanique; FOX: céfoxitine; MER: méropénème

Tableau II – Profils de résistance et répartition des 94 isolats de bovin testés par *microarrays*.

Phénotypes obtenus à l'antibiogramme		
C 15	BLSE 40	AmpC 4
C_FOX 20	BLSE + C 5	AmpC-like 5
	BLSE + C_FOX 5	
Total nombre d'isolats		94

Dans les isolats de phénotype BLSE, seul différents gènes *bla*_{CTX-M} ont été détectés, faisant partie des groupes 1, 2 et 9, tandis que pour les phénotypes AmpC, deux gènes *bla*_{CMY-II} et *bla*_{DHA} ont été identifiés. Dans les isolats de phénotypes C, le gène *bla*_{TEM-WT}, qui consiste en *bla*_{TEM-1} ou *bla*_{TEM-2}, a été détecté. Les gènes détectés ont été confrontés au phénotype de résistance observé, et pour 9 isolats, il y a une discordance entre ces résultats. De plus, aucun gène n'a été détecté dans 17 isolats, dont 11 présentaient un phénotype C_FOX.

Conclusion

Une concordance entre phénotype observé et gène détecté par *microarrays* a été observée pour 68 isolats (72%). D'autres études, notamment par séquençage complet du génome (Whole Genome Sequencing) sont en cours sur les isolats avec des résultats discordants. Des PCR spécifiques vont également être conçues et réalisées pour identifier les gènes *bla* présents dans la collection complète de 607 isolats.

Référence:

- [1] R.P. Ambler (1980). *Philos. Trans. R. Soc.* 289:321-33.
- [2] K. Bush, G.A. Jacoby (2010). *Antimicrob. Agents Chemother.* 54:969-976.
- [3] S.A. Cunningham, S. Vasoo, R. Patel (2016). *J. Clin. Microbiol.* 54:1368-1371.

Cette recherche est financée par le SPF Santé Publique, Sécurité de la chaîne alimentaire et Environnement sous la convention : RF 17/6317 RU-BLA-ESBL-CPE.

Mots-clés :

Microarrays, *Escherichia coli*, antibiorésistance, veaux