

### A43

#### Profil plasmidique des souches EXPEC avec *ompT* et *hlyF* isolé dans Paraná, Brésil

Kobayashi RKT<sup>1,2</sup>, Nakazato G<sup>2</sup>, Vespero EC<sup>2</sup>, Cyويا PS<sup>2</sup>, Koga VL<sup>2</sup>, Scandorieiro S<sup>2</sup>, Gonçalves MC<sup>2</sup>, Houle S<sup>1</sup>, Dozois CM<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut Armand Frappier, INRS; <sup>2</sup> State University of Londrina, Paraná, Brazil

*Escherichia coli* pathogène extra-intestinal (ExPEC) est une cause importante d'infections du tractus urinaire (ITU) et d'infections systémiques chez l'homme. Cependant, l'émergence de souches résistantes est devenue un enjeu majeur pour les hôpitaux et la communauté. La propagation de la résistance aux bêta-lactamases à spectre élargi (ESBL) est associée à des éléments génétiques mobiles tels que des plasmides, qui peuvent également contenir des facteurs de virulence. Deux phénomènes peuvent expliquer ce profil épidémique: la propagation des plasmides qui portent des gènes de résistance aux antibiotiques chez les souches bactériennes ou la propagation de clones bactériens avec des plasmides qui portent des gènes de résistance. Pour caractériser des *Escherichia coli* isolés chez des patients atteints d'ITUs au Brésil, 121 souches d'*E. coli* isolées à partir de l'urine et de 12 hémocultures de patients externes et hospitalisés ont été étudiées. Sur la base des phénotypes de résistance, 44 souches UPEC étaient productrices d'ESBL et 11 souches UPEC étaient résistantes aux carbapénèmes (KPC). Toutes les souches ont été testées pour la présence des gènes *hlyF* et *ompT*. 9 souches UPEC, 7 souches provenant d'échantillons sanguins et 14 souches UPEC-ESBL étaient positives pour *hlyF* et *ompT*. Aucune souche KPC ne contient ces gènes. Ensuite, 8 souches UPEC, 4 souches isolées de sang et 12 UPEC-ESBL ont été sélectionnées pour l'analyse du profil plasmidique et la localisation du gène *ompT* dans les plasmides avec une sonde spécifique d'ADN marqué à la digoxigénine. Les souches ont de 1 à 5 plasmides de haut poids moléculaire et dans toutes les souches le gène *ompT* est présent dans le plasmide de plus haut poids moléculaire. La prochaine étape est d'étudier la présence de ESBL CTX-M dans 12 échantillons, localiser et identifier les types de CTX-M, pour enquêter sur la possible clonalité des souches sélectionnées puis de comparer leur virulence. Il sera possible de déduire les voies de transmission possibles de ces résistances dans le but d'améliorer les méthodes de prévention des infections. Cette étude fournira des informations importantes sur l'émergence de nouveaux clones ou de clones endémiques.