

Surveillance de laboratoire des souches d'entérobactéries résistantes aux carbapénèmes isolées au Québec en 2019

Août 2019

Florence Doualla-Bell, Ph. D., spécialiste clinique en biologie médicale
Brigitte Lefebvre, Ph. D., spécialiste clinique en biologie médicale

L'émergence des entérobactéries résistantes aux carbapénèmes est un problème de santé publique majeur. La résistance de ces bactéries à plusieurs classes d'antibiotiques peut conduire à des impasses thérapeutiques. Une surveillance a été instaurée en 2010. Les données présentées incluent les résultats des analyses TAAN carbapénèmases délocalisées dans les quatre établissements désignés dans le réseau, de même que l'identification et la caractérisation des gènes de carbapénèmases présents dans les entérobactéries productrices de carbapénèmases (EPC) reçues au Laboratoire de santé publique du Québec en 2019.

Faits saillants

L'analyse des résultats obtenus dans le cadre du programme de surveillance en laboratoire des entérobactéries productrices de carbapénèmases (EPC) a permis de dégager les éléments suivants :

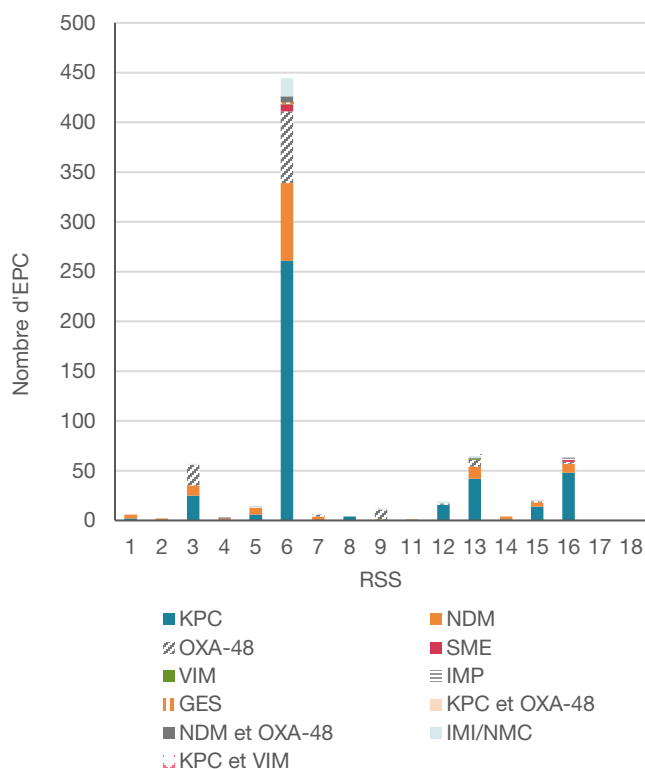
- Le gène KPC a été identifié chez 422 souches (58,4 %) des 722 souches productrices de carbapénèmases testées;
- Cent quarante-cinq souches (20,1 %) étaient productrices d'une métallo- β -lactamase de type NDM, soit une augmentation fréquence de 42,9 % de souches d'EPC porteuses du gène NDM par rapport à 2018. Pour la première fois depuis le début de la surveillance des EPC en 2010, le gène NDM est au deuxième rang des gènes les plus prévalents;
- Le gène OXA-48 (famille) a été identifié chez 126 souches (17,4 %). Il demeure un gène important;
- Les gènes NDM et OXA-48 (famille) ont été retrouvés simultanément chez neuf souches soit six souches d'*E. coli* et trois souches de *K. pneumoniae*;
- Les gènes KPC et OXA-48 (famille) ont été retrouvés simultanément chez une souche d'*E. coli*;
- Le gène IMI/ NMC a été identifié simultanément chez 25 souches (3,5 %) d'*E. cloacae* (n = 15), d'*E. cloacae* complex (n = 9) et d'*E. ludwigii* (n = 1);
- Une souche de *K. pneumoniae* portait simultanément les gènes KPC et VIM;
- Dix souches (1,4 %) de *Serratia marcescens* ont été trouvées porteuses du gène SME;
- Le gène VIM a été retrouvé chez trois souches, une *Citrobacter freundii*, une *Enterobacter hormaechei* et une *Klebsiella pneumoniae*;
- Le gène GES a été retrouvé chez une souche de *Citrobacter braakii*;
- Une souche de *Morganella morganii* a été trouvée positive pour le gène IMP.

Résultats

Souches d'EPC caractérisées dans le cadre du programme de surveillance de laboratoire

La figure 1 présente la répartition des souches d'EPC analysées par région sociosanitaire (RSS) et des gènes de résistance qui leur sont associés. Les installations participantes à la surveillance des RSS 03 (n = 57), RSS 05 (n = 14), RSS 06 (n = 444), RSS 09 (n = 12), RSS 12 (n = 19), RSS 13 (n = 66), RSS 15 (n = 21) et RSS 16 (n = 63) hébergent la majorité des EPC (96,4 %) retrouvées au Québec.

Figure 1 Nombre d'EPC en fonction de la RSS de l'installation participante et gènes codant pour une carbapénémase associée



Légende : RSS 01 : Bas-St-Laurent; RSS 02 : Saguenay-Lac-Saint-Jean; RSS 03 : Capitale-Nationale; RSS 04 : Mauricie et Centre-du-Québec; RSS 05 : Estrie; RSS 06 : Montréal; RSS 07 : Outaouais; RSS 08 : Abitibi-Témiscamingue; RSS 09 : Côte-Nord; RSS 10 : Nord-du-Québec; RSS 11 : Gaspésie-Îles-de-la-Madeleine; RSS 12 : Chaudière-Appalaches; RSS 13 : Laval; RSS 14 : Lanaudière; RSS 15 : Laurentides; RSS 16 : Montérégie; RSS 17 : Nunavik; RSS 18 : Terres Cries-de-la-Baie-James.

Gènes impliqués dans la résistance aux carbapénèmes des souches d'EPC analysées

Le tableau 1 présente la distribution des gènes codants pour une carbapénémase selon les espèces bactériennes ainsi que la proportion des gènes isolés des souches d'EPC.

La figure 2 présente l'évolution temporelle de la prévalence des gènes de carbapénémases présents

Bilan

Une augmentation de 35,5 % de souches d'EPC a été observée en 2019 (n = 722 cas) par rapport à l'année de surveillance de 2018 (n = 533 cas).

Le gène KPC demeure le plus prévalent au Québec et concerne 58,4 % des cas d'EPC.

Pour la première fois depuis le début de la surveillance des EPC en 2010, le gène NDM est au deuxième rang des gènes les plus prévalents (20,1 %; n = 145) en 2019 soit une augmentation de fréquence de 42,9 % par rapport à la surveillance de 2018 (n = 75).

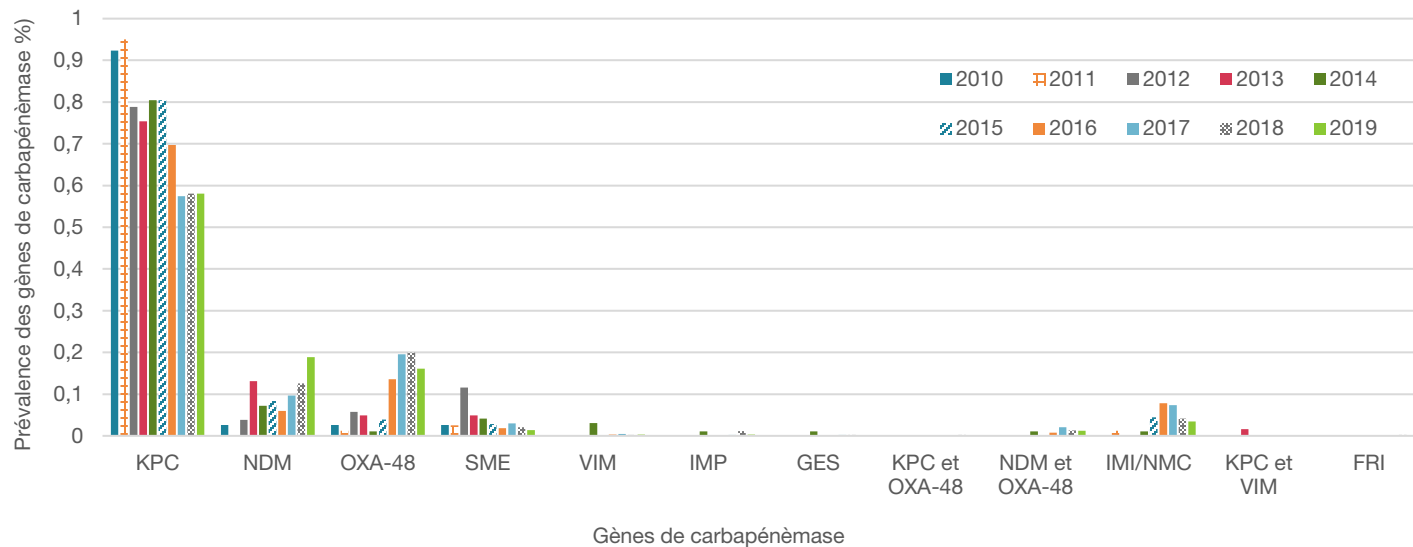
Le gène OXA-48 (famille), qui compte pour 17,4 % des EPC analysées, demeure un gène important au Québec.

Tableau 1 Gènes codants pour une carbapénèmase, selon les espèces, en 2019

Identification	KPC	NDM	OXA-48*	KPC et OXA-48	NDM et OXA-48	SME	VIM	IMI / NMC	IMP	GES	KPC et VIM	Total
<i>Citrobacter amalonaticus</i>	4											4
<i>Citrobacter braakii</i>	11									1		12
<i>Citrobacter farmeri</i>	3											3
<i>Citrobacter freundii</i>	121	2	39				1					163
<i>Citrobacter koseri</i>		1										1
<i>Citrobacter sp.</i>	2	1										3
<i>Citrobacter youngae</i>	1											1
<i>Enterobacter aerogenes</i>			1									1
<i>Enterobacter cloacae</i>	44	26	8					15				93
<i>Enterobacter cloacae complex</i>	15	21	1					9				46
<i>Enterobacter hormaechei</i>	12	2					1					15
<i>Enterobacter sp.</i>		2										2
<i>Escherichia coli</i>	69	59	43	1	6							178
<i>Escherichia hermannii</i>		1										1
<i>Klebsiella oxytoca</i>	39	2	3									44
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	63	17	16		3						1	100
<i>Klebsiella sp.</i>			1									1
<i>Kluyvera ascorbata</i>	2											2
<i>Leclercia adecarboxylata</i>	3											3
<i>Morganella morganii</i>									1			1
<i>Serratia marcescens</i>	3					10						13
<i>Raoutella ornithinolytica</i>	2											2
<i>Raoutella planticola</i>	5											5
<i>Raoutella sp.</i>			1									1
<i>Citrobacter freundii complex</i>	8		1									9
<i>Citrobacter sedlakii</i>		2										2
<i>Citrobacter werkmanii</i>	5		1									6
<i>Leclercia adecarboxylata</i>	3											3
<i>Enterobacter asburiae</i>	2											2
<i>Enterobacter ludwigii</i>								1				1
<i>Lelliottia nimipressuralis</i>	1											1
<i>Klebsiella aerogenes</i>	1											1
<i>Klebsiella planticola</i>			1									1
<i>Pantoea sp.</i>	1											1
Total (%)	420 (58,0 %)	136 (18,8 %)	116 (16,1 %)	1 (0,1 %)	9 (1,2 %)	10 (1,4 %)	2 (0,3 %)	25 (3,5 %)	1 (0,3 %)	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)	722

*OXA-48 : Famille OXA-48

Figure 2 Prévalence des souches d'EPC et gènes associés de 2010 à 2019



2010 : Début du programme de surveillance des EPC au Québec; 12 août 2010

2012 : Modification des critères d'inclusion des souches; 11 juillet 2012

2016 : Modification des critères d'inclusion des souches; 11 juillet 2016

2018 : Délocalisation du TAAN carbapénémases dans les laboratoires hospitaliers ; 24 septembre 2018

n : Nombre de souches moins fréquentes et présentes $\leq 3\%$; **FRI** : n = 1 (2018); **KPC+OXA-48** : n = 2 (2018 et 2019); **GES** : n = 4 (2014, 2017, 2018, 2019); **VIM** : n = 9 (3 en 2014, 1 en 2016, 2 en 2017, 1 en 2018 et 2 en 2019); **IMP** : n = 10 (1 en 2014, 1 en 2017, 6 en 2018 et 2 en 2019)

Surveillance de laboratoire des souches d'entérobactéries résistantes aux carbapénèmes isolées au Québec en 2019

AUTEURES

Florence Doualla-Bell, Ph. D., spécialiste clinique en biologie médicale
Brigitte Lefebvre, Ph. D., spécialiste clinique en biologie médicale
Laboratoire de santé publique du Québec

DIRECTION SCIENTIFIQUE

Michel A. Roger, M.D., Ph. D, FRCPC, directeur médical

RÉVISEURS

Pascale Trépanier, M.D., présidente du SPIN-BGNPC; centre hospitalier universitaire de Québec
Judith Fafard, M.D., FRCPC, médecin microbiologiste-infectiologue-conseil;
Laboratoire de santé publique du Québec
Christophe Garenc, Ph. D., conseiller scientifique spécialisé;
Direction des risques biologiques et de la santé au travail, Comité SPIN-BGNPC

AVEC LA COLLABORATION DES

Hôpitaux serveurs TAAN carbapénémase : CHU de Québec, CHUM, CHUS, Hôpital Général Juif de Montréal

MISE EN PAGE

Cynthia Godon, agente administrative
Laboratoire de santé publique du Québec

REMERCIEMENTS

Nos remerciements s'adressent à l'ensemble du personnel des laboratoires de microbiologie pour l'envoi des souches au Laboratoire de santé publique du Québec (LSPQ) de l'Institut national de santé publique du Québec.

Au LSPQ, nous remercions les équipes de travail des secteurs Identification bactérienne, Identification bactérienne - biologie moléculaire et Marqueurs épidémiologiques, particulièrement Simon Wong pour son travail technique ainsi que l'équipe ayant travaillé à la fabrication des milieux de culture.

Au Laboratoire national de microbiologie (LNM), l'équipe du Dr Michael Mulvey incluant David Boyd et Laura Mataseje.

Ce document est disponible intégralement en format électronique (PDF) sur le site Web de l'Institut national de santé publique du Québec au : <http://www.inspq.qc.ca>.

Les reproductions à des fins d'étude privée ou de recherche sont autorisées en vertu de l'article 29 de la Loi sur le droit d'auteur. Toute autre utilisation doit faire l'objet d'une autorisation du gouvernement du Québec qui détient les droits exclusifs de propriété intellectuelle sur ce document. Cette autorisation peut être obtenue en formulant une demande au guichet central du Service de la gestion des droits d'auteur des Publications du Québec à l'aide d'un formulaire en ligne accessible à l'adresse suivante : <http://www.droitauteur.gouv.qc.ca/autorisation.php>, ou en écrivant un courriel à : droit.auteur@cspq.gouv.qc.ca.

Les données contenues dans le document peuvent être citées, à condition d'en mentionner la source.

Dépôt légal – 1^{er} trimestre 2021
Bibliothèque et Archives Canada
ISSN : 1929-574X

© Gouvernement du Québec (2020)

N° de publication :2723