

**DIFFUSIONE DI ENTEROCOCCHI VANCOMICINA-RESISTENTI (VRE) NELL'AREA DI TRIESTE**

A. Knezevich<sup>4</sup>, M. Di Santolo<sup>4</sup>, M. Buseti<sup>4</sup>, C. Lagatolla<sup>2</sup>, C. Fabris<sup>4</sup>, R. Bressan<sup>2</sup>, L. Dolzani<sup>2</sup>, M. Mascarello<sup>3</sup>, M. Santagati<sup>1</sup>, D. Bongiorno<sup>1</sup>, F. Campanile<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dip. di Scienze Biomediche e Biotecnologiche (BIOMETEC), sez. Microbiologia. Università di Catania

<sup>2</sup>Dipartimento Scienze della Vita, Università di Trieste

<sup>3</sup>Malattie Infettive, Azienda Sanitaria Universitaria Integrata di Trieste

<sup>4</sup>S.C. Microbiologia, Dipartimento di Medicina di Laboratorio, Azienda Sanitaria Universitaria Integrata di Trieste

**INTRODUZIONE**

Fin dal primo rilevamento negli anni '80, gli Enterococchi Vancomicina-resistenti sono stati fonte di numerosi outbreaks e/o di endemie in diversi Paesi europei e negli USA. In Italia ci sono stati alcuni outbreaks documentati negli anni '90 e nei primi anni 2000, tuttavia negli ultimi anni il fenomeno sembra essere limitato, non essendo stati riportati nuovi casi. Da marzo 2014 si è osservato un rapido incremento di *Enterococcus* spp. resistenti a Vancomicina (VRE) presso l'Azienda Sanitaria Universitaria Integrata di Trieste, fino ad arrivare ad una situazione di endemia. Nel 2013 erano stati riscontrati 4 casi di VRE, mentre nel 2014 ne sono stati rinvenuti 55, 149 nel 2015 e nel primo semestre 2016 sono stati ritrovati 87 nuovi casi. È stata fatta una valutazione della diffusione del germe in ambito ospedaliero, mediante sorveglianza epidemiologica e caratterizzazione dei ceppi isolati.

**METODI**

I ceppi sono stati identificati con i metodi di routine (Vitek2, BioMerieux).

I ceppi sono stati caratterizzati mediante metodi molecolari (ricerca dei determinanti VanA e VanB) e analisi di macrorestrizione mediante PFGE. Sono stati quindi testati mediante MLST per determinare i Sequence Types circolanti.

**RISULTATI**

Da marzo 2014 a ottobre 2015 abbiamo riscontrato 129 ceppi di VRE in totale, di cui 6 *Enterococcus faecalis* e 123 *Enterococcus faecium* (VREfm).

Abbiamo focalizzato la nostra attenzione sui ceppi VREfm. I campioni da cui sono stati estratti erano così suddivisi: 2 emocolture, 1 biopsia, 1 liquido biliare, 2 liquidi peritoneali, 2 liquidi di drenaggio, 2 tamponi da fistola, 1 aspirato bronchiale (colonizzazione, segnalato solo per l'epidemiologia), 9 urine, 104 tamponi rettali di sorveglianza. Si trattava, quindi, di colonizzazioni nel 90% dei casi.

I campioni provenivano da diversi reparti, con prevalenza dei reparti dell'area di emergenza (Reparti di Anestesia e rianimazione e Medicina d'Urgenza), ma sono stati coinvolti anche i reparti dell'area chirurgica (Chirurgie generali, Chirurgia vascolare, Neurochirurgia, Cardiochirurgia), di Area medica (Clinica medica, I Medica), oltre a Geriatria, Cardiologia e Unità coronarica, Clinica dermatologica, Clinica otorinolaringoiatrica, Ematologia clinica, Emodialisi, Nefrologia, Pneumologia, Malattie Infettive e Riabilitazione.

L'analisi molecolare ha dimostrato che il 90% degli isolati (111/123) è portatore del determinante VanA e che il rimanente 10% codifica il determinante VanB.

I ceppi VanA presentavano MIC >16 µg/ml per Teicoplanina. L'analisi di macrorestrizione ha dimostrato che la maggior parte di essi (cluster A) presenta un alto indice di correlazione e appartiene al ST17, uno dei Sequence Type più frequentemente responsabili di outbreak ospedalieri.

I ceppi VanB presentavano tutti MIC <0,5 µg/ml per Teicoplanina. La tipizzazione molecolare ha dimostrato stretta correlazione tra 10 di essi (cluster B), appartenenti al ST780 e con una diffusione limitata ai reparti dell'area di emergenza.

**CONCLUSIONI**

Il rapido incremento dell'incidenza di VRE e l'appartenenza della maggioranza degli isolati a 2 soli cluster dimostra l'avvenuta diffusione in ambito ospedaliero di questi microrganismi, che sono diventati endemici, nonostante le procedure di contenimento siano state messe in atto fin dal primo isolamento. La maggior parte dei pazienti risultavano colonizzati e non infetti. Le misure di sorveglianza e di contenimento sono state implementate per cercare di ridurre il fenomeno.