

TIPIZZAZIONE MOLECOLARE DELLA CASSETTA CROMOSOMICA SCCMEC E IDENTIFICAZIONE DEI GENI SPA, MECA, MECLGA251, SCN E PVL IN 107 CAMPIONI DI STAPHYLOCOCCUS AUREUS METICILLINO-RESISTENTI PROVENIENTI DALLO SCREENING DEI BATTERI MULTI-RESISTENTI DELL'AO

L. Galia¹, A. Oliani², M. Bragantini², E. Lucchini², A. Mazzariol¹

¹Dipartimento di Diagnostica e Sanità Pubblica, Università degli Studi di Verona

²UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliera Universitaria Integrata Verona

INTRODUZIONE

Staphylococcus aureus meticillino- resistente (MRSA) è la principale causa di infezioni nosocomiali e in comunità in tutto il mondo. MRSA produce una trans-peptidasi alternativa, la PBP2a con una ridotta affinità per tutti gli antibiotici β -lattamici. Il gene mecA codifica per la nuova PBP2a il quale è inserito in un elemento genetico mobile all'interno del cromosoma SCCmec (Staphyococcal cassette chromosome Il gene MecC, avente una sequenza aminoacidica omologa al 70% alla PBP2a è responsabile, anch'esso, della meticillino- resistenza

La patogenesi è dovuta all'espressione di alcuni geni. Il gene spa che codifica per la proteina A di membrana che va a legare la porzione Fc delle immunoglobuline causando l' inibizione della fagocitosi, l'attivazione del complemento e stimolazione della risposta fagocitaria.

Il gene scn che codifica per delle proteine responsabili dell'evasione della risposta immunitaria innata. Il gene pvl che codifica per la tossina Pantone-Valentine leukocine responsabile dell'insorgenza della polmonite necrotizzante e lisi delle cellule bianche del sangue.

METODI

Tipizzazione molecolare della cassetta cromosomica di 107 ceppi di MRSA provenienti dallo screening dei batteri multi-resistenti dell'AOU di Verona e identificazione simultanea di 5 geni : Spa, Scn, PVL, mecA e mecC tramite multiplex-PCR.

I ceppi provengono da pazienti all'ammissione in ospedale in reparti a rischio (terapie intensive, trapianti, oncologie) e durante il monitoraggio dei multiresistenti negli stessi reparti. Lo screening è stato effettuato seminando il tampone faringeo in una piastra di Mannitol Salt Agar con un dischetto di cefoxitina.

RISULTATI

Tutti i 107 ceppi di MRSA sono risultati positivi al gene mecA. 8 ceppi possiedono il tipo I di SCCmec (7%), 99 sono di tipo IV (93%) e tutti i 107 ceppi sono di classe B.

Solo 5 ceppi sono positivi al gene PVL e possiedono il tipo SCCmec IV e classe B.

7 campioni (7%) sono risultati negativi al gene Scn.

I 6 principali Spa type "rappresentativi" su 107 ceppi di MRSA hanno i seguenti risultati: 38% Spa t032 CC22 (clonal complex), 14% Spa t1036 CC22; 8% Spa t1214 CC22; 7% Spa t022; 7% Spa t041 CC5; 5% CC8 Spa t121 (PVL positivi).

Tutti i ceppi sono negativi al gene mecC.

CONCLUSIONI

Il 93% dei ceppi saggiati risulta appartenere al SCCmec di tipo IV ovvero presenta la cassetta associata normalmente ai ceppi CA-MRSA e solo il 7% appartiene al SCCmec di tipo 1 normalmente associata a ceppi di HA-MRSA.

Ai ceppi CA-MRSA è associata la tossina PVL solo nel 5% dei casi.