

**CIRCOLAZIONE DI CEPPI DI S. AUREUS DI PROVENIENZA UMANA E ANIMALE: UN PROBLEMA EMERGENTE IN AMBITO SANITARIO**

A. Di Gregorio<sup>3</sup>, S.G. Rimoldi<sup>3</sup>, B. Gentile<sup>2</sup>, V. Sala<sup>1</sup>, E. De Faveri<sup>1</sup>, C. Pagani<sup>3</sup>, A. Palazzin<sup>3</sup>, E. Catena<sup>4</sup>, C. Antona<sup>5</sup>, F. Lista<sup>2</sup>, M.R. Gismondo<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Milano

<sup>2</sup>Division of Molecular Biology, Immunology and Experimental Medicine Scientific Department, Army Medical Center, Rome

<sup>3</sup>Laboratorio di Microbiologia Clinica, Virologia e Diagnostica delle Bioemergenze, ASST Fatebenefratelli Sacco, Milano

<sup>4</sup>UOC Cardioanestesia-ASST Fatebenefratelli-Sacco

<sup>5</sup>UOC Cardiocirurgia-ASST Fatebenefratelli-Sacco

**INTRODUZIONE**

Nonostante in passato le infezioni da *S. aureus* resistente alla meticillina fossero descritte solo in ambiente ospedaliero, di recente sono emerse anche in ambito comunitario e veterinario.

Il concomitante riscontro di 4 casi di infezione di ferita sternale profonda sostenuta da *S. aureus* (aprile 2015) nel reparto di Cardiocirurgia del nostro ospedale ha portato a valutare retrospettivamente i ceppi di *S.aureus* collezionati in tale Unità Operativa nel 2015. Tale valutazione è stata poi estesa ad altri lavoratori in ambito comunitario e veterinario al fine di valutare un'eventuale diffusione in ambiente extraospedaliero.

**METODI**

365 tamponi nasali sono stati raccolti da 98 operatori (HCWs), 10 pazienti, 192 veterinari e 53 animali domestici.

89 isolati di *S.aureus* sono stati analizzati tramite PCR Real Time per il gene *mecA* (Progenie Molecular, Spain).

Tutti i ceppi sono stati sottoposti a una Rep PCR (Diversilab, Biomerieux Marcy l'Etoile, France).

Il sequenziamento dell'intero genoma (WGS) è stato effettuato per 89 isolati mediante Multi Locus Sequence Typing (MLST); l'analisi Single Nucleotide Polymorphism (SNP) è stata effettuata su 27 isolati.

**RISULTATI**

89 tamponi nasali sono risultati positivi per *S. aureus*: 80 meticillino resistenti e 9 sensibili.

L'analisi MLST ha rilevato 13 Sequence Types (STs): ST 398 (n=45), ST22 (n=14), ST 8 (n=4), ST30, ST15 e ST5 (ciascuno in 3 isolati), ST121, ST45, e ST10 (ciascuno in 2 isolati), ST 97, ST34, ST6 e ST1 (ciascuno in 1 isolato) e 2 nuovi STs (diversi da ST22 e da ST5 per un singolo gene dei sette che definiscono l'analisi MLST). In 5 casi l'ST non è stato determinato. In alcuni casi gli operatori dividevano uno stesso ST con i pazienti (ST8, ST22 e ST30) e con i veterinari (ST5, ST8, ST10, ST15, ST22 e ST30).

La Rep PCR ha mostrato elevata similarità genetica tra i campioni provenienti da 5 veterinari e 10 HCWs.

L'analisi SNP ha escluso una trasmissione tra pazienti, ma ha evidenziato la presenza di uno stesso ceppo tra HCWs e pazienti

**CONCLUSIONI**

La diversità degli isolati rilevati riflette un'ampia epidemiologia che coinvolge sia l'ambiente ospedaliero che comunitario; in alcuni casi gli animali domestici sembrano avere un ruolo come serbatoio. Il ritrovamento di STs tipici di animali dovrebbe indurre ad esaminare meglio la relazione tra ceppi di diversa provenienza: ulteriori indagini epidemiologiche che coinvolgano altri settori della Sanità Pubblica sono necessarie.