

**TIPIZZAZIONE MOLECOLARE DI BURKHOLDERIA CEPACIA COMPLEX IN PAZIENTI CON FIBROSI CISTICA**

A. Teri<sup>1</sup>, S. Sottotetti<sup>1</sup>, D. Girelli<sup>1</sup>, A. Biffi<sup>1</sup>, C. Vignati<sup>1</sup>, M. D'accico<sup>1</sup>, A. Dodaro<sup>1</sup>, A. Maraschini<sup>1</sup>, M. Arghittu<sup>1</sup>, L. Cariani<sup>1</sup>

<sup>1</sup>UOC, Laboratorio Centrale, UOS Microbiologia e Microbiologia Fibrosi Cistica, Fondazione IRCCS Ca' Granda, Ospedale Maggiore Policlinico, Milano

**INTRODUZIONE**

La Burkholderia cepacia complex (Bcc) è responsabile di infezioni respiratorie severe in pazienti (pz) affetti da Fibrosi Cistica (FC). Al Bcc appartengono 17 specie genomiche, definite "Genomovar". La patogenicità dipende dalla specie di Bcc che colonizza il polmone del paziente. Il Genomovar III è quello maggiormente isolato in pazienti FC e rappresenta la sottospecie più patogena in quanto causa forme di polmonite necrotizzante, accompagnate da uno stato settico definito "Sindrome da Cenocepacia" e rappresenta criterio di esclusione per trapianto di polmone. Lo scopo dello studio è stato quello di effettuare un'indagine retrospettiva (2005-2015) sulla prevalenza di Bcc in pz che afferiscono al Centro Regionale di Riferimento FC di Milano, l'epidemiologia dei Genomovar maggiormente isolati e la variabilità negli anni.

**METODI**

Ad oggi afferiscono al CRRFC 838 pz, 24 (età mediana 29 anni) dei quali mostrano un'infezione cronica da Bcc. Lo studio retrospettivo è stato eseguito su 156 ceppi batterici (un ceppo all'anno per ogni paziente dalla prima colonizzazione) isolati dalle basse vie respiratorie in un periodo compreso tra il 2005 ed il 2015. I campioni delle basse vie aeree sono stati seminati dopo opportuna fluidificazione sul terreno selettivo per Bcc (incubazione a 37°C per 72 ore). I ceppi, identificati come Bcc utilizzando test biochimici (MicroScan WalkAway plus System®, Beckman Coulter), sono stati congelati a -80°C per una successiva indagine molecolare mediante sequenziamento del gene housekeeping recA. Le sequenze geniche ottenute sono state confrontate con quelle già presenti nel database GenBank, determinando così una precisa tipizzazione e discriminazione dei differenti Genomovar.

**RISULTATI**

La prevalenza di Bcc, nel periodo preso in esame, ha registrato un incremento graduale negli anni (1.1 % nel 2005 al 2.9% nel 2015) e si è evidenziata la presenza di 7 genomovar su 17 ad oggi noti. La prevalenza delle diverse sottospecie nei 24 pz cronici risulta essere così distribuita : B. cenocepacia Genomovar III 45.8%, B. stabilis Genomovar IV 16.7%, B. multivorans Genomovar II 12.7%, B. cepacia Genomovar I e B. vietnamensis Genomovar V 8.34% ciascuna, B. seminalis BCC7 e B. metallica BCC8 4.16% ciascuna. Tutti i pazienti hanno mantenuto lo stesso genomovar acquisito alla prima infezione.

**CONCLUSIONI**

La prevalenza di Bcc osservata negli anni nel nostro centro è in linea con i dati della letteratura nazionale e internazionale. Le infezioni sono sostenute principalmente da B. cenocepacia Genomovar III (45,8%). L'analisi retrospettiva dei 156 ceppi, evidenzia un'affinità del paziente verso un particolare Genomovar che rimane invariato nel tempo a partire dalla prima colonizzazione.

Si considera dunque la tipizzazione molecolare informazione fondamentale per il clinico per una migliore gestione terapeutica del pz.