

MULTILOCUS SEQUENCE TYPING CORE GENOME VS PULSED-FIELD-GEL-ELECTROPHORESIS: TIPIZZAZIONE MOLECOLARE IN STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTI ALLA METICILLINA (MRSA).

A. Trovato¹, C. Riva¹, R. Baldan¹, F. Gona¹, D. Cirillo¹

¹*Division of Immunology, Transplantation and Infectious Diseases - Emerging Bacterial Pathogens Unit - San Raffaele Scientific Institute*

INTRODUZIONE

La tipizzazione molecolare è parte integrante della sorveglianza delle infezioni e delle indagini epidemiologiche, per tale motivo stabilire il grado di correlazione genetica di due o più isolati e rilevare rapidamente le dinamiche di trasmissione è centrale per il controllo delle Infezioni Correlate all'Assistenza (ICA). In particolare, gli isolati di *Staphylococcus aureus* resistenti alla meticillina (MRSA), appartenenti ad un unico lineage, sono spesso indistinguibili mediante tecniche di tipizzazione convenzionali come Pulsed-Field-Gel-Electrophoresis (PFGE). Il sequenziamento completo del genoma (Whole-Genome-Sequencing, WGS) ha la capacità di confrontare i diversi genomi con la risoluzione di un singolo nucleotide, consentendo un'accurata caratterizzazione degli eventi di trasmissione. Scopo del nostro studio è stato confrontare i risultati ottenuti dal WGS con i profili di tipizzazione mediante PFGE per migliorare la rilevazione di trasmissione di MRSA e fornire una rapida analisi nella pratica clinica di routine.

METODI

Tutti gli MRSA (n=83) isolati da pazienti ricoverati presso l'Ospedale San Raffaele dal 01/01/2016 al 30/06/2016 sono stati sequenziati mediante Illumina MiniSeq e analizzati mediante il software SeqSphere+ (Ridom, Germany) che utilizza un sistema di tipizzazione basato su profili allelici di sequenze dell'intero genoma definito Multilocus Sequence Typing core genome (cgMLST). Gli stessi ceppi sono stati tipizzati mediante PFGE ed i profili analizzati mediante Bionumerics (Applied, Maths).

RISULTATI

Abbiamo analizzato le sequenze ottenute per definire il sequence type (ST): 55/83 appartenevano a ST22, 28 si distribuivano all'interno di altri ST (ST5, ST1, ST6, ST30, ST45, ST228, ST88, ST125, ST8). Tramite l'analisi filogenetica basata sul cgMLST è stato possibile rivelare 7 casi di trasmissione appartenenti al ST22 ed 1 appartenente al ST5. L'analisi dei profili di PFGE mostrava 10 differenti patterns (A, B, C, D, E, F, O, U, R, S) all'interno dello stesso ST22. Andando a confrontare i risultati delle due metodiche nell'individuazione di eventi di trasmissioni abbiamo trovato completa concordanza tra i profili di PFGE e l'indagine epidemiologica effettuata dal Comitato di controllo per le infezioni (CIO). In 24 casi, invece la probabile trasmissione identificata con la PFGE non è stata confermata mediante cgMLST e successiva indagine epidemiologica.

CONCLUSIONI

Il confronto tra le due metodiche ha mostrato che cgMLST ha correttamente identificato gli eventi di trasmissione e che eventi di probabile trasmissione tra casi che condividono lo stesso tipo di clone possano essere confutati, indicando quindi il vantaggio e il maggior potere di risoluzione che può fornire il sequenziamento sulle strategie di tipizzazioni già esistenti. La conferma della trasmissione migliora le misure di controllo delle infezioni di MRSA e i risultati del paziente nella pratica clinica di routine, riducendo il rischio di ulteriori eventi di trasmissione.