P112

Infezioni ospedaliere

UTILIZZO DI METODICHE MOLECOLARI PER LA GENOTIPIZZAZIONE DI CEPPI CLINICI DI SERRATIA MARCESCENS

G. Forbicini [4], N. Nanni [4], R. Magnani [4], G. Fregni Serpini [4], S. Tagliazucchi [4], E. Vecchi [1], M. Barbieri [1], R. Gargiulo [3], V. Ciccarese [2], S. Giordani [2], W. Gennari [4], A. Grottola [4], M. Pecorari [4]

[1]*Igiene Ospedaliera, Azienda Ospedaliero-Universitaria Policlinico Modena*

[2]*Igiene Ospedaliera, Azienda USL Modena*

[3]*Laboratorio Provinciale di Microbiologia Clinica, Ospedale Civile S. Agostino Estense Azienda USL Modena*

[4]*Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliero-Universitaria Policlinico Modena*

INTRODUZIONE

Episodi epidemici causati da Serratia marcescens sono stati descritti in diversi reparti ospedalieri con una frequenza che varia in funzione delle caratteristiche dei pazienti, dall'intensità di cura, durata e frequenza del ricovero. Pertanto, al fine di migliorare la velocità di riconoscimento degli eventi epidemici, delle sorgenti di infezione e delle vie di trasmissione dei patogeni coinvolti, l'approccio molecolare è da considerarsi indispensabile per fornire informazioni esaustive per una corretta definizione del quadro epidemiologico.

In questo studio, è stata condotta un'indagine molecolare su ceppi di S. marcescens isolati da pazienti ricoverati in diversi reparti dell'Ospedale Civile S. Agostino-Estense e in altre strutture della provincia di Modena nel periodo Gennaio-Ottobre 2016.

METODI

Sono stati analizzati 28 ceppi clinici di S. marcescens, isolati da 19 campioni respiratori, 4 campioni di sangue, 2 campioni di liquor, 1 campione di frammento osseo di 24 pazienti. I campioni sono stati sottoposti a indagini microbiologiche di routine e i ceppi isolati sono stati genotipizzati mediante l'uso delle metodiche Random Amplification of Polymorphic DNA-PCR (RAPD-PCR), Arbitrarily Primed-PCR (AP-PCR) e Restriction Fragment Lenght Polymorphism-PCR (RFLP-PCR) previa estrazione del DNA partendo dalle colonie degli isolati.

RISULTATI

Dall'analisi di genotipizzazione eseguita sui 28 ceppi sono stati identificati: 22 ceppi isolati da 22 pazienti con profili tutti diversi tra di loro; 2 ceppi isolati da due diversi distretti corporei di uno stesso paziente con lo stesso profilo, ma diverso dagli altri; 2 ceppi isolati da due distretti corporei di uno stesso paziente con lo stesso profilo, ma diverso dagli altri; 3 ceppi isolati da diversi distretti corporei di uno stesso paziente con lo stesso profilo, ma diverso dagli altri.

CONCLUSIONI

In questo studio, la tipizzazione molecolare ha permesso di definire la correlazione tra i ceppi di S. marcescens coinvolti. Le metodiche molecolari usate per la genotipizzazione degli isolati si sono dimostrate altamente discriminati e riproducibili e hanno fornito risultati concordanti e sovrapponibili. L'analisi dei profili genotipici, unitamente ai dati fenotipici ed epidemiologici, ha permesso di escludere una relazione clonale tra di loro e di conseguenza un qualsiasi coinvolgimento in un possibile evento epidemico.