P113

Infezioni ospedaliere

TIPIZZAZIONE FENOTIPICA CON METODICA MALDI-TOF MS DI CEPPI DI KLEBSIELLA PNEUMONIAE MDR: CORRELAZIONE CON ANTIBIOTICO RESISTENZA

R. De Nittis [2], A. Carretta [1], A. Trecca [2], V. Delli Carri [2], T. Rollo [2], M.R. Lipsi [2], A. Di Taranto [2], T. Santantonio [1], R. Antonetti [2]
[1]*UOC Malattie Infettive Universitarie AOU OO.RR Foggia*
[2]*UOC Laboratorio Centrale SS Microbiologia AOU OO.RR Foggia*

INTRODUZIONE

Nella stessa popolazione batterica esiste un'ampia diversità costituita da numerose sotto-popolazioni geneticamente uniformi (cloni), che riflettono la divergenza evolutiva derivante da mutazioni e trasferimento di geni. Patogeni geneticamente correlati hanno caratteri significativamente più simili rispetto a patogeni non correlati. I batteri possono essere tipizzati con diversi metodi, fenotipici e genotipici. Lo scopo di questo studio è quello di valutare la diffusione epidemiologica, mediante MALDI-TOF MS (Matrix Assisted Laser Desorption/Ionization Laser) , di nuovi ceppi di Klebsiella pneumoniae MDR invasivi che presentano un diverso profilo di antibiotico resistenza.

METODI

In un periodo limitato (febbraio - maggio 2017) prima in Rianimazione e successivamente anche in altri reparti di Terapia Intensiva e della Medicina dell' AOU OO.RR. di Foggia ci sono stati n. 9 casi di sepsi causate da ceppi di Klebsiella pneumoniae produttori di carbapenemasi: n.8 ceppi presentavano un profilo di antibiotico resistenza (Phoenix 100, Beckton Dickinson) diverso da quello dei ceppi usualmente isolati nei reparti della nostra Azienda. Tali nuovi ceppi (n.8), infatti, mostravano resistenza alla colistina (MIC >4) e sensibilità al trimetoprim-sulfametossazolo (MIC≤1/ 19); invece un unico ceppo come quelli endemici in Azienda, mostrava sensibilità alla colistina (MIC ≤ 1) e resistenza al trimetoprim-sulfametossazolo(MIC>4/76). Tutti gli isolati sono stati testati geneticamente (Gene-Xpert Carba-R assay). L'estrazione ha seguito la procedura standard, e per l'analisi è stato utilizzato lo spettrometro di massa MALDI -TOF MS MicroflexTM LT (Bruker). Per ciascun ceppo sono stati effettuati 16 replicati al fine di minimizzare gli effetti casuali. Gli spettri prodotti sono stati analizzati con il software ClinProt Tools 3.0 per la costruzione di un dendrogramma riassuntivo e di un grafico statistico di PCA (Principal Component Analysis).

RISULTATI

Tutti i ceppi sono risultati essere geneticamente positivi per il gene bla KPC, mentre dal dendrogramma e dall'analisi di PCA sono risultati due diversi cloni. N. 8 ceppi con il nuovo profilo di resistenza appartengono ad un unico clone, mentre il ceppo, con profilo di resistenza uguale ai ceppi precedentemente isolati nella realtà epidemiologica della nostra Azienda appartiene ad un diverso clone.

CONCLUSIONI

La tipizzazione fenotipica con lo spettrometro di massa MALDI -TOF MS MicroflexTM LT si conferma essere un utile, rapido, semplice, poco costoso strumento per l'identificazione di un evento epidemico. Nell'evento studiato il caso indice proveniva dalla Rianimazione di un diverso nosocomio, per cui la capacità di identificare cloni specifici di una determinata specie di patogeni rappresenta un importante ausilio nello sviluppo razionale di efficaci misure di prevenzione e controllo delle infezioni associate alle pratiche assistenziali.