P114

Infezioni ospedaliere

EVENTO EPIDEMICO DA ST16 KLEBSIELLA PNEUMONIAE NDM- ED OXA-48-TYPE CO-PRODUTTORE NEL NORD ITALIA

V. Mattioni Marchetti [2], V. Biscaro [1], L. Campion [1], M. Francescon [1], M. Caltagirone [2], F. Novazzi [2], E. Nucleo [2], R. Migliavacca [2], L. Pagani [2], R. Rigoli [1]

[1]*Lab. Microbiologia, Azienda ULSS n.2 Marca Trevigiana, Treviso, Italia*

[2]*Unità di Microbiologia e Microbiologia Clinica, Dipartimento SCCDP, Università di Pavia, Pavia*

INTRODUZIONE

Klebsiella pneumoniae carbapenemasi produttore rappresenta uno dei patogeni MDR di maggiore impatto a livello globale. Isolati di K. pneumoniae NDM produttori sono stati rilevati raramente in Italia. Scopo del lavoro era caratterizzare K. pneumoniae NDM- ed OXA-48-type produttori, responsabili di un outbreak nel Nord Italia.

METODI

Nel periodo Settembre 2016 - Marzo 2017 sono stati raccolti, da sei reparti dell'Ospedale di Treviso e da quattro Strutture Sanitarie limitrofe, n=32 isolati non ripetuti di K. pneumoniae. Identificazione ed antibiogramma sono stati ottenuti mediante MALDI-TOF (Biomerieux) e sistema MICROMIC (Merlin). Lo screening delle carbapenemasi è stato effettuato con XpertCarba-R System (Cepheid). L'identificazione dei determinanti β-lattamasici è stata completata mediante PCR e microarray Check-Points MDRCT103XL. PFGE, MLST e PCR-based replicon typing (Diatheva) sono stati utilizzati per la caratterizzazione molecolare.

RISULTATI

Nel periodo Settembre 2016-Marzo 2017 presso l'Ospedale di Treviso (3600 ricoveri/anno), n=32 pazienti (età media 76 anni) sono risultati positivi a colonizzazione e/o infezione da K. pneumoniae produttore di carbapenemasi di classe B, D o entrambe. I 32 ceppi, che provenivano da tampone rettale (n=18), urina (n=9), sangue (n=4) e biopsia tessutale (n=1), sono risultati clonali mediante PFGE. I determinanti di resistenza ai carbapenemi identificati erano: blaNDM-type (n= 14), blaNDM-+OXA-48-type (n=16) e blaOXA-48-type (n=2). Il clone epidemico, isolato in data 05-09-2016 da emocoltura di paziente in reparto chirurgico, mostrava positività ai geni blaCTX-M-15, blaNDM-type, blaSHV(WT) e blaTEM (WT). Il ceppo, MDR, manteneva sensibilità solo a colistina e tigeciclina. Nel periodo Settembre - Ottobre 2016, tale clone, blaOXA-48-type, blaCTX-M-15 e blaTEM (WT) e blaSHV (WT)-positivo, circolava nei reparti di Chirurgia e Cardiologia.

La co-presenza di blaNDM- e blaOXA-48-type si è manifestata nel ceppo (KL7DVE) da Febbraio 2017. L'isolato, proveniente da paziente setticemico in Medicina Interna e successivamente trasferito in reparto Post Acuzie, si è diffuso rapidamente. L'analisi plasmidica ha rilevato molteplici gruppi di Incompatibilità: Inc F, Inc A/C, IncFIIk; IncFII ed IncT, mentre l'MLST, effettuato su 3/32 ceppi rappresentativi dei diversi assetti genici, ha permesso l'identificazione dell'unico ST16.

CONCLUSIONI

Lo studio descrive il primo evento epidemico di ampie dimensioni causato da ST16 K. pneumoniae NDM ed OXA-48-type co-produttore, in Italia. L'elevato potenziale di diffusione già mostrato da ST16 NDM-produttore in Paesi quali Danimarca e Croazia, rende necessario implementare misure di controllo sul territorio.