

**WAUTERSIELLA FALSENII: UN NUOVO PATOGENO EMERGENTE?**

C. Giordano<sup>2</sup>, M. Falleni<sup>2</sup>, A. Capria<sup>2</sup>, F. Caracciolo<sup>1</sup>, M. Petrini<sup>1</sup>, S. Barnini<sup>2</sup>

<sup>1</sup>U.O. Ematologia Univ., Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana, Pisa

<sup>2</sup>U.O. Microbiologia Univ., Azienda Ospedaliero-Universitaria Pisana, Pisa

**INTRODUZIONE**

*Wautersiella falsenii* è un bacillo Gram negativo, della famiglia delle Flavobacteriaceae, aerobio, immobile, non fermenta il lattosio, è positivo per la produzione di catalasi, ureasi e indolo. *W. falsenii* è, ad oggi, l'unica specie conosciuta del genere *Wautersiella*. Kämpfer et al. nel 2006 hanno descritto 2 genomovar, detti 1 e 2, per giustificare due gruppi di batteri isolati da campioni clinici, fenotipicamente indistinguibili, ma genotipicamente differenti. Di recente, Zhang et al. (2014) hanno proposto una riclassificazione del genere *Wautersiella* in *Empedobacter* per similitudine delle caratteristiche biochimiche e fenotipiche. Lo scopo del nostro lavoro è stata la caratterizzazione fenotipica e genotipica di un isolato di *W. falsenii* da un campione respiratorio di un paziente affetto da leucemia linfoblastica.

**METODI**

Il paziente, di origine pakistana, fu ricoverato, in buone condizioni cliniche, per le procedure di preparazione all'autotrapianto di midollo, poi impedito da un improvviso riacutizzarsi della malattia; è stato quindi sottoposto a chemioterapia e, a causa di alcuni episodi infettivi, a diversi trattamenti antibiotici. Il campione respiratorio è stato seminato sui comuni terreni di coltura, sia ricchi che selettivi e differenziali, ed incubato a 37 °C. L'identificazione è stata effettuata dalle colonie cresciute dopo 24 ore tramite spettrometria di massa, con il metodo di desorbimento/ionizzazione laser assistito da matrice (MALDI-TOF MS), ed è stata confermata tramite PCR sul gene che codifica per l'rRNA ribosomiale 16S, esaminata con il software ARB, database Silva 104. L'antibiogramma è stato eseguito in broddiluizione (Sensititre, Thermo Fischer Scientific), e le MIC sono state interpretate usando i breakpoint EUCAST 2014.

**RISULTATI**

L'identificazione tramite MALDI-TOF MS ha evidenziato la presenza di *W. falsenii* con uno score di 1,94. L'analisi filogenetica del ceppo isolato ha evidenziato che questo forma un cluster ben definito con *W. falsenii* subsp. genomovar 2. L'antibiogramma ha mostrato uno spettro di suscettibilità caratteristico dei batteri ambientali: il ceppo era sensibile solo a cefepime ( $\leq 1\mu\text{g/ml}$ ) ed a trimetoprim/sulfametossazolo ( $\leq 0,5\mu\text{g/ml}$ ).

**CONCLUSIONI**

Dal 2006, sono stati isolati 26 ceppi da campioni clinici. Nel 2010, è stato isolato *W. falsenii* subsp. genomovar 1 da un tappeto ed è stato descritto come un sospetto patogeno. Nel 2012, fu isolato per la prima volta da urine di un bambino con infezione urinaria. Nello stesso anno, *W. falsenii* fu isolato da un campione respiratorio di un paziente affetto da fibrosi cistica, senza apparente significato clinico. Questo studio evidenzia il primo isolamento di *W. falsenii* subsp. genomovar 2 da un campione respiratorio. Saranno necessari ulteriori approfondimenti per poter attribuire un significato patologico certo all'isolamento di questo germe da campioni clinici; tuttavia, il suo ritrovamento in un paziente immunocompromesso e sotto terapia antibiotica fa ipotizzare che *W. falsenii*, soprattutto in relazione alla sua naturale resistenza a molti antibiotici, possa rappresentare un patogeno opportunisto emergente.