

DIVERSITÀ DELLA POPOLAZIONE DI P. AERUGINOSA IN PAZIENTI AFFERENTI AL CENTRO REGIONALE PER LA FIBROSI CISTICA DEL FRIULI-VENEZIA GIULIA

A. Milan², V. Petix³, M. Maschio¹, C. Lagatolla², R. Bressan², L. Dolzani²

¹*Centro Regionale per la Diagnosi e la Cura della Fibrosi Cistica, IRCCS Materno Infantile "Burlo Garofolo", Trieste*

²*Dipartimento Scienza della Vita, Università degli Studi di Trieste, Trieste*

³*IRCCS Materno Infantile "Burlo Garofolo", Trieste*

INTRODUZIONE

Pseudomonas aeruginosa è la causa predominante di infezioni croniche fatali in pazienti con fibrosi cistica (FC). Nonostante sia comunemente accettato che molte infezioni vengano acquisite dall'ambiente, sono stati descritti numerosi casi di trasmissione tra paziente e paziente, sia in ambiente clinico (ospedale, centri di riabilitazione), che al di fuori di questo. Inoltre, è ben documentata l'esistenza di ceppi trasmissibili con potenziale patogeno molto elevato, che richiedono l'applicazione di pronte misure di controllo. E' quindi molto importante condurre una costante sorveglianza dei ceppi che infettano i pazienti, in modo da accertare tempestivamente la presenza/diffusione di ceppi potenzialmente problematici.

Questo studio riferisce i primi risultati di un monitoraggio effettuato su *P. aeruginosa* isolati da pazienti FC afferenti al centro di riferimento del Friuli-Venezia Giulia.

METODI

Tutti gli isolati sono stati raccolti nel 2015 presso il Laboratorio dell'IRCCS Burlo Garofolo di Trieste, da una decina di pazienti afferenti al Centro Regionale per la Diagnosi e la Cura della Fibrosi Cistica. Poiché lo stesso paziente può albergare varianti fenotipiche di uno stesso ceppo, o più ceppi diversi, da ciascun espettorato sono state isolate ed analizzate diverse colonie. Inoltre, da alcuni pazienti sono stati raccolti 2-3 campioni di espettorato successivi. La tipizzazione è stata eseguita mediante macrorestrizione del genoma con SpeI, seguita dalla risoluzione dei frammenti con PFGE. Gli antibiogrammi sono stati eseguiti mediante Vitek.

RISULTATI

I profili PFGE di isolati provenienti dallo stesso paziente si sono rivelati identici o con differenze minime, sia nell'ambito dello stesso campione di espettorato, sia quando erano stati raccolti da espettorati successivi. Al contrario, sia la morfologia delle colonie che gli antibiogrammi dimostravano un alto grado di variabilità. Ad ogni paziente era associato un profilo PFGE peculiare.

CONCLUSIONI

I risultati della genotipizzazione dimostrano che ciascun paziente, tra quelli considerati, è infettato da un solo ceppo e che non c'è stata trasmissione tra pazienti. Tuttavia, gli isolati mostrano un certo grado di diversificazione intrapaziente per quanto riguarda la presenza di antibiotico-resistenze. L'analisi di espettorati successivi, anche se per ora raccolti in un arco di tempo limitato, ha dimostrato la persistenza sia delle varianti sensibili che di quelle resistenti.