

**VALUTAZIONE DEL SISTEMA EAZYPLEX® PER LA RILEVAZIONE DI CARBAPENEMASI,  $\beta$ -LATTAMASI A SPETTRO ESTESO TIPO CTX-M, E DEI GENI MEC DIRETTAMENTE DAI FLACONI DI EMOCOLTURA.**

T. D'inzeo<sup>1</sup>, B. Fiori<sup>1</sup>, M. Andrenacci<sup>1</sup>, G. Menchinelli<sup>1</sup>, F.M. Liotti<sup>1</sup>, G. Spinelli<sup>1</sup>, F. De Maio<sup>1</sup>, G. Quaranta<sup>1</sup>, M.F. Ventriglia<sup>1</sup>, A. Giaquinto<sup>1</sup>, G. De Angelis<sup>1</sup>, M. Sanguinetti<sup>1</sup>, T. Spanu<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Istituto di Microbiologia, Università Cattolica del Sacro Cuore, Roma

**INTRODUZIONE**

La crescente diffusione in diversi ospedali italiani di Enterobacteriaceae produttrici di  $\beta$ -lattamasi a spettro esteso, e/o di carbapenemasi, e di *Acinetobacter baumannii* resistente ai carbapenemici, insieme con il perdurare di alti tassi di resistenza alla meticillina in *Staphylococcus aureus* riveste particolare importanza in quanto le infezioni sistemiche da essi causate sono gravate da maggiore mortalità e incremento della spesa sanitaria rispetto a quelle causate da ceppi sensibili. L'identificazione dei geni che codificano per tali resistenze è essenziale per il rapido ed efficace trattamento di queste infezioni. Alcuni recenti studi clinici riportano che il nuovo sistema commerciale eazyplex (Amplex) fornisce risultati accurati per la rilevazione dei geni codificanti le carbapenemasi tipo KPC, NDM, VIM, OXA-48, OXA-23, OXA-40 e OXA-58, e le  $\beta$ -lattamasi a spettro esteso tipo CTX – M (M1 e M9) in ceppi di collezione. In questo studio è stata valutata l'accuratezza del nuovo sistema per l'identificazione di questi geni e dei geni mec direttamente dai flaconi di emocolture.

**METODI**

Lo studio è stato condotto presso il laboratorio di Microbiologia del Policlinico "Agostino Gemelli" (Roma) durante il periodo dicembre 2014-giugno 2015. Nella prima fase dello studio sono state analizzate 40 emocolture inoculate con ceppi precedentemente caratterizzati. Nella seconda parte dello studio sono state analizzate le brodoculture (una per paziente) nelle quali l'identificazione diretta eseguita mediante spettrometria di massa (Bruker BioTyper) rivelava la presenza di *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* o *Staphylococcus aureus*. Le sensibilità e specificità del metodo sono state calcolate rispetto ai risultati ottenuti con metodi molecolari (PCR e sequenziamento) sui ceppi isolati dalle subcolture.

**RISULTATI**

Sono stati analizzate complessivamente 300 emocolture di cui 260 prelevate da pazienti ospedalizzati. La sensibilità e la specificità delle emocolture simulate erano entrambe pari al 100%. Dei 260 campioni clinici, 127 erano positivi per *E. coli* (52 produttori di enzimi tipo CTX-M), 72 erano positive per *K. pneumoniae* (7 produttori di CTX-M, 25 produttori di KPC, e 2 produttori di VIM), 12 erano positive per *A. baumannii* (11 produttori di OXA-23) e 49 erano positive per *S. aureus* (30 mecA-positivi). Le sensibilità per la rilevazione delle blaCTX-M, delle carbapenemasi e dei geni mecA sono risultate pari al 100%, con 5 falsi positivi (4 CTX-M e 1 mecA). Per contro, non si osservava alcuna discordanza rispetto al metodo di riferimento quando i ceppi sono stati saggiati dopo isolamento dalle subcolture.

**CONCLUSIONI**

I risultati, disponibili in 40 min (mediana), suggeriscono che questo approccio è rapido e affidabile per la rilevazione delle CTX-M, delle principali carbapenemasi e del gene mecA direttamente dai flaconi di emocolture.