P131

BATTERIOLOGIA

TIPIZZAZIONE MOLECOLARE DEI PLASMIDI DI RESISTENZA IN ENTEROBATTERI MULTI-DRUG-RESISTANT (MDR) ISOLATI NELL'UNITà DI TERAPIA INTENSIVA

M. Agosta [1], L. Mancinelli [1], M. Argentieri [1], L. Pansani [1], B. Lucignano [1], M. Onori [1], A.M. Sisto [1], M.T. D'Urbano [1], V. Cetra [1], A. Angelaccio [1], F. Bubola [1], F. Di Leva [1], G. Ferri [1], S. Tredici [1], P. Bernaschi [1]

[1]*UOS di Microbiologia, Dipartimento dei Laboratori, Ospedale Pediatrico Bambino Gesù, IRCCS, Roma*

INTRODUZIONE

L'Unità di Terapia Intensiva (UTI) è un setting assistenziale complesso dove la disseminazione di microrganismi MDR può verificarsi con particolare frequenza e gravi rischi per i neonati. La prevenzione e il controllo è cruciale in considerazione delle caratteristiche di estrema vulnerabilità dei pazienti e delle limitate opzioni terapeutiche.
L'obiettivo di questo studio è quello di valutare la clonalità e il trasferimento orizzontale di geni di resistenza tra ceppi non correlati geneticamente, mediante comparazione del contenuto plasmidico attraverso PCR based replicon typing (PBRT), con lo scopo di effettuare la sorveglianza e tracciare l'epidemiologia di Enterobatteri MDR circolanti all'interno della UTI.

METODI

L'analisi è stata svolta in maniera retrospettiva su una collezione selezionata di Enterobatteri produttori di carbapenemasi (CPE), isolati da tamponi rettali di sorveglianza di neonati ricoverati nel reparto di Terapia Intensiva dell'Ospedale Pediatrico Bambino Gesù. Gli isolati sono stati identificati mediante spettrometria di massa (Bruker Daltonics), testati per l'antibiotico suscettibilità con Vitek 2 automatic system e caratterizzati per la ricerca di geni di resistenza ai carbapenemi con sistema Xpert Carba-R (Cepheid). Sono stati quindi sottoposti a indagine con PBRT che rileva il contenuto plasmidico batterico mediante PCR e lo assegna a famiglie specifiche sulla base del riconoscimento delle loro sequenze di replicazione, visualizzati con elettroforesi su gel.

RISULTATI

Sono stati analizzati 18 isolati con metodo PBRT. Il diverso contenuto plasmidico ha messo in evidenza parecchie varianti: risultano esserci un clone maggiore sia per Klebsiella pneumoniae che per Escherichia coli, i microrganismi più diffusi nel reparto. I cloni maggiormente ricorrenti hanno un contenuto plasmidico conservato basato su FIIK, FIBKQ (pKpQIL) e FIBKN (pKPN3), spesso associati alla presenza di KPC. Ricorre anche R in associazione a FIIK, come descritto nel plasmide pKPN101-IT. Sempre in K. pneumoniae la presenza del gene NDM è legata all'Inc type A/C, mentre il gene OXA-48 è associato all'Inc L group. In E. coli, dove è predominante la presenza di NDM, si ritrovano sia Inc A/C che FII, così come il gene VIM è correttamente associato all'Inc group A/C. Sono stati individuati 8 profili diversi sulla base dei profili PBRT, diversamente distribuiti tra i 18 isolati analizzati.

CONCLUSIONI

Ulteriori approfondimenti sono in corso per l'applicazione di PBRT su un più ampio numero di campioni e per individuare con tecniche di sequenziamento genico il sequence type (ST) dei cloni circolanti nella nostra realtà ospedaliera.