P162

INFEZIONI CORRELATE ALL'ASSISTENZA (ICA)

ESCHERICHIA COLI KPC-2/3, OXA-181, E VIM-1 PRODUTTORI DA UNA RESIDENZA SANITARIA ASSISTENZIALE ITALIANA

V. Mattioni Marchetti [1], M.V. Francescon [1], F. Marchesini [1], M. Mancinelli [1], F. Lattanzi [1], A. Mercato [1], E. Fogato [2], E. Nucleo [1], R. Migliavacca [1]

[1]*Dip. SCCDP, Unità di Microbiologia e Microbiologia Clinica, Università di Pavia, Pavia*

[2]*Lab. di Microbiologia Clinica, Azienda Servizi alla Persona "Golgi-Redaelli", Milano*

INTRODUZIONE

Il controllo dei reservoir è parte del Progetto Nazionale di sorveglianza/contenimento dei microrganismi MDR. Scopo del lavoro è stato i) identificare ii) caratterizzare Escherichia coli carbapenemasi-produttori raccolti nel periodo di sette mesi dall'RSA ASP "Golgi-Redaelli" dell'area Milanese.

METODI

Nel periodo 10/02/17-13/09/18 sono stati raccolti 14 E. coli MDR ertapenem o imipenem non sensibili. Identificazione batterica ed antibiogramma sono stati eseguiti mediante Vitek-2 e confermati con Microscan Autoscan-4. Le MIC per colistina e fosfomicina sono state valutate con brodo-microdiluizione (UMIC CO) ed agar diluizione, rispettivamente (EUCAST 2019). Identificazione dei determinanti di resistenza ai carbapenemi, altre ESβL e loro associazione a geni per enzimi bifunzionali sono state valutate mediante PCR, microarray e sequenziamento. Gruppo filogenetico e clonalità sono state indagate mediante multiplex-PCR, PFGE e MLST. La caratterizzazione plasmidica è stata ottenuta con PBRT-kit (Diatheva).

RISULTATI

Sono stati identificati 254 microrganismi Gram-negativi MDR, di cui 14 E. coli. Questi ultimi, ottenuti da pazienti diversi (80% femmine), provenivano da urina (n=10/14) e tamponi rettali (n=4/14). Il fenotipo di resistenza comprendeva: cefalosporine di terza generazione, fluorochinoloni, aminoglicosidi e cotrimossazolo nel 100%, 86%, 78,6% e 57,1% degli E. coli, rispettivamente. Gli isolati erano sempre sensibili a colistina, fosfomicina e tigecilina; nell'86% dei casi ceftazidime-avibactam mostrava effetto sinergico. I geni identificati con sequenziamento comprendevano: blaVIM-1 (n=2), blaKPC-2 (n=6), bla KPC-3 (n=1), blaOXA-181 (n=5). Nessun isolato è risultato co-produttore di differenti carbapenemasi; i geni blaSHV-5 (n=1), blaCTX-M-type (n=6), ed aac-(6')Ib-cr (n=8) co-esistevano. La PFGE ha evidenziato otto profili differenti (A-H); il clone A è risultato appartenere all'ST-69; i cloni B, C, E all'ST-131; i cloni D, F all'ST-410; il clone G all'ST-1288 ed il clone H all'ST-648. N=6/14 isolati erano di gruppo filogenetico A, n=1/14 di gr. B2 ed infine n=7/14 di gr. D. Il PBRT kit ha mostrato la prevalenza dei repliconi FIA, FIB e FII negli isolati KPC-2/3, X3 negli isolati OXA-181-, B/O ed A/C negli isolati VIM-1- produttori.

CONCLUSIONI

L'identificazione dei geni blaKPC-2/3, OXA-181, e VIM-1 in E. coli sottolinea uno scenario in evoluzione. L'ST131 KPC-2/3 associato è noto a livello globale; ST410 OXA-181-produttore è emergente e ha notevole rischio epidemico. Rari sono attualmente gli E. coli ST648 e ST1288 KPC-2-produttori. La presenza di cloni MDR pandemici indica forte potenziale di disseminazione di antibiotico-resistenza.