P092

BATTERIOLOGIA

MICROBIOTA POLMONARE: ANALISI PRE-POST TRAPAINTO IN UN PAZIENTE CON FIBROSI CISTICA

A. Teri [1], D. Girelli [1], A. Biffi [1], S. Rizzetto [1], M. D'Accico [1], C. Pozzi [1], F. Ceriotti [1], M. Arghittu [1], L. Cariani [1]

[1]*Laboratorio Analisi, UOS Laboratorio di Microbiologia, Fondazione IRCCS CA' Granda, Ospedale Maggiore Policlinico. Milano*

INTRODUZIONE

Il successo del trapianto polmonare in pazienti con Fibrosi Cistica (FC) è fortemente limitato dallo sviluppo di infezioni batteriche e di sindrome bronchiolitica obliterante (BOS). Dati recenti indicano che la composizione del microbiota polmonare differisce nei diversi pazienti trapiantati e che cambia nel periodo post trapianto. E' stato quindi ipotizzato che il cambiamento longitudinale della composizione del microbiota e il prevalere di una singola specie batterica possano giocare un ruolo importante nello sviluppo di BOS.
Descriviamo qui i cambiamenti del microbiota polmonare di una paziente con FC di 23 anni, con infezione cronica da A. xylosoxidans e P.aeruginosa (PA) e sottoposta a trapianto polmonare nel dicembre 2018.

METODI

Nel periodo Dicembre 2018-Febbraio 2019 sono stati raccolti 4 campioni di Lavaggio Broncoalveolare: uno pre rapianto (T0) e tre dopo il trapianto, ad 1 settimana (T1) a 2 settimane (T2) e a 10 settimane (T3).
Ogni campione è stato sottoposto ad indagine microbiologica colturale, secondo le raccomandazioni nazionali della Società Italiana di FC.
Il microbiota è stato valutato analizzando le regioni ipervariabili V3-V4-V6 del gene rDNA 16S, utilizzando il kit AD4Seq (ARROW Diagnostics) su piattaforma Illumina MiSeq. Il software dedicato (che usa Ribosomal Database Project (RDP)) ha permesso l'identificazione a livello di classe, ordine, famiglia, genere e specie dei diversi microrganismi e di calcolarne le abbondanze relative.

RISULTATI

Nel campione T0 il Phylum prevalente è quello dei Proteobacteria (88%) costituito dai generi Achromobacter (70,7%) e Pseudomonas (4,5%).
Al T1 si osserva un incremento dei Phyla Firmicutes (50,4%) e Actinobacteria (24,6%), con una riduzione dei Proteobacteria (16.9%) e dei generi Achromobacter (13.2%) e Pseudomonas (1.1%).
Al T2 si evidenzia una diminuzione di Firmicutes (15,8%) ed Actinobacteria (23,5%), ed un aumento di Proteobacteria (56,3%). L'abbondanza relativa di Achromobacter rimane invariata, mentre aumenta quella del genere Pseudomonas (19,4%).
Al T3 si rileva un ulteriore incremento di Proteobacteria (83%), all'interno del quale il genere Pseudomonas è presente per 51% mentre Achromobacter per lo 0.06%.

CONCLUSIONI

I dati indicano che, dopo una drastica riduzione nell'immediato post trapianto, l'abbondanza relativa del phylum Proteobacteria subisce un graduale incremento fino a tornare, al T3, ai valori iniziali (T0). All'interno di questo phylum, tuttavia, l'abbondanza relativa dei due generi Achromobacter e Pseudomonas si inverte confermando la spiccata capacità di PA di adattarsi rapidamente al polmone post trapianto e di ricolonizzarlo.
Ulteriori studi verranno condotti per valutare l'eventuale correlazione tra la variazione del microbiota e l'outcome clinico ed il possibile sviluppo di BOS.