P134

BATTERIOLOGIA

TRASMISSIONE DI KLEBSIELLA SPP. DALL'AMBIENTE ALLA CLINICA: RISULTATI PRELIMINARI DEL PROGETTO SPARK

C. Merla [4], M. Corbella [2], M. Tallarita [4], C. Ferrari [2], S. Inglese [2], G. Chiappa [1], S. Gaiarsa [3], D. Sassera [1], P. Marone [2]

[1]*Dipartimento di Biologia e Biotecnologie, Università degli Studi di Pavia, Pavia*

[2]*UOC Microbiologia e Virologia, Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Pavia*

[3]*UOC Microbiologia e Virologia, Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Pavia, Italia; Dipartimento di Biologia e Biotecnologie, Università degli Studi di Pavia, Pavia*

[4]*UOC Microbiologia e Virologia, Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Pavia; Scuola di Specializzazione in Microbiologia e Virologia, Università degli Studi di Pavia, Pavia*

INTRODUZIONE

Le infezioni causate dai batteri del genere Klebsiella sono sempre più frequenti, soprattutto in ambito nosocomiale. La plasticità del genoma di Klebsiella spp., lo scambio genico, la presenza di diversi fattori di virulenza come la capsula hanno portato alla diffusione di ceppi multiresistenti.
Questo lavoro mostra i risultati preliminari del progetto Joint Programming Initiative on Antimicrobial Resistance "SpARK" che ha lo scopo di investigare la trasmissione dei cloni di Klebsiella non solo in ambito ospedaliero ma anche nell'ambiente e nella comunità, valutando la distribuzione delle resistenze e virulenze.

METODI

Durante il periodo Luglio 2017 - Settembre 2018, a Pavia e provincia, sono stati raccolti 6548 campioni: feci di pazienti ospedalizzati (Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, ICS Maugeri, Istituto di Riabilitazione e di Cura Santa Margherita), di volontari, feci o tamponi rettali di animali (domestici, da reddito, uccelli, rettili, anfibi e invertebrati), campioni ambientali (piante, acque, suolo e superfici).
Gli isolati, ottenuti dall'arricchimento dei campioni in LB con amoxicillina 10 μg/ml e isolamento su Simmons citrato agar con inositolo 1%, sono stati identificati mediante MALDI-ToF (Bruker). La sensibilità antibiotica è stata valutata con Phoenix (Becton-Dickinson). Il DNA genomico è stato estratto con il kit QIAsymphony DSP Virus/Pathogen e sequenziato con Illumina HiSeq XTen. Kleborate è stato utilizzato per la ricerca dei fattori di virulenza.

RISULTATI

Sono stati isolati 4480 stipiti di Klebsiella spp/Raoultella spp. Il 72.8% (1710/2348) dei campioni umani erano positivi, con frequenza simile tra i campioni dei pazienti ricoverati (68%) e ambulatoriali (71%), mentre nei volontari Klebsiella spp. è stata isolata nel 59% dei campioni. Il 46.9% (1155/2461) dei campioni animali e il 46.2% (847/1833) dei campioni ambientali erano positivi.
Le analisi sono state effettuate finora su 1600 genomi. K. pneumoniae era la specie predominante nei campioni umani, K. grimontii negli animali e R. ornithinolytica nelle piante. Nei 3 ospedali, mediamente l'8.9% (range 6.7%-11%) degli isolati da pazienti è risultato ESBL+, il 4.8% (3.5%-6.6%) resistente a carbapenemi. 11 ceppi erano resistenti alla colistina, 9 dei quali anche a carbapenemi. Tra gli isolati da volontari un solo ceppo (1.6%) era ESBL+. Negli isolati animali e ambientali sono stati riscontrati bassi livelli di virulenza e resistenza e nessun ceppo era produttore di carbapenemasi.

CONCLUSIONI

In futuro verrà eseguito il sequenziamento di terza generazione per generare genomi completi e sequenziare i plasmidi nell'ottica di valutare la trasmissione di plasmidi e la presenza di riarrangiamenti genomici.