P055

BATTERIOLOGIA

ENTEROBATTERI ESBL- E CARBAPENEMASI- PRODUTTORI DA ACQUE SUPERFICIALI DELL'AREA DI PAVIA, NORD ITALIA

M. Spalla [1], F. Marchesini [1], A. Mercato [1], M. Mancinelli [1], V. Mattioni Marchetti [1], G. Pilla [2], R. Sconfietti [2], R. Migliavacca [1], E. Nucleo [1]

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

[2]*Dip. Scienze della Terra e dell'Ambiente, Università di Pavia, Pavia*

INTRODUZIONE

Un sistema idrico contaminato da microrganismi MDR derivanti dalle attività antropiche, può fungere da serbatoio per la diffusione di batteri MDR e/o geni di resistenza. Ciò rappresenta una minaccia per la salute umana ed animale. Scopo del lavoro è stato effettuare uno screening di acque superficiali ed in uscita da impianti di depurazione urbani per la valutazione della presenza di Enterobacterales cefalosporine ad ampio spettro- e/o carbapenemi-resistenti.

METODI

In data 13 e 14/05/2019, sono stati raccolti un totale di n=18 campioni di acqua da siti individuati a monte ed a valle di Pavia: n=5 corsi d'acqua, n=2 sorgenti, n=3 stagni, n=1 scarico fognario ed n=1 impianto di depurazione. Ciascun campione (1mL), dopo filtrazione (membrane 0.45µm), è stato posto sui terreni Plate Count Agar, MacConkey (MCA) e MCA reso selettivo da 0,25 µg/ml di Meropenem (MER), 4 µg/ml di MER, 1 µg/ml di Cefotaxime (CTX) ed infine 2 µg/ml di CTX. Ciascun tipo di colonia cresciuto su MCA selettivo, è stato sottoposto ad identificazione ed antibiogramma mediante sistema semi-automatizzato MicroScan autoSCAN-4 (Beckman Coulter). I profili di sensibilità sono stati interpretati secondo i breakpoints clinici ed epidemiologici EUCAST 2019. L'analisi molecolare è stata effettuata con Microarray CT103XL (Check-points), PCR, sequenziamento, MLST e PFGE.

RISULTATI

Sono stati identificati un totale di 30 Enterobatteri: 21/30 Escherichia coli, 3/30 Klebsiella pneumoniae, 2/30 Citrobacter freundii, 2/30 Kluyvera intermedia, 1/30 K. oxytoca ed 1/30 Enterobacter aerogenes. L'80% (n=24/30, 21 E. coli e 3 K. pneumoniae) degli isolati è risultato ESßL-positivo con autoSCAN-4. Il 19% degli E. coli risultava resistente alla gentamicina, il 71,4% a levofloxacina, il 66,6% a ciprofloxacina, il 42,8% a cotrimossazolo. Tutti gli isolati di K. pneumoniae mostravano resistenza a ciprofloxacina, il 33,3% a levofloxacina, gentamicina e cotrimossazolo. Ventitre/24 isolati con fenotipo ESßL-positivo si sono confermati blaCTX-M-type positivi. Un isolato è risultato albergare i geni blaVEB e blaCMY-DHA mediante Microarray.
Geni di tipo blaTEM/SHV/CTX-M e blaKPC coesistevano in un ceppo di K. pneumoniae MDR, isolato dal torrente Vernavola (a monte del centro urbano).
Uno stipite di E. coli di ST131, è risultato albergare i geni blaCTXM-1, blaCTXM-15-like e blaOXA-244.

CONCLUSIONI

La contaminazione del comparto idrico da parte di Enterobacterales ESßL- e/o carbapenemasi-produttori rappresenta un rischio per la salute umana e sottolinea l'importanza di implementare le azioni di bonifica.