

**CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI CEPPI DI STAPHYLOCOCCUS AUREUS-METICILLINO RESISTENTE (MRSA) IN PAZIENTI FIBROSI CISTICA CON INFEZIONE CRONICA**

S. Sottotetti<sup>1</sup>, A. Teri<sup>1</sup>, D. Girelli<sup>1</sup>, A. Biffi<sup>1</sup>, C. Vignati<sup>1</sup>, R. Sara<sup>1</sup>, M. D'accico<sup>1</sup>, M. Arghittu<sup>1</sup>, L. Cariani<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio Analisi, UOS Laboratorio di Microbiologia, Fondazione IRCCS CA' Granda, Ospedale Maggiore Policlinico, Milano

**INTRODUZIONE**

Il presente studio si propone di valutare la prevalenza di tutti i ceppi di *Staphylococcus aureus*-meticillino resistente (MRSA) isolati da campioni provenienti dalle basse vie aeree di pazienti Fibrosi Cistica (FC) con infezione cronica. Lo studio prevede una caratterizzazione molecolare retrospettiva (2005-2017), l'analisi delle caratteristiche fenotipiche e genotipiche di ciascun isolato, la valutazione della permanenza negli anni di uno stesso profilo molecolare e lo studio della provenienza ovvero se Hospital-Acquired o Community-Acquired (HA-MRSA o CA-MRSA), in modo da incrementare le conoscenze su questo importante patogeno, per una migliore gestione delle infezioni polmonari in pazienti FC.

**METODI**

Degli 892 pazienti seguiti presso il Centro regionale di riferimento della Regione Lombardia della Fibrosi Cistica, 40 (24M e 16F) presentano infezione cronica da MRSA (11%). Tutti i pazienti sono stati monitorati nel tempo (2005-2017) ed è stato analizzato almeno un campione all'anno, a partire dalla prima colonizzazione. Trecentosessanta ceppi sono stati caratterizzati mediante: Multiplex PCR per la determinazione della SCCmec-type, spa-typing, valutazione del Sequence Type (MLST) e sono stati indagati i geni codificanti le tossine stafilococciche (enterotossine, tossine esfoliative, tossina dello Shock-Tossico e tossina di Pantone Valentine).

**RISULTATI**

Dei 360 ceppi di MRSA, 245 (68%) presentano SCCmec type IV (CA-MRSA) e 115 (32%) SCCmec type I (HA-MRSA). Tra gli spa-type ottenuti, quelli con prevalenza maggiore sono stati t008 (27%) e t032 (15%). Mediante l'analisi del Sequence Type ottenuto, tutti gli isolati sono stati clusterizzati in Clonal Complex, dei quali i maggiormente rappresentati sono il CC22 (31%) e il CC8 (37%). Centocinquantesette ceppi (44%) sono risultati produttori di più tossine, in particolare, le enterotossine di tipo A ed E sono state rilevate rispettivamente in 202 e 128 isolati. Soltanto 14 (4%) ceppi presentano i geni della tossina di Pantone-Valentine (PVL) e 14 (4%) la Tossina dello Shock Tossico-1 (tst). Nessun ceppo è risultato produttore di tossine esfoliative.

**CONCLUSIONI**

L'analisi di caratterizzazione molecolare ha evidenziato un'alta prevalenza di CA-MRSA, in particolare la cassetta type IV. Tra gli spa-type ottenuti, quelli con prevalenza maggiore sono t032 e t008, che risultano essere tra i più noti in letteratura, e che, associati a SCCmec type IV riconducono rispettivamente ai cloni UK-EMRSA-15 e USA-300.

Inoltre, i 40 pazienti monitorati nel tempo, risultano colonizzati da ceppi con lo stesso profilo molecolare di quelli acquisiti con la prima infezione.

Come definito da dati di letteratura, ogni ceppo batterico può produrre più di una tossina e l'enterotossina A è quella più frequentemente prodotta da ceppi di MRSA.