

DIFFUSIONE CLONALE DI CEPPI DI ACINETOBACTER BAUMANNII ESTENSIVAMENTE RESISTENTI AI FARMACI (XDR) ALL'INTERNO DI UNITÀ DI TERAPIA INTENSIVA.

G. Lorenzin², F. Caccuri¹, F. Gargiulo¹, G. Piccinelli¹, F. Gurrieri¹, A. Caruso¹, M.A. De Francesco¹

¹Istituto di Microbiologia, MMT, Università degli Studi di Brescia - Spedali Civili, Brescia

²Scuola di specializzazione in Microbiologia e Virologia, Università degli Studi di Milano

INTRODUZIONE

Acinetobacter baumannii è un patogeno ubiquitario resistente a detergenti ed essiccazione nonché responsabile di severe infezioni in ambito nosocomiale; in particolare nelle unità di terapia intensiva (ICU), dove è frequentemente isolato da pazienti che sviluppano polmonite dopo intubazione (VAP). Questo studio ha come obiettivo l'analisi fenotipica e genotipica dei profili di resistenza antimicrobica e la correlazione clonale degli isolati di *Acinetobacter baumannii* provenienti dalle unità di terapia intensiva degli Spedali Civili di Brescia, ospedale a bassa endemicità per questo patogeno.

METODI

Nel presente studio, 17 isolati clinici di *Acinetobacter baumannii* sono stati ottenuti da pazienti ammessi nelle unità di terapia intensiva degli Spedali Civili di Brescia nel periodo compreso tra gennaio 2015 e marzo 2018. L'identificazione è stata eseguita mediante spettrometria di massa (MALDI-TOF, Biomerieux). Gli antibiogrammi sono stati eseguiti mediante il sistema automatico VITEK2. Le MICs per la colistina sono state determinate mediante microdiluizione in brodo secondo le raccomandazioni EUCAST. I geni codificanti per le carbapenemasi (blaOXA-51-like, blaOXA-23-like, blaOXA-24-like, blaOXA-48-like, blaOXA-58-like, blaOXA-143-like e blaKPC) sono stati identificati mediante PCR. La correlazione clonale di questi isolati è stata esaminata mediante MLST (multilocus sequence typing) basato sullo schema Pasteur di sette geni costitutivi (cpn60, fusA, gltA, pyrG, recA, rplB, rpo).

RISULTATI

Tutti gli isolati erano resistenti alla maggior parte dei comuni antibiotici compreso imipenem (MIC \geq 16 μ g/mL). Quindici isolati (88%) erano sensibili alla colistina (MIC $<$ 0.5 μ g/mL) e avevano un fenotipo XDR, mentre due erano resistenti anche alla colistina con fenotipo totalmente resistente ai farmaci (PDR). Tutti gli isolati erano positivi per il gene cromosomico/costitutivo blaOXA-51-like, 15 (83%) avevano il gene blaOXA-23-like. L'analisi con MLST ha identificato diversi ST (ST2, ST19, ST195, ST439, ST577 e ST632). I vari ST erano raggruppabili in due complessi clonali maggiori: CC2 (11 isolati, 64%) e CC1 (3 isolati, 17%), un complesso clonale CC215 comprendente l'isolato ST577 e due ST non ascrivibili a nessun complesso clonale.

CONCLUSIONI

Isolati di *Acinetobacter baumannii* con fenotipo XDR e aventi il gene blaOXA-23-like sono quelli maggiormente circolanti in queste unità di terapia intensiva, riducendo enormemente le opzioni terapeutiche per questi pazienti spesso con decorso clinico sfavorevole. La MLST ha evidenziato la circolazione prevalente del complesso clonale 2 e in minor misura del complesso clonale 1, analoga a quella che è la prevalenza europea di questo microrganismo.