

EPIDEMIOLOGIA DELLE INFEZIONI IN UNA UNITÀ GRANDI USTIONATI

A. Bondi¹, S. Brossa¹, R. Cipriani¹, A. Cugno¹, S. Imperiale¹, M. Peradotto¹, M. Verga¹, M. Viglione¹, A.M. Barbui¹, R. Cavallo¹

¹Laboratorio di Microbiologia e Virologia U, AOU Città della Salute e della Scienza, Torino

INTRODUZIONE

Lo studio si prefigge l'obiettivo di descrivere la popolazione microbica e la diffusione dell'antibiotico resistenza nei campioni delle lesioni da ustione dei pazienti ricoverati nella Unità Grandi Ustionati del Centro Traumatologico Ortopedico della Azienda Ospedaliera Città della Salute e della Scienza di Torino

METODI

Sono stati analizzati i dati degli esami colturali, condotti dal gennaio 2016 a luglio 2018, effettuati sui tamponi eseguiti sulle lesioni. I microrganismi sono stati identificati tramite tecnologia MALDI-TOF, la sensibilità agli antibiotici è stata saggiata utilizzando test fenotipici a microdiluzioni ed interpretata secondo i criteri EUCAST. Per quanto riguarda l'antibiotico-resistenza, sono stati esaminati i dati relativi alla resistenza alla meticillina in *Staphylococcus aureus* (MRSA), la resistenza ai carbapenemi e la produzione di beta lattamasi a spettro esteso nei bacilli gram negativi.

Le infezioni sono state classificate come Negative, Positive e Complesse. Con il termine negativo si intende, per tutti i campioni dello stesso paziente, un esame colturale negativo; con il termine di positivo, un esame colturale positivo con la medesima flora in tutti i campioni dello stesso paziente; con il termine di complesse si descrivono le ustioni con esito positivo ma che, nei diversi campioni, presentano una flora variabile. Le ustioni complesse non sono state descritte.

RISULTATI

Lo studio ha incluso 89 pazienti con ustioni. I pazienti con infezione della lesione sono il 79%. I ceppi isolati in totale sono 126, dei quali il 63% Gram negativi e il 37% Gram positivi. Tra i Gram negativi i più isolati risultano essere i batteri non fermentati (60%), dei quali il 50% *A.baumannii* complex, e il 50% *Pseudomonas* spp. Tra i Gram positivi, *S.aureus* è il principale isolato (60%).

Le infezioni monomicrobiche risultano il 21%, sostenute da *S.aureus* (43%), *A.baumannii* complex (28%) e *P.aeruginosa* (24%).

Per quanto riguarda l'antibiotico resistenza, i ceppi di MRSA sono il 26%. Il 100% dei ceppi di *A.baumannii* complex sono risultati MDR, con un ceppo resistente anche a colistina. I ceppi di *P.aeruginosa* resistenti ai carbapenemi sono il 30%, mentre le Enterobacteriaceae produttori di beta lattamasi a spettro esteso è del 6%.

CONCLUSIONI

I microrganismi più isolati sono i Gram negativi, con una diffusione rilevante di ceppi MDR di *A.baumannii* complex e *P.aeruginosa*, evidenziano come sia necessario un più attento monitoraggio epidemiologico. È possibile osservare che le infezioni polimicrobiche siano nettamente prevalenti (79%) rispetto a quelle monomicrobiche, probabilmente a causa di interazioni sinergiche tra le diverse specie batteriche.

Le informazioni ricavate sono necessarie per la scelta della terapia empirica e per la corretta gestione degli antibiotici nell'ottica del controllo della selezione delle resistenze batteriche.