

# comunicazioni orali

## SESSIONE 6

### MRSA: da patogeno ospedaliero a patogeno comunitario

Mercoledì 20 Settembre 2006, ore 09.00 - 13.00, Sala BERLINO

---

#### CO6.1

---

#### CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI ISOLATI CLINICI DI STAPHYLOCOCCUS AUREUS DI PROVENIENZA RESPIRATORIA

**Corsi E.<sup>1</sup>, Meacci F.<sup>2</sup>, Brignali S.<sup>2</sup>, Trappetti A.<sup>2</sup>,  
Oggioni M.R.<sup>3</sup>, Alegente G.<sup>1</sup> and Pozzi G.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>U.O. Microbiologia,

Azienda Ospedaliera Universitaria Senese,  
viale Bracci, 53100 Siena;

<sup>2</sup>LAMMB, Dip. di Biologia Molecolare,  
Università degli Studi di Siena, viale Bracci, 53100 Siena.

<sup>3</sup>UOC Batteriologia,

Azienda Ospedaliera Universitaria Senese,  
viale Bracci, 53100 Siena.

#### Introduzione.

La resistenza multipla in *Staphylococcus aureus* meticillino-resistente (MRSA) è un problema di crescente importanza. Nonostante la vancomicina rappresenti la terapia di scelta nel trattamento delle infezioni sostenute da MRSA, a causa della sua scarsa diffusione ai tessuti e della sua moderata attività battericida, nel trattamento delle infezioni profonde è spesso associata a rifampicina. La rifampicina inoltre, in combinazione con i fluorochinoloni, rappresenta una strategia alternativa per la prevenzione della emergenza di mutanti resistenti nel trattamento di infezioni gravi da *Staphylococcus aureus* meticillino-sensibile (MSSA). Scopo del presente lavoro è la caratterizzazione molecolare di una collezione di MRSA e MSSA, isolati a Siena nel triennio 2003-2006.

#### Metodi.

84 MRSA e 85 MSSA, isolati presso l'U.O. di Microbiologia dell'Azienda Ospedaliera Universitaria Senese nel triennio 2003-2006, di provenienza prevalentemente respiratoria, sono stati saggiati per la loro

sensibilità ai chemioterapici mediante determinazione della MIC. Il sequenziamento di una regione di 460 bp del gene *rpoB* ha permesso la caratterizzazione delle mutazioni presenti nei ceppi rifampicina-resistenti.

#### Risultati.

Il fenotipo di resistenza alla rifampicina è presente in 39/84 (46,4%) MRSA e in 2/85 (2,33%) dei MSSA. In 20 ceppi MRSA resistenti alla rifampicina, l'analisi delle mutazioni associate alla resistenza alla rifampicina ha messo in evidenza la mutazione His→Asn nel codone 481 del gene *rpoB*.

#### Conclusioni.

L'analisi delle mutazioni del gene *rpoB* ha permesso la caratterizzazione molecolare della resistenza alla rifampicina in 169 isolati clinici di *Staphylococcus aureus*.

---

#### CO6.2

---

#### INDAGINE SULLA DIFFUSIONE DI STAFILOCOCCI RESISTENTI ALLA METICILLINA IN LIGURIA

**Maioli E., Andreotti M., Annovazzi G.,  
Bandettini R., Battolla E., Bona R.,  
Borreataz T., Bottaro L.C., Brunetti R.,  
Capuzzo R., Devoto G.L., Dono M.,  
Dusi A., Fedele M., Ferro G., Giusto G.R.,  
Graziani A., Intra E., Lacitignola G.,  
Mannelli S., Marangoni M., Massucco F.,  
Mazzarello M.G., Mori M., Perfumo M.,  
Pescetto L., Piatti G., Reali S., Ricagni L.,  
Ronca A., Santoriello L., Serra D., Usiglio D.,  
Marchese A., Debbia E.A.**

Gruppo Ligure sulla meticillino-resistenza,

Sezione di Microbiologia - DISCAT, Università di Genova

**Introduzione** Gli stafilococchi sono importanti opportunisti gram-positivi nosocomiali. La meticillino-resi-

stenza ha reso questi patogeni refrattari a tutti i  $\beta$ -lattamici, espandendosi dalle aree ospedaliere alla comunità. In questo studio è stata fotografata la situazione ligure sugli stafilococchi resistenti alla meticillina

**Materiali e metodi.** Sono stati raccolti 767 ceppi di *Staphylococcus* spp. da 10 laboratori liguri, così suddivisi: 508 *S.aureus* (292 (57.5%) nosocomiali, 188 (37%) comunitari, 28 (5.5%) case di riposo); 259 stafilococchi coagulasi negativi (193 (74.5%) nosocomiali, 56 (21.6%) comunitari 10 (3.9%) case di riposo. I saggi sono stati eseguiti mediante la tecnica di diffusione da dischetto CLSI (2005) utilizzando oxacillina (OXA) e cefoxitin (CFX) (Oxoid, Milano). MRSA è stata confermata mediante di PBP2' su 52 ceppi di *S.aureus* casuali con test di agglutinazione al lattice (Oxoid).

**Risultati** I risultati ottenuti sono riassunti in Tabella e hanno dimostrato tra centri di origine dei ceppi e il laboratorio di riferimento una concordanza del 99% .

	N° ceppi (%)	Oxacillina-R (%)	Cefoxitina-R (%)
<i>Staphylococcus</i>	767	328(42.8%)	352(45.9%)
Nosocomiali	485(63.2%)	283(58.3%)	300(61.8%)
Comunitari	244(31.8%)	22(9%)	26(10.6%)
Case di riposo	38(5%)	23(60.5%)	26(68.4%)
<i>S.aureus</i>	508(66.2%)	149(29.3%)	161(31.7%)
Nosocomiali	292(57.5%)	124(42.5%)	132(45.2%)
Comunitari	188(37%)	10(3.5%)	12(6.4%)
Case di riposo	28(5.5%)	15(53.6%)	17(60.7%)
<i>S. coag. neg.</i>	259(33.8%)	179(69.1%)	191(73.7%)
Nosocomiali	193(74.5%)	159(82.4%)	168(87%)
Comunitari	56(21.6%)	12(21.4%)	14(25%)
Case di riposo	10(3.9%)	8(80%)	9(90%)

Il test di agglutinazione (PBP2') è risultato concordante con i ceppi MRSA identificati con le metodiche usuali.

**Conclusioni.** Queste osservazioni indicano una iniziale diffusione di MRSA che richiederà una conferma a carattere molecolare e la necessità di ripetere tali controlli periodicamente.