

missione autosomica recessiva più comune nella razza Caucasica. Principale causa di morbilità e mortalità sono le infezioni respiratorie ricorrenti causate da patogeni opportunisti quali *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*), *Burkholderia cepacia* complex (*B. cepacia* complex) e altri Gram-negativi non fermentanti. *B. cepacia* complex rappresenta un gruppo di patogeni emergenti costituito da 9 specie geneticamente distinte o genomovar, ed è responsabile di drammatiche e fatali infezioni in pazienti FC. L'epidemiologia di tale complex è attualmente in gran parte sconosciuta, tuttavia è stato dimostrato che alcuni genomovar sono responsabili di epidemie su piccola e larga scala in pazienti FC. Allo scopo di analizzare la prevalenza, la distribuzione dei genomovar e l'epidemiologia di *Burkholderia cepacia* complex in Italia, sono stati analizzati 225 ceppi, presuntivamente identificati come *B. cepacia* complex, isolati da 225 pazienti FC in cura presso 18 su 21 centri. Per la conferma dell'identificazione e la caratterizzazione dei vari genomovar è necessario un approccio molecolare basato su amplificazione e analisi di restrizione (RFLP) di *recA*, un gene specifico del *B. cepacia* complex. In seguito all'identificazione del vari genomovar è stata condotta una genotipizzazione utilizzando due metodiche: BOX-PCR fingerprinting e elettroforesi in campo pulsato (PFGE).

208 isolati su 225 (92%) appartengono al *B. cepacia* complex; *B. cenocepacia* è risultata la specie prevalente (61.1%). Tale studio ha delineato la presenza di cloni epidemici all'interno dei centri e tra un centro e l'altro. Di particolare rilevanza un insolito clone di *B. cenocepacia*, noto come PHDC, per la prima volta responsabile di epidemie in Italia. Abbiamo inoltre dimostrato episodi di cross-trasmissione tra pazienti dovuti a due nuovi cloni batterici: un clone con genomovar non determinato e un clone di *B. pyrrocinia*.

I clusters delineati tramite PFGE provenivano prevalentemente da un singolo centro, mentre i cloni ottenuti tramite BOX-PCR erano costituiti da isolati provenienti sia da uno stesso centro che da centri diversi raggruppando cluster multipli ottenuti da PFGE. Dall'analisi comparata di queste due tecniche si conferma che la PFGE è una tecnica più sensibile e quindi adatta a studiare piccole epidemie quali quelle intraospedaliere, mentre la BOX-PCR si presta a studi epidemiologici su larga scala. Mentre le epidemie locali possono essere spiegate tramite una cross-infezione tra pazienti FC, un'estesa diffusione di uno stesso clone suggerisce una contaminazione con ceppi ambientali ampiamente diffusi, come già documentato per altri patogeni opportunisti al di fuori della comunità FC.

---

## S6.6

---

### EPIDEMIOLOGIA MOLECOLARE DI *Burkholderia cepacia* complex: UN MODELLO PER UN CONFRONTO DI METODI

Campana S.<sup>1</sup>, Ravenni N.<sup>1</sup>, Favari F.<sup>2</sup>, Cariani L.<sup>2</sup>, Sciacca A.<sup>2</sup>, Savoia D.<sup>2</sup>, Collura A.<sup>2</sup>, Fiscarelli E.<sup>2</sup>, De Intinis G.<sup>2</sup>, Busetti M.<sup>2</sup>, Cipolloni A.<sup>2</sup>, d'Aprile A.<sup>2</sup>, Provenzano E.<sup>2</sup>, Collebrusco I.<sup>2</sup>, Frontini P.<sup>2</sup>, Stassi G.<sup>2</sup>, Trancassini M.<sup>2</sup>, Tovagliari D.<sup>2</sup>, Lavitola A.<sup>2</sup>, Taccetti G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro Fibrosi Cistica, Dipartimento di Pediatria, Università di Firenze, Firenze, Italia

<sup>2</sup>Gruppo Italiano Microbiologi Fibrosi Cistica

La Fibrosi Cistica (FC) è la malattia genetica a tra-