

comunicazioni orali

SESSIONE 6

La fibrosi cistica: aspetti microbiologici e clinici

Giovedì 13 Ottobre 2005, ore 9.00 - 13.00, Sala G

CO6.2

IDENTIFICAZIONE MOLECOLARE DI BATTERI GRAM-NEGATIVI NON FERMENTANTI IN SOGGETTI AFFETTI DA FIBROSI CISTICA

Concato C., Fiscarelli E., Lucidi V.*, Menichella D.

U.O. Laboratorio Di Microbiologia, (), U.O. Fibrosi Cistica,
Ospedale Pediatrico Bambino Gesù IRCCS,
Piazza S. Onofrio 4, 00165 ROMA*

Introduzione.

I bacilli Gram- non fermentanti sono i batteri che con maggior frequenza vengono isolati da campioni respi-

ratori di soggetti affetti da FC. Questi organismi differiscono in termini di patogenicità e di trasmissibilità e la loro identificazione a livello di specie è alquanto critica nella gestione terapeutica dei soggetti con FC. I metodi tradizionali d'identificazione non sempre sono adatti, in quanto spesso le colonie hanno una morfologia atipica e mostrano caratteristiche metaboliche inusuali. In molti casi la sensibilità agli antibiotici non aiuta nell'identificazione a causa della multi-resistenza. Anche nei laboratori specialistici che trattano quasi esclusivamente campioni provenienti da soggetti con FC sono frequenti le mis-identificazioni.

Obiettivo di questo lavoro è valutare la capacità della tecnica di sequenziamento per l'identificazione di isolati batterici non ben definiti con i metodi convenzionali.

Metodi.

I campioni sono stati processati secondo i protocolli standard. Per l'identificazione si è fatto riferimento sia a metodi automatizzati (Vitek2, BioMerieux - Phoenix, BD) che manuali (API 20NE, BioMerieux - IDS RapID NF plus, Remel). I ceppi non identificati in maniera soddisfacente sono stati esaminati mediante sequenziamento di una porzione del gene 16S rDNA utilizzando il kit "MicroSeq 500" (Applied Biosystem).

Complessivamente sono stati esaminati e studiati con il metodo molecolare 47 stipiti batterici.

Risultati.

Il 34% è risultato appartenere al genere *Pseudomonas* (10.6% *fluorescens*, 8.5% *aeruginosa*), il 27.7% al genere *Alcaligenes* (21.3% *xylooxidans xyl.*) e il restante diviso tra diverse specie tra cui spicca l'8.5% degli *Acinetobacter*. Da sottolineare che un certo numero di isolati di *Pseudomonas aeruginosa* sono sfuggiti all'identificazione con i sistemi convenzionali e solo con il sistema molecolare è stato possibile definire il livello di specie.

Conclusioni.

Il nostro studio conferma il valore del metodo di sequenziamento come ausilio nell'identificazione dei batteri con caratteristiche di morfologia e di metabolismo atipiche. Ha permesso di ridefinire i pattern epidemiologici nel nostro centro e di meglio inquadrare i microrganismi che potrebbero in futuro rivestire un ruolo importante nella malattia FC.