

034

CLUSTER EPIDEMICO DA *Klebsiella pneumoniae* subsp. *pneumoniae* ESBL+ IN TERAPIA INTENSIVAFontana C.^{1,2}, Favaro M.¹, Minelli S.², Pistoia E.S.¹, Bossa M.C.², Cavone A.², Favalli C.^{1,2}.¹ Dipart. Medicina Sper e Sc. Bioch - Università Tor Vergata - Via Montpellier 1 00133 Roma² Policlinico Tor Vergata - V.le Oxford 81 - 00133 Roma.

I reparti di Terapia Intensiva, più di ogni altro, all'interno di un'azienda sanitaria sono a rischio per la possibile diffusione di patogeni tra i pazienti che vi sono ricoverati. Numerosi sono le indicazioni in letteratura che suggeriscono le possibili strategie per il contenimento delle infezioni e soprattutto degli outbreaks epidemici. Molto controverso e dibattuto è l'uso di strategie di controllo indiretto che si realizzano sia attraverso lo screening preventivo dei pazienti ammessi nelle ICU sia attraverso il controllo dei portatori fra i membri dello staff. Accanto ai patogeni classicamente considerati come "Alert Organism", tra cui *P.aeruginosa* multi-drug resistant ed *Acinetobacter* o MRSA ve ne sono altri solo in apparenza meno pericolosi, ma estremamente insidiosi sia per la loro estrema diffusibilità, sia per la gravità delle infezioni da essi sostenute, ma soprattutto per i costi elevati che si accompagnano alla loro presenza e gestione: un esempio eloquente è rappresentato dagli Enterobatteri ESBL-produttori. Tra questi una proporzione rilevante d'isolamento spetta alla *K.pneumoniae* ESBL+. Si stima che circa il 20% degli isolati in TI sia rappresentata da questo microorganismo e che questa da sola sia responsabile di circa 1% delle morti per infezione. Tuttavia, se lo screening a tappeto su tutti i pazienti e sui membri dello staff appare poco probabile e dal rapporto costo/beneficio impensabile (si stima che solo lo 0.45% delle persone sia portatrice sana di questo patogeno) lo stesso non si può dire per i programmi di rapida rilevazione delle infezioni nosocomiali e dei possibili clusters epidemici sostenuti da ESBL-Kp, per i quali i controlli sul personale, sui pazienti e nell'ambiente diventano imperativi tanto quanto la messa in opera di misure d'isolamento da contatto. Nel presente studio intendiamo riportare l'esperienza maturata presso la unità di T.I della nostra azienda nella rilevazione prima e nel controllo poi di un cluster epidemico sostenuto da *K.pneumoniae*. Nel periodo compreso fra dicembre 2004 e maggio 2005 sono stati identificati 14 pazienti infetti da ESBL-Kp con più di 30 isolati, tutti in campioni clinicamente significati per una incidenza d'isolamento globale pari al 20,41%. Tutti gli isolati presentavano un biotipo ed un antibiotipo pressoché, sottoposti a fingerprinting mediante f-AFLP hanno dimostrato di appartenere a 12 cloni diversi. Il cluster epidemico globale era suddivisibile in tre sotto-cluster i primi due costituiti rispettivamente 7 e 2 cloni caratterizzati da un indice di Dice prossimo pari a 0,92 il terzo legato ai precedenti due da un indice di Dice 0,85 e l'ultimo in ordine di apparizione con un indice di Dice rispetto ai precedenti 3 pari a 0.80.

035

CLOSTRIDIUM PERFRINGENS ENTEROTOSSINOGENICO NELLE INFEZIONI INTESTINALI NON VEICOLATE DA ALIMENTI: PRELIMINARI OSSERVAZIONI A PARMA

Rossi S., Zerbini L., Buttrini M., Somenzi P., Menozzi M.G., Chezzi C. e Dettori G.

Dipartimento di Patologia e Medicina di Laboratorio, Sezione di Microbiologia, Università degli Studi di Parma, Viale A. Gramsci 14, 43100 Parma

Introduzione. I ceppi di *Clostridium perfringens* produttori dell'enterotossina CPE sono una causa frequente ed importante di tossinfezioni alimentari in tutto il mondo. Esistono tuttavia in letteratura numerose evidenze sul ruolo eziologico che questo microorganismo può rivestire nella diarrea associata a terapia antibiotica (AAD) e/o in casi sporadici di diarrea nell'uomo.

E' stato pertanto intrapreso un ampio studio epidemiologico rivolto a verificare nel nostro ambiente ospedaliero il coinvolgimento di questo microorganismo nell'AAD.

Metodi. Sono stati analizzati 940 campioni di feci provenienti complessivamente da 690 pazienti (2003-2004). Settecentodieci erano campioni di feci provenienti da pazienti sintomatici con sospetta malattia intestinale associata a *Clostridium difficile* (CDAD), mentre 230 provenivano da pazienti solo sintomatici senza CDAD. E' stata utilizzata la duplex PCR, recentemente da noi messa a punto, per caratterizzare l'enterotossinogenicità dei ceppi di *C. perfringens* isolati nell'ambito del protocollo diagnostico tradizionale in uso.

Risultati. Sono stati isolati complessivamente 84 ceppi di *C. perfringens* (8,9% dei campioni esaminati). Di questi, 64 ceppi (9%) e 20 ceppi (8,7%) sono stati isolati da campioni di feci raccolti, rispettivamente, dai 460 pazienti con sospetta CDAD e dai 230 pazienti solo sintomatici. Tutti gli 84 ceppi sono risultati positivi per la presenza di DNA di *C. perfringens* (positività per la banda della fosfolipasi C).

È stata, invece, verificata la presenza di sequenze geniche codificanti per l'enterotossina CPE soltanto in 3 ceppi, che sono risultati anche produttori della CPE *in vitro* mediante il saggio PET-RPLA (Oxoid, Inghilterra).

Conclusioni. Nella fase attuale, ancora non conclusiva, dello studio epidemiologico *C. perfringens* enterotossinogenico non sembra rivestire, almeno nel nostro ambiente, un ruolo eziologico importante nella popolazione studiata di pazienti tutti sintomatici con o senza sospetta CDAD.