

Antibiotici	E.coli	P.mirabilis	E.faecalis
Acido nalidixico	86	82	
Amikacina	99	100	
Amoxicill./Ac.Clavul.	85	75	
Ampicillina	54	70	93
Aztreonam	98	100	
Cefalotina	66	73	2
Cefotaxime	99	97	
Ceftazidime	99	100	
Ciprofloxacina	92	95	77
Clindamicina			2
Eritromicina			22
Fosfomicina	96	72	14
Gentamicina	97	87	
Gentamicina	500		76
Imipenem	100	99	96
Nitrofurantoina	97	6	98
Norfloxacina	92	96	79
Penicillina G			90
Piperacillina	68	76	96
Streptomina	2000		70
Teicoplanina			98
Tetraciclina			25
Ticarcill./Ac.Clavul.	91	98	
Tobramicina	98	92	
Trimet./Sulfametoss.	81	74	
Vancomicina			98

Conclusioni Per *E. coli* e *P. mirabilis* gli antibiotici più efficaci sono stati: i penemi (imipenem e aztreonam), gli aminoglicosidi (gentamicina, tobramicina e amikacina), le cefalosporine di II (cefotaxime) e di III (ceftazidime) generazione e la ticarcillina+ac.clavulanico; per il cotrimossazolo abbiamo assistito ad una lieve diminuzione di sensibilità negli anni. Per *S. faecalis* le sensibilità maggiori sono state nei confronti delle penicilline (ampicillina, piperacillina e penicillina G) e i glicopeptidi (teicoplanina e vancomicina). Da sottolineare il fatto che anche nella nostra realtà ambulatoriale sono emersi ceppi di *E. faecalis* resistenti alla vancomicina in accordo con l'ormai crescente diffusione di tale resistenza (5 casi negli ultimi tre anni).

P103

INCIDENZA DI CEPPI DI *S. AUREUS* ENTEROTOSSINO-PRODUTTORI ISOLATI DA T. FARINGEO DI PORTATORI ASINTOMATICI.

Muolo V., Andriulo B., Vinci E., *Mosca A., *Miragliotta G.

U.O. Patologia Clinica Ostuni-Fasano, AUSL BR/1,
*Sezione di Microbiologia, Dipartimento MIDIM,
Università di Bari.

Obiettivo. Abbiamo valutato l'incidenza di ceppi di *S. aureus* enterotossinoproduttori, isolati da tampone faringeo di soggetti addetti alle cucine e alla ristorazione in genere, nonché nel personale medico e paramedico, come prescritto dalla Legge 626 in materia di sicurezza degli operatori e di vigilanza sugli alimenti.

Materiali e metodi. I ceppi di *S. aureus* sono stati isolati, nel corso dell'anno 2003, da tampone faringeo di soggetti asintomatici, sottoposti a tale indagine. In particolare sono stati

presi in considerazione 192 soggetti, di cui 121 operatori sanitari e 71 addetti alla ristorazione.

L'isolamento è stato effettuato su terreno MSA. Dopo aver verificato la positività per i test della catalasi e coagulasi, si è proceduto all'identificazione definitiva delle colonie con il sistema semiautomatico Sceptor (Becton Dickinson). I ceppi sono stati incubati per 24 ore in Tryptone Soya Broth (OXOID), raffreddati a 4°C per 30 minuti, quindi centrifugati a 1000 rpm per 20 minuti. Il sovrinatante recuperato e filtrato è stato caratterizzato fenotipicamente mediante test RPLA (Oxoid, TD 900, England) che utilizza una reazione di agglutinazione passiva inversa al lattice per la ricerca delle enterotossine di tipo A, B, C e D.

Risultati. Su 192 tamponi faringei esaminati, 50 sono risultati positivi per *S. aureus*. Da quest'ultimi sono stati isolati 22 ceppi di *S. aureus* produttori di enterotossina (44%). In particolare state identificate 23 enterotossine, di cui 8 di tipo A, 8 di tipo B, 2 di tipo C e 4 di tipo D. In un caso vi era la contemporanea presenza dei tipi A e B.

Conclusioni.

A. La percentuale di ceppi enterotossinoproduttori riscontrata nella popolazione da noi indagata evidenzia la problematica esistente sul territorio e la reale necessità che le indagini richieste dalla Legge 626 vengano svolte con accuratezza.

B. La frequenza dei diversi tipi di enterotossina prodotti dai ceppi di *S. aureus* da noi isolati è significativamente elevata per i tipi A e B.

P104

CARATTERIZZAZIONE DELL'ENTEROTOSSINO-GENICITÀ DI CEPPI DI *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* MEDIANTE MULTIPLEX PCR

Zerbini L., Larini S., Rossi S., Bertoncini L., 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

Obiettivo della ricerca è stato quello di mettere a punto un metodo di multiplex PCR in grado di rivelare sequenze geniche codificanti per enterotossine in ceppi di *Staphylococcus aureus* di origine umana e/o alimentare.

La multiplex PCR è stata allestita utilizzando cinque coppie di primers, già descritte in precedenti studi, che consentono di ottenere 5 prodotti di amplificazione di diverso peso molecolare. Tali primers sono specifici per i geni delle principali enterotossine stafilococciche (SEA, SEB, SEC, SED e SEE) che, come è noto, sono una delle cause più frequenti di tossinfezione alimentare.

L'efficacia del metodo nel caratterizzare l'enterotossinogenicità di ceppi di *S. aureus* è stata valutata applicando la multiplex PCR su 129 ceppi isolati da campioni fecali in un periodo di circa 9 mesi.

Quarantadue (32,6%) dei 129 ceppi analizzati sono risultati positivi per uno o più geni *se*. In particolare, 23 ceppi (54,8%) possedevano il gene *sea*, 3 ceppi (7,1%) il gene *seb*, 10 ceppi (23,8%) il gene *sec*, 4 ceppi (9,5%) il gene *sed* e, infine, 2 ceppi (4,8%) contemporaneamente i geni *sea* e *sed*. Tutti i 42 ceppi *se*-positivi sono stati sottoposti a saggio di agglutinazione al lattice passiva inversa ("SET-RPLA Staphylococcal Enterotoxin test kit", Oxoid), per verificare la loro capacità a produrre *in vitro* la/e tossina/e corrispondente/i. Quarantuno ceppi (97,6%) sono risultati produttori *in vitro* della/e relativa/e enterotossina/e. Un ceppo *sea*-posi-

tivo ha dato invece un risultato non interpretabile.

La multiplex PCR, messa a punto, si è dimostrata un metodo rapido ed utile per caratterizzare l'enterotossigenicità di ceppi isolati di *S. aureus*. Il metodo dovrebbe, comunque, essere associato alla rilevazione con RPLA delle tossine stesse, che riscontrate direttamente nel campione consentono di stabilire un nesso eziologico con lo stato di malattia. Il ritrovamento delle tossine è, tuttavia, in questo caso fortemente condizionato dalla qualità del campione.

P105

SORVEGLIANZA EPIDEMIOLOGICA DELLA TUBERCOLOSI: DIECI ANNI DI OSSERVAZIONE NELL'AREA MARSICANA DELLA REGIONE ABRUZZO

Nardone G. °, Caella G.*, Paoloni M. *, Occhiuzzi U. °, Mariani R.*, Ranelli A. *

°: Servizio di Patologia Clinica, P.O. Avezzano, ASL Avezzano-Sulmona

*: U.O. Malattie Infettive, P.O. Avezzano, ASL Avezzano-Sulmona

Introduzione

La tubercolosi, negli ultimi dieci anni, ha rappresentato per l'Europa e per l'Italia un rilevante problema di sanità pubblica. In Italia la riforma del SSN nel 1978 aveva di fatto eliminato la possibilità di un monitoraggio epidemiologico nazionale, creando così una pericolosa indifferenza nei confronti della malattia tubercolare. Le statistiche dell'OMS e le segnalazioni di singole regioni hanno documentato per l'Italia un costante aumento dei casi notificati negli anni '90, determinando una rinnovata attenzione verso tale problema. Abbiamo quindi deciso di effettuare una valutazione retrospettiva dei casi diagnosticati negli anni 1993-2003 presso il nostro presidio ospedaliero.

Materiali e metodi

Nell'ambito dei programmi di sorveglianza delle infezioni ospedaliere, sono stati valutati retrospettivamente tutti i campioni biologici processati dal Laboratorio Analisi per la ricerca di *Mycobacterium* spp. negli anni 1993-98 e 1998-2003. I campioni sono stati regolarmente sottoposti a procedura di decontaminazione con NALC-NaOH al 2%, ad esame batterioscopico previa colorazione con metodica Ziehl-Neelsen e quindi ad esame colturale su terreno Loewestein-Jensen.

Risultati e discussione

Nel primo quinquennio sono stati analizzati complessivamente 1120 campioni (700 espettorati, 250 urine, 170 vari) con il riscontro di 57 esami colturali positivi (5%). Nel quinquennio 1998-2003 sono stati invece analizzati 1550 campioni (900 espettorati, 300 urine, 350 vari) con la registrazione 127 esami colturali positivi (8,1%). I ceppi micobatterici isolati in coltura sono stati quindi inviati all'Istituto Zooprofilattico "G. Caporale" di Teramo per la successiva identificazione con tecniche di biologia molecolare. Tutti ceppi sono risultati essere appartenenti al *Mycobacterium tuberculosis* complex. Il notevole aumento dei campioni inviati al Laboratorio Analisi e l'incremento significativo delle positività, circa il 3% in cinque anni, confermano anche nella nostra area geografica la riemergenza della patologia tubercolare.

P106

ISOLAMENTO DI MICOBATTERI PRESSO L'OSPEDALE MAGGIORE DI NOVARA NEGLI ANNI 1994-2003

Camaggi A., Andreoni S., Molinari G.L., Crespi I., Fortina G.

Laboratorio di Microbiologia e Virologia, Ospedale Maggiore Novara

Negli anni 1994-2003, la ricerca di micobatteri praticata presso l'Ospedale Maggiore di Novara in 9.510 campioni di provenienza umana (escreti, broncolavaggi, urine, aspirati sinoviali, pleurici, pericardici, gastrici, ecc.), ha portato all'isolamento di 395 ceppi di micobatteri, dei quali 235 (59,4%) appartenenti al gruppo *Myc. tuberculosis* complex e 160 (40,6%) classificati come MOTT e suddivisi, in base ad identificazione ottenuta con sonde genetiche in *Myc. avium* complex, *Myc. avium*, *Myc. intracellulare*, *Myc. gordonae*, *Myc. kansasii*. I micobatteri non identificati mediante sonde genetiche sono stati classificati come "Micobatteri non identificati" fino alla fine del 2002. Dal 2003 i micobatteri di quest'ultimo gruppo sono stati invece identificati a livello di specie, mediante l'utilizzazione di un test di ibridazione inversa. Dall'analisi di questi ultimi dati, è stato possibile rilevare come, nell'ambito dei MOTT non identificabili mediante sonde genetiche, i micobatteri più diffusi nelle nostre zone siano risultati essere il *Myc. marinum* seguito da *Myc. chelonae* e *Myc. xenopi*.

Confrontando in successione i risultati della frequenza di isolamento di micobatteri ottenuti negli ultimi 10 anni presso l'Ospedale Maggiore di Novara, è stato possibile registrare un lieve calo di positività nell'anno 1995 cui ha fatto seguito un rialzo costante fino al 1999. Tale aumento è risultato particolarmente evidente a livello di micobatteri non tubercolari che, isolati in quantitativi non significativi fino al 1997, hanno invece in seguito toccato notevoli frequenze di isolamento, probabilmente per l'introduzione, presso la micobatteriologia del nostro Ospedale, dei terreni colturali liquidi.

Interessante rilevare come nel 2000 si sia invece assistito ad un brusco calo nella frequenza di isolamento tanto di micobatteri tubercolari quanto non tubercolari che ha portato ad un quasi dimezzamento delle loro rilevazioni.

Invertendo la tendenza, dal 2001 al 2003, le frequenze di isolamento dei due gruppi di micobatteri sono invece tornate a salire e, nell'ultima annata, si è tornati vicini al picco di isolamento verificatosi nel 1999.

P107

PRESENTAZIONE DA UN AVIUM COMPLEX: PRESENTAZIONE DI UN CASO CLINICO

Caola I., Sella D.*, Dalpiaz A.*, Guerzoni M.L.*, Sartori R., Caciagli P.

Lab. Microbiologia e Virologia, Osp. S. Chiara, Trento
* U.O. Pneumologia, Ospedale S. Chiara, Trento

Introduzione. Nelle persone immunocompetenti la pneumopatia da micobatteri non tubercolari è rara, di difficile definizione diagnostica e comporta una gestione terapeutica complessa, prolungata, dall'esito talora incerto. I micobatteri appartenenti al complesso MAC (*Mycobacterium avium* complex) sono i patogeni più frequentemente responsabili. Per la diagnosi, i dati microbiologici indispensabili sono la