

relazioni

SESSIONE 2

Tipizzazione Batterica

Mercoledì 15 ottobre 2003, 9.00-13.00 Sala Giotto
Palazzo Affari - 3° piano

S2.2

ANALISI E VALIDAZIONE DEI RISULTATI NELLE INDAGINI DI EPIDEMIOLOGIA MOLECOLARE

Carretto E., Barbarini D., Marone P.

*Laboratori Sperimentali di Ricerca, Area Infettivologica,
IRCCS Policlinico "San Matteo", Pavia*

Un nuovo impulso alla tipizzazione microbica si è avuto con l'estesa applicazione in questo ambito delle tecniche di biologia molecolare. Variabili nella tipologia, nessuna di esse ha caratteristiche di universalità (cioè funziona bene per la totalità delle specie microbiche), e la maggior parte non è sufficientemente standardizzata. L'utilizzo di una tecnica molecolare a fini di tipizzazione non può prescindere dall'adeguata conoscenza dei suoi criteri interpretativi, variabili a seconda delle metodiche. Linee guida sono state proposte, ad esempio, per l'interpretazione di patterns ottenuti con la PFGE, con la ribotipizzazione e con l'amplificazione con primers arbitrari (RAPD). Nel caso della PFGE si sono correlate le variazioni geniche di singoli isolati con il numero di bande risultanti, proponendo quindi la definizione dei ceppi come clonali, strettamente correlati, possibilmente correlati e non correlati: ceppi sicuramente non correlati devono possedere almeno sette bande di differenza nei loro profili. Nel caso della ribotipizzazione due profili sono invece considerati appartenere a cloni distinti quando differiscono per almeno una banda netta. E' più difficile fornire criteri interpretativi per profili ottenuti con i RAPD: tentativi di standardizzazione per analisi eseguite con primers conservati (ERIC1 e ERIC2) sembrano indicare una non clonalità per profili che differiscono per almeno tre bande, ma è intrinseca al metodo la possibilità di utilizzare primers scelti a caso e, inoltre, con questa metodica è frequente il riscontro di

bande di intensità differente di difficile interpretazione. Dagli esempi è evidente come ogni tecnica abbia criteri interpretativi sostanzialmente differenti. Un ausilio può essere fornito dall'utilizzo di software dedicati all'analisi e all'interpretazione dei dati, ma in ogni caso i risultati proposti devono sempre essere validati dall'esperienza dell'operatore. Infine, qualora eseguano indagini per valutare sospetti outbreak nosocomiali, i dati ottenuti con tecniche molecolari devono essere sempre integrati e verificati con il dato clinico-epidemiologico. Senza quest'ultimo, l'universo dell'epidemiologia molecolare rischia di essere un "universo parallelo" dal quale è difficile desumere alcun tipo di informazione.

S2.3

IMPORTANZA DELLA TIPIZZAZIONE BATTERICA NELLO STUDIO DELLE INFEZIONI NOSOCOMIALI

Fossati L., Ravotto M.

SC Microbiologia, AO San Giovanni Battista Torino

Le infezioni nosocomiali insorgono durante la degenza in ospedale, non sono clinicamente presenti né in incubazione al momento del ricovero e alcune possono manifestarsi anche dopo la dimissione (ad es., in particolare le infezioni della ferita chirurgica).

I batteri Gram negativi rappresentano i patogeni maggiormente rappresentati, anche se negli ultimi anni è aumentato il riscontro di batteri Gram positivi (stafilococchi, enterococchi) e di miceti (Candida).

In caso di aumento della frequenza di isolamento di potenziali patogeni in una data area dell'ospedale accompagnata dal riscontro di nuovi casi di infezione, è necessario avviare un'indagine epidemiologica per identificare le cause dell'epidemia e individuare i punti