

M010**SCREENING PRENATALE PER STREPTOCOCCUS AGALACTIAE: DATI RACCOLTI NEL PERIODO SETTEMBRE 2002 - APRILE 2003**

Genco R., Giannobile G., Puccio G., Turchio B., Verro M., La Chiusa S.

U.O.C. Patologia Clinica, Ospedale Buccheri La Ferla FBF Palermo

Premessa Lo *S. agalactiae* è responsabile in epoca neonatale di infezioni batteriche a trasmissione verticale potenzialmente mortali. L'infezione precoce può essere trasmessa al neonato per via transplacentare o durante il passaggio attraverso il canale del parto. In relazione all'accumularsi di "evidenze" degli ultimi anni il trattamento antibiotico intrapartum di tutte le gravide colonizzate, sembra essere l'approccio più efficace per la prevenzione delle infezioni precoci da GBS. Scopo dello studio è quindi l'estensione dell'accertamento batteriologico a tutte le gravide che afferiscono ai nostri ambulatori di diagnostica prenatale, la valutazione dei dati riguardanti la percentuale di colonizzazione e lo spettro di resistenza dei ceppi isolati.

Metodi e materiali: il protocollo prevede l'esecuzione del tampone vaginale e rettale in 35-37 settimana di gestazione (il prelievo in ambedue le sedi assicura il maggior valore predittivo di colonizzazione vaginale al momento del parto), suggerisce accurate modalità di prelievo dei campioni batteriologici (sede ottimale per il prelievo è il terzo inferiore della vagina e la parte inferiore del retto) attiva il controllo della batteriuria sintomatica o asintomatica da GBS. Tecniche colturali: arricchimento in brodo Todd-Hewitt addizionato con 10 µg/ml di colistina e 15 µg/ml di ac.nalidixico, incubazione 18-24 ore, subcultura in agar sangue montone (Biomérieux) Identificazione presuntiva col CAMP test, tipizzazione sierologia con antisieri specifici (BD), antibiogramma col metodo di microdiluzione in brodo ai breakpoint NCCLS 2002 (Vitek 2).

Risultati Sono state scrinate da settembre 2002 ad aprile 2003, 1028 gravide, sono stati isolati 161 ceppi di GBS, le donne colonizzate sono risultate essere il 15.9%. Il 100% dei ceppi isolati sono risultati sensibili ad ampicillina, Penicillina G e vancomicina. Il 20% ed il 18% dei ceppi risultano rispettivamente resistenti a clindamicina ed eritromicina. La percentuale di colonizzazione delle gravide del nostro bacino è in linea con i dati della letteratura (dal 10 al 40% secondo le diverse realtà), piuttosto alta invece la percentuale di ceppi resistenti ad eritromicina e clindamicina dato preoccupante in quanto farmaci di scelta nelle donne con alto rischio di anafilassi per penicillina

Conclusioni: Lo screening batteriologico ha permesso di limitare il trattamento antibiotico alle gravide colonizzate diminuendo il rischio di anafilassi e l'insorgere di nuove resistenze.

M011**STUDIO POLICENTRICO PER LA VALUTAZIONE DI BCSA, TERRENO SELETTIVO PER BURKHOLDERIA CEPACIA COMPLEX, VERSUS OFPBL**

Garlaschi ML *, Cariani L. *, Busetti M.**, Grasso E. ^, Grassi P. ^, Belli ML. ^^ e Manno G. ^^

Garofolo, Trieste; ^ Po *Istituti Clinici di Perfezionamento, Milano; ** Burlo Icl. Univ., Catania; ^^ Istituto G.Gaslini, Genova

Introduzione *Burkholderia cepacia* Complex, importante patogeno delle vie aeree di pazienti con Fibrosi Cistica (FC), non è di facile isolamento, né di facile identificazione. L'isolamento dall'espettorato di un paziente con FC, di un ceppo di *B. cepacia*, impone al clinico un comportamento di particolare attenzione verso i pazienti colonizzati, sia terapeutico per la particolare patogenicità, che di segregazione per l'elevata trasmissibilità.

Materiali e metodi Abbiamo condotto, in quattro laboratori di microbiologia (Ist.Clin. Perf., Milano; Ist. G. Gaslini, Genova; IRCCS, Burlo Garofolo, Trieste; Policl. Univ., Catania), uno studio comparativo prospettico per valutare due terreni selettivi per *B. cepacia* Complex, il BCSA, fornito dalla bioMérieux, Italia, e l' OFPBL, fornito dalla Becton Dickinson Italia. Sono stati processati, dal 15/02/2002 al 15/06/2002, 901 campioni provenienti dalle basse vie aeree di 783 pazienti con FC. I due terreni in prova sono stati inseriti nella routine giornaliera. I batteri Gram negativi cresciuti su OFPBL e BCSA sono stati identificati mediante il sistema in uso presso il proprio laboratorio e successivamente riconfermati mediante il metodo API 20 NE bioMérieux. L'identificazione di *B. cepacia* Complex è stata confermata mediante PCR (Agodi JCM 2001 E Bevivino JCM 2002).

Risultati I valori medi, rispettivamente di selettività ed eugonicità dei due terreni valutati, sono stati i seguenti: su BCSA nell'82.1% e su OFPBL nell'11% di casi non è cresciuto alcun microrganismo, diverso da *B. cepacia*, ; su BCSA nel 98.4% e su OFPBL nel 100% di casi si è evidenziata crescita di *B. cepacia*.

Discussioni e conclusioni I due terreni selettivi valutati hanno evidenziato una simile eugonicità nei confronti di *B. cepacia* Complex, mentre BCSA nei confronti di OFPBL ha dimostrato una migliore selettività in tutti i Centri di valutazione. Possiamo concludere che l'inserimento di BCSA nella serie di terreni utilizzati per la processazione di materiali respiratori di pazienti con FC è auspicabile e di notevole efficacia.

M012**RICERCA DI LEGIONELLA E AMEBA DA CAMPIONI DI ACQUA.**

Franzin L., Cabodi D., Bonfrate N.

Sezione Malattie Infettive, Università di Torino, Ospedale "Amedeo di Savoia", Corso Svizzera 164, 10149 Torino.

Obiettivi: Il genere *Legionella* comprende batteri acquatici ubiquitari che vivono in simbiosi con le Amebe. La presenza di questi protozoi nell'ambiente risulta importante per il mantenimento e la propagazione del batterio. Le Amebe inoltre svolgono un ruolo rilevante nei meccanismi di virulenza

del batterio e nella protezione dello stesso in condizioni ambientali avverse. Lo scopo del lavoro è l'isolamento di *Legionella* e di Ameba da campioni di acqua di impianti idrici ospedalieri e da impianti di condizionamento dell'aria.

Metodi: Sono stati esaminati 143 campioni di acqua: 110 acqua calda (5 L) e 25 acqua fredda (5 L) prelevati da 9 ospedali; 8 acqua fredda (1 L) da impianti di condizionamento dell'aria. *Legionella* è stata ricercata con analisi quantitative mediante metodo di filtrazione (membrane di porosità 0,2 µ). Aliquote del concentrato sono state insemenate su BCYE, BMPA e MWY direttamente e dopo trattamento con acidi e calore. Le colonie sospette cresciute a 37°C sono state isolate e tipizzate con metodi sierologici. Le Amebe sono state ricercate da 100 mL di acqua mediante concentrazione del campione con centrifugazione e successiva semina del sedimento su terreno non nutrient agar con *Escherichia coli* ed incubazione a 25°C.

Risultati: *Legionella* è stata isolata da 82 (61%) campioni di acqua (76 calda e 6 fredda) di 8 (89%) ospedali. Sono state isolate: *L. pneumophila* di sierogruppo 1, 3, 5, 6 e *Legionella* spp. La ricerca di Ameba è risultata positiva in 23 (16%) campioni: 14 acqua calda e 4 acqua fredda di 4 (44%) ospedali; 5 (63%) acqua fredda di condizionatori. La presenza contemporanea di *Legionella* e Ameba è stata riscontrata in 15 (10%) campioni, mentre 8 (6%) campioni, di cui 5 da condizionatori, sono risultati positivi solo per Ameba.

Conclusioni: La presenza di *Legionella* è risultata ubiquitaria negli impianti idrici ospedalieri, mentre Ameba è stata isolata nel 16% dei campioni. La presenza di Amebe anche in assenza di *Legionella* è di particolare interesse poiché il batterio è parassita intracellulare del protozoo, all'interno del quale si moltiplica abbondantemente. La ricolonizzazione dell'impianto idrico può infatti avvenire dall'apporto di *Legionella* veicolate da alcune Amebe. Le interazioni fra questi microrganismi meriterebbero un ulteriore approfondimento.

M013

S. AUREUS ED EPIDERMIDIS NEI REPARTI A RISCHIO, FREQUENZA DI ISOLAMENTO ED ANTIBIOTICO-RESISTENZA.

De Intinis G., Latino M.A., Peretto M., Neve V.

Az. Osp. O.I.R.M./S. Anna C.so Spezia 60 10100 Torino

Introduzione: Gli Stafilococchi sono da sempre noti quali agenti responsabili di infezioni. Quelle da ceppi Oxacillino resistenti presentano serie difficoltà terapeutiche dovute alla estesa resistenza di questi ceppi a molti antibiotici e a complicare ulteriormente la situazione è stata la comparsa di ceppi VISA. Da una revisione della letteratura disponibile, in Italia la resistenza alla Oxacillina in *S. aureus* appare molto alta e sembra mantenersi intorno al 40%, una percentuale tra le più alte in Europa, negli SCN ed in particolare in *S. epidermidis* appare ancora più elevata. Nel confronto con gli altri Paesi Europei, solo il Portogallo e la Grecia riportano una frequenza più elevata di MRSA. Per ora non sono stati rilevati ceppi VISA, ma sarà comunque importante monitorare nel tempo l'andamento delle MIC alla Vancomicina.

Scopo: Abbiamo voluto verificare, ritenendolo utile, la frequenza di isolamento di Stafilococchi in alcuni Reparti a rischio della nostra Az. Ospedaliera e la loro suscettibilità (R/S) verso le molecole testate.

Materiali e metodi: Nel periodo 01/01/2001 - 31/12/2002 solo su Pazienti ricoverati nei reparti a rischio sono stati isolati 331 ceppi di *S. aureus* (173 nel 2001 e 158 nel 2002) e

770 ceppi di *S. epidermidis* (361 nel 2001 e 409 nel 2002) da materiali vari. Le identificazioni e gli antibiogrammi sono stati eseguiti con il sistema Vitek 2.

Risultati: Le % di sensibilità delle due specie batteriche considerate sono rappresentate nella tabella 1. Se si fa eccezione per la sola Penicillina G, i ceppi di *S. aureus* hanno mantenuto elevate % di sensibilità che vanno dal 57% dell'Eritromicina (anno 2001) al 100% di Teicoplanina e Vancomicina, Soltanto un 5% (anno 2001) ed un 8% (anno 2002) dei ceppi è risultato resistente alla Oxacillina. Per quanto riguarda i ceppi di *S. epidermidis*, invece, questi hanno mostrato, come è logico attendersi; percentuali di sensibilità nettamente inferiori che vanno dal 17% dell'Eritromicina al 100% di Vancomicina. Il 92% (anno 2001) e l'89% (anno 2002) dei ceppi è risultato resistente alla Oxacillina.

Considerazioni: Complessivamente i dati emersi dal nostro studio sono molto rassicuranti per *S. aureus*. Le % di resistenza alla Oxacillina si pongono ben al di sotto di quel 40% che sembra mantenersi in Italia. Anche stratificando il dato per Reparto (vedi tabella 2) quello a più alta % di resistenza risulta essere l'Oncologia con solo 15%. Altrettanto non può dirsi per lo *S. epidermidis*, si passa dal 100% di resistenza nel reparto di Terapia intensiva cardiocirurgica al 71% dell'Oncologia. Particolarmente significativa la situazione nei due nidi patologici, quello ospedaliero con il 98% di resistenza sia nel 2001 che nel 2002 e quello universitario con il 92% nel 2001 ed il 91% nel 2002

M014

ETEROGENEITA' NELLA CAG ISLAND DI HELICOBACTER PYLORI E QUADRI ANATOMO-CLINICI

Sozzi M.*; Tomasini M.L.; Zanussi S.; Tedeschi R.; Basaglia G.; De Paoli P.

S.O.C. di Microbiologia, Immunologia e Virologia - Centro di Riferimento Oncologico, Istituto Nazionale Tumori - IRCCS, Via Pedemontana Occidentale, 12, 33081 Aviano (Pordenone). * U.O. di Gastroenterologia ed Endoscopia digestiva - Ospedali Riuniti di Trieste.

Introduzione e scopo: L'infezione da *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) causa gastrite cronica ed è associata allo sviluppo di ulcera duodenale e gastrica, adenocarcinoma e MALT linfoma gastrici. Tra i fattori implicati nell'esito clinico dell'infezione vi è la regione genomica "cag Island" più frequente nei ceppi isolati da pazienti con quadri clinici più severi (Sozzi et al., Am J Gastroenterol 1998; 93(3): 375-379) e per la quale esiste eterogeneità genica anche nell'ambito dello stesso ceppo (Tomasini et al., JCM 2003; 41(3): 976-80). Scopo del presente studio è di verificare se esistono differenze nei genotipi cag nelle colonie isolate da pazienti con differenti "outcomes" clinici.

Materiali e metodi: In 17 pazienti (5 con ulcera duodenale, 6 con gastrite atrofica e 6 con gastrite non-atrofica) sono stati effettuati prelievi biotici endoscopici (dall'antro e dal corpo gastrico in 11 soggetti, solo da un sito in 6 soggetti) per l'esame istologico della mucosa e per la coltura dell'*H.pylori*. Da ogni coltura primaria sono state isolate 10 colonie per un totale di 280 colonie. Per ogni colonia si è effettuato l'inceppamento, l'estrazione del DNA e l'amplificazione di 3 geni della cag Island: *cagA*, *cagE*, *virB11* e del gene *glmM* (*ureC*), marker della presenza di genoma di *H. pylori*. In casi selezionati si è verificata l'appartenenza delle colonie ad uno stesso ceppo mediante RAPD-PCR e sequenziamento del-