

contaminati da *Achromobacter xilosoxidans* (*Ax*). Dei 7 flaconi di clorexidina al 3%, 3 erano contaminati da *Ax* e 1 da *Ralstonia paucula* (*Rp*). Dei 4 flaconi in uso di Baxidin®, 2 erano contaminati da *Ax*. Sono invece risultati tutti sterili i flaconi di Amuchina® e Braunol®. Nei successivi test *Ax* è cresciuto su agar sia dopo l'esposizione al Baxidin® che alla clorexidina 1% e 3%. Quest'ultima, a queste concentrazioni si è rivelata inefficace anche nei confronti di *Rp*.

Conclusioni. *Achromobacter xilosoxidans* e *Ralstonia paucula* appaiono resistenti ad alcuni disinfettanti di uso comune, tanto che in alcuni casi ne possono contaminare i flaconi.

138

CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI UNA EPIDEMIA DA *CANDIDA PARAPSILOSIS* IN TERAPIA INTENSIVA

Lo Cascio G.¹, Ligozzi M.², Maccacaro L.², Bertocelli A.², Fontana R.²

¹Servizio di Microbiologia, Ospedale G.B. Rossi, Piazzale L.A. Scuro 10, Verona

²Dipartimento di Patologia, Sezione di Microbiologia, Strada Le Grazie 8, Verona

Introduzione. Le candidosi invasive sono un problema di crescente rilevanza nei reparti di terapia intensiva a causa dei numerosi fattori di rischio presenti in questi pazienti. Negli ultimi anni hanno assunto notevole importanza anche specie diverse da *Candida albicans* come *C. parapsilosis*. Scopo di questo studio è stato quello di indagare, con l'ausilio della biologia molecolare, una sospetta epidemia da *C. parapsilosis* verificatasi in un reparto di Rianimazione.

Materiali e metodi. Tutti ceppi di *C. parapsilosis* isolati dalle emocolture del reparto di Terapia Intensiva del Policlinico di Verona nel periodo compreso tra agosto 2005 ed aprile 2006 sono stati raccolti e indagati per evidenziarne la sospetta monoclonalità. L'estrazione del DNA del lievito è stata effettuata con un metodo automatizzato (easyMag-Biomerieux); successivamente il DNA è stato sottoposto ad una RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) utilizzando primer precedentemente descritti e ad una rep-PCR (ripetitive extragenic palindromic PCR). *C. parapsilosis* ATCC 22019 è stata utilizzata come controllo positivo.

Risultati. Sono stati isolati 10 ceppi di *C. parapsilosis*, identificate a livello di specie con metodi precedentemente descritti. I 10 ceppi appartenevano a 7 pazienti, 3 dei quali hanno presentato lo stesso isolato da emocoltura e da coltura del CVC. I profili ottenuti con la tipizzazione molecolare sono stati elaborati con il software Gel Compare (Applied Math) e hanno confermato l'origine clonale del ceppo di *C. parapsilosis* responsabile delle candidemie.

Conclusioni. Come descritto precedentemente *C. parapsilosis* risulta una specie emergente nell'ambito delle infezioni del sangue catetere-correlate. Questo studio retrospettivo, pur non avendo potuto stabilire la sorgente dell'infezione, ne ha evidenziato l'origine clonale. Si conferma ancora una volta l'utilità della sorveglianza epidemiologica in reparti a rischio, e l'utilità della tipizzazione molecolare nei sospetti eventi epidemici; sono necessari quindi ulteriori studi per standardizzare le tecniche molecolari per i miceti, ormai indispensabili nelle indagini epidemiologiche.

139

UTILIZZO DELLA PFGE PER LO STUDIO DI UN'EPIDEMIA DA *S. AUREUS* IN UN REPARTO DI PATOLOGIA NEONATALE

Pagani L.¹, Migliavacca R.¹, Matti C.², Perotti G.³, Nucleo E.¹, Spalla M.², Sacco L.², Daturi R.¹.

¹Dip. S.M.E.C. sez. di Microbiologia, Università di Pavia, via Brambilla 74, 27100 Pavia;

²Servizio Analisi Microbiologiche IRCCS "S. Matteo", p.le Golgi, 27100 Pavia;

³Divisione di Patologia Neonatale e Terapia Intensiva, IRCCS "S. Matteo", p.le Golgi, 27100 Pavia, Italia.

Introduzione. *Staphylococcus aureus* rappresenta una delle principali cause di infezioni gravi acquisite durante il periodo di degenza.

In Italia, si stima che circa il 35% degli *S. aureus* isolati in ambito ospedaliero risultino meticillino-resistenti. Preoccupanti profili di resistenza sono emersi, recentemente, anche per aminoglicosidi, tetracicline, fluorochinoloni nonché glicopeptidi. Scopo del presente studio è stato valutare i livelli di antibiotico-resistenza e le relazioni clonali fra ceppi di *S. aureus* isolati in un reparto di patologia neonatale.

Materiali e metodi. Durante il periodo Agosto 2005 - Marzo 2006, sono stati raccolti da differenti pazienti, ricoverati presso il reparto di Patologia Neonatale del Policlinico San Matteo di Pavia, 35 isolati di *S. aureus*. I microrganismi, identificati mediante i sistemi automatizzati Vitek System (Biomérieux, Roma) e BD Phoenix, sono stati sottoposti a test di sensibilità per cefoxitina, ampicillina, gentamicina, eritromicina, cotrimossazolo, ciprofloxacina, ed E-test per vancomicina e teicoplanina in terreno agarizzato seguendo le raccomandazioni del CLSI.

Le relazioni clonali fra gli isolati di *S. aureus* sono state stabilite attraverso PFGE (*SmaI*) (Bio-Rad).

Risultati. 31/35 campioni testati sono risultati sensibili a meticillina, cotrimossazolo, fluorochinoloni e glicopeptidi; resistenti invece ad ampicillina, tetraciclina eritromicina e gentamicina. 4/35 campioni sono risultati meticillino-resistenti. La resistenza era estesa anche a tetraciclina e gentamicina.

Gli studi di tipizzazione hanno evidenziato la diffusione epidemica di 2 cloni: A, comprendente i ceppi meticillino-sensibili e con fenotipo di resistenza ai macrolidi MLS_B inducibile, B tipico dei campioni meticillino-resistenti ed eritromicina sensibili.

Conclusioni. L'utilizzo dei metodi di tipizzazione è ritenuto auspicabile, soprattutto nei reparti ad alto rischio, per un pronto e sensibile rilievo di eventi epidemici nosocomiali, cosicché possano essere adottate tempestivamente efficaci misure di contenimento.