

140

RIPETUTI CLUSTERS DA *S. MARCESCENS* IN UN REPARTO DI TERAPIA INTENSIVA NEONATALE: ASPETTI MICROBIOLOGICI E CLINICO-EPIDEMIOLOGICI

Pecorari M., Tamassia MG, Fabio G., Nanni N, Tagliazucchi S., Della Casa Muttini E*, Leporati G., La Regina A., Marchegiano P**, Scaltriti S**, Vecchi E**, Casolari C.

Dipartimento Integrato Servizi Diagnostici e Laboratorio e Medicina Legale, Sezione di Microbiologia e Virologia, Policlinico, Modena;

* Dipartimento Integrato Materno-Infantile, Sezione di Neonatologia, Policlinico, Modena;

** Direzione Sanitaria, Policlinico, Modena

Introduzione. *Serratia marcescens* è stata segnalata negli ultimi anni come causa di epidemie, talora difficili da eradicare, in reparti di terapia intensiva neonatale. Scopo della ricerca è la valutazione degli aspetti microbiologici e clinico-epidemiologici di ripetuti clusters di infezioni da *S. marcescens*, occorsi nel reparto di Neonatologia del Policlinico di Modena nell'arco di 3 anni.

Metodi. È stato condotto uno studio molecolare con RFLP-PCR su ceppi di *S. marcescens* isolati da campioni clinici di 55 neonati. Sono stati valutati i fattori di rischio e le misure di controllo intraprese.

Risultati. 38 bambini erano colonizzati e 17 affetti da infezioni di diversa gravità; di questi 6, prematuri di basso peso, hanno sviluppato setticemia ed uno è deceduto. La tipizzazione molecolare dei ceppi ha identificato 7 diversi genotipi (A-G) dei quali due prevalenti: A, 12 casi, e B, 27 casi. Complessivamente sono stati riscontrati 4 clusters di diversa entità: I, gennaio - aprile 2003, 9 casi, genotipo A; II, luglio 2003, 3 casi, genotipo B; III, gennaio - giugno 2004, 20 casi, genotipi C (8), B (5), D (2), E (3); IV, giugno 2005 - febbraio 2006, 24 casi, genotipi A (3), B (18), C (1), G (1). Ripetuti campioni prelevati dall'ambiente e dal personale sono risultati costantemente negativi. I principali fattori di rischio identificati sono stati: basso peso alla nascita, prematurità, ventilazione forzata e catetere venoso centrale.

Conclusioni. Genotipi eterogenei sono stati riscontrati nei ceppi studiati. I cloni A e B identificati nei primi 2 clusters, sono stati nuovamente repertati dopo 3 anni nell'ultimo cluster, dimostrando una persistenza nell'ambiente. Non è stata identificata una fonte comune. Il sovraffollamento del reparto in rapporto al calo del personale è stato collegato ai clusters di infezioni. La trasmissione crociata tramite le mani è stata probabilmente una importante via di diffusione. Screening microbiologici ravvicinati, cohorting degli infetti e implementazione delle misure igieniche sono risultati aspetti fondamentali nel contenimento dell'epidemia.

141

GESTIONE DEI GERMI "SENTINELLA": RUOLO DEL LABORATORIO DI MICROBIOLOGIA

Pieretti B.¹, Moretti M.², Ghiandoni M.G.², Ciaschini G.², Gasperoni S.², Delprete E.²

¹Laboratorio Analisi Ospedale "Valduce", via Dante 11, 22100 Como (CO)

²Laboratorio Analisi Ospedale S. Croce (A.S.U.R. Marche Z.T. n°3 Fano), viale Vittorio Veneto 2, 61032 Fano (PU)

Introduzione. I "microorganismi sentinella" sono caratterizzati da rapida diffusibilità e/o da un pattern di antibiotico resistenza tale da costituire un rilevante problema sanitario per le importanti ricadute cliniche ed economiche. Per questo il Comitato per le Infezioni Ospedaliere (C.I.O.) della Zona Territoriale N°3 di Fano (PU) ha stilato una apposita "Procedura per la gestione dei microorganismi sentinella".

La procedura concordata e condivisa con la Direzione Sanitaria e i reparti definisce un elenco di microorganismi al cui isolamento seguono una serie di "azioni" quali la tempestiva notifica telefonica al reparto e alla Direzione Sanitaria, l'invio del referto cartaceo al reparto e via fax alla Direzione Sanitaria con inclusa una nota che sottolinea la pericolosità dell'isolato e indica le norme da adottare per prevenire la trasmissione del microorganismo ad altri pazienti e/o al personale. Copia del referto è archiviata dal laboratorio in un'apposita rubrica alfabetica utile per una valutazione prospettica nel tempo delle resistenze. Nel nostro lavoro abbiamo valutato numero e tipo di microorganismi "sentinella" isolati nei diversi materiali riferiti a pazienti ricoverati nei reparti a maggior rischio di contrarre infezioni ospedaliere valutandone nel tempo la sensibilità.

Metodi. Per questo tipo di analisi ci siamo avvalsi dei dati ottenuti con i criteri di estrapolazione del sistema Vitek (bioMérieux) elaborandoli in fogli di lavoro Excel.

Risultati. Complessivamente nel periodo aprile 2004-luglio 2005 sono stati isolati 137 germi "sentinella", 63 nel 2004 (3,9%) e 70 nel 2005 (7,5%) dai seguenti materiali: urine (30%), broncoaspirati (29%), ferite chirurgiche (12%), espettorati (9%), emocolture (6%), cateteri (4%), feci (7%) e altri materiali (4%). I microorganismi isolati sono stati: *Pseudomonas aeruginosa* (54%), *Staphylococcus aureus* meticillino-resistente (29%), *Stenotrophomonas maltophilia* (7%), *Enterococcus faecium* Van-A (1%).

L'analisi delle resistenze e delle variazioni della MIC condotta su ceppi di MRSA e *Pseudomonas aeruginosa* (isolati rispettivamente in 16 e 19 pazienti nel 2004 ed in 13 e 21 pazienti nel 2005) e su altri batteri di frequente isolamento in pazienti appartenenti a reparti a rischio (*E. faecalis*, *E. faecium*, *Enterobacter cloacae*, *Escherichia coli* e *Klebsiella pneumoniae*) ha evidenziato un aumento della resistenze con spostamento della MIC verso concentrazioni superiori rispetto all'anno precedente. L'andamento nel tempo delle sensibilità per tali germi è stato confermato anche dal confronto tra gli isolati di pazienti appartenenti a reparti interni con quelli esterni.

Conclusioni. I risultati ottenuti confermano, anche nella nostra realtà, l'importanza del fenomeno antibiotico resistenza e indicano come questo possa essere contrastato in modo efficace ed efficiente solo con un intervento multidisciplinare e multiprofessionale basato sulla costante e solerte collaborazione tra laboratorio di microbiologia clinica, Direzione Sanitaria e reparti di degenza.