

CIRCOLAZIONE DI CEPPI DI *S. aureus* DI PROVENIENZA UMANA E ANIMALE: UN PROBLEMA EMERGENTE IN AMBITO SANITARIO

Di Gregorio A.¹, Rimoldi S.G.¹, Gentile B.², Sala V.³, De Faveri E.³, Pagani C.¹, Palazzin A.¹, Catena E.⁴, Antona C.⁵, Lista F.², Gismondo M.R.¹.

¹ Laboratorio di Microbiologia Clinica, Virologia e Diagnostica delle Bioemergenze, ASST Fatebenefratelli Sacco, Milano
² Division of Molecular Biology, Immunology and Experimental Medicine Scientific Department, Army Medical Center, Rome
³ Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università di Milano
⁴ UOC Cardioanestesia-ASST Fatebenefratelli-Sacco, Milano
⁵ UOC Cardiochirurgia-ASST Fatebenefratelli-Sacco, Milano

P037

INTRODUZIONE

Nonostante in passato le infezioni da *S. aureus* resistente alla meticillina fossero descritte solo in ambiente ospedaliero (HA-MRSA), di recente sono emerse anche in ambito comunitario (CA-MRSA) e veterinario (infezioni negli animali da allevamento (LA-MRSA) e da compagnia). Di conseguenza oggi le infezioni da *S. aureus* non possono più essere considerate un problema associato esclusivamente al settore sanitario e non possono più essere fronteggiate soltanto con misure di prevenzione e controllo ospedaliero.

Il concomitante riscontro di 4 casi di infezione di ferita sternale profonda sostenuta da *S. aureus* nel mese di aprile 2015 nel reparto di Cardiochirurgia dell'ospedale L. Sacco di Milano ha portato ad analizzare retrospettivamente i ceppi di *S. aureus* collezionati in tale Unità Operativa nel 2015.

Scopo del lavoro è stato quindi valutare se la circolazione di tali ceppi fosse il risultato di una trasmissione intraospedaliera o di una diffusione più ampia ed eterogenea coinvolgente anche l'ambito comunitario e veterinario.

METODI

Da luglio a dicembre 2015, 365 tamponi nasali sono stati raccolti rispettivamente da 98 operatori sanitari (HCWs), 10 pazienti, 192 veterinari e 53 animali domestici.

89 isolati di *S. aureus* sono stati analizzati tramite PCR Real Time per il gene *mecA* (Progenie Molecular, Spain). Il sequenziamento dell'intero genoma (WGS) è stato effettuato per 89 isolati mediante Multi Locus Sequence Typing (MLST); l'analisi Single Nucleotide Polymorphism (SNP) è stata effettuata su 27 isolati di provenienza ospedaliera appartenenti a uno stesso Sequence Type (ST).

Tutti i ceppi sono stati sottoposti a una Rep PCR (Diversilab, Biomerieux Marcy l'Etoile, France).

RISULTATI

89/365 tamponi nasali sono risultati positivi per *S. aureus*: 80 MRSA (*S. aureus* meticillino-resistente) e 9 MSSA (*S. aureus* meticillino-sensibile).

L'analisi MLST ha rilevato 13 differenti Sequence Types: ST 398 (n=45), ST22 (n=14), ST 8 (n=4), ST30, ST15 e ST5 (ciascuno in 3 isolati), ST121, ST45, e ST10 (ciascuno in 2 isolati), ST 97, ST34, ST6 e ST1 (ciascuno in 1 isolato) e 2 nuovi STs (diversi da ST22 e da ST5 per un singolo gene dei sette che definiscono l'analisi MLST). In 5 casi l'ST non è stato determinato (Tab.1).

L'analisi SNP ha escluso una trasmissione tra pazienti, ma ha evidenziato la presenza di uno stesso ceppo tra alcuni HCWs e pazienti. (Fig.1)

In alcuni casi gli operatori condividevano uno stesso ST con i pazienti (ST8, ST22 e ST30) e con i veterinari (ST5, ST8, ST10, ST15, ST22 e ST30).

Infine, la Rep PCR ha mostrato elevata similarità genetica tra i campioni provenienti da 5 veterinari e 10 HCWs.

Sequence Type	Numero isolati
ST 398	45
ST 22	14
ST 8	4
ST30, ST 15, ST 5	3
ST121, ST45, ST10	2
ST 97, ST34, ST6, ST1, ST22#, ST5#	1
Non determinati	5

Tab 1. Sequence type ottenuti dall'analisi MLST di 89 ceppi di *S. aureus*

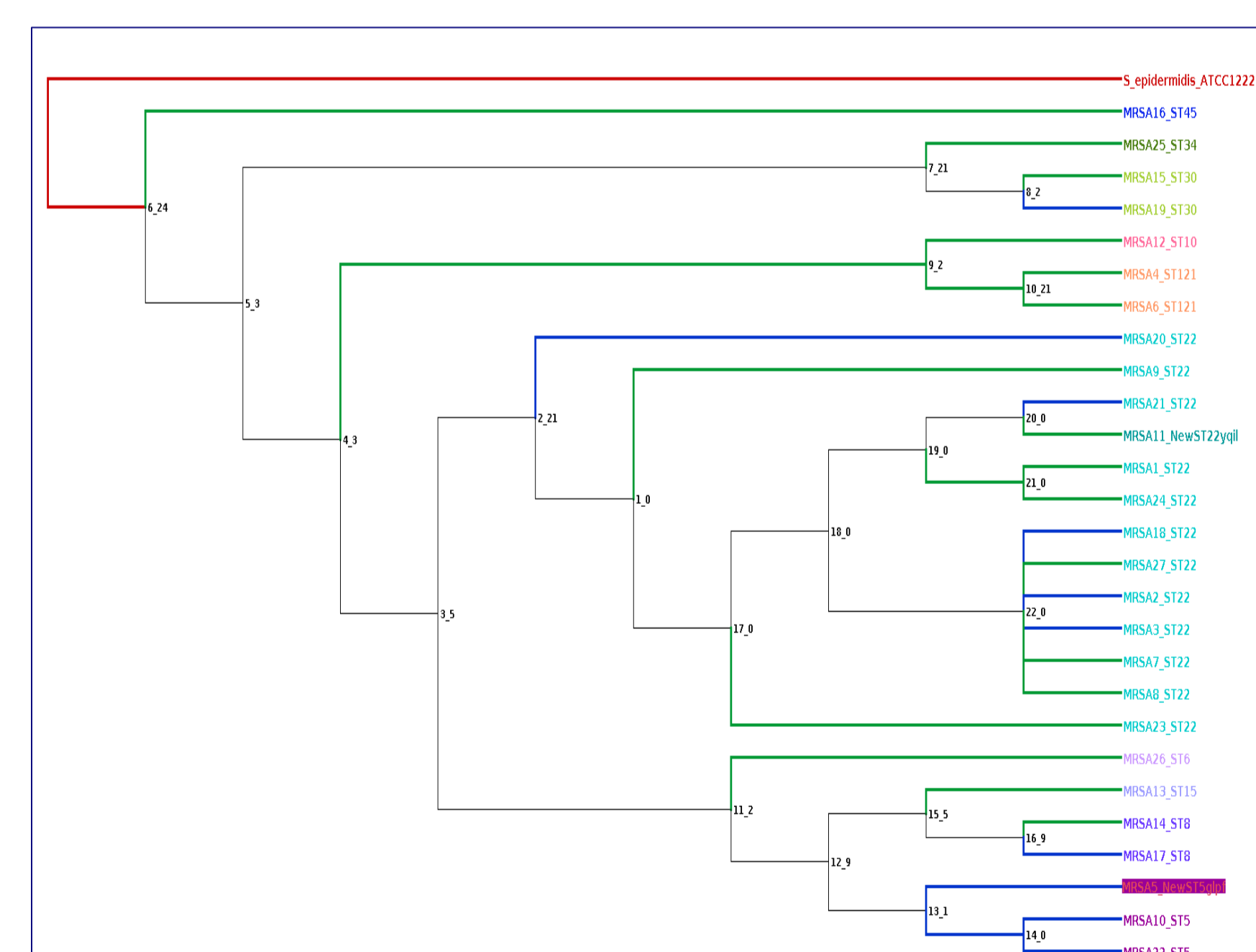


Fig 1. Dendrogramma risultante dall'analisi SNP di 27 ceppi di *S. aureus* con STs comuni

CONCLUSIONI

La diversità degli isolati rilevati riflette un'ampia epidemiologia che coinvolge sia l'ambiente ospedaliero che comunitario; in alcuni casi gli animali domestici sembrano avere un ruolo come serbatoio. Il ritrovamento di STs tipici di animali dovrebbe indurre ad esaminare meglio la relazione tra ceppi di diversa provenienza: ulteriori indagini epidemiologiche che coinvolgano altri settori della Sanità Pubblica sono necessarie.