

CONTROLLO DELLE INFEZIONI E DELL'ANTIBIOTICO-RESISTENZA TRAMITE STUDI DI DINAMICA DELLA POPOLAZIONE BATTERICA LOCALE E ATTIVITA' DEL CIO. L'ESPERIENZA DI HESPERIA HOSPITAL MODENA 2015-2018.

Piero Aloisi¹, Mattia Manelli¹, Martina Bocca²Carla Sabia², Stefano Reggiani¹

Introduzione: In Hesperia Hospital, ospedale privato accreditato, da diversi anni vengono attuate misure volte a prevenire e limitare la comparsa di infezioni ospedaliere, come l'esecuzione, su pazienti chirurgici, di tamponi nasali per la ricerca di ceppi MSSA ed MRSA e tamponi rettali per la ricerca di ceppi CRE. Oltre alle indagini microbiologiche, sono di grande supporto le attività del CIO che interviene sulla formazione continua degli operatori con politiche riguardanti il lavaggio delle mani, l'adeguato consumo di gel idroalcolico, il corretto uso dei DPI, e non ultima, una virtuosa antimicrobial stewardship.

Dall'insieme di tutte queste pratiche emergono dati che possono essere di grande utilità nell'indirizzare terapie congrue ed eventuali interventi correttivi per abbattere la comparsa delle ICA

Materiali e Metodi: Tutti gli esami colturali su piastra eseguiti con terreni Biomerieux.

Identificazioni e antibiogrammi eseguiti con Vitek2 Biomerieux e approfondimenti effettuati con E-test e NG-carba5 test (DID). Per i ceppi MDR è stato eseguito isolamento del DNA genomico, PCR e sequenziamento per la caratterizzazione molecolare presso UNIMORE, cattedra di microbiologia applicata.

Risultati

Fra il 2015 e il 2018 il numero totale degli esami colturali è stato di 21.129 con il 16,67% di positivi.

Nella classifica dei ceppi di principale isolamento (Tabella 1) relativa a tutti i reparti, il germe maggiormente isolato è *Escherichia coli*, noto patogeno opportunisto, mentre i dati relativi alla terapia intensiva evidenziano in *Pseudomonas aeruginosa* il batterio isolato più frequentemente

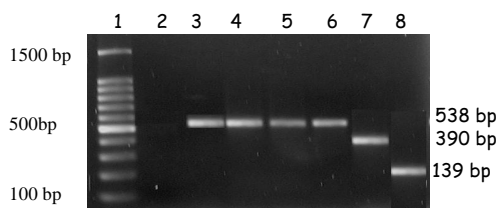
Tabella 1

HESPERIA HOSPITAL TUTTI I REPARTI 2015-2018			HESPERIA HOSPITAL TERAPIA INTENSIVA 2015-2018		
Microrganismo	N° microrganismi	%	Microrganismo	N° microrganismi	%
<i>Escherichia coli</i>	629	19,41	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	173	16,73
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	319	9,85	<i>Candida albicans</i>	138	13,35
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	313	9,66	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	129	12,48
<i>Staphylococcus aureus</i>	292	9,01	<i>Escherichia coli</i>	115	11,12
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	284	8,76	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	80	7,74
<i>Candida albicans</i>	216	6,67	<i>Staphylococcus aureus</i>	55	5,32

La tabella 2 mette in evidenza il trend delle resistenze nel corso del periodo 2015-2018 in associazione al valore di DDD che mostra un netto calo nell'utilizzo di alcuni antimicrobici, frutto di una attenta Antimicrobial Stewardship.

Tabella 2

	% DI RESISTENZA				DDD		
	2015	2016	2017	2018	2015	2016	2017
MEROPENEM	10,2	4,1	7,0	4,7	4,4	2,47	1,38
CEFTAZIDIME	22,7	20,8	17,2	12,9	1,3	0,94	0,54
PIPERACILLINA/TAZOBACTAM	20,8	19,8	15,8	14,9	3,4	4,72	3,7
CIPROFLOXACINA	33,4	27,5	21,3	22,4	3,2	2,15	2,36
CASPOFUNGINA					1,11	0,4	0,13



Esempio di amplificazione mediante PCR dei geni *bla_{KPC}(538)*, *bla_{VIM}(390)* e *bla_{IMP}(190)*
Linea 1: marcatore 1,5pb, **linea 2:** controllo negativo, **linea 3, 4, 5 e 6:** *bla_{KPC}(538)*, **linea 7:** *bla_{VIM}(390)* e **linea 8:** *bla_{IMP}(190)*
 Dal sequenziamento genico dei geni sono risultati le varianti KPC-2, VIM-2 e IMP-1

Dai dati presentati, si evince l'importanza del monitoraggio della popolazione batterica autoctona e dell'evoluzione nel tempo delle resistenze. Soprattutto in terapia intensiva dove si trovano i pazienti più complessi e i ceppi più resistenti, è possibile impostare terapie di minor impatto risparmiando i carbapenemi e limitando così la comparsa di ceppi CRE. Gli studi sul consumo di antimicrobici e sul trend di resistenza possono dare risultati nel lungo periodo ma sono già evidenti segnali sia nel controllo delle antibiotico-resistenze, sia nella diminuzione delle ICA. Gli approfondimenti molecolari attualmente in corso, caratterizzano le specie microbiche MDR e consentono importanti speculazioni epidemiologiche sull'evoluzione e sui meccanismi alla base dell'antibiotico-resistenza.