

comunicazioni orali

SESSIONE 2

Tipizzazione batterica

Mercoledì 15 ottobre 2003, 9.00-13.00 Sala Giotto,
Palazzo Affari 3° piano

CO2.1

RIBOTIPIZZAZIONE AUTOMATICA NELLA TIPIZZAZIONE DI CEPPI DI *STENOTROPHOMONAS MALTOPHILIA*

**Barbarini D., D'Avolio A.*, Pillitteri L.,
Carretto E.**

Laboratori Sperimentali di Ricerca, Area Infettivologica,
IRCCS Policlinico "San Matteo", Pavia e (*) Dip. Discipline
Med.-Chir. Malattie Infettive, Ospedale "Amedeo di Savoia",
Università degli Studi di Torino

Stenotrophomonas maltophilia (SM) è un patogeno opportunisto, che causa per lo più infezioni polmonari o sistemiche (sepsi). Occasionalmente isolato in pazienti comunitari, è assai più frequente in ambito nosocomiale, ove può manifestarsi con microepidemie dovute alla sua buona sopravvivenza ambientale (in particolare in soluzioni acquose). Le sue particolari caratteristiche di resistenza agli antibiotici e la sua diffusibilità raccomandano, in presenza di suoi isolamenti ripetuti, la messa in atto di procedure di sorveglianza e controllo. Il microbiologo dovrà essere in grado di identificarlo correttamente ed, eventualmente, di tipizzarlo. Nel presente lavoro ci si è proposti di valutare l'applicabilità di una metodica molecolare, quale la ribotipizzazione con sistema automatico, nella identificazione e tipizzazione di 43 ceppi di SM isolati in differenti ambiti ospedalieri. In particolare, sono stati scelti sia ceppi fra loro correlati epidemiologicamente (ad esempio isolati dallo stesso paziente) che ceppi fra loro sicuramente non correlabili. Al fine di valutare gli enzimi più discriminanti, cioè in grado di fornire profili genomici polimorfici, abbiamo analizzato 8 ceppi con gli enzimi di restrizione *EcoRI*, *PvuII*, *PstI* e *BamHI*. Gli ultimi due hanno consentito la generazione di pattern polimorfici: con *PstI* si sono ottenute 4-8 bande, una sola delle quali monomorfa, e con *BamHI*

analogamente 4-8 bande, due delle quali monomorfe. Dopo la fase di selezione degli enzimi, sono state condotte due singole digestioni enzimatiche con *PstI* e *BamHI* sui 43 isolati. Il primo enzima ha consentito di suddividere i ceppi in 13 gruppi, mentre il secondo in 15. L'analisi combinata dei risultati ottenuti con i due enzimi ha raggruppato i ceppi in esame in 24 cluster. La tipizzazione così ottenuta è risultata in perfetta concordanza con il dato epidemiologico atteso, dimostrando che la ribotipizzazione automatica, condotta con almeno due enzimi di restrizione, può considerarsi una metodica di tipizzazione efficace per isolati di SM.

CO2.2

BURKHOLDERIA CEPACIA COMPLEX IN UN CENTRO FIBROSI CISTICA ITALIANO: EPIDEMIOLOGIA E DECORSO CLINICO NEI PAZIENTI INFETTATI CON DIFFERENTI RECA LINEAGES DI *BURKHOLDERIA CENOCEPACIA*

**Manno G.¹; Dalmastri C.²; Tabacchioni S.²;
Lorini R.¹; Minicucci L.¹; Romano L.¹;
Giannatasio A.¹; Chiarini L.² e Bevivino A.².**

Dipartimento di Pediatria, Università di Genova, Istituto
G. Gaslini, Genova¹ ;

Unità di Biotecnologie, C.R. Casaccia, Enea, Roma².

L'epidemiologia di *Burkholderia cepacia* complex (Bcc) è stata determinata in 75 pazienti seguiti presso il Centro Fibrosi Cistica (FC) dell'Istituto G. Gaslini di Genova. È stato valutato inoltre l'andamento clinico rispetto alle differenti specie e genomovars del Bcc, nei pazienti FC infettati. Tutti i ceppi dello studio sono stati isolati da colture espettorato mediante metodiche