

ABSTRACT

Autori: Ambra Di Tommaso ¹, Angela Civisca ¹, Riccardo Mastrantonio ¹, Alessandra Cornacchia ², Francesco Pomilio ², Leila Fabiani ¹

1- Università degli studi dell'Aquila - Dipartimento di Medicina Clinica, Sanità Pubblica, Scienze della Vita e dell'Ambiente;

2- Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "G. Caporale"

TITOLO: Valutazione dell'antibiotico-resistenza in ceppi di *Pseudomonas aeruginosa* isolati da superfici ambientali ospedaliere

INTRODUZIONE: *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*) è un batterio Gram-negativo responsabile di oltre la metà delle infezioni gravi che si registrano negli ospedali in quanto la sua infezione è particolarmente resistente ad una serie di antibiotici. La maggior parte degli studi basano la ricerca di geni responsabili dell'antibiotico-resistenza (AMR) su ceppi isolati da campioni biologici. Poiché questi metodi risultano a volte invasivi, lo scopo di questo studio è stato valutare la presenza di *P. aeruginosa* in matrici ambientali legate all'acqua all'interno di strutture sanitarie e di caratterizzare sia fenotipicamente che genotipicamente il profilo di resistenza antimicrobica degli isolati.

MATERIALI E METODI: Le attività di campionamento sono state eseguite utilizzando un protocollo sviluppato nel laboratorio di Igiene Ambientale e Ospedaliera dell'Università dell'Aquila e gli isolati di *P. aeruginosa* sono stati processati per il test di suscettibilità antimicrobica mediante microdiluzione in brodo con il sistema di lettura automatizzata delle piastre. Il sequenziamento dell'intero genoma (NGS) di *P. aeruginosa* è stato eseguito sulla piattaforma Illumina e il server web ResFinder è stato utilizzato per identificare i geni di resistenza antimicrobica, utilizzando una soglia del 98,00% di identità (ID).

RISULTATI: Nel nostro studio sono stati testati 10 ceppi di *P. aeruginosa*. L'analisi fenotipica ha mostrato una resistenza ai β -attamici ed ai chinoloni.

La caratterizzazione genotipica ha rilevato la presenza di 6 geni di resistenza che coprono tre diverse classi di antimicrobici: β -attamici, chinoloni e aminoglicosidi. I geni rilevati da ResFinder appartenenti a quest'ultima classe, da dati di letteratura, non conferiscono resistenza agli aminoglicosidi testati nell'analisi fenotipica.

CONCLUSIONI: Abbiamo dimostrato che il protocollo di campionamento da noi sviluppato è utile per ottenere ceppi di *P. aeruginosa* da matrici ambientali. Il nostro studio mostra, inoltre, una

concordanza tra la caratterizzazione fenotipica e genotipica degli isolati dimostrando l'utilità del NGS per una rapida diagnosi clinica dell'antibiotico-resistenza e apre la strada a una diagnostica più rapida per strategie di trattamento più efficienti e mirate.