

## Eleonora Riccobono, PhD

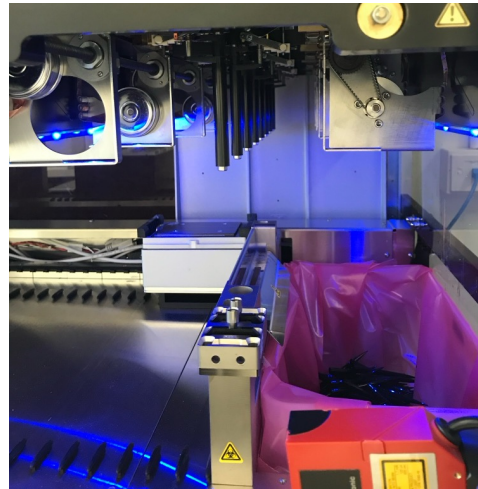
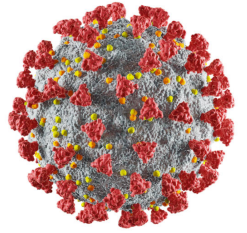
### *Formazione:*

- Laurea magistrale in Biotecnologie Mediche (Unisi)
- PhD in Biotecnologie Mediche (Unisi)
- Assegno di ricerca (Unifi)
- **Scuola di Specializzazione in Microbiologia e Virologia (Unisi)**

*Siena, 20 maggio 2024*

## ❖ Emergenza SARS-CoV-2

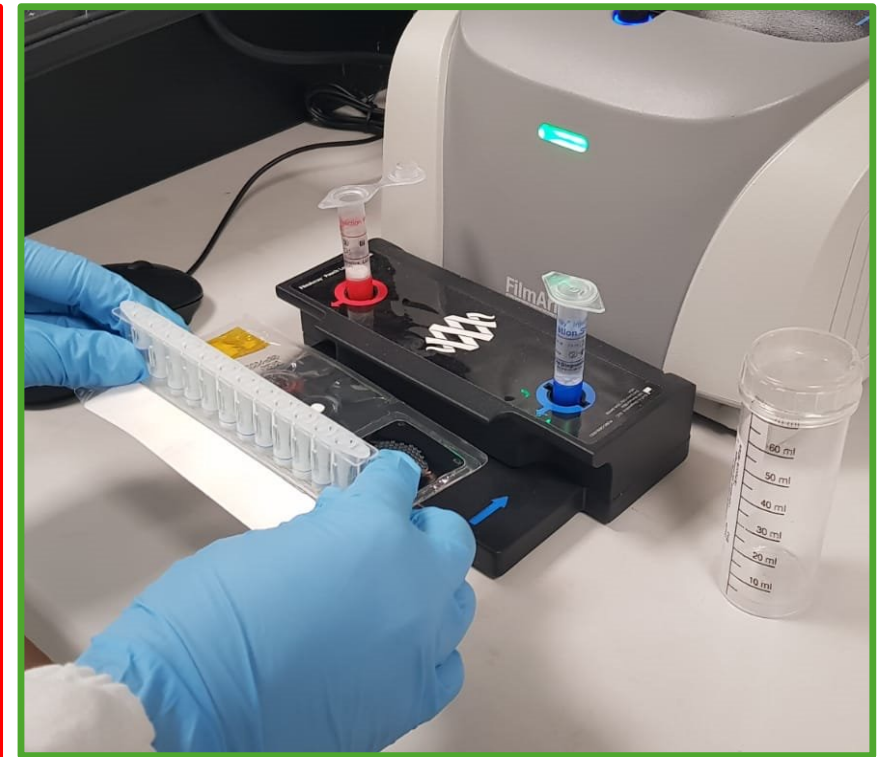
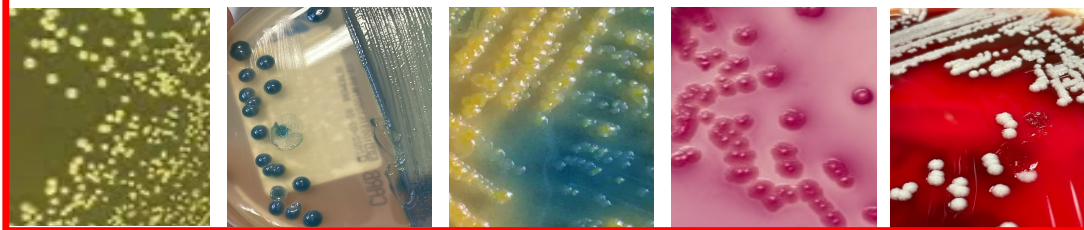
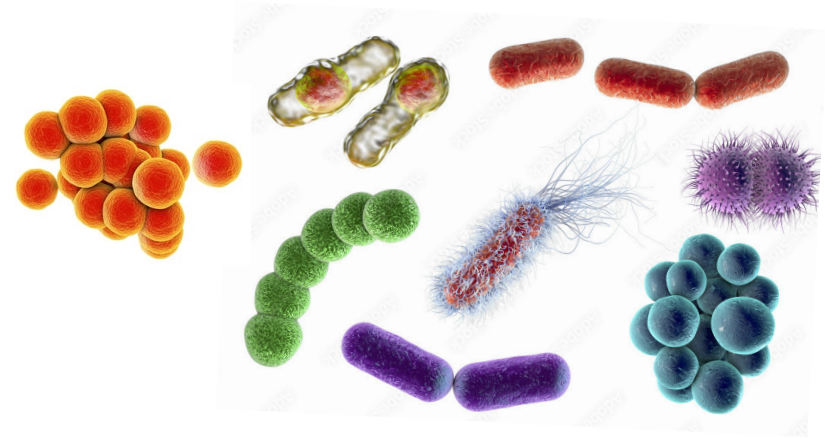
- nuovi strumenti
- comunicazione con reparti
- nuovi protocolli
- *screening* sierologico personale universitario





## ❖ Batteriologia

- vari flussi di lavoro
- vari approcci diagnostici
  - tradizionale (batterioscopico, colturale, ATB classico)
  - molecolare (pannelli sindromici, ATB molecolare)



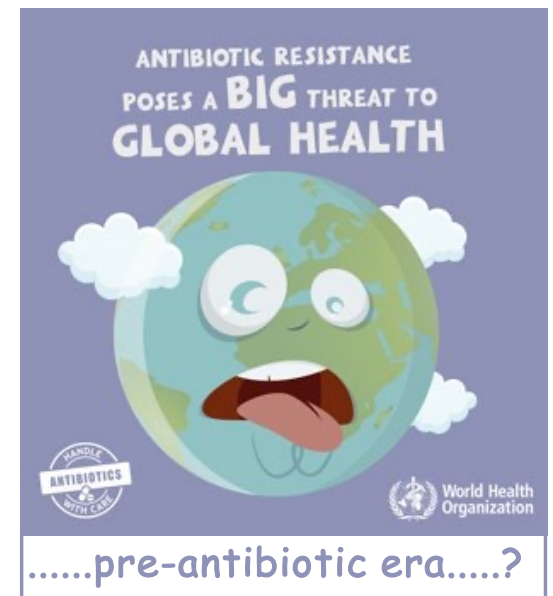
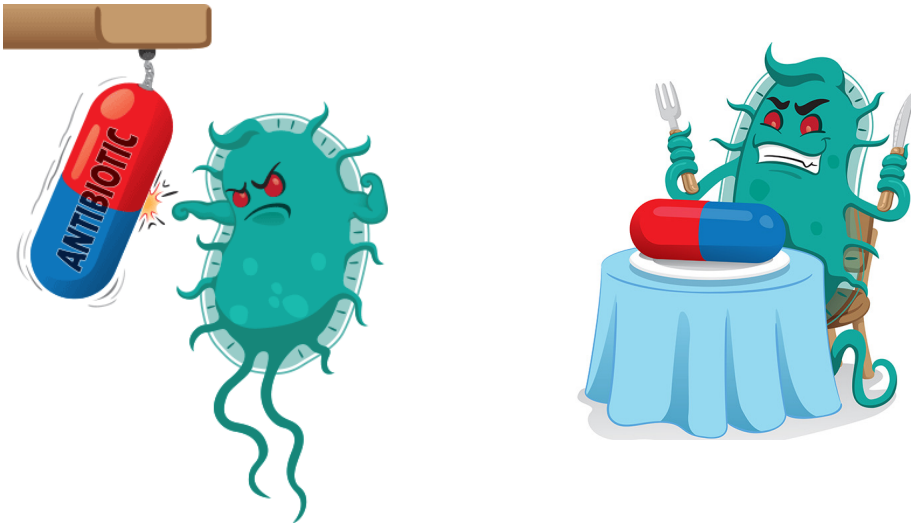
## ❖ Batteriologia

- vari flussi di lavoro
- vari approcci diagnostici
- sorveglianza attiva microrganismi *alert*



## Resistenza batterica ai farmaci antibiotici

E' quel fenomeno per cui i batteri riescono a sopravvivere e moltiplicarsi in presenza di un farmaco antibatterico



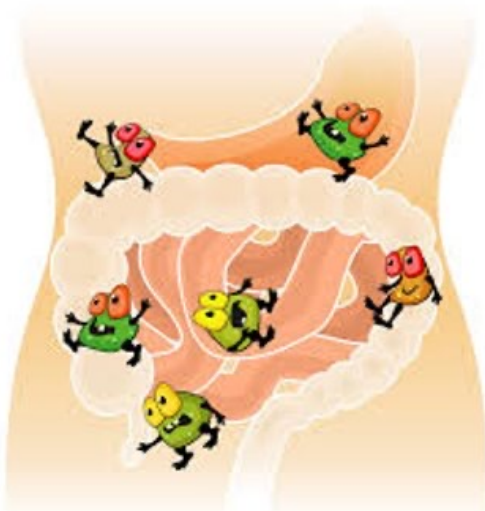
## ❖ batteriologia

### • epidemiologia: sorveglianza attiva



*screening* microrganismi *alert* mediante tamponi di monitoraggio (es. tampone rettale, tampone nasale...)

- individuare precocemente i pazienti colonizzati
- bloccare la catena di trasmissione mediante corrette IPC (isolamento)
- guidare il clinico nella terapia in caso di infezione



eClinicalMedicine  
Part of THE LANCET Discovery Science

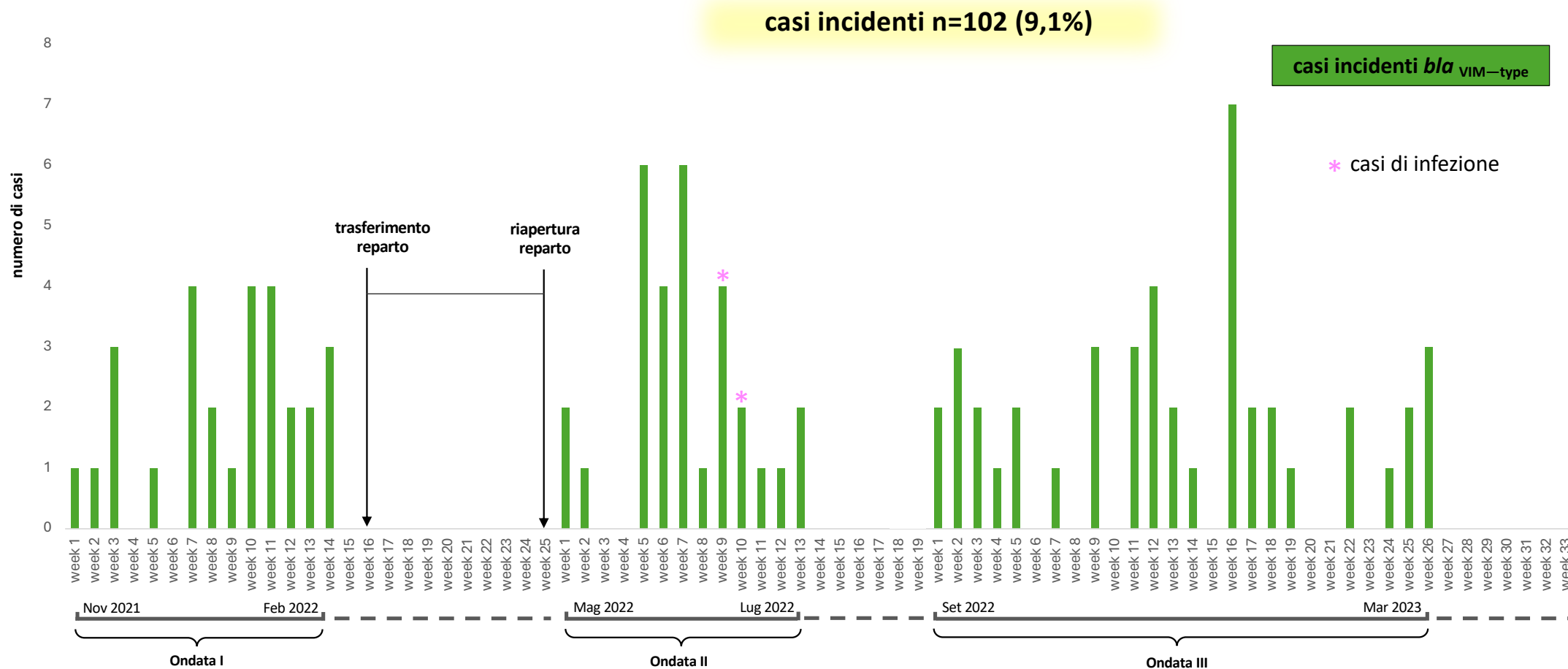
## Risk factors for infections caused by carbapenem-resistant Enterobacterales: an international matched case-control study (EURECA)

Salvador Pérez-Galera,<sup>a,b,aa</sup> Jose M. Bravo-Ferrer,<sup>a,aa</sup> María Paniagua,<sup>a,x</sup> Tomislav Kostyaney,<sup>c,d</sup> Marlieke E. A. de Kraker,<sup>e</sup> Jan Feifel,<sup>f</sup> Jesús Sojo-Dorado,<sup>a</sup> Joost Schotsman,<sup>g</sup> Rafael Cantón,<sup>h,i</sup> George L. Daikos,<sup>j</sup> Biljana Carevic,<sup>k</sup> Gorana Dragovac,<sup>l</sup> Lionel K. Tan,<sup>m</sup> Lul Raka,<sup>n</sup> Adriana Hristea,<sup>o</sup> Pierluigi Viale,<sup>p</sup> Murat Akova,<sup>q</sup> Jose María Reguera,<sup>r</sup> Lucía Valiente de Santis,<sup>r</sup> Julián Torre-Gisneros,<sup>i,s</sup> Ángela Cano,<sup>s</sup> Emmanuel Roilides,<sup>t</sup> Lili Radulovic,<sup>u</sup> Cenk Kirakli,<sup>v</sup> Evelyn Shaw,<sup>i,w</sup> Matthew E. Falagas,<sup>x,y</sup> Vicente Pintado,<sup>h,i</sup> Herman Goossens,<sup>e</sup> Marc J. Bont Belén Gutiérrez-Gutiérrez,<sup>a,i,ab</sup> and Jesús Rodríguez-Baño,<sup>a,i,ab,\*</sup> the COMBACTE-CARE-EURECA Team<sup>ac</sup>



**Interpretation** The main risk factors for CRE infections in hospitals with high incidence included previous colonization, urinary catheter and exposure to broad spectrum antibiotics.

# **Outbreak di *Enterobacterales* VIM-produttori in un reparto AOUS**

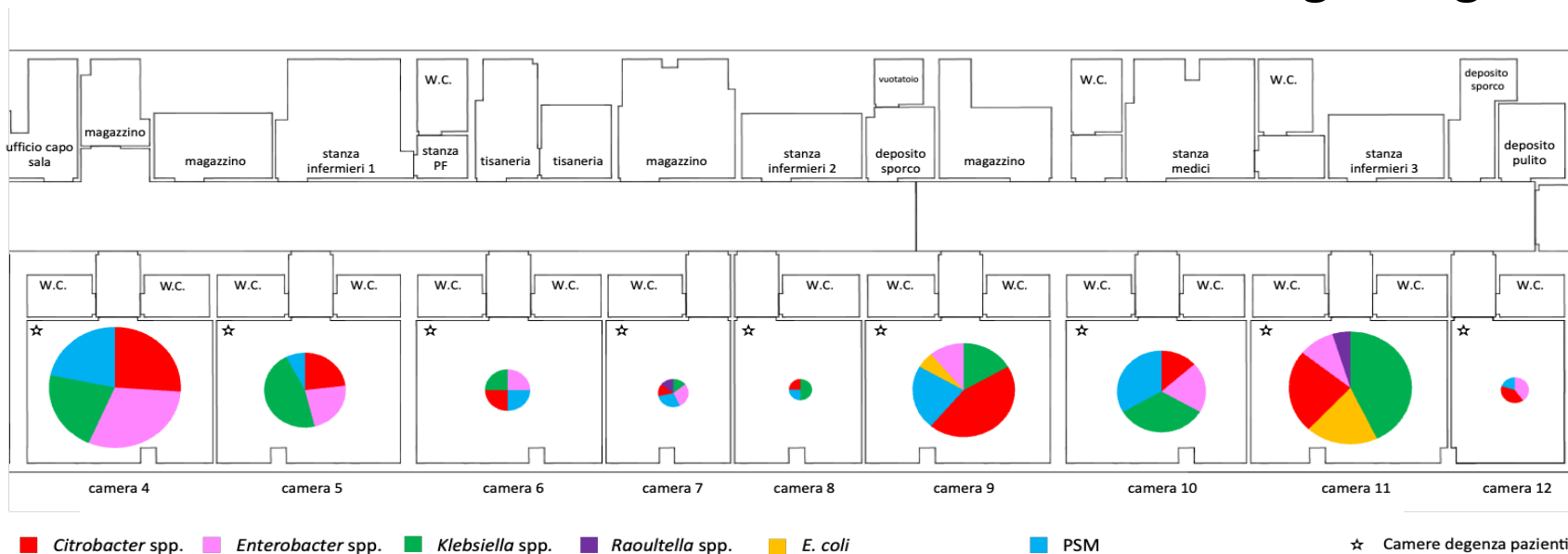






accessi  
n=1119

## Distribuzione dei casi VIM-CPE e caratterizzazione microbiologica degli isolati



casi incidenti n=102 (9,1%)



pos. solo molecolare n=21

↓  
pos.  
colturale  
n=81

isolati VIM-CPE  
n=93

*Klebsiella oxytoca* n=29  
*Citrobacter freundii* n=26  
*Enterobacter cloacae* complex n=23  
*Escherichia coli* n=5  
*Citrobacter farmeri* n=4  
*Klebsiella pneumoniae* n=4  
*Raoultella ornithinolytica* n=2

**outbreak  
multispecie  
VIM-CPE**

### monitoraggio ambientale CRE



n=57

## Raccolta e caratterizzazione microbiologica di ceppi ambientali

### 1° monitoraggio ambientale

tamponi superficie n=50  
(letti n=30; lavandini n=20)

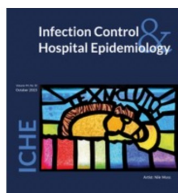
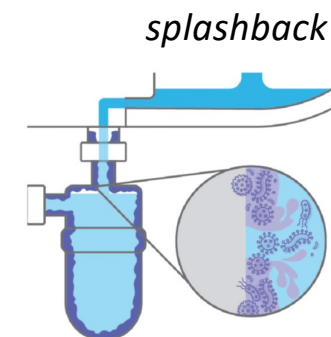


### 2° monitoraggio ambientale

sostituzione sifoni n=7  
(bidet n=2; lavandini n=5)



**alto livello di contaminazione  
della rete idrica da  
Gram negativi VIM-produttori**



### *bla*<sub>VIM</sub> in wastewater drains: A hidden circulation of VIM-producing Enterobacterales in the hospital setting?

Published online by Cambridge University Press: 08 November 2021

Carole Lemarié, Estelle Marion, Rafael Mahieu, Anne Donnars and Matthieu Eveillard

Show author details

Preventing HAIs, Reduce Risk from Water – CDC, September 11, 2019  
Lamarié et al. - Infect Control Hosp Epidemiol, 2022



# Whole Genome Sequencing ed analisi bioinformatica

**ceppi  
selezionati  
n=39**

**criteri di selezione:**

- distribuzione temporale
- tipologia campione (caso incidente/importato/ambientale)
- diversità di specie



**estrazione**

(DNeasy® PowerLyzer®  
PowerSoil® Kit)



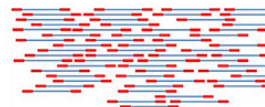
**sequenziamento**

(Illumina/Oxford Nanopore)



**assemblaggio *de novo***

(Spades/Unicycler)



bioinformatic pipelines



**Resistoma**  
(AMRfinderPlus)



**Plasmidoma**  
(Abricate)

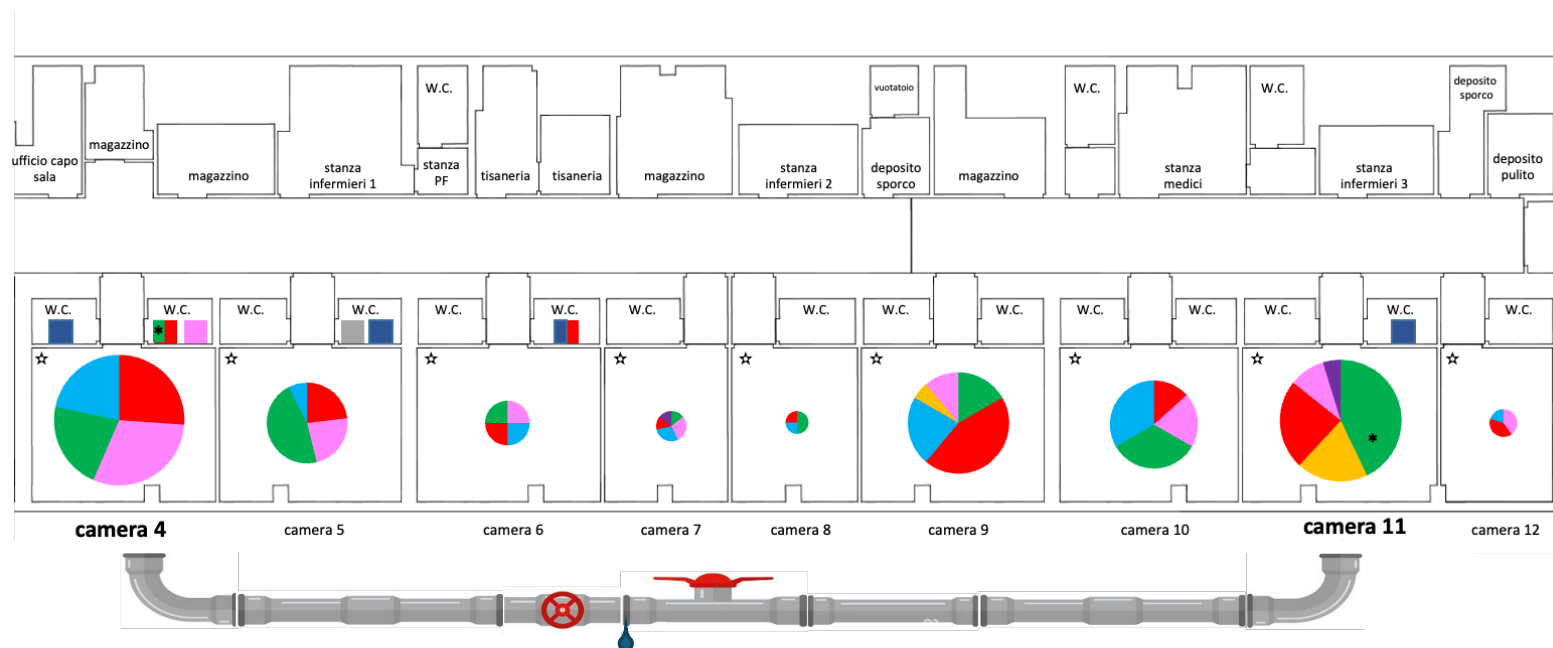


**Filogenesi**  
(CSlphylogeny)

## Analisi filogenetica sui ceppi clinici ed ambientali dell'*outbreak*

<i>K. michiganensis</i>	AOUS-06	AOUS-15	K_michiganensis_C	K_michiganensis_R
AOUS-06	0	8	320	22728
AOUS-15	8	0	314	22730
K_michiganensis_C	320	314	0	22806
K_michiganensis_R	22728	22730	22806	0

ST50



possibile ruolo delle condutture idriche come *reservoir* di VIM-CPE all'interno del reparto



***un piccolo esempio, un grande obiettivo:  
conoscere il proprio nemico per contrastarlo***

*studiare meccanismi di antibiotico-resistenza per comprendere  
la loro evoluzione e le dinamiche di diffusione in microrganismi  
patogeni e limitarne la circolazione*

