

Approccio innovativo nella prevenzione delle infezioni da *Legionella* spp: caratterizzazione del microbioma prima e dopo il cambiamento del sistema di disinfezione all'interno di una rete idrica ospedaliera

Stefania Paduano¹, Isabella Marchesi¹, Giuseppina Frezza¹, Federica Valeriani², Gianluca Gianfranceschi², Vincenzo Romano-Spica², Sara Scanavini³, Alessandro Poggi³, Giuseppe Brancato³, Ottavio Alessandro Nicastro³, Annalisa Bargellini¹

¹ Dipartimento di Scienze Biomediche, Metaboliche e Neuroscienze, Sezione di Sanità Pubblica, Università degli Studi di Modena e Reggio Emilia, Modena

² Laboratorio di Epidemiologia e Biotecnologie, Dipartimento di Scienze Motorie, Umane e della Salute, Università degli Studi di Roma "Foro Italico", Roma

³ Azienda Ospedaliero-Universitaria di Modena

INTRODUZIONE

Le infezioni correlate all'assistenza rivestono una notevole importanza in Sanità Pubblica. Patogeni opportunisti come *Legionella* spp possono contaminare le reti idriche ospedaliere, rendendole una fonte di infezione per i pazienti. Sistemi di disinfezione in continuo possono essere applicati negli impianti idrici ospedalieri per controllarne la diffusione, ma ogni trattamento può modificare la composizione della comunità batterica delle reti idriche.

Scopo dello studio è caratterizzare, attraverso le tecnologie *Next Generation Sequencing*, l'intera comunità batterica prima e dopo il cambiamento del sistema di disinfezione in continuo da biossido di cloro a monoclorammina in una rete dell'acqua calda di un ospedale italiano.

MATERIALI E METODI

Oggetto di studio è la rete di distribuzione dell'acqua calda sanitaria di una palazzina dell'ospedale, nella quale è stato installato un impianto di dosaggio in continuo di monoclorammina in sostituzione del sistema a biossido di cloro ormai vetusto. L'acqua fredda municipale in ingresso alla palazzina e l'acqua calda in mandata, ricircolo e 5 punti terminali sono state campionate prima dell'introduzione della monoclorammina e dopo 1/3/6/9/12 mesi. Le acque sono state analizzate per la caratterizzazione del microbioma mediante l'uso del 16S amplicon sequencing.

RISULTATI

Dall'analisi del microbioma a livello di genere è emerso che i 43 campioni (6 acque fredde e 37 calde) si raggruppano in base al tipo di acqua e al trattamento di disinfezione. Le acque fredde e quelle trattate con biossido di cloro mostrano i profili batterici più distanti. Le acque trattate con monoclorammina si distribuiscono in 3 gruppi in base alla durata del trattamento: 1-3 mesi, 6-9 mesi e 12 mesi. Si è anche riscontrata una netta riduzione del numero di sequenze di DNA rilevate a 12 mesi. Inoltre, c'è forte somiglianza tra acqua trattata con monoclorammina a 1 e 3 mesi e acqua fredda per la predominanza di *Rubrivivax* e *Dechloromonas*. Nell'acqua trattata con monoclorammina a 6 e 9 mesi predominano *Devosia*,

Ochrobactrum e *Sphingobium*, ben rappresentato anche nelle acque trattate con biossido di cloro. Nell'acqua trattata con monoclorammina a 12 mesi prevalgono *Polaromonas*, *Flavobacterium* e *Dechloromonas*, quest'ultimo presente anche nell'acqua fredda.

CONCLUSIONI

Punto di forza dello studio è l'approccio *pre-post* per evidenziare possibili modificazioni della comunità batterica dovute al cambiamento del trattamento di disinfezione. Caratterizzare le comunità microbiche delle reti idriche e le pressioni selettive esercitate dai trattamenti può essere utile per valutare rischi e benefici delle diverse strategie.