

SEQUENZIAMENTO COMPLETO DEL GENOMA DI CEPPI DI ESCHERICHIA COLI MCR POSITIVI ISOLATI PRESSO L'OSPEDALE SAN LUCA, LUCCA

E. Riccobono², G. Camarlinghi¹, T. Giani³, E.M. Parisio¹, V. Di Pilato², M. Nardone¹, R. Mattei¹, G.M. Rossolini²

¹*S.C. Analisi Chimico Cliniche Ospedale San Luca Lucca*

²*Università di Firenze*

³*Università di Siena*

INTRODUZIONE

La resistenza alla colistina costituisce un grave problema in ambito clinico poiché questo farmaco rappresenta l'ultima opzione terapeutica disponibile per il trattamento delle infezioni gravi da Gram-negativi multiresistenti.

La resistenza a questo farmaco è causata generalmente da mutazioni a carico di geni cromosomici, ma recentemente è stato descritto un nuovo gene a localizzazione plasmidica, chiamato mcr-1, in grado di conferire resistenza alla colistina mediante modificazione enzimatica del lipide A.

Il gene mcr-1 è ormai stato descritto in tutto il mondo, soprattutto in ceppi di *Escherichia coli*, ma anche in altre Enterobacteriaceae, provenienti da campioni di origine sia animale che umana e in soggetti sia infetti che colonizzati. In Italia sono stati descritti *E. coli* mcr-1 positivi e un caso di *Klebsiella pneumoniae* positiva per il gene mcr nella variante allelica mcr-1.2.

In questo studio descriviamo la caratterizzazione molecolare, mediante sequenziamento completo del genoma, di tre ceppi di *E. coli* resistenti alla colistina isolati presso l'ospedale San Luca di Lucca nel 2016.

METODI

Durante i mesi di giugno e luglio 2016 sono stati identificati presso l'Ospedale San Luca di Lucca tre isolati di *E. coli* resistenti alla colistina (Ec-09; Ec-10; Ec-11).

Ec-09 ed Ec-10 sono stati isolati dallo stesso paziente a distanza di tre settimane da urine e da sangue rispettivamente. Ec-11 è stato isolato da un campione di sangue di un paziente ricoverato nello stesso periodo.

I test di sensibilità sono stati effettuati mediante microdiluizione in brodo. I tre ceppi sono stati caratterizzati mediante sequenziamento completo del genoma, utilizzando una piattaforma MiSeq (Illumina Inc., San Diego, CA). I dati di sequenza ottenuti sono stati sottoposti ad analisi in silico per determinare: i) clonalità; ii) serotipo capsulare; iii) resistoma; iv) contenuto plasmidico; v) e geni di virulenza presenti nei ceppi in studio.

RISULTATI

Tutti gli isolati avevano un profilo fenotipico identico, caratterizzato dalla resistenza a colistina, ciprofloxacina, cotrimoxazolo e amoxicillina/clavulanico.

Ec-09 e Ec-10 erano positivi per il gene mcr-1, appartenevano al ST1196 e al serotipo O3:H38 e mostravano gli stessi geni di resistenza e virulenza e lo stesso contenuto plasmidico.

Ec-11 era positivo per il gene mcr-1.2, apparteneva al ST624 e al serotipo O25:H17 e aveva un contenuto plasmidico diverso rispetto agli altri due isolati.

In tutti gli isolati il gene mcr si trovava sullo stesso supporto genico, un plasmide di tipo IncX4

CONCLUSIONI

Questo lavoro descrive per la prima volta la presenza del gene mcr-1.2 in *E. coli*. Il ritrovamento di *E. coli* positivi per geni mcr di tipo diverso nello stesso setting, conferma la circolazione di questi determinanti di resistenza sul territorio nazionale e la necessità di monitorarne la diffusione al fine di preservare il più a lungo possibile l'efficacia della colistina