

**CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI S. INFANTIS ANTIBIOTICO RESISTENTI**

A.M. Dionisi<sup>1</sup>, A. Garcia-fernandez <sup>1</sup>, S. Owczarek<sup>1</sup>, C. Lucarelli<sup>1</sup>, I. Benedetti<sup>1</sup>, I. Luzzi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Istituto Superiore di Sanità, Roma*

**INTRODUZIONE**

Salmonella enterica sierotipo Infantis (S. Infantis) rappresenta uno dei sierotipi maggiormente isolati da casi umani in Italia tra il 2011 e il 2013 (1.5-2%). La rete di sorveglianza Enter-net Italia riporta una bassa percentuale di ceppi di S. Infantis resistente agli antibiotici. Tuttavia negli ultimi 2 anni sono stati riportati ceppi di S. Infantis multiresistenti (MDR) isolati in diverse regioni italiane resistenti anche a cefalosporine di terza generazione.

Lo scopo del nostro lavoro è stato di stabilire le basi genetiche della resistenza dei ceppi isolati mediante caratterizzazione molecolare, di localizzare i geni di resistenza e di identificare la presenza di un possibile clone circolante in Italia in questo periodo.

**METODI**

Diciassette ceppi di S. Infantis, di cui 13 isolati nel Lazio, 1 in Calabria, 1 in Umbria, 1 nel Piemonte, 1 a Trento, resistenti all' Ampicillina, Sulfonamide, Tetraciclina, Acido Nalidixico, Kanamicina Trimethoprim, Trimetoprim-Sulfametossazolo, Ceftazidime, Cefotaxime (ASuTNaKTmpSxtCazCtx) e 1 isolato nel Lazio, con resistenze aggiuntive al Cloramfenicolo, alla Streptomina e alla Gentamicina (ACSSuTNaKTmpSxtCazCtxGm) sono stati testati mediante PCR per la presenza delle seguenti cassette geniche: blaTEM, blaOXA, blaSHV, blaCTX-M groups, tetA-B-C-G, integroni di classe 1, aph, floR. Esperimenti di coniugazione sono stati eseguiti per stabilire la localizzazione dei geni di resistenza e la PCR-based replicon typing (PBRT) e' stata eseguita per stabilire il gruppo di incompatibilità del plasmide isolato. Tutti i ceppi sono stati sottoposti ad Elettroforesi in Campo Pulsato (PFGE) utilizzando l'enzima di restrizione XbaI, secondo il protocollo Pulse-net e l'analisi filogenetica è stata eseguita mediante il software Bionumerics.

**RISULTATI**

I 17 ceppi con R-type ASuTNaKTmpSxtCazCtx possedevano i geni blaCTX-M-1, tetA, aph, integroni di classe 1 di peso molecolare variabile: 850bp o 1650bp contenenti i geni dfrA1 o dfrA1 e aadA1 rispettivamente. Tali geni conferivano resistenza a cefalosporine, A, T, Tmp, e aminoglicosidi. Il ceppo con R-type ACSSuTNaKTmpSxtCazCtxGm possedeva i geni blaCTX-M-65, floR, per la resistenza al C, un integrone di classe 1 di 1000bp, contenente il gene aadA1, oltre che tetA e aph. Ad eccezione di 3 ceppi in cui la resistenza alla K o al Tmp non venivano trasferite al transconiugante, tutti i geni di resistenza erano portati da un plasmide coniugativo appartenente al gruppo di incompatibilità P. L'analisi filogenetica ha dimostrato che tutti i ceppi presentavano lo stesso profilo di restrizione, XbaI.0126 (nomenclatura ECDC).

**CONCLUSIONI**

In Italia la percentuale di isolati umani di Salmonella resistenti alle cefalosporine di terza generazione è ancora contenuta, tuttavia la circolazione di ceppi portatori di geni di resistenza presenti su elementi plasmidici e quindi in grado di essere trasferiti orizzontalmente anche tra specie batteriche diverse, riserva un certo interesse. La conoscenza delle basi molecolari di tali resistenze e la loro localizzazione permette di stabilire la loro diffusibilità in campo umano, veterinario e attraverso la filiera alimentare.