P074

BATTERIOLOGIA

IDENTIFICAZIONE DI ESCHERICHIA COLI ENTEROPATOGENI ST2659 E ST405 CARBAPENEMASI-PRODUTTORI DA PAZIENTE PEDIATRICO

A. Mercato [1], V. Marchetti Mattioni [1], I. Bitar [2], E. Nucleo [1], M. Mancinelli [1], F. Marchesini [1], A. Bonomini [3], P. Pedroni [3], R. Migliavacca [1]

[1]*Dip. SCCDP, Unità di Microbiologia e Microbiologia Clinica, Università di Pavia, Pavia*

[2]*Faculty of Medicine, Biomedical Center, Charles University, Pilsen, Czech Republic*

[3]*Laboratorio di Microbiologia Clinica, "AO Desenzano del Garda", Brescia*

INTRODUZIONE

La prevalenza di Escherichia coli carbapenemasi-produttore è in aumento a livello globale, ma la co-presenza di determinanti blaNDM- e blaOXA-48-type in ceppi enteropatogeni rappresenta un raro evento. Scopo dello studio è stato caratterizzare due isolati clinici di E. coli carbapenemasi-produttori, causa di diarrea in un paziente pediatrico afferente ad una Struttura del Nord Italia

METODI

Nel Settembre 2018 presso il Laboratorio di Microbiologia Clinica dell'Ospedale di Manerbio sono stati isolati due ceppi di E. coli da feci di un paziente ambulatoriale dell'età di tre anni, con sintomi diarroici. Il bambino, di origini Indiane, si era recato in India poco prima. Il sistema GeneXpert (Cepheid) è stato utilizzato per rilevare i geni codificanti le carbapenemasi; identificazione ed antibiogramma sono stati ottenuti mediante Vitek-2 System e Film-array (bioMèrieux), confermati con AutoScan4 System (Beckman Coulter) ed interpretati secondo le linee guida EUCAST 2018. Le relazioni clonali fra i due ceppi sono state valutate con PFGE. Il sequenziamento genomico (WGS) è stato effettuato con le piattaforme Illumina MiSeq e PacBio Sequel.

RISULTATI

I ceppi, risultati non clonalmente correlati, hanno mostrato un profilo MDR, mantenendo sensibilità solamente a colistina, tigeciclina e fosfomicina. Dall'analisi WGS è emerso che i ceppi di E. coli appartenevano a due Sequence Type (ST) differenti: ST2659 e ST405. Il ceppo ST2659 albergava i determinanti di resistenza blaTEM-1b, blaNDM-5, blaOXA-1, rmtB, aadA2, aac(6')-Ib-cr, sul1, mph(A), catA1, catB3, tetB, dfrA14 e dfrA12 localizzati su un plasmide IncFII/FIA/FIB, i geni blaOXA-181 e qnrS1 su un plasmide IncX3/colKP3, infine il gene blaCMY-42 su un plasmide IncI. Il ceppo ST405 albergava i geni: blaTEM-1b, blaNDM-5, blaCTX-M-15, blaOXA-1, rmtB, aadA5, catB3, sul1, dfrA17 e aac(6')-Ib-cr in un plasmide IncFII/FIA/FIB. Nel 2015, un plasmide IncFII/FIB/FIA era stato descritto nella stessa area geografica in un ceppo di E. coli ST405 produttore di blaNDM-5. I fattori di virulenza rilevati nell'isolato ST2659 includevano air, CapU, eiIA, Gad, e la tossina termostabile EAST-1, mentre, in E. coli ST405 air, eiIA, Gad, iha e sta.

CONCLUSIONI

Si segnala il primo caso in Italia di diarrea in paziente pediatrico, con recente storia di viaggio in area endemica, provocato da E. coli enteropatogeni MDR di ST2659 e ST405, NDM-5/OXA-181- NDM-5-produttori, rispettivamente.