

**PRESENZA DI ESCHERICHIA COLI MDR IN CAMPIONI DI ORIGINE ANIMALE DESTINATI AL CONSUMO UMANO**

M. Caltagirone<sup>1</sup>, V. Mattioni Marchetti<sup>1</sup>, A. Mercato<sup>1</sup>, M. Spalla<sup>1</sup>, E. Nucleo<sup>1</sup>, G. Scarsi<sup>2</sup>, P. Prati<sup>2</sup>, M. Fabbì<sup>2</sup>, R. Migliavacca<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dip. SCCDP, Unità di Microbiologia e Microbiologia Clinica, Università di Pavia, Pavia

<sup>2</sup>Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna "Bruno Ubertini" (IZSLER) – Sezione Diagnostica di Pavia, Pavia

**INTRODUZIONE**

La resistenza agli antimicrobici rappresenta un problema di sanità pubblica e veterinaria. Recenti studi ipotizzano che alimenti di origine animale possano agire da vettore nel trasferimento di batteri multi-resistenti (MDR) all'uomo. Scopo dello studio è stato caratterizzare a livello fenotipico/molecolare ceppi di E. coli isolati da animali da allevamento destinati al consumo umano.

**METODI**

Nel periodo Dicembre 2017-Agosto 2018 sono stati raccolti, presso l'IZSLER di Pavia, 28 ceppi di E. coli con fenotipo MDR mediante Metodo Kirby-Bauer. Gli stipiti, inviati all'Unità di Microbiologia per la caratterizzazione molecolare, provenivano da 25 vitelli e 3 suini da allevamenti del Nord-Ovest Italia. Identificazione e sensibilità agli antibiotici sono stati ripetuti mediante Autoscan4 (Beckman Coulter) ed interpretati secondo breakpoint clinici e cut-off epidemiologici EUCAST 2018. Test fenotipico ESβL+AmpC Screen Kit (Rosco Diagnostica), microarray Check-MDR CT103XL (Check-Points) ed amplificazione genica hanno confermato la presenza di ESβL. I geni responsabili di resistenza a fluorochinoloni, aminoglicosidi e colistina (CO) (QnrA; aac-(6')-Ib-cr; Arm-A; rmtB/C e mcr) sono stati ricercati mediante PCR. La caratterizzazione plasmidica è stata ottenuta con PBRT Kit (Diatheva) e la tipizzazione condotta mediante PFGE e ricerca del gruppo filogenetico.

**RISULTATI**

I 28 ceppi di E. coli provenivano da differenti campioni biologici: 17/28 feci, 10/28 biopsie tessutali (7 da intestino; 1 da fegato; 1 da muscolo; 1 da polmone) ed 1/28 latte mastitico. Il profilo di antibiotico resistenza era il seguente: 78,6% isolati resistenti a trimetoprim/sulfametossazolo; 64,3% a fluorochinoloni e cloramfenicolo; 57,1% ad aminoglicosidi; 39,3% ad aztreonam e cefalosporine; 31% ad amoxicillina/clavulanato, 14,3% a CO e 100% sensibili a carbapenemi, fosfomicina e tigeciclina. La produzione di ESβL è stata confermata in 10/28 isolati positivi per la presenza dei geni: bla<sub>CTX-M</sub> in 8/10 (87,5% bla<sub>CTX-M-1</sub> e 12,5% bla<sub>CTX-M-9</sub>), bla<sub>SHV-5</sub> in 1/10 e bla<sub>CTX-M-1</sub>+bla<sub>CMY-2</sub> in 1/10 isolati. 4/17 ceppi resistenti agli aminoglicosidi sono risultati inoltre positivi per la presenza del gene armA ed 1/17 per aac-(6')-Ib-cr. L'analisi del profilo plasmidico ha evidenziato la presenza di diversi gruppi di incompatibilità. Gli isolati appartenevano a differenti cloni PFGE ed ai gruppi filogenetici A, B1 e D.

**CONCLUSIONI**

I risultati ottenuti confermano come gli animali da allevamento rappresentino una possibile fonte di diffusione di microrganismi MDR. Da qui l'importanza di investigarne la prevalenza in ulteriori matrici animali, vegetali ed ambientali.