

## 14. PRESENZA E DISTRIBUZIONE DI BATTERI ANTIBIOTICO-RESISTENTI NELLE ACQUE DEL LAGO MAGGIORE: TRIENNIO 2013-2015

Gianluca Corno, Andrea Di Cesare, Ester Eckert, Mario Contesini, Roberto Bertoni.

La comparazione tra i primi anni di monitoraggio (2013-'14) ed il 2015, ci conferma la complessità dell'analisi. Limitandoci ai tre geni per i quali abbiamo valori quantitativi per il triennio, sullII, tetA e blaCTX-M (Figura 14.1) si può notare come le tre annate siano state caratterizzate da trend difficilmente comparabili sia per la stazione pelagica di Ghiffa che per quelle litorali.

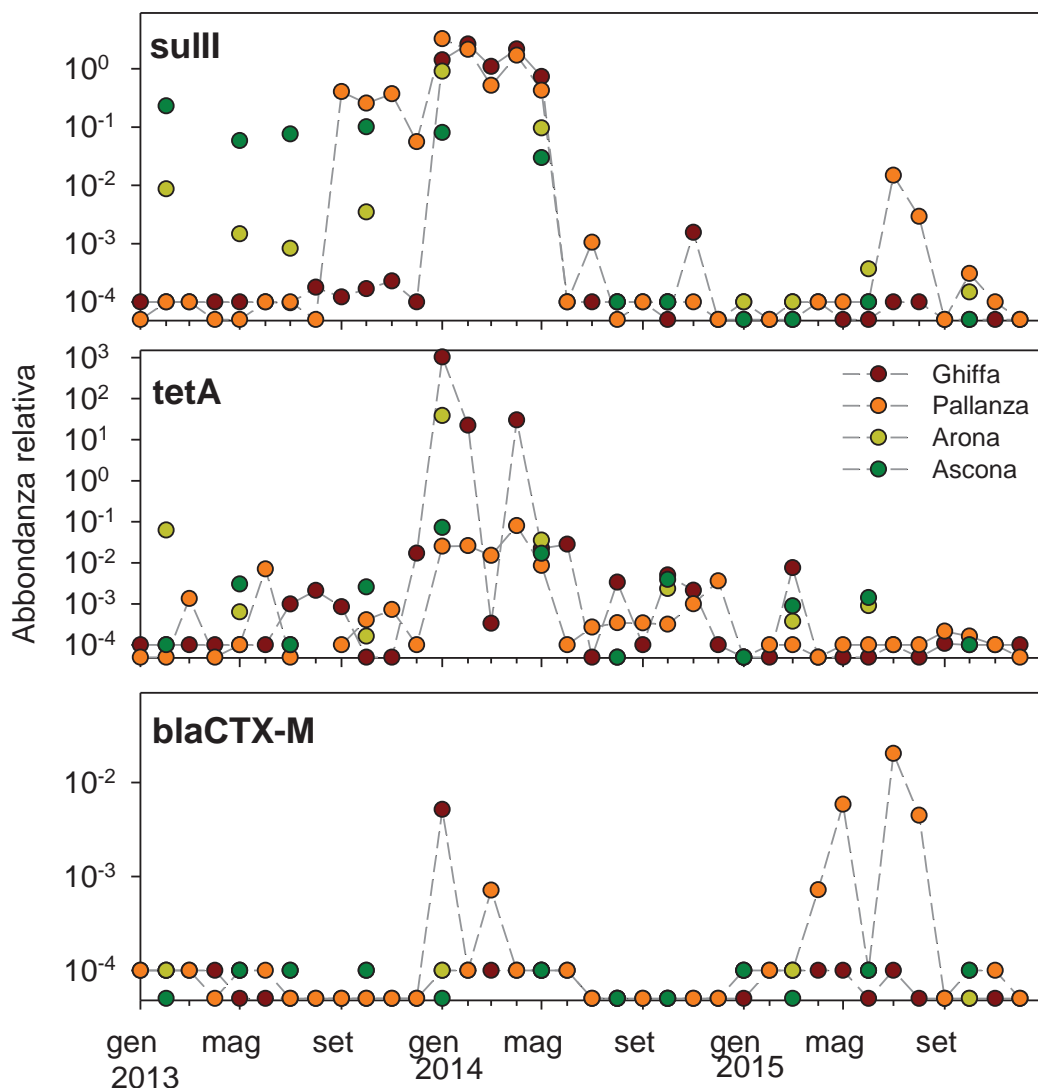


Figura 14.1. Misura dell'incidenza dei diversi geni di resistenza nei popolamenti microbici del Lago Maggiore nelle 4 stazioni nel triennio 2013-2015.

Il gene **sullII** è risultato costitutivo nel popolamento batterico del lago, con valori quantificabili in ogni stazione e in ogni periodo dell'anno. Il picco di abbondanza

misurato a Ghiffa e Pallanza tra il 2013 e 2014 non si è ripetuto, e la sua scomparsa è coincisa con la diminuzione di sulII anche nelle stazioni di Ascona ed Arona che erano risultate altamente contaminate nella prima parte del triennio.

Per quanto riguarda tetA si può anche in questo caso considerare il gene come costitutivamente presente nelle acque del Lago Maggiore, con proporzioni significative sul popolamento batterico totale. Nel triennio non si sono osservati trend particolari, se non un picco molto elevato di contaminazione a Ghiffa e Pallanza (ed anche nei campioni singoli delle stazioni di Arona ed Ascona) nella prima parte del 2014.

Preoccupante è il trend relativo al gene che nell'ultimo anno è risultato molto spesso quantificabile nella stazione di Pallanza, e con un trend globale di crescita in tutto il lago. Questo gene è sicuramente un indicatore di contaminazione da antibiotici, e il trend in crescita lascia pensare una certa tendenza in questo senso, che potrebbe essere una risposta dei popolamenti naturali all'utilizzo abbondante di beta-lattamici negli ultimi anni in medicina umana e veterinaria sia in Piemonte che in Canton Ticino.

Le analisi quantitative dal 2015 sono state ampliate con la quantificazione in qPCR del gene ermB di resistenza ai macrolidi, e verranno ampliate ad altri geni anche in futuro, ogniqualvolta verrà considerato necessario, ed includeranno sicuramente tutti i geni a maggior diffusione, per le quali le analisi potranno essere estese fino al 2013, grazie al fatto che il DNA estratto nel triennio 2013-'15 è conservato a -80°C nei laboratori del CNR-ISE.

In conclusione, possiamo affermare che dalle analisi di questo primo triennio di monitoraggio della presenza di antibiotico-resistenze nel Lago Maggiore, il quadro che si ottiene è di un lago fortemente antropizzato, dove la resistenza specifica ad antibiotici sintetici è presente ed è diffusa. Questa situazione, pur essendo lontana dall'essere ottimale (Di Cesare *et al.*, 2015) non ci pone per ora in uno stato di emergenza, ma sicuramente di pre-allarme in quanto l'utilizzo delle acque del Lago a fini diversi è già elevato ed andrà ad aumentare nei prossimi anni, mentre un eventuale adeguamento dei sistemi di depurazione non è una soluzione definitiva e l'utilizzo di antibiotici, seppur in calo secondo le fonti ufficiali, è comunque ancora massivo, sia nel settore della salute umana che, soprattutto, in quello agricolo-zootecnico.

Le analisi effettuate in questo triennio hanno permesso di individuare alcune criticità, che verranno monitorate nel dettaglio nei prossimi anni, così come prevediamo analisi mirate alla definizione di possibili differenze nella distribuzione di batteri antibiotico-resistenti sia lungo la colonna d'acqua che rispetto al variare delle stagioni.

## Bibliografia

Di Cesare A., E.M. Eckert, A. Teruggi, D. Fontaneto, R. Bertoni, C. Callieri and G. Corno. 2015. Constitutive presence of antibiotic resistance genes within the bacterial community of a large subalpine lake. *Molecular Ecology*, 24: 3888-3900.