

# Sequenziato il Dna del batterio killer

dell'Ufficio Stampa CNR

Gli antibiotici sono i farmaci con la massima efficacia terapeutica a disposizione della medicina. Tuttavia il loro uso costante e talvolta indiscriminato ha prodotto alcune specie di microrganismi patogeni resistenti che non vengono debellati dal trattamento con antibiotici convenzionali. Tra questi, l'acinetobacter baumannii ha rapidamente conquistato il triste primato di 'killer' nelle Unità di terapia intensiva.

Michele Iacono, Raoul Bonnal e Roberta Bordoni del Gruppo di sequenziamento ultramassivo guidato da Gianluca De Bellis dell'Istituto di Tecnologie Biomediche (Itb) del Consiglio nazionale delle ricerche di Milano (in collaborazione con il gruppo di Alessandra Carattoli e Antonio Cassone del Dipartimento di Malattie Infettive dell'Istituto Superiore di Sanità e con il Dipartimento di Biologia dell'Università di Roma Tre) hanno determinato l'intera sequenza del genoma del ceppo di *Acinetobacter baumanii* ACICU, il batterio che ha provocato numerose epidemie ed elevata mortalità in ospedali italiani ed europei e che è resistente alla terapia con diverse classi di farmaci antimicrobici. Si stima che, solo in Italia, le infezioni contratte nelle strutture sanitarie siano la causa principale o accessoria di morte per 4.500-7.000 persone ogni anno.

“Il sequenziamento del genoma”, sottolinea il coordinatore della ricerca, “è fondamentale per la messa a punto di metodi più efficaci di controllo e identificazione di questo pericoloso agente infettivo, consentendone una diagnosi rapida e soprattutto un approccio terapeutico mirato e quindi efficace”. I segreti del genoma di questo organismo, grande quasi 4 milioni di basi, sono ora accessibili anche attraverso un sito Web ([www.itb.cnr.it/genoma-project](http://www.itb.cnr.it/genoma-project)) che il gruppo del Cnr ha reso pubblicamente disponibile e che permette di esplorare quelle caratteristiche genetiche che conferiscono a questo batterio una così ampia resistenza agli antibiotici, nonché specifici aspetti della sua patogenicità e adattamento ambientale.

“La determinazione di tale sequenza”, precisa De Bellis, “è stata resa possibile grazie all'utilizzo di un sequenziatore di DNA di nuova generazione e di recente potenziato ulteriormente, rendendolo in grado di generare la sequenza di 100 milioni di basi di DNA in poche ore, con una riduzione di oltre cento volte dei costi e dei tempi necessari rispetto alla tecnologia tradizionale che il gruppo del Cnr sta utilizzando in numerosi contesti diversi”. Grazie a questa tecnologia, l'Itb-Cnr sta cercando anche di identificare nuovi antibiotici,

sequenziando il genoma di microrganismi produttori, affrontando il fenomeno delle antibioticoresistenze sul fronte della scienza sia di base sia applicata.

I risultati dello studio, reso possibile da un importante finanziamento ottenuto dal Cnr nell'ambito dei progetti FIRB “grandi laboratori”

sono in corso di pubblicazione su *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, una prestigiosa rivista dell'American Society of Microbiology.

La problematica è anche descritta in un filmato realizzato dal reparto di cinematografia scientifica del CNR e disponibile sul sito <http://www.rcs.mi.cnr.it/genetica.html> “nuove tecniche di analisi genica”, (la news può essere diffusa in streaming e tv con citazione della fonte: Cnr Reparto di cinematografia scientifica - Ibia Milano).

***L'acinetobacter baumannii, resistente agli antibiotici è causa principale o accessoria, solo in Italia, di 4.500-7.000 vittime ogni anno***

## info

**Istituto di tecnologie biomediche-Cnr di Milano**  
Gianluca de Bellis - ☎ 02 26422-702

**Capo Ufficio Stampa Cnr**  
Marco Ferrazzoli  
marco.ferrazzoli@cnr.it - ☎ 06 49933443

**Ufficio Stampa Cnr**  
Maria Teresa Dimitri  
mariateresa.dimitri@cnr.it - ☎ 06 49933443