

LA NOSTRA
ESPERIENZA,
LA VOSTRA
SICUREZZA.



Approcci innovativi nella sorveglianza veterinaria della AMR



AMR molecolare in IZSLER



IZSLER ha una storia di circa 10 anni di attività nella AMR molecolare

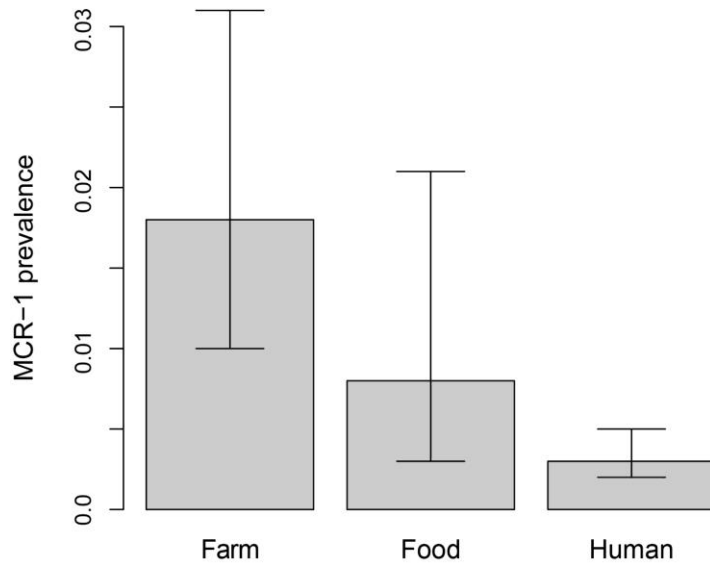
- *mcr* in *Salmonella* da uomo-animali-alimenti (2015)
- *mcr* in Enterobacterales da uomo (MicroRER 2018-20)
- AMR *in-silico* di tutte le salmonelle da uomo-animali-alimenti (2021)



Il caso colistina – mcr (2015)



4.473 isolati di *Salmonella enterica*: 3.294 umani - 1.179 animali/alimenti - 2012-2015



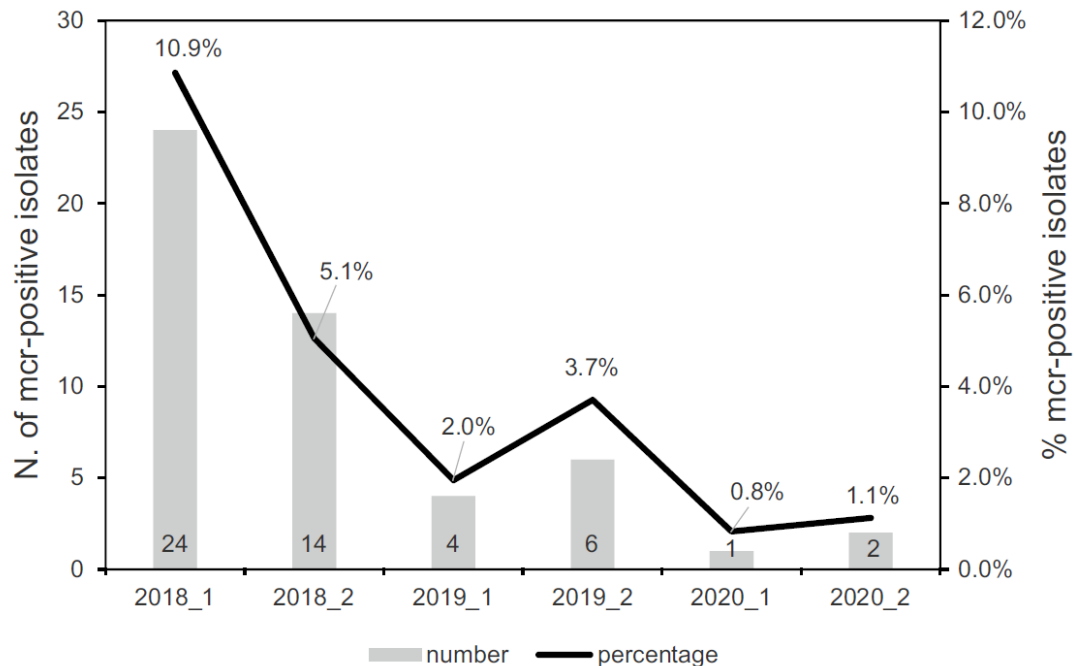


Lo studio MicroRER (2018-20)



Quale è l'entità del problema tra le Enterobacterales nell'uomo?

Le misure adottate in zootecnia riguardo alla colistina sono efficaci, nell'uomo?



Esempio di valutazione dell'efficacia di misure adottate nel comparto zootecnico, attraverso il monitoraggio di un fenomeno medico (*integrazione medico-veterinaria*)



Scenario attuale



IZSLER raccoglie *Salmonella* da uomo, animali, alimenti, ambiente (sorveglianza MTA)

- identificazione dei focolai di infezione umana
- identificazione delle sorgenti di infezione umana



Sanità pubblica

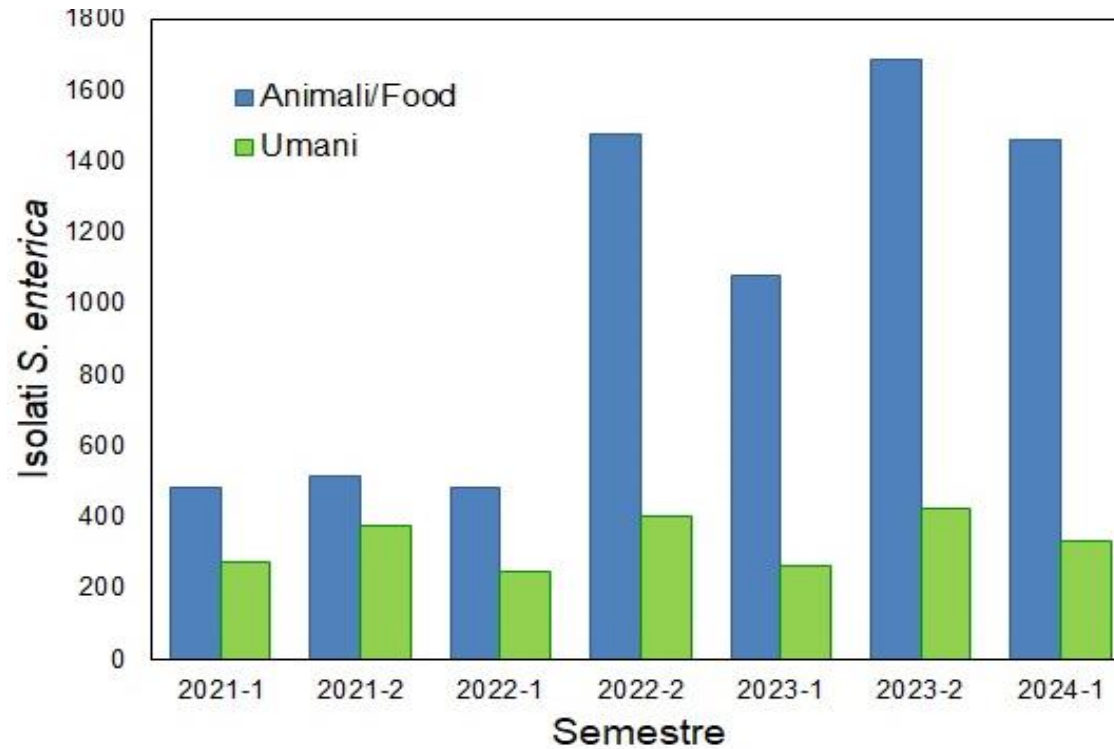
la sorveglianza di laboratorio della salmonellosi è molto cambiata dagli inizi

... dal semplice conteggio dei casi e la sierotipizzazione 'a posteriori' negli anni 2000-2010

al sequenziamento completo del genoma di tutti gli isolati in tempo reale dal 2021



L'era genomica



il sistema Regionale dispone delle sequenze complete dei genomi di un numero elevato di isolati di una specie batterica dell'ordine Enterobacterales, specie condivisa da uomini e animali, attraverso alimenti e ambiente, dello stesso territorio



L'era genomica



più che condivisa – mobilità unidirezionale animale > uomo

perché non leggere massivamente questi genomi per rilevare la AMR di cui sono portatori?

- Vedremmo quale AMR c'è nel comparto animale, con alta sensibilità
- Quale AMR l'animale veicola all'uomo



AMR *in-silico*



vantaggi specifici del rilievo di AMR *in-silico*

- Si giova della copertura e sistematicità della sorveglianza MTA Regionale
- Utilizza dati di laboratorio (sequenze) già disponibili – nessun costo aggiunto
- Rileva il dettaglio genetico della AMR (lo specifico genotipo) e dei suoi vettori
- Rileva tutte le resistenze presenti, non dipendendo da pannelli predefiniti
- Non ha i limiti di standardizzazione ed esecuzione dei metodi fenotipici
- Si può accoppiare alla epidemiologia genomica dei ceppi resistenti



AMR *in-silico*



svantaggi del rilievo di AMR *in-silico*

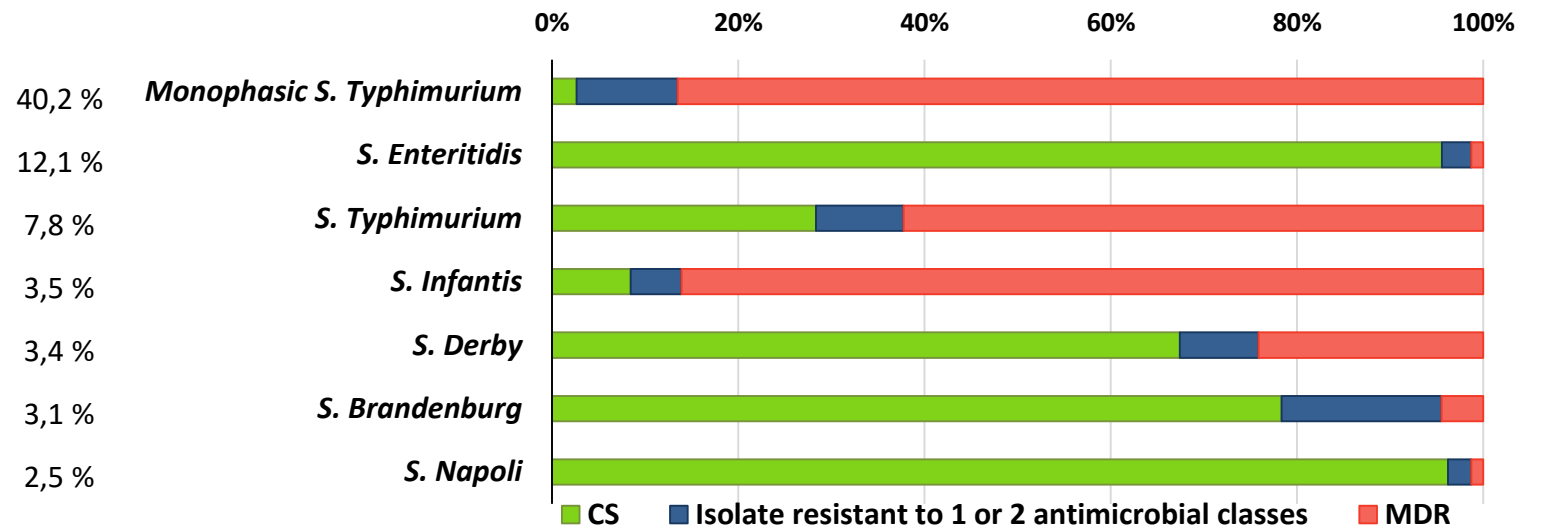
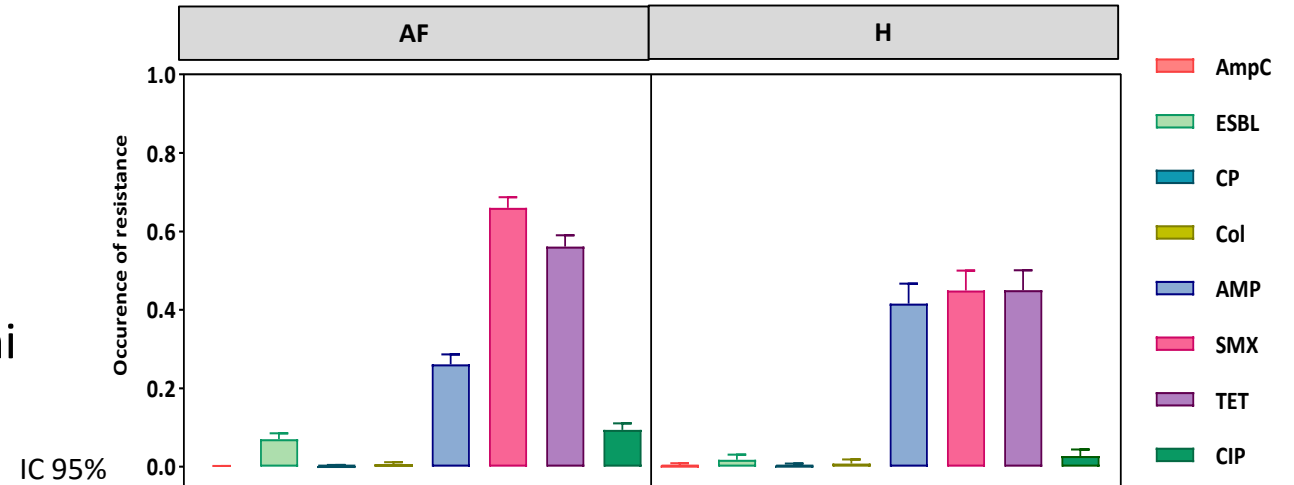
- Non rileva resistenze geneticamente sconosciute
- Il fenotipo non è sempre facilmente prevedibile dal genotipo



AMR di *Salmonella in-silico*

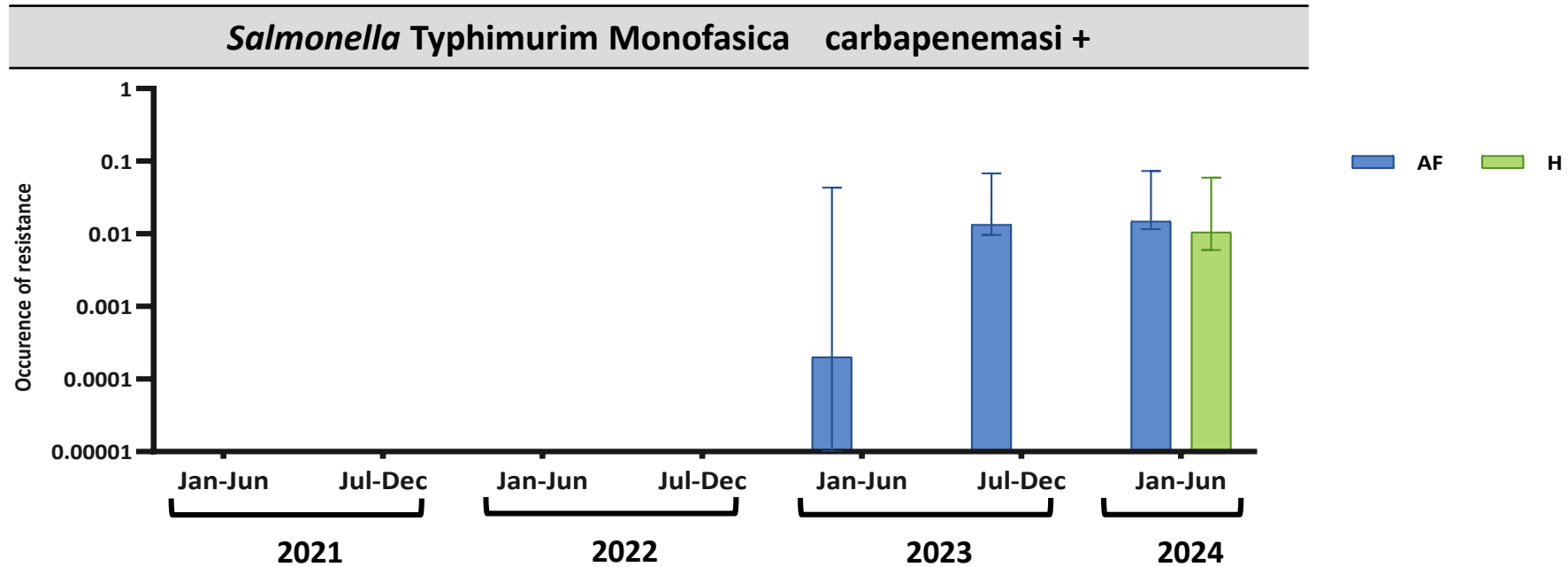


- 9.504 genomi di *Salmonella*
7.177 Animal/Food e 2.327 da Human
- gennaio 2021 - giugno 2024
Lombardia ed Emilia-Romagna
- AMR *in-silico* - no mutazioni puntiformi
(ora attivate)





Carbapenemasi in *Salmonella*



	suino	alimenti	uomo	Totale
<i>blaOXA-181</i>	6	/	3	9
<i>blaOXA-48</i>	2	1	/	3
				12

- *S. Bovismorbificans (blaOXA-181)* da carne suina
- *S. Rissen (blaOXA-181)* da capriolo

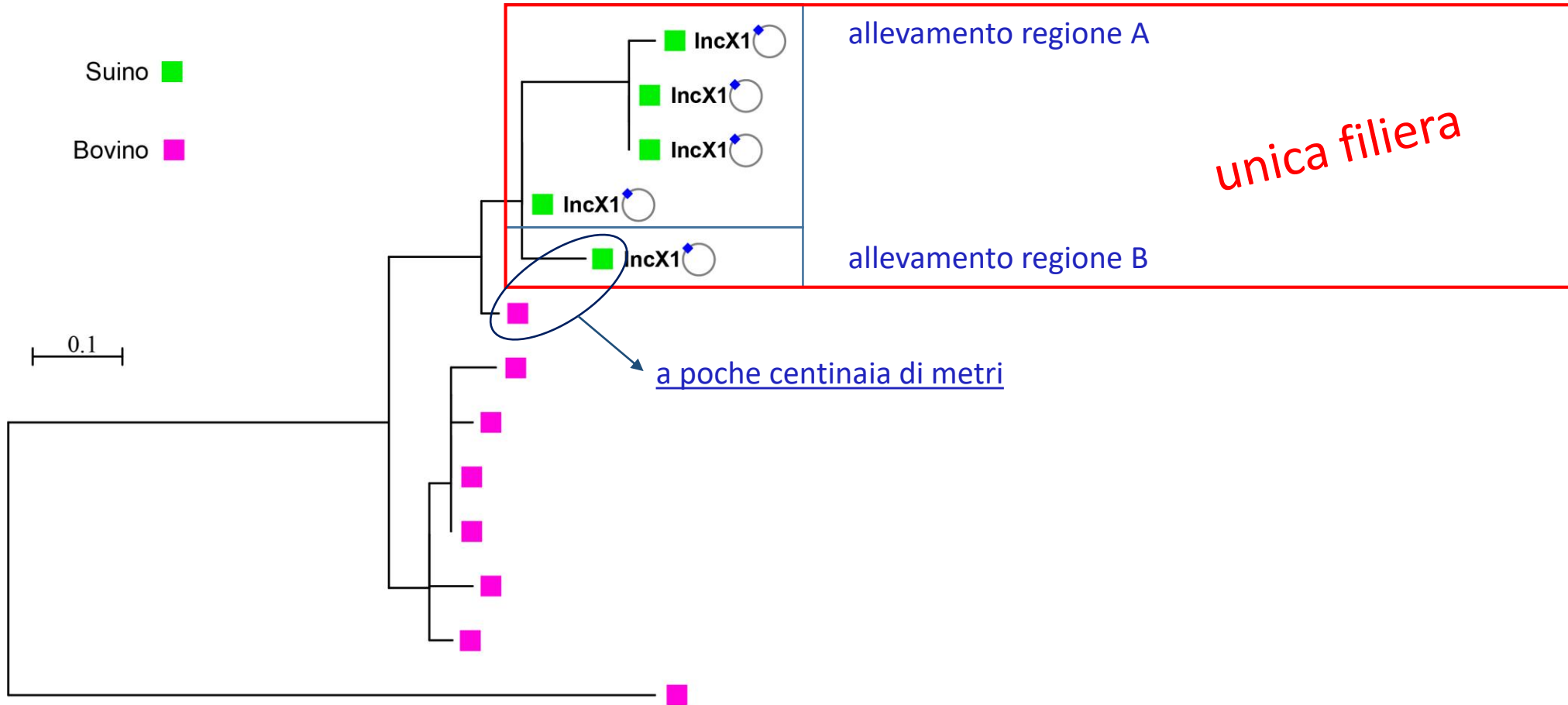


blaOXA181 in *Salmonella*



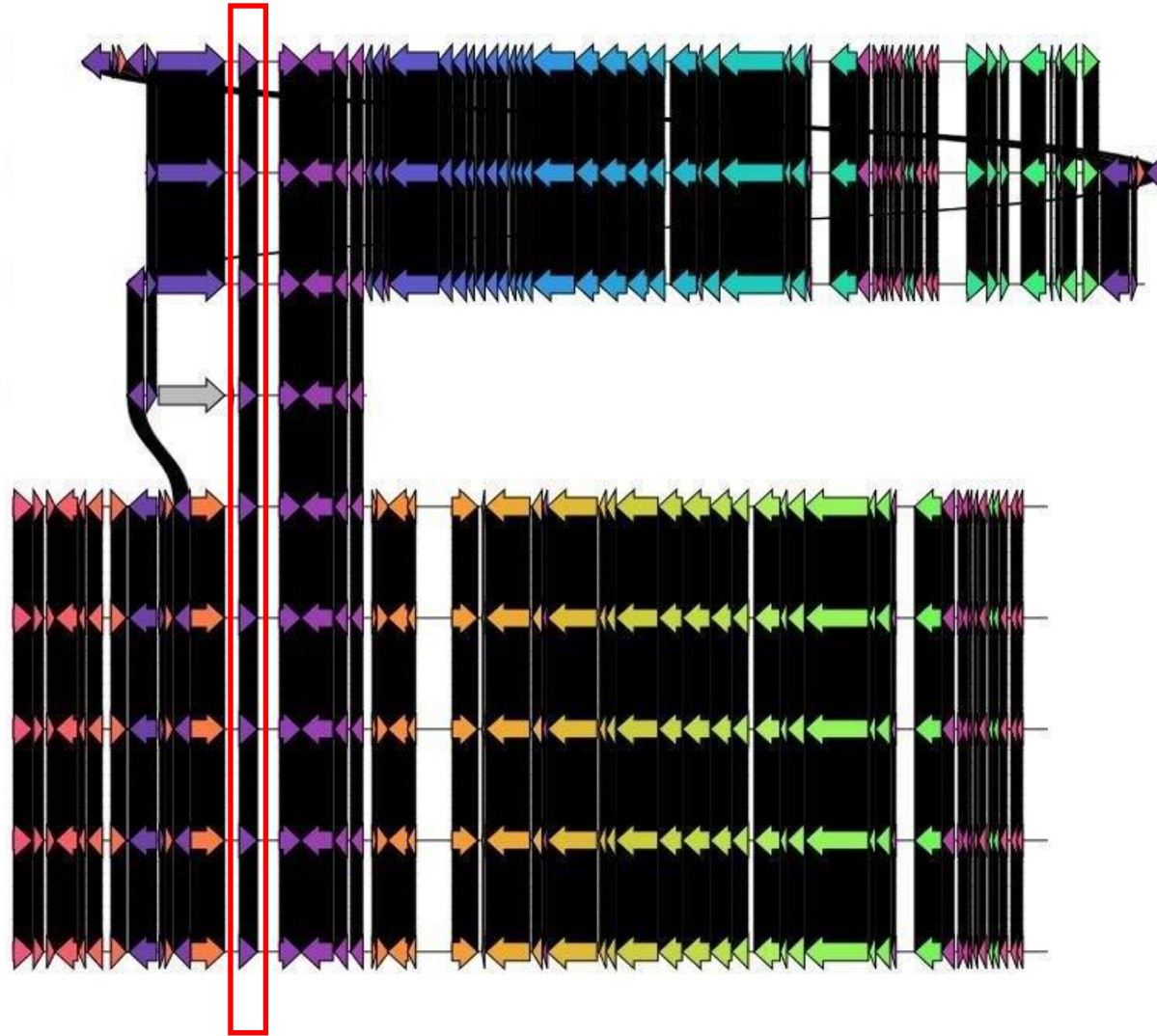


blaOXA181 in Salmonella





blaOXA181 in Salmonella



blaOXA-181



conclusioni



- Valutare l'AMR *in-silico* di salmonella dalla sorveglianza genomica è un metodo efficace ed efficiente per il monitoraggio “animali-uomo”
- Sembra esserci un tema di crescente presenza di blaOXA-48 like in salmonelle animali – in particolare in S.T. Monofasica da suino
- L'accoppiata di AMR *in-silico* ed epidemiologia genomica consente la comprensione dei flussi genici associati alla resistenza