

**Utilizzo del latte di massa come stima predittiva di  
infezione mammaria da *Staphylococcus aureus*  
intra-allevamento e caratteristiche degli isolati da  
formaggi ovini e caprini**

**GIUSEPPINA GIACINTI,  
Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Lazio e Toscana , Roma  
Centro di Referenza nazionale per la Qualità del Latte e dei Prodotti derivati degli ovini e dei caprini**

## **Introduzione**

***Staphylococcus aureus* (*S. aureus*)** più frequente causa di mastite negli allevamenti da latte e nell'uomo il principale agente di tossinfezione alimentare , associata al consumo di prodotti a latte crudo (De Buyser et al., 2001), contenenti enterotossine stafilococcihe preformate (Delmas et al. 2006).

***S. aureus*** può crescere e produrre enterotossine (ESs) ma solo livelli di *S. aureus* superiori a  $10^5$  ufc/g rappresentano un reale rischio per la sicurezza alimentare(Reg.CE 1441/2007).

I ruminanti da latte, e in particolare, gli animali con infezione intramammaria da *S. aureus* costituiscono la principale fonte di contaminazione del latte crudo (Vautor, 2003).

La contaminazione del latte e dei derivati può avvenire anche durante le diverse fasi di lavorazione e manipolazione.

5 tipi sierologici classici **SEA , SEB, SEC, SED, SEE**

Nuovi tipi : **SEG, SEH, SEI, SEJ, SEK, SEL, SEM, SEN, SEO, SEP, SEQ ,SEU** (Omoe et al.; 2013).

Tutte SEs agiscono come superantigeni, solo alcune di esse (*sea-sei, ser, ses, seh*) mostrano attività emetica

I geni codificanti le ES localizzati su elementi genetici accessori mobili (Malachowa et al., 2010):

plasmidi, profagi, isole di patogenicità (SaPIs), isola genomica *vSa* o in prossimità della cassetta cromosomica *staphylococcal chromosomal cassette* (SCC).

Tali elementi mobili non sono uniformemente distribuiti fra isolati di *S.aureus* mostrando una grande variabilità genetica dovuta probabilmente a trasferimento orizzontale.

Geni codificanti le ESs sono collocati sulle isole di patogenicità (SaPIs).

*sea sep, sek e seq* sono associati a batteriofagi (Baba et al., 2002),

*sed, sej , e ser* sono trasportate da plasmidi (Omoe et al., 2003)

*seh* è inserito in prossimità della cassetta cromosomica SCC.

In MRSA, l'acquisizione del gene *seh* sembra stabilizzare l'integrazione cromosomica del SCC*mec* tipo IV (Noto et al., 2006)

***Hospital-acquired MRSA (HA-MRSA):*** 1° isolamento 1961, fattori di rischio ambienti ospedalieri, resistenza a diverse classi di molecole oltre i b-lattamici, modifica strutturale del peptidoglicano (sequestro della vancomicina),

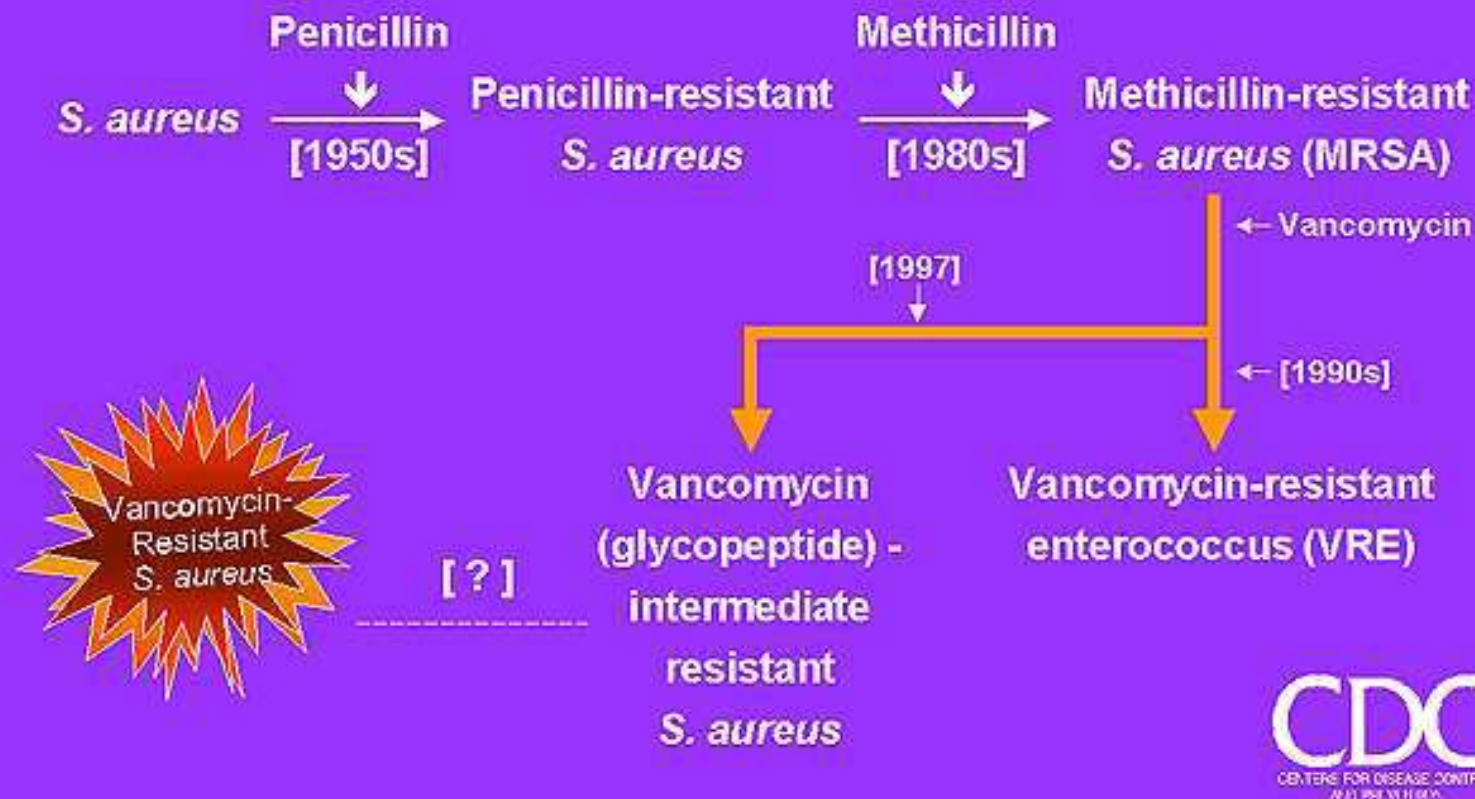
***Community-acquired MRSA (CA-MRSA):*** a partire dagli anni novanta, si diffondono nelle persone non ospedalizzate, sensibilità verso antibiotici non b-lattamici, SCC più piccolo di HA-MRSA, PLV positiva

***Livestock-associated MRSA (LA-MRSA):*** 1° isolamento mastite bovina (Devriese e Hommez, 1975). Aumento progressivo negli animali da reddito e da compagnia. 2007 1° trasmissione di MRSA (ST1, spa-tipo T127) tra bovino e uomo (Juhasz-Kaszanyitzky et al, 2007).

Tre complessi clonali (CC)1, (CC) 398 e (CC) 97 MRSA diffusi nelle produzioni zootecniche italiane (Battisti et al., 2010, Franco et al., 2011, Alba et al., 2015,) specie suina (Pan et al., 2009), un reservoir per ceppi appartenenti al complesso clonale CC 398 il principale tra il Livestock Associated (LA-MRSA)



# Evolution of Antimicrobial Resistance



Uso inappropriato dei farmaci (inadeguate dosi, tempi e vie di somministrazione)

Uso a scopo profilattico o come promotori di crescita

Accumulo progressivo nell'ambiente aumento dei batteri resistenti a livello mondiale

***Tuttora sconosciuto il ruolo dei prodotti alimentari nella diffusione di MRSA di origine animale;***

***alcuni lavori hanno messo in evidenza la presenza di MRSA nella catena alimentare (Jones et al., 2002; van Loo et al., 2007).***

***Secondo il parere dell'EFSA, pur essendo basso il rischio di infezione per l'uomo tramite gli alimenti, assumere o maneggiare cibi contaminati può rappresentare un possibile veicolo di trasmissione di MRSA (The EFSA Journal, 2009a).***

***E' stato dimostrato il rischio di trasmissione di MRSA all'uomo per contatto diretto con animali colonizzati da MRSA (Peton and Le Loir, 2014) soprattutto per alcune categorie professionali (allevatori e relativi familiari, personale di allevamenti, veterinari).***

- Olanda 2005 (32) 23% degli allevatori
- Canada 2007 (35) 33% dei suini  
45% delle fattorie  
20% degli allevatori
- Belgio 2007 (36) 44% dei suini  
37% degli allevatori
- Olanda 2008 (37) 28% dei vitelli  
33% degli allevatori  
8% dei loro familiari
- Germania 2009 (38) 82% degli allevamenti  
86% degli allevatori  
4,5% dei loro familiari  
45% dei veterinari  
9% dei loro familiari
- Belgio 2011 (39) 83% dei maiali

## Meccanismi di resistenza

| Resistenza a:                               | Meccanismo alla base:  | Gene        |
|---|--|-------------|
| Penicillina                                 | Beta-lattamasi   | Plasmidico  |
| Meticillina                                 | PBP2a  | <i>mecA</i> |
| Vancomicina<br><i>low level resistance</i>  | Intrappolamento<br>nel cell wall                               |             |
| Vancomicina<br><i>high level resistance</i> | Peptidoglicano<br>modificato<br>che non lega la <i>Vancom.</i> | <i>vanA</i> |

- 1) impedito accumulo dell'antibiotico all'interno della cellula, attraverso la modificazione della permeabilità cellulare o tramite l'aumento dell'efflusso dell'antibiotico;
- 2) inattivazione enzimatica dell'antibiotico, tramite idrolisi o modificazione;
- 3) modificazione del sito d'attacco dell'antibiotico su una struttura "bersaglio" della cellula.

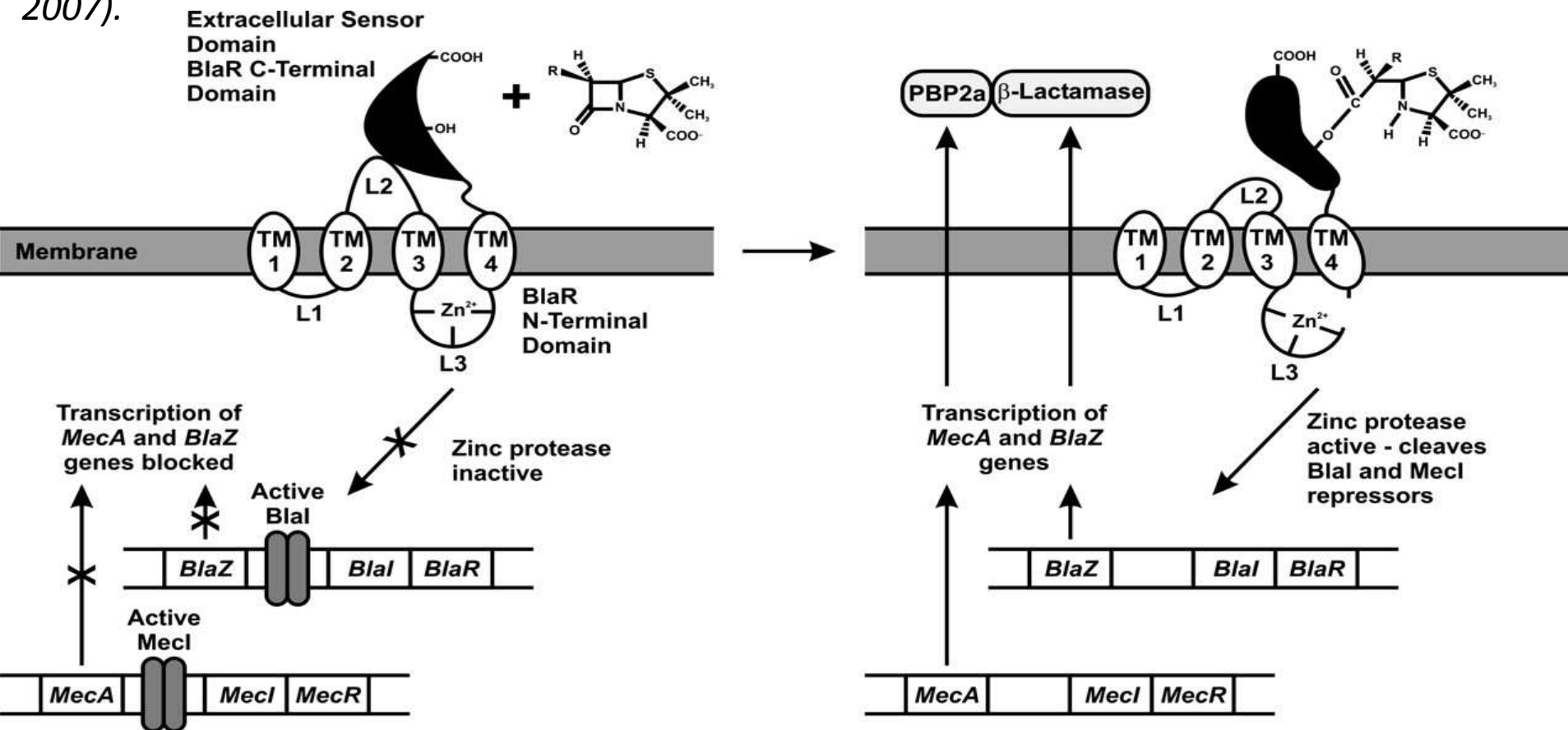


## ***Il gene *mecA* si trova in un grande elemento genetico mobile chiamato *Staphylococcal chromosomal cassette mec (SCCmec)****

Gli antibiotici  $\beta$ -lattamici legano le PBP in parete, inibizione sintesi di peptidoglicano (morte cellulare)

Il gene *mecA*, codifica per una variante della *penicillin binding protein (PBP)* indicata come *PBP2a*..

La variante PBP2a è insensibile ai  $\beta$ -lattamici (non è in grado di legarli), continua la sua attività di sintesi anche in loro presenza, rendendo la loro azione del tutto inefficace (Deurenberg *et al.*, 2007).



La meticillino-resistenza implica **resistenza** a:

oxacillina

penicilline

amoxicillina + acido clavulanico,

cefazolina

imipenem

Anche se sensibili in vitro  
devono essere refertati  
come resistenti !

presuppone

**resistenza** alla maggior parte dei farmaci anti-stafilococcici  
(macrolidi, clindamicina, tetracicline)

**suscetibilità** a:

glicopeptidi

linezolid

tigeciclina

daptomicina

## Come si rileva la meticillino-resistenza?

✓ Metodi fenotipici: antibiogramma



✓ Metodi genotipici:

ricerca del gene *mecA* mediante PCR  
(amplificazione e ibridizzazione);  
disponibili anche kit del commercio in fluorescenza



ricerca di PBP2a

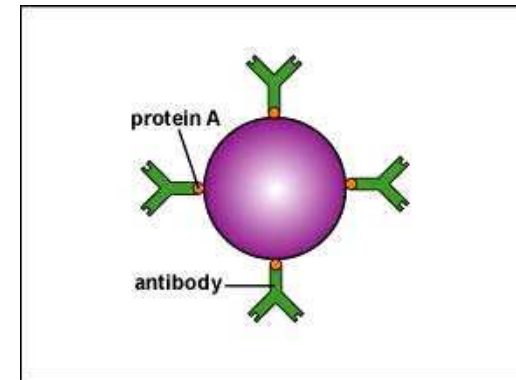
(test di agglutinazione al lattice)



## Classificazione di MRSA su base biomolecolare

*spa typing* : sequenziamento della regione ripetuta (polimorfica X ) della proteina A  
assegna un codice alfa-numerico alle sequenze ripetute, basandosi sul loro ordine e  
composizione; le sequenze ripetute *spa* sono quindi automaticamente assegnate ad uno *spa*  
*typing* tramite l'invio della sequenza al database *RidomStaph type*  
([www.spaSpaserver.ridom.de](http://www.spaSpaserver.ridom.de)) . Nomenclatura universale e pubblico accesso ai dati.

*Multilocus sequence typing (MLST)*, analisi di varianti alleliche di sette frammenti di geni  
*housekeeping* , queste sequenze alleliche sono indicate come *Sequence type (ST)*  
*ST* strettamente correlate fanno parte di uno stesso CC e i ceppi di *S. aureus* sono raggruppati  
all'interno di un singolo CC quando 5 dei 7 geni *housekeeping* presentano sequenze identiche.

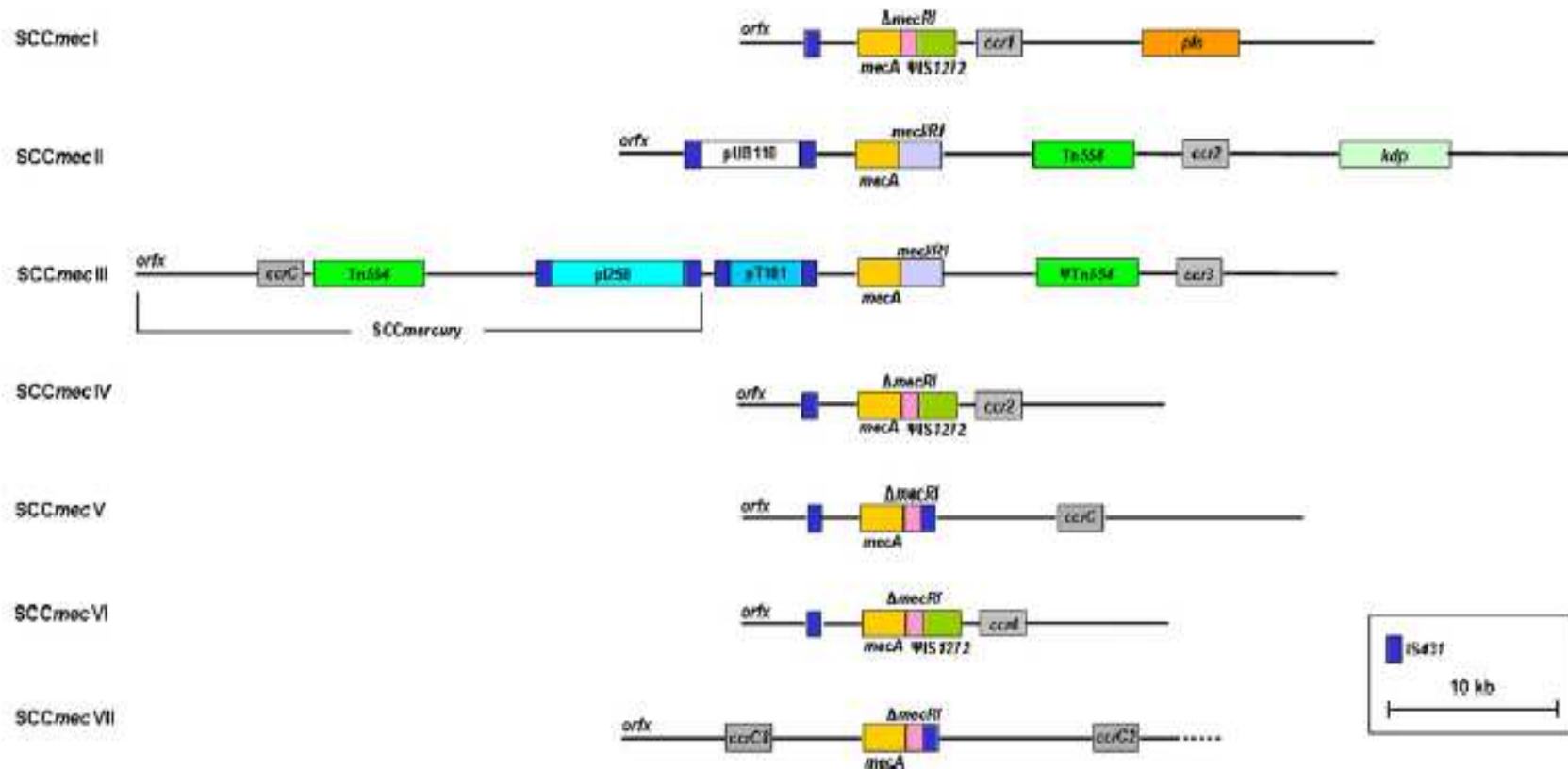


## Tipizzazione del complesso SCCmec

L'analisi dei complessi SCCmec ha permesso di evidenziare una divergenza “genetica” tra HA-MRSA, CA-MRSA e LA-MRSA.

I tipi SCCmec tipo I, II e III, sono riscontrati negli HA-MRSA

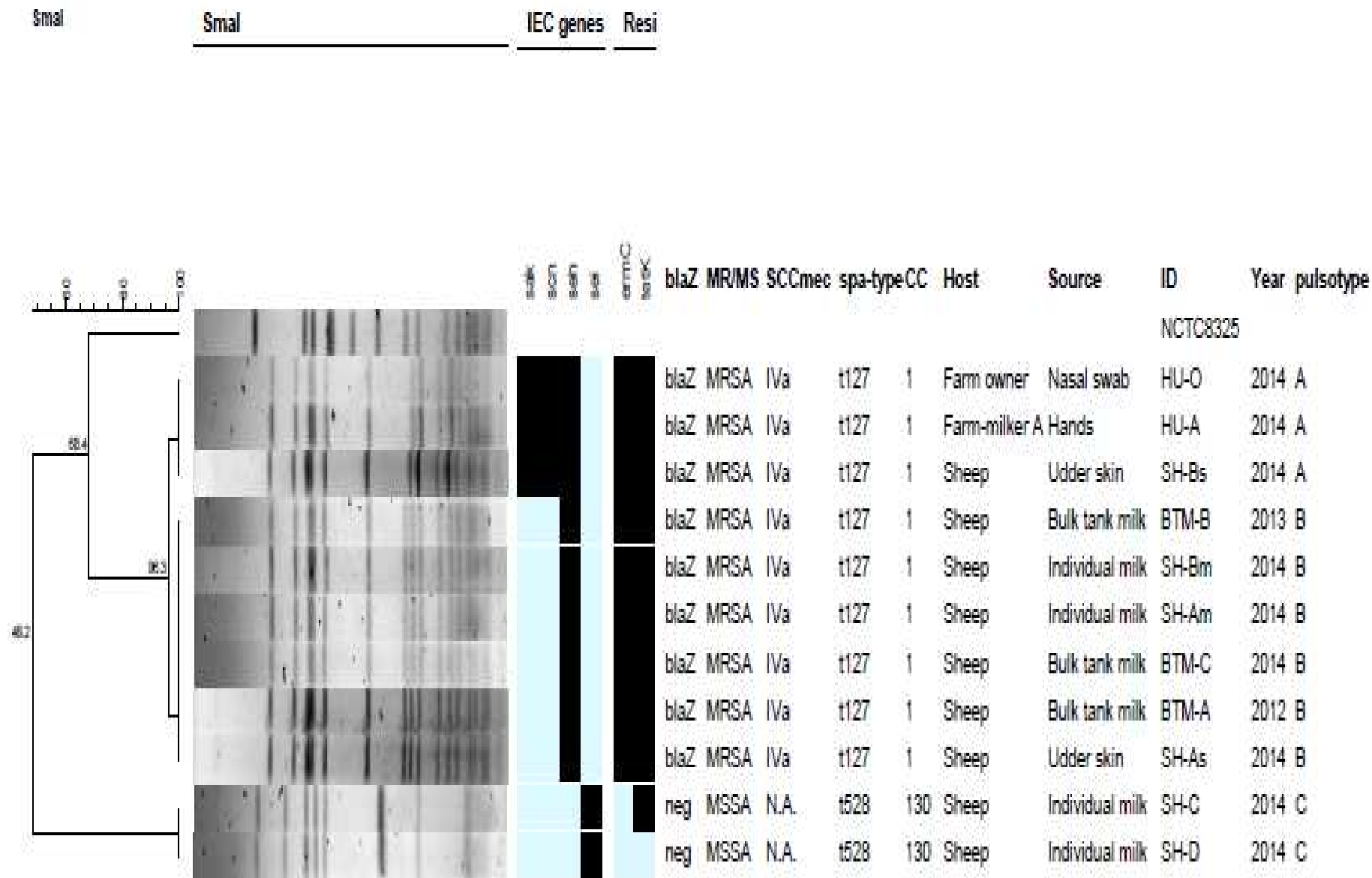
IV e V sono osservati in CA-MRSA e LA-MRSA.



| Clone               | MLST profile     | ST  | CC | SCCmec | spa type <sup>a</sup>  | Geographical spread <sup>b</sup>  |
|---------------------|------------------|-----|----|--------|--|---|
| Archaic             | 3-3-1-1-4-4-16   | 250 | 8  | I      | t008, t009, t194   | Ast, Den, Ger, Swi, Uga, UK, USA  |
| Southern Germany    | 1-4-1-4-12-24-29 | 228 | 5  | I      | t001, t023, t041, t188, t201   | Bel, Den, Ger, Ita, Slo, Spa, Swi   |
| UK EMRSA-3          | 1-4-1-4-12-1-10  | 5   | 5  | I      | t001, t002, t003, t010, t045, t053, t062, t105, t178, t179, t187, t214, t311, t319, t389, t443 | Arg, Nor, Pol, Slo, UK  |
| Iberian             | 3-3-1-12-4-4-16  | 247 | 8  | I      | t008, t051, t052, t054, t200   | Bel, Cro, Cze, Den, Fin, Fra, Ger, Ita, Net, Pol, Por, Slo, Spa, Swe, Swi, UK, USA  |
| Irish-1             | 3-3-1-1-4-4-3    | 8   | 8  | II     | t008, t024, t064, t190, t206, t211   | Ast, Ire, UK, USA   |
| New York/Japan      | 1-4-1-4-12-1-10  | 5   | 5  | II     | t001, t002, t003, t010, t045, t053, t062, t105, t178, t179, t187, t214, t311, t319, t389, t443 | Ast, Bel, Can, Den, Fin, Fra, Ger, Ire, Jap, Kor, Mex, Sin, Swe, Uru, UK, USA   |
| UK EMRSA-16         | 2-2-2-2-3-3-2    | 36  | 36 | II     | t018, t253, t418, t419   | Ast, Bel, Can, Den, Fin, Gre, Ire, Mex, Nor, Spa, Swe, Swi, UK, USA   |
| Brazilian/Hungarian | 2-3-1-1-4-4-3    | 239 | 8  | III    | t030, t037, t234, t387, t388   | Alg, Arg, Ast, Aus, Bra, Chi, Chn, Cze, Fin, Ger, Gre, Ind, Ids, Kor, Mon, Net, Pol, Por, Sin, Slo, Spa, Sri, Swe, Tha, UK, Uru, USA, Vie |
| Berlin              | 10-14-8-6-10-3-2 | 45  | 45 | IV     | t004, t015, t026, t031, t038, t050, t065, t204, t230, t390                                     | Arm, Ast, Bel, Fin, Ger, Hun, Net, Nor, Spa, Swe, Swi, USA  |
| Paediatric          | 1-4-1-4-12-1-10  | 5   | 5  | IV     | t001, t002, t003, t010, t045, t053, t062, t105, t178, t179, t187, t214, t311, t319, t389, t443 | Alg, Arg, Ast, Bra, Col, Den, Fra, Kor, Nor, Pol, Por, Spa, Swe, Uru, UK, USA   |
| UK EMRSA-2/-6       | 3-3-1-1-4-4-3    | 8   | 8  | IV     | t008, t024, t064, t190, t206, t211   | Ast, Bel, Fin, Fra, Ger, Ire, Net, Nor, Tai, UK, USA  |
| UK EMRSA-15         | 7-6-1-5-8-8-6    | 22  | 22 | IV     | t005, t022, t032, t223, t309, t310, t417, t420   | Ast, Bel, Cze, Den, Ger, Ire, Kuw, NZ, Nor, Por, Sin, Spa, Swe, UK  |



## Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE), studio di focolai



## Obiettivi

- Studiare la diffusione di *MSSA* e *MRSA* nel latte crudo di allevamenti ovini del Lazio
- Valutare la capacità predittiva del latte di massa come stima del livello d'infezione intra-allevamento



# MATERIALI E METODI (1)

## Prevalenza di S.aureus negli allevamenti

✓ Periodo dello studio: dicembre 2011

maggio 2012

✓ Allevamenti esaminati: 286 aziende di pecore da latte della Regione Lazio.

✓ Tipologia di campioni: latte di massa prelevati da Cooperative di Produttori e/o Caseifici per il controllo della qualità del latte.



## MATERIALI E METODI (2)

### Prevalenza d'infezione intra-allevamneto

#### Allevamenti esaminati:

- 21 allevamenti risultati positivi a *S.aureus* nel latte di massa
- consistenza media 271 ovini in lattazione (min 90 max 538)
- 5696 animali monitorati



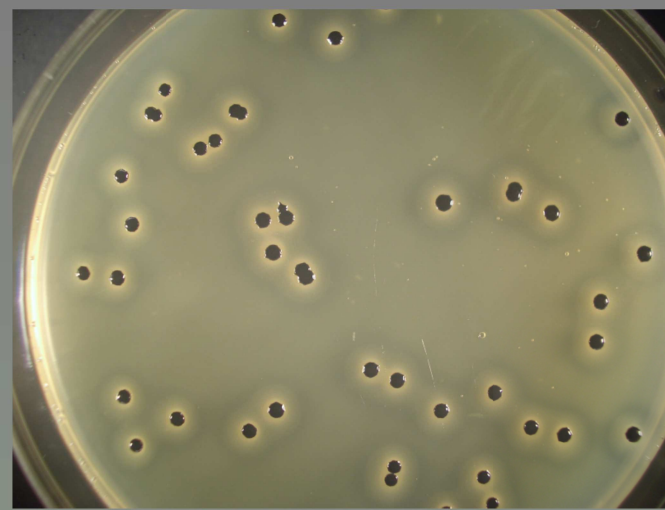
#### Tipologia di campioni:

- Campione del pool delle due emimammelle (latte individuale) di tutti i soggetti in lattazione
- campione di latte di massa rappresentativo dell'intera mungitura.

## MATERIALI E METODI (2)

### ✓ Esami di laboratorio:

- ✓ Latte di massa: ricerca quantitativa di *S.aureus* con Baird Parker + Rabbit Plasma Fibrinogen (BP-RPF) (ISO 6888-2:1999)



In funzione delle UFC/ml  
campioni suddivisione 6  
classi:

<100;

≥ 100<500;

≥ 500<1000;

≥ 1000<2000;

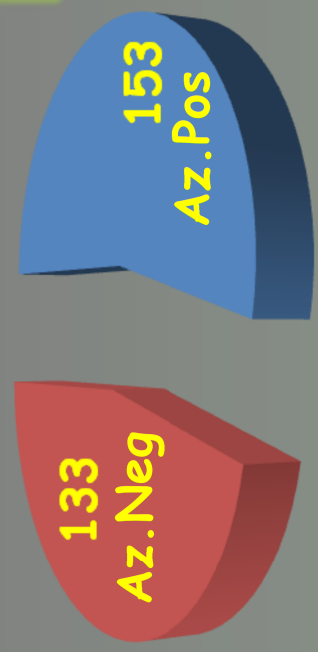
≥ 2000<10000;

≥ 10000.

- ✓ Latte individuale: ricerca qualitativa di *S.aureus* con Baird Parker + Rabbit Plasma Fibrinogen
  - Screenig cefoxitina (CLSI)
  - Conferma di *S. aureus* eseguita con metodo biomolecolare (PCR - gene *fem-mecA*)
  - Geni codif.enterot. (*sea, seb, sec, sed, see, seg, seh, sei, sej, sem, sen, seo, ser*)
  - Enterotossine A, B, C, D: agglutinazione passiva al lattice (RPLA) con SET-RPLA (OXOID)
  - Test di sensibilità agli antibiotici mediante diffusione in agar

Totale aziende controllate: 286

RISULTATI



% positive: 53,5

% positive MRSA: 0.65 (1/153)

Contenuto medio:  $3,31 \times 10^2$  UFC

Range di concentrazione:  $10^1$  e  $10^4$  UFC

| UFC            | N° campioni positivi | % campioni positivi |
|----------------|----------------------|---------------------|
| <100           | 29                   | 18,9                |
| ≥ 100 < 500    | 64                   | 41,8                |
| ≥ 500 < 1000   | 19                   | 12,4                |
| ≥ 1000 < 2000  | 15+1 MRSA            | 10,5                |
| ≥ 2000 < 10000 | 22                   | 14,4                |
| ≥ 10000        | 3                    | 2                   |

Tab 1: distribuzione dei campioni positivi a S. aureus in classi di UFC



Distribuzione dei geni *sea-sel* in 241 *S. aureus* isolati

| SEs/SEIs gene | N° isolati positivi |
|---------------|---------------------|
| sea           | 13                  |
| seb           | 10                  |
| sec           | 185                 |
| seg           | 2                   |
| seh           | 10                  |
| sep           | 1                   |
| sea,sec       | 5                   |
| seb,sec       | 1                   |
| sec,sed       | 4                   |
| sec,seg,sei   | 4                   |
| seg,sei       | 5                   |
| seh,sep       | 1                   |
| Total         | 241                 |

distribuzione delle produzione di SEA, SEB, SEC and SED di *S. aureus*  
e presenza dei geni corrispondenti

| Enterotossine | Numero di isolati |          |
|---------------|-------------------|----------|
|               | Multiplex-PCR     | SET-RPLA |
| A             | 13                | 13       |
| B             | 10                | 8        |
| C             | 189               | 163      |
| AC            | 5                 | 3        |
| BC            | 1                 | 1        |
| CD            | 4                 | 3        |

| Enterotossine | N° isolati | % Isolati  |
|---------------|------------|------------|
| A             | 13         | 6,8        |
| B             | 8          | 4,2        |
| C             | 163        | 85,3       |
| D             | 0          | 0,0        |
| AC            | 3          | 1,6        |
| CD            | 3          | 1,6        |
| BC            | 1          | 0,5        |
| <b>Totale</b> | <b>191</b> | <b>100</b> |

## RISULTATI

305 S.aureus testati per  
produzione di ES: A,B,C,D  
191 (62,6%) produttori di  
ESs

Tab 2: distribuzione ES (A,B,C,D,) prodotte da S. aureus

153 allev.pos. S.aureus  
65 (42,5%) con S.aureus  
produttore ESs

| Enterotossine | N° Aziende | % Aziende  |
|---------------|------------|------------|
| A             | 6          | 9,2        |
| B             | 3          | 4,6        |
| C             | 56         | 86,2       |
| D             | 0          | 0,0        |
| <b>Totale</b> | <b>65</b>  | <b>100</b> |

Tab 3: distribuzione di S.aureus produttori di Ess nelle aziende

profili di antibiotico resistenza in MSSA (n°104) isolati da latte di massa ovino

| Resistance profile | N°of resistant isolates |
|--------------------|-------------------------|
| TE                 | 16                      |
| AM                 | 6                       |
| TE-AM              | 2                       |
| TE-SUL             | 2                       |
| SUL-SXT            | 12                      |
| TE-SUL-SXT         | 2                       |
| TE-ENR-AM-K        | 1                       |

## 19 allevamenti:

Range di prevalenza d'infezione tra 0,4% e 20,1%.

Valore medio 4,0%

## Latte individuale:

5140 soggetti

234 soggetti positivi a *S. aureus* (4,5%)

## RISULTATI

### Latte di massa:

Contenuto medio  $1,5 \times 10^3$  UFC

Range di concentrazione  
tra  $1 \times 10^1$  e  $5,4 \times 10^4$  UFC.

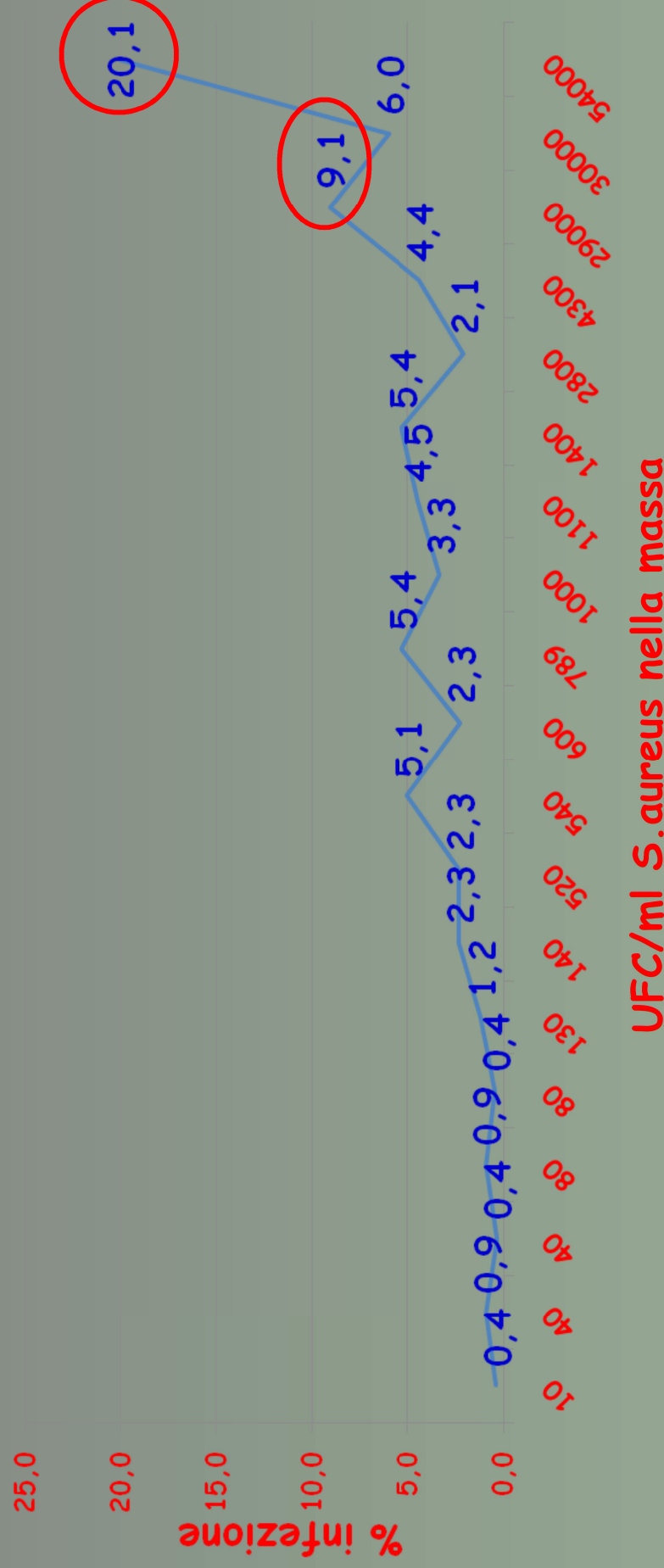


Fig 1: distribuzione % di infezione a *S. aureus* in funzione delle UFC nella massa

## RISULTATI

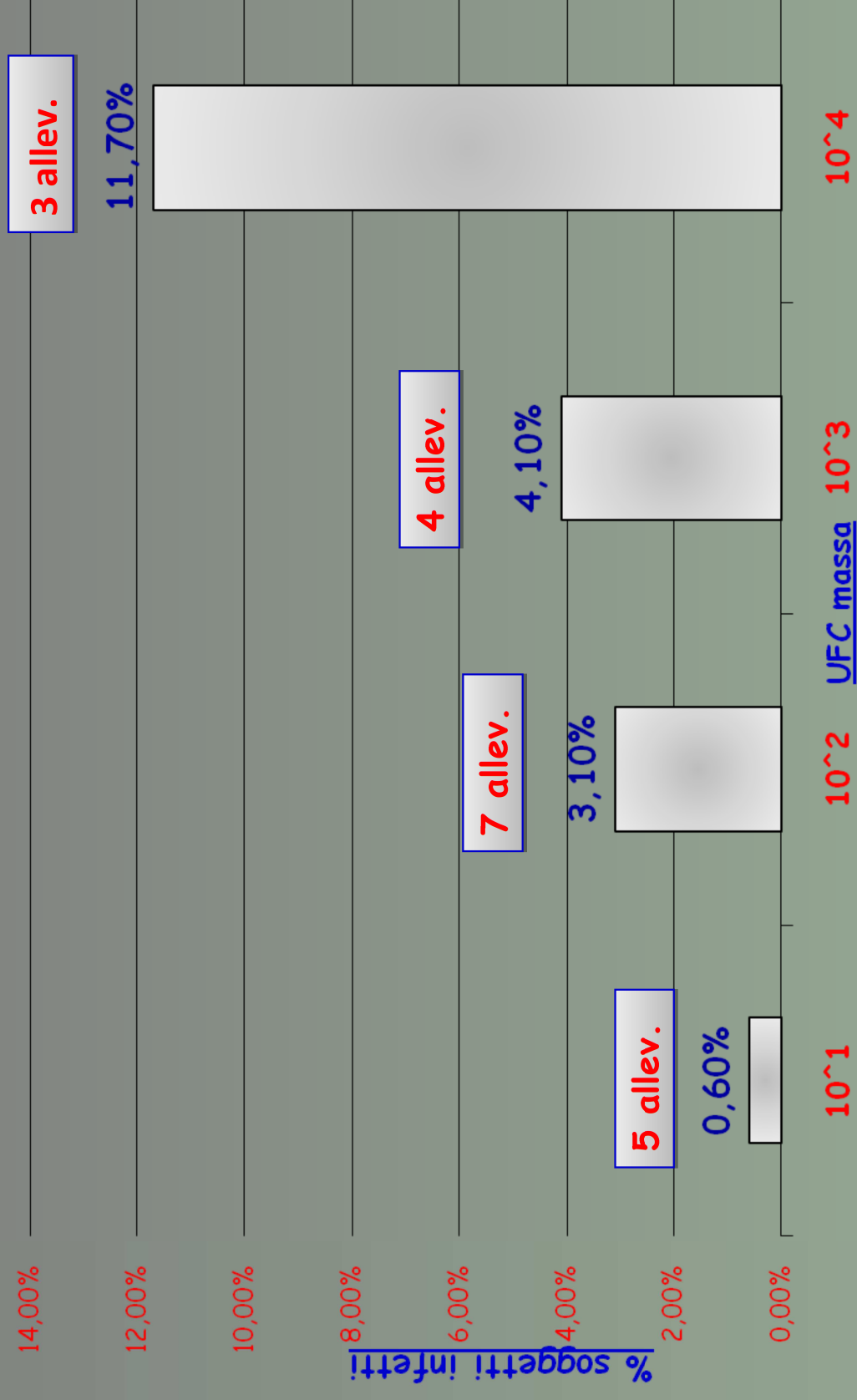
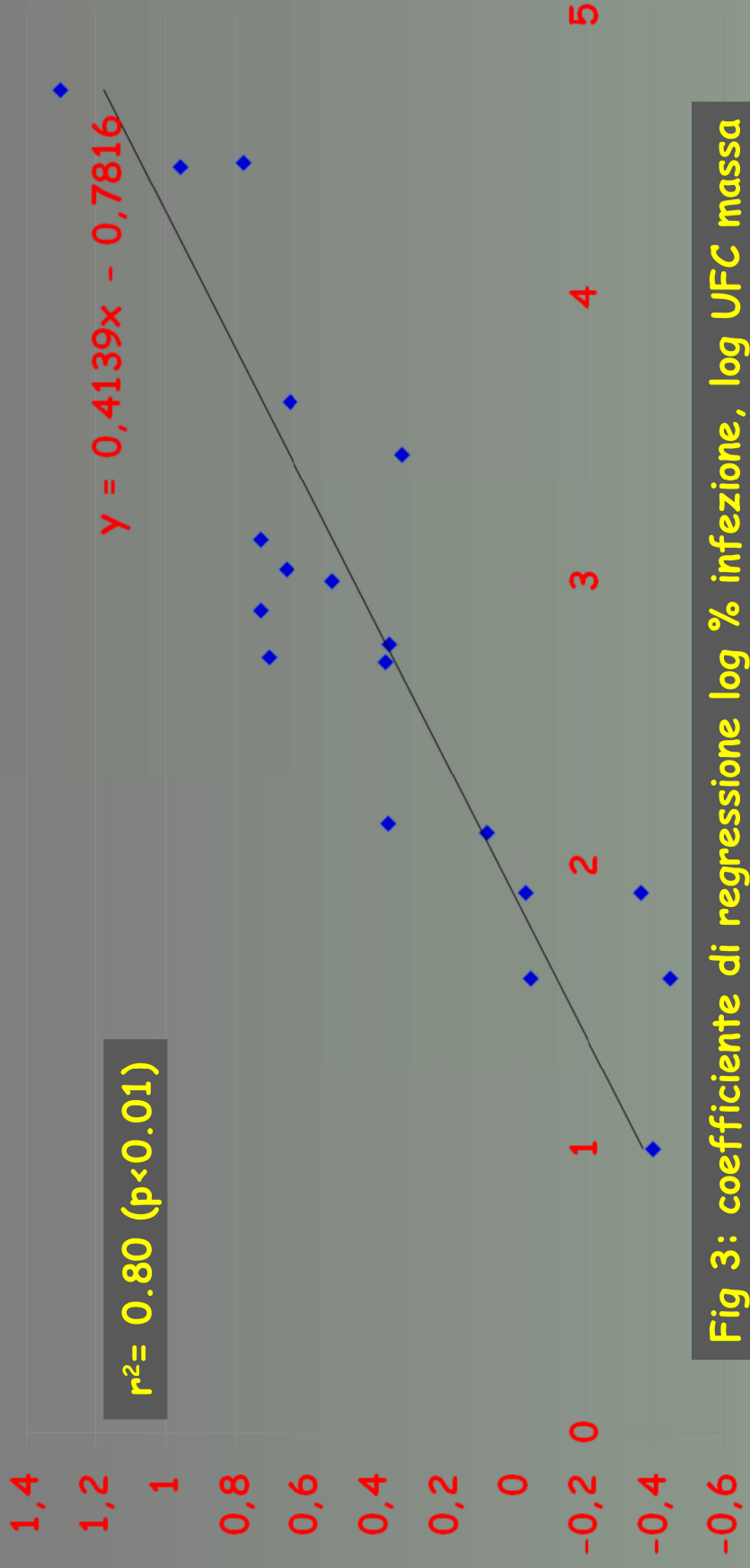


Fig.2: % media di animali positivi a *S. aureus* in classi di UFC massa





Prevalenza d' infezione  
 aumenta di 0,41 unità log  
 all'aumentare di 1 unità log  
 di UFC nel latte di massa

Esempio:  $3,6 \times 10^3$  UFC/ml    Log: 3,6

formula:  $y = 0,41x - 0,78$

$y = (0,41 * 3,6) - 0,78$

$y = \log 0,72$

STIMA % infezione = 5,27 %

Prevalenza intra-allevamento MRSA

|    | Pecore in<br>lattazione | n° (%) MSSA | n° ( %) MRSA | Mungitore | Formaggio | Linea<br>ges        |
|----|-------------------------|-------------|--------------|-----------|-----------|---------------------|
| L* | 556                     | 10          | 2 (0.36%)    | pos       | Nd        | t127<br>ST<br>(CC)1 |
| M  | 321                     | 8           | 2 (0.62%)    | pos       | Nd        | nd                  |
| N  | 83                      | 6           | 2 (2.4%)     | pos       | Nd        | t127<br>ST<br>(CC)1 |
| O  | 456                     | 0           | 1 (0.21%)    | pos       | Pos       | t127<br>ST<br>(CC)1 |

| Formaggio | S. aureus | E.coli | Enterob. | lieviti | Muffe | Pseudom | Clostridi |
|-----------|-----------|--------|----------|---------|-------|---------|-----------|
| N         |           |        |          |         |       |         |           |
| T0        | 4,34      | 3,40   | 5,83     | 3,60    | 3,70  | <0      | <0        |
| T15       | 5,76      | 6,52   | 6,92     | 4,73    | 1,30  | <0      | <0        |
| T30       | 5,96      | 6,51   | 6,95     | 4,81    | 1,65  | <0      | <0        |
| T60       | 3,40      | 6,08   | 7,08     | 4,23    | 1,30  | <0      | <0        |

*andamento dei parametri igienico-sanitari nel Formaggio N nei quattro tempi di stagionatura (logUFC/g)*

| FormaggioO | S. aureus | E.coli | Enterob. | lieviti | Muffe | Pseudom | Clostridi |
|------------|-----------|--------|----------|---------|-------|---------|-----------|
| T0         | 5,66      | 4,49   | 6,98     | 4,54    | 1,60  | <0      | <0        |
| T15        | 3,46      | 3,67   | 4,78     | 5,90    | 0,00  | <0      | <0        |
| T30        | 0         | 2,51   | 3,04     | 4,65    | 2,60  | <0      | <0        |
| T60        | 0         | 1,48   | 1,91     | 5,85    | 0,00  | <0      | <0        |

*andamento dei parametri igienico-sanitari nel FormaggioO nei quattro tempi di stagionatura (logUFC/g)*

Table 1

SEs/SEIs gene profiles (toxintypes) of the 35 selected *S. aureus* isolates in relation with the farm, the species of origin and the type of sample.

| SEs/SEIs gene profiles (toxintypes) | Number of positive isolates per species of origin |       |         |          |                       | Total number of positive isolates | Farm ID <sup>a</sup> /Species of origin <sup>b</sup> (type of sample)   |
|-------------------------------------|---|-------|---------|----------|-----------------------|-----------------------------------|---|
|                                     | Bovine  | Ovine | Caprine | Bubaline | Bovine/Ovine (cheese) |                                   |   |
| sea                                 | 0   | 1     | 0       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm: S/Ov (raw milk)   |
| sec                                 | 1   | 4     | 3       | 0        | 2                     | 10                                | Farms: B/Bov (raw milk); L/Ov (raw milk); O/Ov (raw milk); P/Ov (cheese); Q/Ov (raw milk); V/Cap (raw milk and cheese); Y/Mixed (ovine cheese); Z/Mixed (bovine/ovine cheese) |
| sed                                 | 1   | 0     | 0       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm: B/Bov (raw milk)  |
| seg                                 | 0   | 0     | 1       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm: W/Cap (cheese)  |
| seh                                 | 0   | 3     | 0       | 0        | 0                     | 3                                 | Farms: L/Ov (cheese); S/Ov (raw milk)   |
| sea,sei                             | 1   | 0     | 0       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm: D/Bov (raw milk)  |
| seb,sec                             | 0   | 0     | 1       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm: V /Cap (cheese)   |
| sed,selj                            | 1   | 0     | 0       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm: A/Bov (raw milk)  |
| seg,sei                             | 2   | 1     | 0       | 0        | 0                     | 3                                 | Farms: C/Bov (raw milk); G/Bov (raw milk); M/Ov (cheese)  |
| sea,sed,selj                        | 1   | 0     | 0       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm H/Bov (raw milk)   |
| sea,sed,ser                         | 1   | 0     | 0       | 0        | 0                     | 1                                 | Farms H/Bov (raw milk)  |
| sec,seg,sei                         | 0   | 1     | 0       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm N/Ov (thermized milk)  |
| sed,seg,sei                         | 1   | 0     | 0       | 0        | 0                     | 1                                 | Farm G/Bov (raw milk)   |
| sed,ser,selj                        | 2   | 0     | 0       | 0        | 0                     | 2                                 | Farm H/Bov (raw milk)   |
| sea,sed,ser,selj                    | 4   | 0     | 0       | 3        | 0                     | 7                                 | Farms: H/Bov (raw milk); X/Bub (raw milk and cheese)  |

**MRSA è stato isolato da due campione di formaggio prodotti dalla stessa azienda**

**Caratteristiche biomolecolari blaZ + spa type t127, ST1, clonal complex (CC) 1, SCCmec type IVa.**

## **CONCLUSIONI**

- ✓ *Elevata diffusione di S. aureus negli allevamenti ovini della Regione Lazio, bassa di MRSA*
- ✓ *Contenuta la prevalenza d'infezione a livello aziendale*
- ✓ *Elevata correlazione tra livello d'infezione e UFC nel latte di massa*
- ✓ *Utilizzo del latte di massa come monitoraggio stato sanitario del gregge per MSSA e MRSA*
- ✓ *Applicazione misure di prevenzione e di profilassi delle mastiti causate da S. aureus*
- ✓ *Controllo del rischio associato al consumo di latte o derivati.*



**GRAZIE**  
a tutti i tecnici del  
laboratorio latte



**Corsa campestre**