

PROGETTI DI “RICERCA CORRENTE 2022”
RELAZIONE FINALE

N. identificativo progetto: IZS LT 01/22 RC

Progetto presentato da:

ISTITUTO ZOOPROFILATTICO SPERIMENTALE

LAZIO E TOSCANA “M. ALEANDRI”

Area tematica: Sanità Animale

Titolo del progetto: Genomica delle popolazioni di *Campylobacter* zoonosici in Italia in Ottica One Health, con particolare riguardo alle Campylobatteriosi antibioticoresistenti, e sviluppo di un prototipo di rete di sorveglianza a livello locale (Regione Lazio).

Ricerca finanziata dal Ministero della Salute

Responsabile Scientifico: Patricia Alba Alderete

SINTESI

Titolo: Genomica delle popolazioni di *Campylobacter* zoonosici in Italia in Ottica One Health, con particolare riguardo alle *Campylobacteriosi* antibioticoresistenti, e sviluppo di un prototipo di rete di sorveglianza a livello locale (Regione Lazio).

Questo progetto si focalizza sulla sorveglianza genomica di *Campylobacter*, un patogeno zoonotico di rilevanza globale, con l'obiettivo finale di creare una rete di sorveglianza genomica per questo microorganismo. Questo approccio consentirà di migliorare la tracciabilità delle infezioni, di identificare i serbatoi animali e di sviluppare politiche di gestione del rischio più efficaci.

Attraverso un approccio integrato di sequenziamento di nuova generazione (NGS) sono stati analizzati isolati di *C. jejuni* e *C. coli* provenienti da fonti umane, animali e alimentari. I risultati preliminari evidenziano un'elevata prevalenza di isolati resistenti a ciprofloxacina e tetraciclina. L'analisi genomica ha permesso di identificare un major clone circolante tra i tre settori e ha rivelato inoltre, una significativa plasticità genetica degli isolati, mediata da elementi genetici mobili (MGEs) come plasmidi e trasposoni, che facilitano il trasferimento genico orizzontale (HGT) dei geni di resistenza tra *C. coli* e *C. jejuni*.

Questo progetto, basato su un approccio One Health, mira a migliorare la comprensione e il controllo di *Campylobacter*, un patogeno zoonotico di rilevanza globale, attraverso un'analisi integrata di dati fenotipici, molecolari e genomici. Il progetto è strutturato in quattro work packages (WPs) che affrontano aspetti chiave della ricerca, della caratterizzazione degli isolati, dell'analisi dei dati e dell'implementazione di una rete di sorveglianza a livello locale.

I risultati contribuiranno a supportare approcci One Health per la mitigazione delle zoonosi e dell'antimicrobico-resistenza, promuovendo una migliore comprensione delle dinamiche di trasmissione e adattamento di *Campylobacter*.

Parole chiave: *Campylobacter* spp, zoonosi, rete di sorveglianza, epidemiologia molecular, resistoma, One Health.

SUMMARY

Abstract

This project focuses on the genomic surveillance of *Campylobacter*, a zoonotic pathogen of global significance, with the ultimate goal of creating a genomic surveillance network for this microorganism. This approach will enhance the traceability of infections, identify animal reservoirs, and develop more effective risk management policies.

Using an integrated approach based on next-generation sequencing (NGS), isolates of *C. jejuni* and *C. coli* from human, animal, and food sources were analysed. Preliminary results highlight an elevated prevalence of resistant isolates to ciprofloxacin and tetracycline. Genomic analysis has identified a major clone circulating across all three sectors and revealed significant genetic plasticity, mediated by mobile genetic elements (MGEs) such as plasmids and transposons, which facilitate the horizontal gene transfer (HGT) of resistance genes between *C. coli* and *C. jejuni*.

This project, based on a One Health approach, aims to improve the understanding and control of *Campylobacter*, a globally significant zoonotic pathogen, through the integrated analysis of phenotypic, molecular, and genomic data. The project is structured into four work packages (WPs) that address key aspects of research, isolate characterization, data analysis, and the implementation of a local surveillance network.

The results will contribute to supporting One Health approaches for mitigating zoonoses and antimicrobial resistance (AMR), promoting a better understanding of the transmission dynamics and adaptation of *Campylobacter*.

Key words: *Campylobacter* spp, zoonose, surveillance network, molecular epidemiology, resistome, One Health.

INTRODUZIONE

Il genere *Campylobacter* comprende 25 specie di batteri microaerofili, termofili, Gram-negativi, con una morfologia eterogenea. Questi batteri colonizzano naturalmente vari ospiti, tra cui esseri umani, mammiferi, uccelli, rettili e molluschi, e sono gli agenti eziologici della campilobatteriosi, classificata tra le principali cause di malattie gastrointestinali con il più alto impatto a livello mondiale. Nell'Unione Europea (UE), questa rappresenta la malattia gastrointestinale di origine alimentare più segnalata, con casi umani prevalentemente causati da *C. jejuni* (87,3%) e *C. coli* (11%) (EFSA-ECDC, 2024).

Nel 2020, nell'ambito del monitoraggio Europeo sulle zoonosi, *Campylobacter* spp. è stato riportato nel 62,1% delle unità epidemiologiche (UE) di tacchini analizzate, nel 24,4% delle unità epidemiologiche di polli da carne, nel 58,5% dei suini da ingrasso e nel 5,1% di bovini di età inferiore a 12 mesi.

In Italia, dal 2014, la UOC Diagnostica Generale, Centro di Referenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza (CRN-AR) /National Reference Laboratory for Antimicrobial Resistance (NRL-AR) in collaborazione con il Ministero della Salute esegue il Piano di monitoraggio armonizzato dell'antibiotico-resistenza (di seguito Piano AMR) su base nazionale (secondo la Decisione UE 2020/17291 e in precedenza secondo la Decisione UE 652/2013). Questi isolati provengono dalle produzioni animali oggetto del Piano, ovvero polli, tacchini, bovini di età inferiore ai 12 mesi e suini e sono campionati ad anni alterni. In particolare, vengono analizzati campioni di contenuto cecale di animali al mattatoio, provenienti da Unità Epidemiologiche rappresentative del territorio Italiano. I dati prodotti confluiscono ogni anno nel "The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food" (https://eur-lex.europa.eu/eli/dec_impl/2020/1729/oj/eng).

I dati prodotti dalla sorveglianza armonizzata a livello UE dal 2014 (Piano AMR), hanno evidenziato in *C. coli* isolati da polli da carne italiani resistenze fenotipiche a varie classi di molecole in particolare con prevalenze di resistenza del 4,1% per la gentamicina, del 79,1% per la ciprofloxacina, dell'11,0% per l'eritromicina, del 29,1% per l'ertapenem e del 69,8% per la tetraciclina (EU Summary Report AMR, rapporto di sintesi 2024). È ben noto che l'uso diffuso di antimicobici veterinari negli anni passati ha esercitato una pressione selettiva rilevante sulla biocenosi microbica intestinale degli animali da produzione alimentare, contribuendo alla persistenza di determinanti di resistenza antimicobica (AMR) sia nelle