IZS PB 05/22 RC "Studio dell'eco-epidemiologia dell'antibiotico-resistenza in Puglia (EcoARP)"

Responsabile Scientifico: Dr. Gaia Nobili

:

U.O. IMS 1	**Dr.ssa Gaia Nobili**	**IZSPB – S.S. Ricerca Sviluppo e Innovazioni**
U.O. IMS 2	**Dr.ssa Marilena Muscarella**	**IZSPB – S.S. Farmaci e Tossicologia**
U.O. IMS 3	**Dr.ssa Manuela Iurescia**	**IZSLT - CRAB**
U.O. EMS 1	**Dr.ssa Valeria Bortolaia**	**Statens Serum Institut**
U.O. EMS 2	**Dr. Tommaso Scirocco**	**IRBIM CNR**
U.O. EMS 3	**Dr. Fabio Arena**	**Università di Foggia**

Le acque superficiali della Puglia si confermano un importante serbatoio di batteri antibiotico-resistenti, come evidenziato dal progetto EcoARP, sviluppato secondo l'approccio One Health. Lo studio aveva tra i suoi obiettivi la valutazione della presenza di patogeni ESKAPEE nelle acque regionali, l'analisi dei profili di resistenza, la ricerca dei geni associati all'AMR e la caratterizzazione genomica degli isolati, oltre alla verifica di eventuali residui di antibiotici. L'analisi microbiologica di 148 campioni di acque superficiali della Regione Puglia ha rilevato ceppi di *Enterobacterales* antibiotico-resistenti nel 67,6% dei casi, con ampia diffusione di geni come *bla*$_{\text{CTX-M}}$ e carbapenemasi. Il sequenziamento genomico ha identificato cloni clinici ad alto rischio, tra cui *Klebsiella pneumoniae* ST512/ST307 ed *Escherichia coli* ST10, tipicamente associati a infezioni ospedaliere.



Una parte centrale del progetto ha riguardato la caratterizzazione di 56 ceppi di *Enterococcus faecium* resistente alla vancomicina (VREfm), 28 ambientali e 28 clinici. La scelta di concentrarsi su questo patogeno deriva dal suo noto ruolo nella trasmissione nosocomiale mediata dall'ambiente e dalla sua capacità di persistere su superfici e matrici naturali, rendendolo un indicatore particolarmente informativo per valutare i collegamenti tra ambiente e infezioni umane.

Tutti i ceppi presentavano il cluster genico *vanA* e geni condivisi di resistenza agli aminoglicosidi e ai macrolidi. Le analisi MLST e filogenetiche hanno rivelato una forte sovrapposizione clonale tra ceppi ambientali e clinici (ST80, ST117, ST1478), suggerendo possibili scambi lungo l'interfaccia ambiente–uomo. Infine, le analisi chimiche hanno escluso una contaminazione significativa da residui di antibiotici, indicando che la diffusione dell'AMR non dipende necessariamente dalla presenza diretta di farmaci nelle acque.

Nel complesso, il progetto mette in luce la necessità di rafforzare la sorveglianza integrata ambientale, clinica e veterinaria per contrastare la diffusione dell'antimicrobico-resistenza e tutelare la salute pubblica.