

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI GENOVA

DIPARTIMENTO DI SCIENZE DELLA TERRA,
DELL'AMBIENTE E DELLA VITA (DISTAV)

Classe delle Lauree Magistrali in Biologia LM/6

Corso di Laurea Magistrale in

VALUTAZIONE DELL'ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEGLI ALIMENTI DI
ORIGINE ANIMALE

Laureando:

Senesi Niccolò

Relatore:

Prof.ssa Cristina Maria Luisa

Correlatore:

Professor Vezzulli Luigi

Co-relatore:

Dott. Simonetta Bruno

ANNO ACCADEMICO 2024-2025

RIASSUNTO/ABSTRACT

La sicurezza alimentare e la resistenza agli antimicrobici (AMR) rappresentano due importanti sfide globali affrontate congiuntamente nell'ambito dell'approccio One Health. Il presente studio ha valutato la contaminazione batterica e i profili di resistenza agli antibiotici in 215 campioni di alimenti di origine animale raccolti presso diversi punti vendita della Grande Distribuzione Organizzata nella città metropolitana di Genova: 108 campioni di pesce (pescato e allevato) e 107 di carne rossa (bovino, suino e mista).

Le analisi preliminari, svolte da un laboratorio esterno, si sono concentrate sulla ricerca di determinate specie batteriche che possono contaminare gli alimenti e, potenzialmente, causare patologie nell'uomo. Per gli isolati ottenuti dai campioni positivi sono stati effettuati l'identificazione mediante MALDI-TOF e, per gli isolati di specie batteriche coinvolte in malattie a trasmissione alimentare (MTA), i test di sensibilità agli antimicrobici (AST) tramite sistema VITEK® 2 COMPACT (bioMérieux).

Sono risultati positivi 95 campioni (44,19%), di cui 57 di pesce (60%) e 38 di carne rossa (40%). Gli isolati batterici complessivamente ottenuti da questi campioni sono stati 103. La specie prevalente, tra quelle coinvolte in MTA, è stata *Listeria monocytogenes* (25 isolati), seguita da *Escherichia coli* (17 isolati), *Pseudomonas aeruginosa* (8 isolati), *Staphylococcus aureus* (1 isolato) e *Clostridium perfringens* (1 isolato). Tutti i campioni positivi a *L. monocytogenes* sono risultati non conformi ai limiti di legge, i quali impongono l'assenza di questo microorganismo.

I test di sensibilità agli antimicrobici hanno evidenziato una multiresistenza diffusa: il 32% degli isolati di *L. monocytogenes* (8/25) e tutti gli isolati di *P. aeruginosa* sono risultati multiresistenti agli antibiotici (MDR) (resistenti o con ridotta sensibilità a ≥ 3 classi di antibiotici). In particolare, tutti gli isolati di *L. monocytogenes* hanno mostrato resistenza nei confronti dei lincosamidi, mentre *P. aeruginosa* ha presentato ridotta sensibilità per 5 classi di antibiotici (Penicilline anti-pseudomonas con inibitori delle β -lattamasi, cefalosporine III - IV generazione, monobattami, carbapenemi, chinoloni). Tra gli isolati di *E. coli* 1 (5,88%) ha mostrato resistenza alla ciprofloxacina ed 1 ha mostrato ridotta sensibilità per lo stesso antibiotico. Nessun campione è risultato positivo per *Salmonella* spp.

I risultati sono stati confrontati con il report EFSA/ECDC 2023-2024 e con studi recenti su pesce e carne rossa, suggerendo buone condizioni igieniche nella filiera del pesce, ma possibili criticità nella lavorazione della carne rossa. Lo studio sottolinea l'importanza del monitoraggio continuo

dell'AMR negli alimenti di origine animale per supportare strategie di prevenzione nell'ambito One Health.

La ricerca è stata svolta presso il Laboratorio di Igiene Ospedaliera e Ambientale (LIOA) del Dipartimento di Scienze della Salute (DISSAL) dell'Università degli Studi di Genova, in collaborazione con un laboratorio di analisi microbiologiche alimentari della città di Genova.

Food safety and antimicrobial resistance (AMR) represent two major global challenges addressed jointly within the One Health approach. This study evaluated bacterial contamination and antibiotic resistance profiles in 215 samples of food of animal origin collected from various large-scale retail outlets in the metropolitan city of Genoa: 108 samples of wild-caught and farmed fish and 107 of red meat (beef, pork, and a mix).

Preliminary analyses, conducted by an external laboratory, focused on identifying certain bacterial species potentially associated with food contamination and human disease. Isolates from positive samples were identified using MALDI-TOF, and isolates of bacterial species implicated in foodborne diseases were subjected to antimicrobial susceptibility testing (AST) using the VITEK® 2 COMPACT system (bioMérieux).

Ninety-five samples (44.19%) tested positive, of which 57 were fish (60%) and 38 were red meat (40%). A total of 103 bacterial isolates were obtained from these samples. The predominant species among those involved in foodborne diseases was *Listeria monocytogenes* (25 isolates), followed by *Escherichia coli* (17 isolates), *Pseudomonas aeruginosa* (8 isolates), *Staphylococcus aureus* (1 isolate), and *Clostridium perfringens* (1 isolate). All samples positive for *L. monocytogenes* were found to be non-compliant with the legal limits, which require its absence.

Antimicrobial susceptibility testing revealed widespread multidrug resistance: 32n% of *L. monocytogenes* isolates (8/25) and all *P. aeruginosa* isolates were found to be multidrug-resistant (MDR) (resistant or with reduced susceptibility to ≥ 3 classes of antibiotics). All *L. monocytogenes* isolates showed resistance to lincosamides, while *P. aeruginosa* showed reduced susceptibility to 5 classes of antibiotics (anti-pseudomonal penicillins with β -lactamase inhibitors, III-IV generation cephalosporins, monobactams, carbapenems, quinolones). Among the *E. coli* isolates, 1 (5.88%) showed resistance to ciprofloxacin and 1 showed reduced susceptibility to the same antibiotic. No samples tested positive for *Salmonella* spp.

The results were compared with the EFSA/ECDC 2023-2024 report and with recent studies on fish and red meat, suggesting good hygiene conditions in the fish supply chain, but possible critical points in red meat processing. The study highlights the importance of continuous monitoring of AMR in foods of animal origin to support One Health prevention strategies.

The research was conducted at the Hospital and Environmental Hygiene Laboratory (LIOA) of the Department of Health Sciences (DISSAL) of the University of Genoa, in collaboration with a food microbiology analysis laboratory in the city of Genoa.

INDICE

1. INTRODUZIONE

- 1.1 Sicurezza alimentare ed epidemiologia delle MTA
- 1.2 Resistenza agli antimicrobici (AMR)
- 1.3 Approccio “One Health”
- 1.4 Sorveglianza dell’AMR
- 1.5 Il piano nazionale italiano
- 1.6 Ruolo dell’EFSA
- 1.7 EUCAST
- 1.8 *Pseudomonas aeruginosa*
 - 1.8.1 Caratteristiche generali
 - 1.8.2 Cenni di epidemiologia e impatto nella filiera alimentare
 - 1.8.3 Resistenza agli antibiotici
- 1.9 *Escherichia coli*
 - 1.9.1 Caratteristiche generali
 - 1.9.2 Cenni di epidemiologia e impatto nella filiera alimentare
 - 1.9.3 Resistenza agli antibiotici
- 1.10 *Listeria monocytogenes*
 - 1.10.1 Caratteristiche generali
 - 1.10.2 Cenni di epidemiologia e impatto nella filiera alimentare
 - 1.10.3 Resistenza agli antibiotici
- 1.11 *Staphylococcus aureus*
 - 1.11.1 Caratteristiche generali
 - 1.11.2 MRSA

2. SCOPO DELLA TESI

3. MATERIALI E METODI

- 3.1 Raccolta dei campioni e isolamento dei microrganismi
- 3.2 Identificazione delle colonie batteriche e preparazione ai test di suscettibilità
- 3.3 Test di suscettibilità agli antimicrobici

4. RISULTATI E DISCUSSIONE

- 4.1 Risultati
- 4.2 Discussione

5. CONCLUSIONI

6. BIBLIOGRAFIA

INTRODUZIONE

1.1 Sicurezza alimentare ed epidemiologia delle MTA

La sicurezza alimentare è un fattore cruciale per la salute pubblica, in quanto permette di diminuire il rischio di consumare alimenti che potrebbero mettere a rischio la salute delle persone: la contaminazione del cibo può portare all'insorgenza delle cosiddette "malattie a trasmissione alimentare" (MTA), che possono essere causate da vari agenti eziologici, quali batteri, virus, parassiti e agenti chimici.

Il consumo di cibo contaminato può essere causa di oltre 200 MTA, le quali hanno un impatto enorme sulla salute pubblica: secondo l'Organizzazione Mondiale della Sanità circa 1 persona su 10 si ammala ogni anno a causa del consumo di alimenti contaminati, causando oltre 420.000 morti, di cui circa 125.000 sono bambini sotto i 5 anni di età; inoltre, queste malattie hanno un grave impatto economico, causando perdite di produttività e spese mediche per oltre 110 miliardi di dollari nei paesi a basso e medio reddito (WHO, 2015).

In Europa la situazione riflette le tendenze globali, ma con un focus sulle zoonosi alimentari: le cinque zoonosi più segnalate nel 2024 sono state le seguenti: campilobatteriosi (168 396 casi, 55,3 casi per 100 000 persone), salmonellosi (79 703 casi, 18,6 casi per 100 000 persone), infezioni da *Escherichia coli* produttore della tossina Shiga (STEC) (11.738 casi, 3,5 casi per 100.000 persone), listeriosi causata da *Listeria monocytogenes* (3041 casi umani invasivi confermati, 0,69 casi per 100.000 persone), echinococcosi (984 casi, 0,22 casi per 100.000 persone); il numero di focolai di origine alimentare segnalato nel 2024 (6558) è aumentato del 14,5% rispetto al 2023, così come il numero di casi umani correlati segnalati (62.481) e di ricoveri ospedalieri (3336, +15,2%), mentre è diminuito il numero di decessi (53, -18,5%).

In particolare, in Italia si sono verificati 200 focolai (di cui 40 con forte evidenza) e 2816 casi di malattia, con variazioni relative rispetto al 2023 rispettivamente del 17% e 121,6%.

Concentrandosi sugli alimenti veicolo di infezione, la categoria maggiormente implicata nei focolai è stata "alimenti composti, alimenti multi-ingrediente e altri alimenti", segnalata in 174 focolai (32,6 %) con forte evidenza, causando anche la maggior parte dei casi (n = 4446, 41,4%). Anche gli alimenti di origine animale hanno avuto un forte impatto: la categoria "Carne e prodotti a base di carne" è stato segnalato in 112 focolai con forte evidenza, causando il numero più alto (363) di ricoveri ospedalieri; all'interno di questo gruppo le categorie alimentari che hanno contribuito

maggiormente sono “Carne di pollo da carne (*Gallus gallus*) e prodotti derivati” e “carne di maiale e prodotti derivati”, le quali hanno causato rispettivamente 35 e 28 focolai (EFSA ECDC, 2025). Per quanto riguarda i luoghi di esposizione, la maggior parte dei focolai con forte evidenza (n = 170, 31,9 %) si è verificata in un “ristorante, bar, pub, hotel o servizio di catering”. Il 23,4 % dei casi e il 23,4 % delle ospedalizzazioni, collegati a focolai con forte evidenza, sono collegati a questi luoghi di esposizione

I fattori “addeito alla manipolazione di alimenti infetto” e “contaminazione incrociata” si sono classificati al primo posto tra quelli che contribuiscono alle epidemie che si verificano in un “ristorante, pub, venditore ambulante, cibo da asporto, ecc.” (n = 22, 31% dei focolai con forte evidenza per i quali sono disponibili i dati sui fattori di rischio), mentre il fattore che ha causato la maggior parte dei focolai con forte evidenza in “ambienti domestici” è stato “trattamento termico inadeguato” (14 focolai, 40% di quelli con forte evidenza per i quali sono disponibili i dati sui fattori di rischio) (EFSA, ECDC, 2025).

In relazione alle MTA, particolare attenzione meritano la carne rossa e il pesce, insieme ai loro prodotti derivati, che sono tra le fonti principali di contaminazione batterica nelle MTA, contribuendo ad un numero significativo di casi e focolai di origine alimentare in Europa e nel mondo.

Il consumo di pesce e prodotti derivati è stato responsabile, nel periodo 2001-2021 (Roy et al., 2024), di 19.554 focolai di origine alimentari, che hanno causato 371.962 casi di malattia, 18.723 ospedalizzazioni e 445 decessi. Vari microrganismi sono collegati a focolai di origine alimentare conseguenti al consumo di pesce, tra cui *Salmonella*, *Vibrio*, *Clostridium botulinum*, *Listeria monocytogenes*, NoV e HAV. Per quanto riguarda i batteri, i principali responsabili di focolai, nel periodo 2001-2021, sono stati:

- *Salmonella* spp. (2754 focolai, 75.845 casi, 10.420 ospedalizzazioni, 106 morti)
- *Clostridium* spp. (1072 focolai, 32.805 casi, 420 ospedalizzazioni, 34 morti)
- *Vibrio* spp. (218 focolai, 1699 casi, 101 ospedalizzazioni, 3 morti)
- *Listeria* spp. (114 focolai, 1272 casi, 986 ospedalizzazioni, 183 morti).

Per quanto riguarda il consumo di carne rossa (Warmate et al., 2023), questo presenta numeri inferiori di focolai e casi di malattia, ma i dati su ospedalizzazioni e decessi risultano critici: nel periodo 1991-2021 si sono registrati 1721 focolai, che hanno causato 41.438 casi di malattia, 10.691 ospedalizzazioni e 10.063 decessi; la maggior parte dei focolai è stato causato da:

- *Salmonella* spp. (469 focolai, 27,1%)
- *Escherichia coli* (414 focolai, 23,9%)
- *Clostridium* spp. (294 focolai, 17%).

Inoltre, *Salmonella* spp. è associato ad un maggior numero di casi collegati ai focolai (13.469, 32,5%), ospedalizzazioni (4349, 40,7%) e decessi (3826, 28%), seguito da *Clostridium* spp. (11.071 casi, 2762 ospedalizzazioni, 2843 decessi) ed *Escherichia coli* (4593 casi, 1092 ospedalizzazioni, 791 morti).

Concentrandosi sui vari tipi di carne rossa, i principali veicoli di infezione risultano essere:

- carne di manzo: 1077 focolai (62,35 %), 23.907 casi (57,7 %), 5324 ospedalizzazioni (49,8 %), 4792 decessi (47,6 %)
- carne di maiale: 555 focolai (32,1 %), 14.977 casi (36,1 %), 4886 ospedalizzazioni (47,7 %), 4727 (47,7 %)
- prodotti a base di carne mista: 33 focolai, 1620 casi, 197 ospedalizzazioni, 328 decessi.

Dato l'impatto che queste malattie hanno sulla salute umana, sono stati creati negli anni sistemi di sorveglianza, che in Europa si basano sull'approccio "Dal campo alla tavola" ("Farm to fork") ideato da EFSA. I principali sistemi del sistema europeo sono:

- RASFF: "Rapid Alert System for Food and Feed", è il sistema europeo di allerta rapida che consente agli Stati membri di scambiarsi informazioni in tempo reale su rischi per la sicurezza alimentare e dei mangimi, permettendo interventi tempestivi per tutelare la salute pubblica.
- HACCP: "Hazard Analysis and Critical Control Points" è il protocollo obbligatorio introdotto in Europa per prevenire i rischi alimentari.
- Regolamento UE 2017/625: disciplina le ispezioni ufficiali lungo l'intera filiera, compresi i controlli sugli alimenti importati
- TRACES: "Trade control and expert system" è un sistema digitale che traccia gli animali e i prodotti alimentari a livello transfrontaliero per prevenire la diffusione di malattie.

Un altro esempio è il "Sistema preventivo di emergenza contro le malattie transfrontaliere degli animali e delle piante" (EMPRES) creato dalla FAO nel 1994, il quale copre:

- Sanità animale
- Sicurezza alimentare
- Malattie degli animali acquatici
- [...]

e che espleta le seguenti funzioni:

- Allerta rapida e scoperta
- Risposta rapida
- Monitoraggio e comunicazione
- [...]

Il commercio globale aumenta il rischio di contatto con alimenti poco sicuri per i consumatori di mercati lontani dal produttore, per questo EMPRES è in prima linea nella lotta globale per prevenire, contenere, controllare ed eliminare le più gravi malattie del bestiame, alcune delle quali colpiscono anche l'uomo. La strategia consiste nel controllo delle malattie al loro insorgere e la prevenzione della diffusione.

1.2 Resistenza agli antimicrobici (AMR)

La resistenza agli antimicrobici, i quali comprendono gli antibiotici, è la capacità dei microrganismi di resistere ai trattamenti antimicrobici. L'uso scorretto o l'abuso di antibiotici sono considerati le cause della crescita e della diffusione di microrganismi resistenti alla loro azione, con conseguente perdita di efficacia delle terapie e gravi rischi per la salute pubblica. I batteri resistenti possono diffondersi attraverso varie vie, una delle quali è quella della filiera alimentare: l'insorgenza dell'AMR in batteri zoonotici presenti negli animali e nel cibo può compromettere l'efficacia delle terapie delle malattie infettive nell'uomo (WHO, 2025).

È di cruciale importanza, sia per la sicurezza alimentare sia per l'impatto economico, il problema della diffusione di specie batteriche antibiotico-multiresistenti (MDR). Nel 2019 si stima che, a livello mondiale, 4,95 milioni di decessi siano associati ad infezioni provocate da batteri multiresistenti, di cui 1,27 milioni di decessi direttamente collegati a queste infezioni. I 6 patogeni multiresistenti più mortali (*E. coli*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Streptococcus pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* e *P. aeruginosa*) sono stati responsabili di 929.000 decessi direttamente collegati ad infezioni MDR, mentre sono associati a 3,57 milioni di morti da infezioni MDR (Lancet, 2022).

Dal punto di vista economico, le infezioni multiresistenti rappresentano un problema importante, causando un significativo aumento dei costi: una meta-analisi condotta su studi pubblicati tra il 2016 e il 2020, e pubblicata nel 2023, ha stimato una variazione dei costi da -2361,4 \$ a +29.289,1 \$ per paziente; inoltre, l'aumento medio della degenza è stato di 7,4 giorni e gli odds ratio (OR) per la mortalità e il ricovero ospedaliero sono stati rispettivamente di 1,844 (95% IC: 1,187-2,865) e di 1,492 (95% IC: 1,231-1,807) (Poudel et al., 2023).

In Europa i dati più recenti di resistenza antimicrobica, relativamente agli isolati invasivi, vengono raccolti dai network CAESAR (14 Paesi) e EARS-Net (30 Paesi UE/EEA). La maggior parte degli isolati (74 %) è rappresentata da *E. coli* (41 %), *S. aureus* (18 %) e *K. pneumoniae* (15 %). È presente un marcato gradiente geografico nord-sud/ovest-est, con percentuali di resistenza nettamente più elevate nei Paesi del Sud e dell'Est Europa, soprattutto per i batteri Gram-negativi. I trend più preoccupanti riguardano:

- la resistenza ai carbapenemi di *K. pneumoniae*: superiore al 50% in quasi metà dei Paesi
- la resistenza alle cefalosporine di terza generazione in *E. coli*: ≥ 50 % in 5 Paesi
- la resistenza multipla di *P. aeruginosa* e *Acinetobacter* spp., nonché il raddoppio dell'incidenza di *S. pneumoniae* con resistenza combinata penicillina-macrolidi tra il 2020 e il 2024 (EFSA, WHO, 2024).

Secondo l'ultimo rapporto del "Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System" (GLASS, 2025) l'AMR è aumentata nel 40% delle combinazioni patogeno-antibiotico monitorate per trend temporali globali tra il 2018 e il 2023, con incrementi relativi annuali che vanno dal 5% al 15%, a seconda della combinazione. La resistenza agli antibiotici categorizzati come "Watch" nel sistema AWaRe ("Access, Watch, Reserve antibiotics"), in particolare carbapenemi e fluorochinoloni, è in aumento tra i principali patogeni Gram-negativi, tra cui *Acinetobacter* spp., *E. coli*, *K. pneumoniae* e *Salmonella* spp. Questo dato è preoccupante, in quanto questi antibiotici sono essenziali per il trattamento delle infezioni gravi. L'aumento dell'AMR sta limitando le scelte terapeutiche e determinando un passaggio dai trattamenti orali a quelli endovenosi, inclusa una maggiore dipendenza da antibiotici di seconda scelta e di ultima istanza.

Data l'importanza che gli animali da allevamento rappresentano in quanto serbatoi di batteri AMR, EFSA ed ECDC analizzano i dati sulla sorveglianza forniti dai Paesi europei e li riuniscono in un report che viene pubblicato annualmente. Nel 2026 è stato pubblicato il report relativo al periodo 2023-24 che raggruppa i dati relativi alle specie e ai ceppi batterici seguenti:

- *Salmonella* spp.
- *Campilobacter jejuni*
- *Campilobacter coli*

derivanti dall'uomo, dagli animali da allevamento e dai loro prodotti,

- *Escherichia coli* commensale
- presunta produzione di beta-lattamasi a spettro esteso (ESBL)- / AmpCbeta-lattamasi (AmpC)- /carbapenemasi (CP)- *E. coli*
- *Enterococcus faecalis* e *faecium*
- Presenza di *Staphylococcus aureus* meticillino-resistente (MRSA)

negli animali da allevamento e nei loro prodotti. (EFSA, ECDC, 2026)

In merito alla sorveglianza delle zoonosi, degli agenti zoonotici e della loro resistenza ai farmaci, si fa riferimento alla Direttiva 2003/99/CE del Parlamento Europeo e del Consiglio, la quale disciplina le seguenti procedure:

- a) la sorveglianza delle zoonosi e degli agenti zoonotici;
- b) la sorveglianza della resistenza agli antimicrobici ad essi correlata;

- c) *l'indagine epidemiologica dei focolai di tossinfezione alimentare;*
- d) *e lo scambio di informazioni relative alle zoonosi e agli agenti zoonotici.*

Stabilisce, inoltre, gli obblighi generali per gli Stati Membri secondo quanto segue:

1. *Gli Stati membri provvedono alla raccolta, all'analisi e alla tempestiva pubblicazione dei dati relativi all'incidenza di zoonosi, di agenti zoonotici e di resistenza agli antimicrobici ad essi correlata, conformemente ai requisiti della presente direttiva e alle disposizioni adottate in applicazione della stessa.*
2. *Gli Stati membri designano l'autorità competente o le autorità competenti ai fini della presente direttiva e ne danno notifica alla Commissione. [...]*
3. *Ogni Stato membro adotta le disposizioni necessarie a garantire l'effettiva e costante cooperazione, sulla base di uno scambio di informazioni generali e, ove necessario, di dati specifici, tra l'autorità competente o le autorità competenti designate ai fini della presente direttiva [...].*
4. *Ogni Stato membro provvede affinché il personale dell'autorità competente, o delle autorità competenti, di cui al paragrafo 2 riceva un'adeguata formazione iniziale e continua in materia di scienze veterinarie, microbiologia o epidemiologia, a seconda dei casi.*

In Italia, questa direttiva è stata recepita tramite il Decreto Legislativo 191/2006 “Attuazione della direttiva 2003/99/CE sulle misure di sorveglianza delle zoonosi e degli agenti zoonotici”.

1.3 Approccio One Health

L'Organizzazione Mondiale della Sanità definisce l'approccio “One Health” nel seguente modo (WHO, 2023):

- *One Health è un approccio integrato e unificante che mira a bilanciare e ottimizzare in modo sostenibile la salute di persone, animali ed ecosistemi.*
- *Riconosce che la salute degli esseri umani, degli animali domestici e selvatici, delle piante e dell'ambiente in generale (inclusi gli ecosistemi) sono strettamente collegati e interdipendenti.*
- *L'approccio mobilita molteplici settori, discipline e comunità a diversi livelli della società per lavorare insieme per promuovere il benessere e affrontare le minacce alla salute e agli ecosistemi, affrontando al contempo il bisogno collettivo di acqua, energia e aria pulite, cibo sicuro e nutriente, intervenendo sui cambiamenti climatici e contribuendo allo sviluppo sostenibile.*

I principi fondamentali di base includono:

1. *equità tra settori e discipline;*

2. *parità sociopolitica e multiculturale (la dottrina secondo cui tutte le persone sono uguali e meritano pari diritti e opportunità) e inclusione e coinvolgimento delle comunità e delle voci emarginate;*
3. *equilibrio socio ecologico che ricerca un equilibrio armonioso tra l'interazione uomo-animale-ambiente e il riconoscimento dell'importanza della biodiversità, dell'accesso a sufficienti spazi e risorse naturali e del valore intrinseco di tutti gli esseri viventi all'interno dell'ecosistema;*
4. *tutela e responsabilità degli esseri umani nel cambiare comportamento e adottare soluzioni sostenibili che riconoscano l'importanza del benessere animale e l'integrità dell'intero ecosistema, garantendo così il benessere delle generazioni attuali e future; e*
5. *collaborazione transdisciplinare e multisettoriale, che include tutte le discipline pertinenti, sia le forme di conoscenza moderne che quelle tradizionali e un'ampia gamma rappresentativa di prospettive.*

In tale contesto, un ruolo di primaria rilevanza nell'attuazione dell'approccio One Health è svolto dalla Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), agenzia specializzata delle Nazioni Unite competente per i settori dell'agricoltura, della sicurezza alimentare e della salute animale. La FAO contribuisce all'integrazione tra sanità pubblica, medicina veterinaria e gestione sostenibile dei sistemi agro-zootecnici, promuovendo un modello di prevenzione dei rischi biologici che considera l'intera filiera produttiva, dalla produzione primaria al consumo.

In collaborazione con la WHO, la World Organisation for Animal Health (WOAH) e il United Nations Environment Programme (UNEP), la FAO fa parte della cosiddetta "Quadripartite Collaboration", piattaforma internazionale volta a rafforzare il coordinamento globale nell'ambito One Health, con particolare riferimento al controllo delle zoonosi, dell'AMR e dei rischi sanitari emergenti all'interfaccia uomo-animale-ambiente.

Un ulteriore contributo rilevante della FAO alla sicurezza sanitaria globale si concretizza nella gestione congiunta, insieme all'OMS, della Commissione del Codex Alimentarius, istituita nel 1963, che rappresenta il principale riferimento internazionale per l'elaborazione di standard, linee guida e codici di pratica in materia di sicurezza alimentare. Attraverso tali strumenti normativi, la FAO contribuisce a tradurre i principi dell'approccio One Health in misure operative volte a garantire la tutela della salute dei consumatori e la sicurezza degli scambi commerciali internazionali.

Nell'ambito dell'approccio "One Health", la Commissione Europea ha modificato le norme riguardanti la sorveglianza e la segnalazione dell'AMR negli alimenti e negli animali destinati alla produzione alimentare, in modo da allinearsi al meglio con le esigenze attuali, in termini di raccolta

dati e sviluppi scientifici. Basandosi sulle evidenze scientifiche e sulle linee guida fornite dall'EFSA è stata adottata, per il periodo 2021-2027, la Decisione di Esecuzione 2020/1729 della Commissione Europea. Il documento stabilisce quanto segue:

1. *La presente decisione stabilisce norme armonizzate per il periodo 2021-2027 per il monitoraggio e la comunicazione della resistenza antimicrobica ("AMR") che gli Stati membri devono effettuare a norma dell'articolo 7, paragrafo 3, e dell'articolo 9, paragrafo 1, della direttiva 2003/99/CE e dell'allegato II, parte B, e dell'allegato IV della stessa.*
2. *Il monitoraggio e la comunicazione della resistenza antimicrobica riguardano i seguenti batteri:*
 - a) *Salmonella spp.;*
 - b) *Campylobacter coli (C. coli);*
 - c) *Campylobacter jejuni (C. jejuni);*
 - d) *Escherichia coli commensale indicatore (E. coli);*
 - e) *Salmonella spp. ed E. coli che producono i seguenti enzimi:*
 - i. *β -lattamasi a spettro esteso (ESBL);*
 - ii. *β -lattamasi AmpC (AmpC);*
 - iii. *Carbapenemasi (CP).*
3. *Il monitoraggio e la segnalazione dell'AMR possono riguardare i batteri commensali indicatori Enterococcus faecalis (E. faecalis) ed Enterococcus faecium (E. faecium).*
4. *Il monitoraggio e la segnalazione dell'AMR devono riguardare le seguenti popolazioni animali destinate alla produzione alimentare e i seguenti alimenti:*
 - a) *polli da carne;*
 - b) *galline ovaiole;*
 - c) *tacchini da ingrasso;*
 - d) *bovini di età inferiore a un anno;*
 - e) *suini da ingrasso;*
 - f) *carne fresca di polli da carne;*
 - g) *carne fresca di tacchini;*
 - h) *carne fresca di suini;*
 - i) *carne fresca di bovini.*
5. *Gli Stati membri monitorano e segnalano la resistenza antimicrobica in combinazioni specifiche di batteri/sostanze antimicrobiche/popolazioni di animali destinati alla produzione alimentare e carni fresche da essi derivate, conformemente agli articoli 3 e 4.*

Stabilisce inoltre:

- Frequenza del campionamento
- Piano di campionamento
- Dimensioni del campionamento

1.4 Sorveglianza dell'AMR

Data l'entità della minaccia che l'AMR costituisce per la medicina moderna, e il numero limitato di prodotti sostitutivi in fase di sviluppo, l'Assemblea Mondiale della Sanità (WHA) ha adottato, nel 2015, un piano d'azione globale sulla resistenza agli antibiotici ("Global Action Plan on Antimicrobial Resistance", GAP-AMR), il quale stabilisce 5 obiettivi (WHO, 2016):

1. migliorare la consapevolezza e la comprensione della resistenza antimicrobica attraverso una comunicazione, un'istruzione e una formazione efficaci;
2. rafforzare la base di conoscenze e prove attraverso la sorveglianza e la ricerca;
3. ridurre l'incidenza delle infezioni attraverso efficaci misure di sanificazione, igiene e prevenzione delle infezioni;
4. ottimizzare l'uso dei medicinali antimicrobici nella salute umana e animale; e
5. per sviluppare le argomentazioni economiche a favore di investimenti sostenibili che tengano conto delle esigenze di tutti i paesi e per aumentare gli investimenti in nuovi medicinali, strumenti diagnostici, vaccini e altri interventi

In generale, l'obiettivo del GAP-AMR è *“garantire, il più a lungo possibile, la continuità del trattamento e della prevenzione delle malattie infettive con farmaci efficaci e sicuri, di qualità garantita, utilizzati in modo responsabile e accessibili a tutti coloro che ne hanno bisogno”*.

A supporto del secondo obiettivo del GAP-AMR il 22 Ottobre 2015 è stato lanciato il “Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System” (GLASS): questo fornisce un approccio standardizzato alla raccolta, analisi, interpretazione e condivisione dei dati da parte dei Paesi, promuove il passaggio da approcci di sorveglianza basati esclusivamente su dati di laboratorio a un sistema che includa dati epidemiologici, clinici e a livello di popolazione ed è stato concepito per integrare progressivamente i dati derivanti dalla sorveglianza dell'AMR nell'uomo, come il monitoraggio della resistenza e dell'uso di farmaci antimicrobici, inclusa l'AMR nella catena alimentare e nell'ambiente (WHO, 2015).

Un altro sistema utile per la sorveglianza e il monitoraggio a livello nazionale, regionale e globale dell'AMR è InFARM, un sistema informativo globale sviluppato dalla FAO. Consiste in una piattaforma informatica e nelle relative attività di “capacity building” che aiutano i paesi a:

- Raccogliere, confrontare e analizzare i dati sull'AMR e sull'AMU

- Visualizzare e interpretare i dati per orientare le decisioni
- Condividere informazioni a livello nazionale e internazionale

Il sistema si concentra principalmente sui dati sull'AMR provenienti da allevamento, acquacoltura e prodotti alimentari correlati, e si sta attualmente espandendo per includere i dati sull'uso degli antimicrobici (AMU) nella produzione e protezione delle piante.

InFARM si pone, inoltre, come sistema ponte per la sorveglianza globale: faciliterà l'integrazione dei dati con il GLASS dell'OMS e con il “WOAH’s ANImal antiMicrobial USE Global Database” (ANIMUSE). Insieme, questi sistemi informativi globali contribuiscono al Sistema Integrato “Quadripartite Global Integrated System for Surveillance of Antimicrobial Resistance and Antimicrobial Usage” (GISSA) (FAO, 2022).

La sorveglianza dell'AMR è importante non solo riguardo alle infezioni umane, ma anche riguardo ai microrganismi presenti, e potenzialmente patogeni, negli animali da produzione alimentare: le specie batteriche presenti a questo livello della catena di produzione costituiscono un enorme reservoir di geni di resistenza, possono risalire la catena di produzione e potenzialmente infettare l'uomo o contribuire al deperimento alimentare, e minano l'efficacia della medicina veterinaria. I farmaci usati in medicina veterinaria e umana sono stati, quindi, classificati dall'OMS (WHO, 2024) seguendo due criteri:

1. La classe antimicrobica è l'unica o una delle limitate terapie disponibili per trattare gravi infezioni batteriche nell'uomo
2. La classe antimicrobica è utilizzata per trattare infezioni umane causate da batteri che possono essere trasmessi all'uomo da fonti non umane (animali, acqua, cibo, ambiente) o batteri che possono acquisire geni di resistenza da fonti non umane

in sei classi diverse che costituiscono la “WHO List of Medically Important Antimicrobials” (WHO MIA List), in ordine decrescente di rischio di AMR:

1. Antimicrobici utilizzati solo per uso umano: mancanza di dati sulla trasmissione della resistenza per la maggior parte degli agenti antimicrobici. Nonostante le classi di farmaci inserite in questa categoria a parte non vengano utilizzate negli animali non sono da sottovalutare nell'ambito dell'AMR, ma dovrebbero essere considerati i più critici dato che spesso rappresentano l'ultima o l'unica terapia per gravi infezioni umane multiresistenti
2. Antimicrobici di massima priorità e di importanza critica (HPCIA): soddisfano entrambi i criteri precedenti. Questa categoria include antimicrobici frequentemente utilizzati nella medicina umana, con una grande percentuale di utilizzo nel trattamento di gravi infezioni in contesti sanitari, per i quali esiste un'ampia evidenza di trasmissione di batteri resistenti o di geni di resistenza da fonti non umane

3. Antimicrobici di importanza critica (CIA): soddisfano entrambi i criteri di classificazione. Alcuni antimicrobici inseriti in questa classe sono aminoglicosidi, ansamicine, alcuni β -lattamici, glicopeptidi, macrolidi e chinoloni.
4. Antimicrobici ad alta importanza (HIA): soddisfano il primo o il secondo criterio
5. Antibiotici importanti (IA): non soddisfano nessuno dei due criteri
6. Antimicrobici ad uso esclusivamente veterinario

Dato che lo sviluppo dell'AMR è causato anche dall'uso eccessivo ed errato di questi farmaci, l'OMS ha redatto, e pubblicato nel 2022, il manuale "The WHO AWaRe Antibiotic Book", il quale fornisce indicazioni ai paesi per ottimizzare l'uso degli antimicrobici negli esseri umani, nonché raccomandazioni sulla scelta dell'antimicrobico, della dose, della via di somministrazione e della durata del trattamento per le sindromi infettive comuni (WHO, 2022). Il manuale, inoltre, classifica i farmaci in quattro categorie, in base alla loro importanza clinica nelle medicine umana e veterinaria e al rischio che il loro uso favorisca lo sviluppo di resistenze (WHO, 2022):

- Gruppo "Access": antibiotici con uno spettro d'azione ristretto, un costo inferiore, un buon profilo di sicurezza e un potenziale di resistenza generalmente basso. Sono spesso raccomandati come opzioni terapeutiche empiriche di prima o seconda scelta per le infezioni comuni.
- Gruppo "Watch": antibiotici ad ampio spettro, generalmente con costi più elevati e raccomandati solo come opzioni di prima scelta per i pazienti con manifestazioni cliniche più gravi o per infezioni in cui è più probabile che i patogeni siano resistenti agli antibiotici Access
- Gruppo "Reserve": antibiotici di ultima scelta utilizzati per trattare le infezioni multiresistenti ai farmaci
- Uso non raccomandato

Per quanto riguarda l'Europa, EFSA ed ECDC raccolgono e analizzano i dati di sorveglianza dell'AMR provenienti dagli Stati membri dell'UE, al fine di monitorare la diffusione dell'AMR nei batteri zoonotici e indicatori lungo la filiera alimentare e nell'uomo. Tali dati vengono riuniti nel "The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food", che viene pubblicato annualmente.

Nel 2026 è stato pubblicato il report relativo al biennio 2023-24 che raggruppa i dati, forniti da 27 Paesi UE, Irlanda del Nord e 5 Paesi non-UE, relativi alle specie e ai ceppi batterici seguenti:

- *Salmonella* spp.
- *Campilobacter jejuni*
- *Campilobacter coli*

derivanti dall'uomo, dagli animali da allevamento e dai loro prodotti,

- *Escherichia coli* commensale
- presunta produzione di beta-lattamasi a spettro esteso (ESBL)- / AmpC beta-lattamasi (AmpC)- / carbapenemasi (CP)- *E. coli*
- *Enterococcus faecalis* e *faecium*
- Presenza di *Staphylococcus aureus* meticillino-resistente (MRSA)

negli animali da allevamento e nei loro prodotti (EFSA, ECDC, 2026).

1.5 Il piano nazionale italiano

Con l'obiettivo di seguire un approccio multidisciplinare e l'approccio "One Health", in Italia viene seguito, dal 2017, il Piano Nazionale di Contrasto all'Antibiotico-Resistenza (PNCAR). Questo nasce con l'obiettivo di fornire al Paese le linee strategiche e le indicazioni operative per affrontare l'emergenza dell'antibiotico-resistenza nei prossimi anni.

La strategia nazionale si basa su una *governance* inclusiva e integrata e si articola in quattro aree orizzontali di supporto a tutte le tematiche:

1. Formazione
2. Informazione, comunicazione e trasparenza
3. Ricerca, innovazione e bioetica
4. Cooperazione nazionale e internazionale

e tre pilastri verticali dedicati ai principali interventi di prevenzione e controllo dell'antibiotico-resistenza nel settore umano, animale e ambientale:

1. Sorveglianza e monitoraggio integrato dell'antibiotico-resistenza (ABR), dell'utilizzo di antibiotici, delle infezioni correlate all'assistenza (ICA) e monitoraggio ambientale.
2. Prevenzione delle ICA in ambito ospedaliero e comunitario e delle malattie infettive e zoonosi.
3. Uso appropriato degli antibiotici sia in ambito umano che veterinario e corretta gestione e smaltimento degli antibiotici e dei materiali contaminati.

La Strategia nazionale di contrasto all'ABR definisce inoltre sei obiettivi generali per ridurre l'incidenza e l'impatto delle infezioni resistenti agli antibiotici:

1. Rafforzare la prevenzione e la sorveglianza delle ICA in ambito ospedaliero e comunitario.
2. Rafforzare l'approccio *One Health*, anche attraverso lo sviluppo di una sorveglianza nazionale coordinata dell'ABR e dell'uso di antibiotici, e prevenire la diffusione della ABR nell'ambiente.

3. Promuovere l'uso appropriato degli antibiotici e ridurre la frequenza delle infezioni causate da microrganismi resistenti in ambito umano e animale.
4. Promuovere innovazione e ricerca nell'ambito della prevenzione, diagnosi e terapia delle infezioni resistenti agli antibiotici.
5. Rafforzare la cooperazione nazionale e la partecipazione dell'Italia alle iniziative internazionali nel contrasto all'ABR.
6. Migliorare la consapevolezza della popolazione e promuovere la formazione degli operatori sanitari e ambientali sul contrasto all'ABR. (ISS, 2022)

Inoltre, sulle disposizioni della Decisione di Esecuzione (UE) 2020/1729, viene strutturato il “Piano di monitoraggio armonizzato sulla resistenza agli antimicrobici di batteri zoonotici e commensali” (piano AMR). Il piano AMR viene sviluppato annualmente dal Ministero della Salute, che si avvale della collaborazione del Centro di Referenza Nazionale per l'Antibiotico-Resistenza - Laboratorio Nazionale di Referenza per la resistenza antimicrobica (di seguito CNR-AR, LNR-AR), presso l'Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Lazio e della Toscana M. Aleandri (IZSLT), con queste finalità:

1. valutare e determinare le tendenze e le fonti dell'AMR nei batteri;
2. individuare l'emergenza di nuovi meccanismi dell'AMR;
3. fornire i dati necessari all'analisi dei rischi per la salute pubblica e animale;
4. creare una base per le raccomandazioni politiche in materia di sanità pubblica e animale;
5. fornire informazioni per valutare le pratiche di prescrizione degli antimicrobici e per le raccomandazioni di un utilizzo prudente;
6. valutare e determinare gli effetti delle azioni adottate volte a contrastare l'AMR. (IZSLT, 2025)

Il piano relativo all'anno 2025 ha previsto l'attuazione del monitoraggio su bovini di età < 1 anno e suini destinati alla produzione alimentare; inoltre, esclusivamente per quest'anno, è stato introdotto il monitoraggio di *Staphylococcus aureus* meticillino-resistente (MRSA), che è stato attuato seguendo un protocollo armonizzato indicato nel documento “Technical specifications for a baseline survey on the prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in pigs” (EFSA, 2022). Tale indagine è condotta nei lotti di suini da ingrasso al macello e mira a:

- stimare la prevalenza/presenza di MRSA a livello europeo;
- confrontare la prevalenza/presenza di resistenza antimicrobica di MRSA tra Stati membri;
- fornire informazioni sulla diversità genetica (ad es. linee/ceppi) e sui fattori di virulenza degli MRSA rilevati.

La categoria “suini da ingrasso” è stata indicata come quella più appropriata e sensibile per la rilevazione di MRSA nei suini, poiché:

- rappresenta una quota elevata dell’intera popolazione suina;
- i ceppi di MRSA riscontrati nei suini da riproduzione sono probabilmente trasmissibili ai suini da ingrasso (IZSLT 2025).

1.6 Ruolo dell’EFSA

L’autorità europea per la sicurezza alimentare (EFSA) svolge un ruolo fondamentale nella promozione dell’approccio One Health e nella sua attuazione, collaborando con altre agenzie ed istituzioni che operano nell’Unione Europea. Questo quadro è fondamentale per affrontare sfide sanitarie globali come le malattie zoonotiche, l’antibiotico-resistenza (AMR), le malattie di origine animale (MTA) e i cambiamenti climatici (EFSA, 2025).

Relativamente alle MTA, EFSA, in collaborazione con ECDC e con gli Stati membri dell’UE, fornisce consulenza scientifica indipendente in materia di malattie zoonotiche di origine alimentare a supporto dei decisori politici a livello nazionale ed europeo. In tale ambito, l’EFSA analizza i dati derivanti dai sistemi di sorveglianza relativi alle zoonosi, ai microrganismi zoonotici riscontrati nell’uomo, negli animali, negli alimenti e nei mangimi, nonché ai focolai di tossinfezione alimentare, operando in stretta sinergia con l’ECDC.

Sulla base delle informazioni trasmesse dagli Stati membri, l’EFSA pubblica annualmente, congiuntamente all’ECDC, la Relazione di sintesi dell’Unione europea sulle zoonosi e sui focolai di origine alimentare, documento di riferimento per la valutazione dell’andamento epidemiologico nell’UE. Parallelamente, l’Autorità elabora relazioni sulle indagini di riferimento relative alla prevalenza dei principali microrganismi zoonotici negli alimenti e in specifiche popolazioni animali.

Le evidenze prodotte costituiscono il fondamento scientifico per le attività di valutazione del rischio condotte dal gruppo di esperti sui pericoli biologici (BIOHAZ), che elabora stime del rischio associate a specifici patogeni e fornisce indicazioni sulle possibili misure di prevenzione e controllo. Tali valutazioni rappresentano un supporto essenziale per i gestori del rischio nella definizione di politiche, obiettivi di riduzione e interventi normativi volti a garantire un elevato livello di tutela della salute dei consumatori.

Per quanto riguarda l’AMR, l’EFSA fornisce consulenza e supporto scientifico indipendenti ai gestori del rischio in relazione ai rischi per la salute umana e animale derivanti dall’eventuale comparsa, diffusione e trasmissione di AMR nella filiera alimentare e negli animali, operando in

stretta collaborazione con altre agenzie dell'UE competenti in materia, come il Centro europeo per la prevenzione e il controllo delle malattie (ECDC) e l'Agenzia europea per i medicinali (EMA). L'EFSA controlla e analizza la situazione relativa all'AMR in alimenti e animali in tutta Europa e, alla luce dei dati raccolti dagli Stati membri dell'UE, l'EFSA pubblica, in collaborazione con l'ECDC, l'annuale relazione sintetica dell'Unione europea sulle infezioni zoonotiche, sui focolai di origine alimentare e sull'AMR, ove si illustra l'andamento della situazione in Europa. L'EFSA pubblica, inoltre, relazioni sulle indagini di riferimento circa la prevalenza di resistenza agli antimicrobici nell'UE in specifiche popolazioni di animali e fornisce orientamenti alle autorità nazionali per quanto concerne lo svolgimento di attività di controllo e segnalazione. I gruppi di esperti scientifici dell'EFSA analizzano le relazioni annuali e formulano raccomandazioni per misure di prevenzione e riduzione (EFSA, 2025).

1.7 EUCAST

Acronimo di “European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing”, è un comitato scientifico formato nel 1997, organizzato congiuntamente da ESCMID, ECDC e dai comitati nazionali sui breakpoint antimicrobici (NAC) attivi in Europa (Francia, Germania, Norvegia, Svezia e Regno Unito).

La “mission” di EUCAST può essere riassunta nei seguenti punti:

- Armonizzare i test di sensibilità antimicrobica (AST) in tutta Europa
- Standardizzare i metodi di test
- Definire e aggiornare i breakpoint clinici ed epidemiologici
- Sviluppare la metodologia AST e i criteri interpretativi
- Mantenere un database pubblico delle distribuzioni di MIC e diametro di zona
- Supportare la formazione in materia di AST
- Collaborare con le agenzie europee coinvolte nella resistenza antimicrobica e nella sorveglianza

La maggior parte del lavoro di EUCAST si concentra nel definire i breakpoint per i batteri che causano infezioni nell'uomo.

I test di sensibilità agli antimicrobici EUCAST vengono svolti *in vitro*, tramite metodi fenotipici, microdiluizione del brodo di riferimento o diffusione su disco standardizzata. L'unità di misura cui si fa riferimento nei breakpoint di questi test è la minima concentrazione inibente (MIC), che si misura in mg/L, ovvero la concentrazione minima di antibiotico che permette di bloccare la crescita di un batterio *in vitro*. La MIC di ogni antibiotico che viene testato su un isolato di una specie

batterica permette di classificarlo come suscettibile (S), suscettibile a maggior esposizione (I) oppure resistente (R).

1.8 *Pseudomonas aeruginosa*

1.8.1 Caratteristiche generali

Pseudomonas aeruginosa, appartenente alla famiglia Pseudomonadaceae, è un batterio ubiquitario con semplici richieste nutrizionali. Inizialmente era noto come *Bacillus pyocyaneus* per via del particolare colore blu del pus che si forma nelle ferite infettate, dovuto alla presenza del pigmento antibiotico piocianina.

A livello strutturale e metabolico presenta le seguenti caratteristiche:

- Gram-negativo
- aerobio/anaerobio facoltativo
- Piccolo bacillo di 0,5 – 1 µm per 1,5 – 5 µm
- mobile per la presenza di 1 – 3 flagelli unipolari
- possiede una capsula costituita da un polisaccaride mucoide rivestito di alginato
- capace di formare biofilm
- asporigeno
- ossidasi positivo
- catalasi positivo

È un patogeno opportunisto che può causare infezioni acute e croniche in soggetti immunocompromessi.

1.8.2 Cenni epidemiologici e impatto nella catena alimentare

Nonostante sia ampiamente noto, *P. aeruginosa* è uno dei principali patogeni opportunisti per l'uomo, ma in ambito di sicurezza alimentare è un microrganismo poco riconosciuto: infatti non viene riportato nei report di sorveglianza alimentare di maggiore importanza pubblicati dall'EFSA. Secondo i dati più recenti riguardanti *P. aeruginosa* (ECDC, 2025), 29 Paesi UE/EAA hanno segnalato un totale di 28.639 isolati invasivi (+37,8 % rispetto al 2020), equivalenti a 11,1 per 100.000 abitanti (+7,8 % rispetto al 2020).

Grazie alla sua elevata versatilità metabolica, alla rapida riproducibilità, all'elevata capacità di adattamento e alla capacità di crescita a basse temperature, *P. aeruginosa* è diffuso in tutto il mondo e, di conseguenza, è un agente causale prevalente di infezioni alimentari (Gao et al., 2023). Inoltre, data la sua produzione extracellulare di enzimi, è coinvolto anche nel deperimento di cibi ad alto

contenuto di acqua e ricchi di nutrienti. È un microrganismo ubiquitario e può essere ritrovato in varie categorie alimentari, tra le quali la carne rossa e il pesce (Li et al., 2023).

1.8.3 Resistenza agli antibiotici

Per quanto riguarda la resistenza agli antibiotici, *P. aeruginosa* resistente ai carbapenemi (CR-PA) viene indicato come “ad alta priorità” nel documento “WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024” (WHO, 2024). Secondo i dati raccolti dal programma di sorveglianza globale ATLAS, la percentuale di isolati CR-PA è rimasta invariata a livello globale, nel periodo 2018-2022, ad eccezione della zona africana centro-orientale (MEA) (Wise et al., 2024).

Nel 2024, l’incidenza stimata di infezioni ematiche da CR-PA è stata di 1,74 per 100.000 abitanti, seconda all’incidenza di infezioni da *P. aeruginosa* resistente a piperacillina-tazobactam (1,74 ogni 100.000 abitanti); tuttavia, le infezioni da CR-PA non hanno mostrato trend di crescita nel periodo 2020-2024 (ECDC, 2025). Nello stesso anno, il 29,4% degli isolati invasivi segnalati a EARS-Net era resistente ad almeno uno dei gruppi antimicrobici sottoposti a sorveglianza (piperacillina-tazobactam, fluorochinoloni, ceftazidime, aminoglicosidi e carbapenemi) ed il 16,9 % è risultato resistente a due o più antibiotici; tuttavia, le percentuali di isolati resistenti sono diminuite significativamente, nel periodo 2020-2024, per tutti gli antibiotici sorvegliati.

In altre indagini presenti in letteratura, *P. aeruginosa* mostra resistenze anche per altre classi di antibiotici (Li et al.):

- L’uso di fluorochinoloni negli allevamenti di animali da reddito è la principale causa di resistenza a questa classe di antibiotici
- Nella carne bovina, nel pesce fresco e nel pesce affumicato l’incidenza di isolati multiresistenti è stata rispettivamente del 47.8%, 33.1%, e 20%
- Ha mostrato alti livelli di resistenza per l’aztreonam (36,4%), seguito da ceftazidime, cefepime e tobramicina

Secondo un’indagine svolta nell’Iran settentrionale, condotta su carne cruda di bovini e ovini e su tamponi superficiali, dei 550 campioni prelevati 47 si sono rivelati contaminati da *P. aeruginosa*; gli isolati hanno mostrato le seguenti resistenze: penicillina (87,23%), ampicillina (85,10%), tetraciclina (85,10%), gentamicina (65,95%) e trimetoprim (57,44%) (Poursina et al., 2022).

Un’altra indagine, svolta nella regione di Alborz in Iran, ha mostrato dati simili: 29 campioni su 370, tutti di carne bovina, si sono rivelati contaminati e gli isolati hanno mostrato elevata resistenza verso i seguenti antibiotici: ampicillina (89,65%), penicillina (86,20%), tetraciclina (82,75%), cefoxitina (37,93%), gentamicina (34,48%), and clindamicina (31,03%) (Rezaloo et al., 2022).

Per quanto riguarda la filiera del pesce, risultano importanti i dati ottenuti da uno studio condotto in cinque diversi mercati ittici al dettaglio nel governatorato di Damietta, Egitto: dei 257 campioni raccolti, di cui 50 raccolti tramite tampone effettuato sugli addetti alla manipolazione dei pesci, il 57,9% è risultato essere contaminato da *P. aeruginosa*, che si è confermata come specie prevalente; gli isolati di *P. aeruginosa* sono risultati tutti (100%) resistenti a tobramicina, gentamicina e colistina ed hanno mostrato un'elevata resistenza ad amikacina (84,6%) e alla ceftazidima (73,1%), mentre hanno mostrato elevata suscettibilità ad imipenem (88,5%) e ad aztreonam (80,8%); inoltre, il 61,5% degli isolati si è rivelato multiresistente ai farmaci e il 23,1% ha mostrato farmacoresistenza estesa (Abou et al., 2024).

È una delle specie incluse nella lista ESKAPE, che comprende varie specie batteriche antibiotico-multiresistenti le quali sono la principale causa di infezioni nosocomiali.

1.9 *Escherichia coli*

1.9.1 Caratteristiche generali

Escherichia coli è un batterio appartenente alla famiglia Enterobacteriaceae ed è il batterio tipo della sua famiglia; inoltre, viene utilizzato come organismo modello per i batteri. Presenta le seguenti caratteristiche microbiologiche:

- Gram-negativo
- Aerobio/anaerobio facoltativo
- Asporigeno
- Lattosio e glucosio fermentante
- Catalasi positivo
- Ossidasi negativo
- Forma bastoncellare

Costituisce una componente normale del microbiota intestinale di uomo e animali a sangue caldo, motivo per il quale viene utilizzato come indicatore della contaminazione fecale degli impianti idrici. Sebbene la maggior parte dei ceppi sia innocua, alcuni sono patogeni e responsabili di infezioni intestinali ed extraintestinali.

1.9.2 Cenni di epidemiologia e impatto nella filiera alimentare

Nel 2024 le infezioni da *E. coli* produttore di tossina Shiga (STEC), patotipo di maggior interesse in ambito MTA, hanno rappresentato un'importante quota delle zoonosi alimentari, con 11.738 casi confermati, 1.411 ospedalizzazioni (35,7 %*) e 25 decessi (0,31 %*). Il tasso di notifica è stato di

3,5 casi per 100.000 abitanti, con un trend in aumento nel periodo 2020-2024. Sono stati segnalati 31 focolai (di cui 1 in Italia), responsabili di 158 casi e 19 ospedalizzazioni (12,2 %*). I principali veicoli alimentari identificati sono stati acqua, carne bovina e prodotti derivati, e latte (EFSA, 2024).

La presenza di ceppi di *E. coli* nella carne è ampiamente documentata. Una revisione sistematica del 2025, che ha analizzato 16 studi pubblicati tra il 2021 e il 2024, ha evidenziato una prevalenza significativa di *E. coli* nei prodotti carnei, con una maggiore incidenza nella carne di pollo e di manzo rispetto a quella di maiale e pesce. Gli autori sottolineano che la contaminazione può avvenire in qualsiasi fase della filiera produttiva, dalla macellazione al processamento finale, e mettono in evidenza l'elevata frequenza di ceppi multiresistenti (Brito-Junior et al., 2025).

I bovini, e i ruminanti in generale, rappresentano il serbatoio principale di *E. coli* O157:H7, uno dei sierotipi produttore di tossina Shiga: circa il 75 % delle infezioni umane causate da questo ceppo deriva da bovini destinati alla produzione alimentare (Arbab et al., 2022).

*Le percentuali sono calcolate sulla base dei casi di cui sono reperibili le informazioni.

1.9.3 Resistenza agli antibiotici

A livello globale, *E. coli* è uno dei patogeni alimentari più rilevanti e rientra nel gruppo di priorità critica nella “WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024” (WHO, 2024), in particolare per la resistenza alle cefalosporine di terza generazione (secondo posto) e ai carbapenemi (quinto posto). Nel contesto europeo (EFSA, 2025) nel 2024 il 55% degli isolati invasivi, segnalati ad EARS-Net, è risultato resistente ad almeno uno dei gruppi antimicrobici sottoposti a sorveglianza (aminopenicilline, fluorochinoloni, cefalosporine di terza generazione, aminoglicosidi e carbapenemi).

In UE, nel periodo 2020-2024 l'incidenza delle infezioni ematiche da *E. coli* AMR è aumentata, con un trend di crescita significativo per la resistenza ad aminopenicillina, fluorochinoloni, cefalosporine di terza generazione e carbapenemi. In particolare, gli isolati invasivi resistenti alle cefalosporine di terza generazione, antibiotico target per la sorveglianza dell'AMR in UE, hanno avuto un aumento dell'incidenza del 5,9 % dal 2019 (11,03 ogni 100.000 abitanti).

Sebbene la carne rossa rappresenti uno dei principali veicoli di contaminazione da *Escherichia coli* nella filiera alimentare terrestre, un rischio analogo, emerge nel comparto ittico. Il rapido sviluppo dell'acquacoltura e il consumo crescente di pesce e prodotti derivati espongono infatti i consumatori a ceppi di *E. coli* frequentemente multiresistenti, selezionati dall'uso intensivo di antimicrobici e dalla contaminazione ambientale delle acque di allevamento.

Una recente review ha messo in luce proprio questa emergenza, evidenziando come *E. coli* isolato da pesce e acque di acquacoltura rappresenti un importante serbatoio di ceppi multiresistenti a β -lattamici, tetracicline, fluorochinoloni e sulfamidici, costituendo un vettore di trasmissione attraverso la catena alimentare con implicazioni dirette per la salute pubblica nell'ottica One Health (Alexandre et al., 2025).

Le infezioni da *E. coli* antibiotico-resistente impattano negativamente anche in ambito ospedaliero: questi ceppi comportano un rischio di mortalità significativamente maggiore rispetto a quelle da ceppi sensibili, mentre le infezioni resistenti alle cefalosporine di terza generazione determinano anche un prolungamento della degenza ospedaliera (MacKinnon et al., 2020).

1.10 *Listeria monocytogenes*

1.10.1 Caratteristiche generali

Listeria monocytogenes è un batterio appartenente alla famiglia Listeriaceae che presenta alcune caratteristiche che lo rendono resistente a varie condizioni ambientali:

- Gram-positivo
- Asporigeno
- Aerobio-anaerobio facoltativo
- Catalasi positivo
- Ossidasi negativo
- Mobile grazie alla presenza di 1 – 5 flagelli peritrichi
- Alofilo
- In grado di riprodursi in un range di temperatura molto ampio (1 - 50°C) (Lambrechts et al., 2024)
- Resistente a varie condizioni di pH (4 - 9,5) (Lambrechts et al., 2024)

La resistenza che queste caratteristiche forniscono a *L. monocytogenes* gli permettono di crescere in un'ampia gamma di ambienti, compresi quelli di lavorazione degli alimenti e della loro conservazione.

È un patogeno intracellulare, che riesce ad evadere efficientemente dal fagosoma, e causa della "listeriosi": questa patologia può assumere diverse forme cliniche, dalla gastroenterite acuta febbrile più tipica delle tossinfezioni alimentari, che si manifesta nel giro di poche ore dall'ingestione (autolimitante nei soggetti sani), a quella invasiva o sistemica, che nei casi più gravi può portare all'insorgenza di meningiti, encefaliti e gravi setticemie. Nelle forme sistemiche l'incubazione può protrarsi anche fino a 70 giorni; inoltre, nelle donne in gravidanza la listeriosi può provocare aborto,

morte in utero del feto, parto prematuro e infezioni neonatali. La listeriosi può verificarsi in ogni momento della gravidanza ma è stata più frequentemente documentata durante il terzo trimestre. La listeriosi è causa di malattia grave, associata a un elevato tasso di ospedalizzazione e decessi.

1.10.2 Cenni di epidemiologia e impatto nella filiera alimentare

L. monocytogenes è l'unica specie del suo genere riconosciuta come patogena per l'uomo e si stima che causi tra 0,1 e 11,3 casi per milioni di abitanti ogni anno (Koopmans et al., 2022). In Europa, nel 2024, ha causato 3041 casi, 1715 ospedalizzazioni (97,3 %*) e 301 decessi (15,6 %*); inoltre, ha causato 38 focolai (dei quali 8 in Italia) collegati a 210 casi, 149 ospedalizzazioni (72,3 %*) e 17 decessi (8,1 %*). Questi dati rendono *L. monocytogenes* il patogeno zoonotico con la percentuale più elevata di ricoveri ospedalieri e decessi tra i casi di focolai e le infezioni non correlate ad essi. Nei focolai a forte evidenza, gli alimenti correlati sono stati verdura e succhi e loro derivati, prodotti misti pronti al consumo, pesce e derivati, carne suina e derivati (EFSA, 2024).

Nel suolo delle fattorie ha spesso una bassa incidenza, mentre nei terreni agricoli la sua prevalenza varia dall'8,7 % al 51,4 % e nei terreni non agricoli varia dal 15,2 % al 43,2 %. Ciò suggerisce che il suolo sia il principale serbatoio di *L. monocytogenes* e che gli animali si contaminino tramite l'interazione con il suolo; inoltre, gli animali potrebbero venire a contatto con questo batterio anche tramite la polvere proveniente da terreni contaminati (Matle et al., 2020).

Un'altra importante via di contaminazione risulta essere la contaminazione crociata nei punti di vendita al dettaglio, che può essere mitigata tramite l'osservanza delle norme igieniche da parte degli operatori (Matle et al., 2020).

Questo patogeno mostra un'elevata diffusione anche nella filiera del pesce. In Germania, a causa di 22 focolai associati al consumo di salmone affumicato, verificatisi tra il 2010 e il 2021, sono stati identificati 228 casi di listeriosi e 50 decessi, di cui 17 sono stati confermati come causati da listeriosi; molti di questi focolai erano transfrontalieri con ulteriori casi in altri paesi (Lachmann et al., 2022). Un altro esempio è rappresentato dal focolaio prolungato, associato al consumo di pesce, di *Listeria monocytogenes* ST173 verificatosi tra il 2010 e il 2024: questo focolaio ha interessato diversi Paesi europei, quali Belgio (5 casi), Repubblica Ceca (1 caso), Germania (39 casi), Finlandia (2 casi), Italia (1 caso), Olanda (20 casi), Regno Unito (5 casi), provocando un totale di 14 decessi (EFSA, 2024). Infine, i dati di una recente metanalisi (Zakrzewski et al., 2024) mostrano una maggior prevalenza aggregata di *L. monocytogenes* nei prodotti pronti al consumo (14,5 %) e nei campioni di produzione (21,7 %) rispetto al pesce fresco (5,8 %) ed agli ambienti di lavorazione (10 %).

1.10.3 Resistenza agli antibiotici

L'uso eccessivo di antibiotici negli allevamenti sta provocando un aumento della resistenza di *L. monocytogenes*, che sta acquisendo resistenza ad antibiotici di prima linea, come gentamicina e ampicillina, e ad altri antibiotici, come streptomina, eritromicina, kanamicina, sulfamidici e rifampicina; inoltre, sono stati osservati anche isolati multiresistenti in varie parti del mondo (Matle et al., 2020).

I dati raccolti da una recente metanalisi (Tayeb et al., 2023) riguardo alle resistenze di *L. monocytogenes* presente in campioni di carne mostrano una prevalenza aggregata della multiresistenza, considerata come resistenza ad almeno 3 classi di antibiotici, pari a 22,97 % (IC 95 %: 14,95 - 32,13 %); inoltre, la resistenza agli antibiotici più diffusa riscontrata nella maggior parte degli studi inclusi è stata quella alla tetraciclina, alla clindamicina, alla penicillina, all'ampicillina e all'oxacillina. In particolare, gli studi condotti in Europa hanno mostrato una prevalenza aggregata del 13,46 % (IC 95 %: 10,74 - 16,58 %) di isolati MDR. Infine, i risultati di questa metanalisi suggeriscono che nessuno dei fattori variabili, tra cui il luogo del campionamento, la dimensione del campionamento o la metodologia, ha influenzato in modo significativo l'esito degli isolati resistenti a più farmaci.

In ultima, risultano importanti anche i dati sull'antibiotico-resistenza nella filiera del pesce: in un'indagine svolta in Polonia settentrionale, su 750 campioni di pesce crudo 24 sono risultati positivi a *L. monocytogenes*; tutte le colonie provenienti da questi campioni hanno mostrato multiresistenza agli antibiotici, insieme ad una completa resistenza completa a meropenem, cefoxitina, cefotaxime, rifampicina e trimetoprim-sulfametossazolo, e resistenza significativa a ciprofloxacina (91,7%), clindamicina (83,3%), tetraciclina (75,0%), eritromicina (75,0%), benzilpenicillina (70,8%) e nitrofurantoina (70,8%) (Sołtysiuke et al., 2025).

1.11 *Staphylococcus aureus*

1.11.1 Caratteristiche generali

Staphylococcus aureus è un batterio appartenente alla famiglia Staphylococcaceae, dalla tipica forma sferica, che fa normalmente parte del microbiota presente sulla cute e nelle cavità nasali, raramente causando infezioni. Presenta le seguenti caratteristiche microbiologiche:

- Gram-positivo
- Asporigeno
- Aerobio-anaerobio facoltativo
- Alofilo

- Mesofilo, crescendo in un ampio range di temperatura di 7 – 48°C
- Tollera un ampio range di pH: 4 - 10

Nonostante la sua presenza come organismo commensale, viene considerato come il più pericoloso del genere *Staphylococcus*, potendo causare sia infezioni cutanee, nella maggior parte dei casi, sia infezioni più gravi a livello di cuore, sangue, articolazioni, ossa e polmoni. Inoltre, il consumo di alimenti contaminati è soprattutto causa di sindromi enteriche con sintomi tipici, quali dolore addominale, vomito, diarrea e febbre; nei casi più gravi, *S. aureus* può anche causare la “sindrome da shock tossico”, che può risultare fatale se non trattata tempestivamente.

Dal punto di vista dell’antibiotico-resistenza, anche *S. aureus* è stato inserito nella lista ESKAPE, ponendo particolare attenzione ai ceppi meticillino-resistente (MRSA) e vancomicina-resistente (VRSA).

1.11.2 MRSA

In virtù della minaccia che costituisce a livello globale, lo *S. aureus* meticillino-resistente è stato inserito nel gruppo ad alta priorità nella “WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024”.

In Europa, l’MRSA costituisce una minaccia alla salute pubblica, pertanto il suo monitoraggio è costante e viene effettuato dall’EFSA, per quanto riguarda la presenza in campo alimentare, soprattutto a livello degli allevamenti, e dall’ECDC, il quale si occupa sia del monitoraggio delle infezioni a livello sanitario sia del monitoraggio dell’AMR. Nell’ambito del monitoraggio, vengono individuate tre categorie di MRSA:

- “Community-associated” (CA) MRSA: infezioni causate in individui sani al di fuori delle strutture ospedaliere
- “Healthcare-associated” (HA) MRSA: infezioni contratte in ambienti sanitari
- “Livestock-associated” (LA) MRSA: varianti adattate agli animali, ma con potenziale zoonotico, che potrebbero essere trasferite agli umani

I dati di monitoraggio europeo più recenti (EFSA, 2026) mostrano una prevalenza diversa, a seconda che si guardi alla carne oppure agli animali da allevamento: guardando alla carne i livelli maggiori di contaminazione sono stati registrati nella carne di tacchino dalla Turchia (46,9 %), nei crostacei dalla Germania (17,7 %) e nella carne suina dall’Austria (14,4 %), mentre negli animali da allevamento sani i livelli maggiori sono stati registrati nei maiali da ingrasso in Olanda (71,1 %) e in Svizzera (53,5 %) e nelle mandrie di vitelli da carne (44,1 %).

Una recente metanalisi (Xing et al. 2025) ha indagato la presenza di MRSA nella filiera della carne, constatando una prevalenza aggregata del 3,72 %; inoltre, i dati raccolti mostrano come i livelli maggiori di contaminazione si abbiano in Est-Europa (9,13 %), mentre i livelli minori si abbiano in

America del Nord (1,89 %). Tuttavia, dopo l'applicazione del metodo "trim-and-fill" la prevalenza aggregata è aumentata al 14,04 %.

Questo ceppo rappresenta un rischio anche per quanto riguarda la filiera del pesce: uno studio condotto su 460 campioni ittici prelevati da diversi rivenditori e mercati locali di Shahrekord, Iran, ha riscontrato una positività del 27,83 % alla contaminazione da MRSA, ad eccezione dei campioni di ostriche e granchi; inoltre, i campioni hanno mostrato elevata resistenza nei confronti di penicillina G (89,74 – 100 %) e ampicillina (62.5 – 100 %) (Derke et al., 2025).

Nel 2024 sono stati segnalati ad EARS-Net 98.335 isolati invasivi, dei quali il 16,9 % è risultato resistente ad almeno uno degli antibiotici sorvegliati (meticcillina, fluorochinoloni e rifampicina); inoltre, la resistenza ad un altro gruppo di antibiotici è risultata comune, in particolare la resistenza ai fluorochinoloni (ECDC, 2025).

SCOPO DELLA TESI

La ricerca svolta nella presente tesi è stata sviluppata seguendo l'approccio "One Health" descritto nell'introduzione, con particolare attenzione alle specie batteriche potenzialmente responsabili di malattie a trasmissione alimentare (MTA).

Lo scopo principale dello studio è stato quello di valutare la presenza di specie batteriche contaminanti in campioni di carne rossa e di pesce, al fine di stimarne la prevalenza nelle rispettive filiere alimentari.

Successivamente, l'attenzione è stata rivolta alle specie batteriche isolate potenzialmente coinvolte nelle MTA, con l'obiettivo di analizzarne il profilo di resistenza agli antimicrobici (AMR).

I campioni analizzati sono stati prelevati in maniera randomizzata da un'azienda della grande distribuzione organizzata (GDO) situata nel territorio ligure. Gli isolati ottenuti sono stati sottoposti a test di suscettibilità agli antibiotici secondo i breakpoint definiti da EUCAST.

La presente ricerca vorrebbe, inoltre, ampliare le conoscenze disponibili riguardo alla presenza di batteri associati alle MTA negli alimenti di origine animale e alla diffusione dell'antibiotico-resistenza nella filiera alimentare, fornendo dati relativi al contesto ligure e del Nord Italia e permettendo un confronto con le evidenze disponibili a livello europeo.

MATERIALI E METODI

3.1 Raccolta dei campioni e isolamento dei microrganismi

I campioni oggetto di tale studio sottoposti successivamente alle analisi sono stati raccolti in modo casuale presso differenti punti di distribuzione appartenenti ad una catena della Grande Distribuzione Organizzata (GDO) attiva nel territorio ligure. I campioni raccolti sono stati ottenuti da alimenti già confezionati in atmosfera protettiva e pronti alla vendita. Le procedure di campionamento sono state eseguite dal personale della suddetta catena della GDO, secondo i protocolli standard previsti. Le analisi di coltura batterica, fino alla consegna delle piastre all'autore della presente tesi, sono state effettuate dal personale di un laboratorio esterno specializzato in analisi nel settore alimentare, al quale si appoggia la catena della GDO, laboratorio accreditato e iscritto alle liste regionali per l'effettuazione di analisi in autocontrollo per gli Operatori del Settore Alimentare.

Sono stati prelevati campioni da prodotti derivati dalla lavorazione della carne rossa di bovini e suini, inclusi prodotti contenenti entrambe le tipologie di carne, da pesce fresco da banco e dai relativi sottoprodotti; il campionamento è avvenuto in tre diversi punti di distribuzione degli alimenti che fanno capo alla sopra menzionata catena della GDO.

La procedura di analisi è stata differenziata in base alla tipologia di prodotto alimentare. Per i prodotti a base di carne, da ogni lotto sono stati ricavati cinque sottocampioni, successivamente destinati alle analisi microbiologiche. Per quanto riguarda il pesce, da ogni lotto sono stati prelevati 500g di matrice, nel caso di esemplari di piccole dimensioni, il prelievo è stato effettuato in modo da ottenere una matrice il più omogenea possibile. Anche in tal caso, il materiale ottenuto è stato sottoposto ad analisi microbiologiche.

Le analisi richieste, a prescindere dalla matrice alimentare, sono state le seguenti: batteri anaerobi solfito riduttori, *Escherichia coli*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp., stafilococchi coagulasi positivi, *Pseudomonas* spp. Per le analisi sono state seguite norme specifiche per ogni microrganismo:

- Batteri anaerobi solfito riduttori: NF V 08-061:2009, analisi eseguita in singolo tubo
- *E. coli*: ISO 16649-2:2001
- *L. monocytogenes*: AFNOR UNI 03/08 - 11/13
- *Salmonella* spp.: AFNOR UNI 03/07 - 11/13

- Stafilococchi coagulasi positivi: ISO 6888-1:2021/Amd. 1:2023, analisi eseguita in singola piastra
- *P. aeruginosa*: ISO 13720:2010, analisi eseguita in singola piastra

Al termine delle analisi microbiologiche, sulle piastre risultate positive, contenenti gli isolati batterici ottenuti dai campioni analizzati, sono state riportate le seguenti informazioni: identificativo del campione, matrice alimentare e specie batterica o tipologia di batterio identificata.

Una volta ritirate, le piastre sono state trasferite presso il Laboratorio di Igiene Ospedaliera e Ambientale (LIOA) del Dipartimento di Scienze della Salute (DISSAL), facente parte dell'Università degli Studi di Genova, per le successive analisi.

3.2 Identificazione delle colonie batteriche e preparazione per i test di suscettibilità

Una volta trasferite le piastre presso il LIOA, si è proceduto alla conferma dell'identificazione delle colonie batteriche. Tale conferma è stata effettuata utilizzando la tecnologia MALDI-TOF (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight) (bioMérieux, Francia) seguendo il procedimento qui illustrato:

- Viene posto, nell'apposito slot presente sulla slide, 1 µL di brodo di *E. coli* che costituisce il campione di controllo ed immediatamente 1 µL di matrice
- Per gli slot destinati ai campioni, da ciascuna piastra è stata prelevata un'aliquota della colonia batterica, mediante un'apposita ansa, e collocata in uno degli spot presenti sulla slide
- Dopo il deposito della matrice batterica nei singoli spot, su ciascuno di essi è stato applicato 1 µL di soluzione di matrice, lasciata successivamente essiccare a temperatura ambiente
- Dopo l'evaporazione della componente alcolica della matrice, la slide è stata collocata nello strumento, dando avvio all'analisi

Durante l'analisi, il campione è stato disgregato in piccoli frammenti, il sistema ha analizzato il profilo molecolare proteico e lo ha confrontato con quelli presenti in un database, consentendo l'identificazione della specie batterica. Questa tecnologia presenta vari vantaggi:

- Velocità: i risultati sono disponibili entro pochi minuti, rispetto alle 24 - 48h dei metodi diagnostici tradizionali
- Accuratezza elevata, fino al 99,9 %
- Costi operativi inferiori per test

L'analisi è stata ripetuta due volte nei casi in cui la colonia non è stata identificata al primo tentativo. In seguito a queste analisi, sono state scartate le piastre contenenti colonie di batteri non

coinvolti in MTA o per le quali l'identificazione non ha avuto successo, mentre sono state conservate le piastre contenenti le colonie identificate come specie coinvolte in MTA. Queste ultime sono quindi state seminate in delle nuove piastre di coltura, LiofilChem® CNA Agar (Sheep blood 5 %) oppure LiofilChem® Nutrient Agar ISO 6579, ed incubate a 37,5 °C in modo da ottenere delle colture pure.

Le colture pure sono state utilizzate sia per prelevare il materiale necessario per congelare la coltura, usando il sistema CRYOBANK, sia per i successivi test di suscettibilità agli antimicrobici (AST).

3.3 Test di suscettibilità agli antimicrobici

Il test di suscettibilità (AST), è stato eseguito su colonie fresche (entro 24h dalla semina) tramite il sistema VITEK® 2 COMPACT (bioMérieux, Francia). Questa tecnologia si avvale dell'uso di schede plastiche nelle quali sono presenti pozzetti contenenti terreni di coltura e antibiotici (μL) e determina la MIC (concentrazione minima inibente) misurando la variazione di torbidità all'interno dei pozzetti, indicativa della crescita batterica.

All'inizio della procedura è stato preparato un brodo di microdiluizione seguendo il procedimento seguente:

- In un tubo di vetro sono stati aggiunti 3 mL di acqua sterile;
- È stata prelevato un quantitativo sufficiente della colonia pura tale da raggiungere una densità compresa tra 0,5 e 0,63 McFarland.

Il procedimento successivo differisce a seconda che il batterio in esame sia Gram-positivo o Gram-negativo:

- Gram-positivo: sono stati prelevati 280 μL di brodo e diluiti in 3 mL di acqua sterile precedentemente caricata in un altro tubo;
- Gram-negativo: sono stati prelevati 145 μL di brodo e diluiti in 3 mL di acqua sterile precedentemente caricata in un altro tubo.

Dopo la preparazione delle diluizioni, i tubi sono stati caricati nel sistema VITEK 2 COMPACT insieme alle schede specifiche per il batterio in esame. Le schede, dotate di capillari plastici, consentono al sistema di distribuire automaticamente il brodo all'interno dei pozzetti contenenti gli antibiotici.

Il test di suscettibilità ha quindi avuto inizio, e i risultati sono stati disponibili circa 12 ore dopo l'avvio dell'analisi.

Sono state utilizzate schede differenti in base alla tipologia di batterio sottoposto al test, al fine di garantire l'appropriatezza del pannello antibiotico per ciascuna specie.

- *Pseudomonas aeruginosa*: card AST-N440
- *Escherichia coli*: card AST-N439
- *Listeria monocytogenes*: card AST ST03
- *Staphylococcus aureus*: card AST-P659

Gli antibiotici presenti in ogni card sono presentati nella seguente tabella (Tabella 1):

Card AST N-440	Card AST N-439	Card AST ST03	Card AST-P659
Ampicillina/sulbactam	Amoxicillina/acido clavulanico	Benzilpenicillina	Cefoxitina screening
Piperacillina/tazobactam	Piperacillina/tazobactam	Ampicillina	Benzilpenicillina
Ceftazidime	Ceftazidime	Cefotaxime	Più meticillina
Ceftazidime/Avibactam	Ceftazidime/Avibactam	Ceftriaxone	Oxacillina
Ceftolozane/Tazobactam	Ceftolozane/Tazobactam	Gentamicina	Ceftarolina
Cefepime	Cefepime	Levofloxacina	Polmonite
Aztreonam	Meropenem	Moxifloxacina	Altro
Imipenem	Imipenem/Relebactam	Resistenza inducibile alla Clindamicina	Gentamicina
Meropenem	Meropenem/Vaborbactam	Eritromicina	Levofloxacina
Imipenem/Relebactam	Amikacina	Clindamicina	Resistenza inducibile alla Clindamicina
Amikacina	Gentamicina	Linezolid	Eritromicina
Tobramicina	Ciprofloxacina	Teicoplanina	Clindamicina
Ciprofloxacina	Tigeciclina	Vancomicina	Linezolid
Colistina	Fosfomicina	Tetraciclina	Daptomicina
	Colistina	Tigeciclina	Teicoplanina
		Cloramfenicolo	Vancomicina
		Rifampicina	Tetraciclina
		Trimetoprim/ Sulfametossazolo	Tigeciclina
			Acido fusidico
			Muriprocina
			Rifampicina
			Trimetoprim/ Sulfametossazolo

Tabella 1: Elenco degli antibiotici presenti in ognuna delle card utilizzate

I risultati sono stati presentati indicando l'antibiotico testato, la relativa MIC e l'interpretazione: S = sensibile, I = sensibile a maggiore esposizione, R = resistente. L'interpretazione viene stabilita dal macchinario facendo riferimento ai breakpoint stabiliti da EUCAST e presenti nel database.

RISULTATI E DISCUSSIONE

4.1 Risultati

Durante un periodo di sette mesi sono stati esaminati un totale di 131 lotti, suddivisi in 108 di pesce e 23 di carne rossa, dai quali sono stati ottenuti 215 campioni (108 di pesce e 107 di carne rossa). In totale, 71 lotti (56 di pesce e 15 di carne rossa) sono risultati positivi alla contaminazione batterica; da questi lotti sono stati ottenuti 95 campioni positivi, suddivisi in 57 campioni di pesce e 38 campioni di carne rossa (Grafico 1).

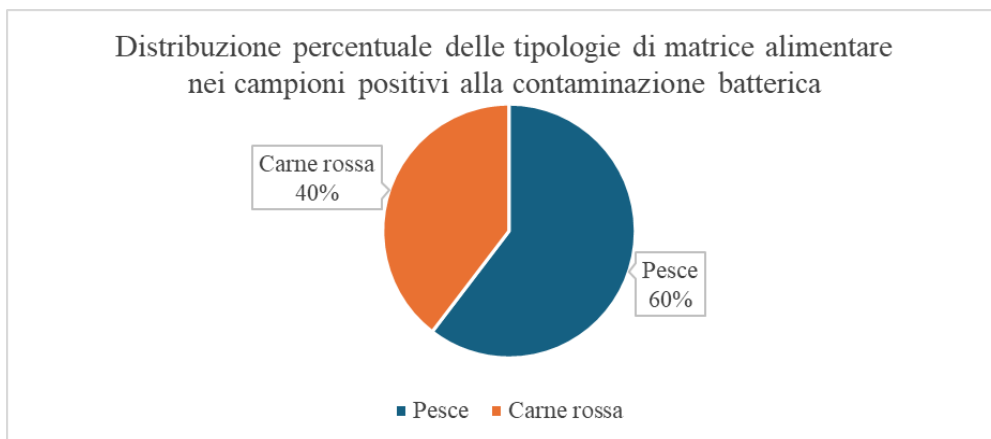


Grafico 1: Distribuzione percentuale delle principali tipologie di matrice alimentare dei campioni positivi alla contaminazione batterica

Le tipologie delle matrici di provenienza dei campioni risultati positivi sono riassunte nel seguente grafico (Grafico 2).

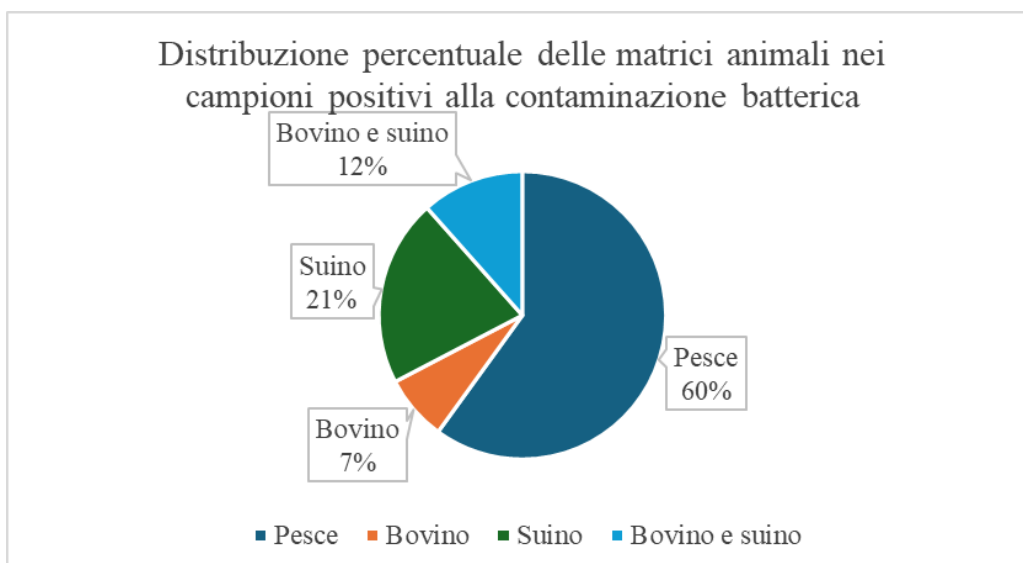


Grafico 2: Distribuzione percentuale delle matrici animali nei campioni positivi alla contaminazione batterica

Per quanto riguarda il pesce, 44 campioni (77,19 %) sono stati ottenuti da pesce pescato e 13 (22,81 %) da pesce allevato; inoltre, la maggior parte dei campioni è stata ottenuta da esemplari provenienti dall'Oceano Atlantico nord-orientale e dal Mar Mediterraneo (Tabella 2).

Provenienza del pesce	Frequenza	Percentuale (%)
Atlantico centro-orientale	2	3,51
Atlantico Nord-orientale	34	59,65
Atlantico Sud-orientale	3	5,26
Lago vittoria	2	3,51
Mediterraneo	16	28,07
Totale	57	100

Tabella 2: Distribuzione di frequenza e percentuale della provenienza dei campioni di pesce risultati positivi alla contaminazione batterica

Le specie batteriche riscontrate nei vari campioni, e il loro numero, sono presentate nella seguente tabella (Tabella 3). Le voci “Anaerobio solfito riduttore” e “*Pseudomonas spp.*” rappresentano i dati delle colonie la cui identificazione tramite il sistema MALDI-TOF non è stata possibile e che, quindi, sono state scartate: 19 colonie (18,45 %). Inoltre, 5 campioni di carne rossa e 3 campioni di pesce sono risultati contaminati da due specie batteriche, portando il totale degli isolati analizzati a 103 (60 di pesce e 43 di carne).

Specie batterica	Pesce (%)	Carne rossa (%)	Totale (%)
<i>Aeromonas rivuli</i>	1 (1,67)	0 (0)	1 (0,97)
Anaerobio solfito riduttore	1 (1,67)	0 (0)	1 (0,97)
<i>Clostridium perfringens</i>	1 (1,67)	0 (0)	1 (0,97)
<i>Escherichia coli</i>	0 (0)	17 (39,53)	17 (16,5)
<i>Listeria innocua</i>	0 (0)	3 (6,98)	3 (2,91)
<i>Listeria monocytogenes</i>	2 (3,33)	23 (53,49)	25 (24,27)

<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	8 (13,33)	0 (0)	8 (7,77)
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	19 (31,67)	0 (0)	19 (18,45)
<i>Pseudomonas fragi</i>	5 (8,33)	0 (0)	5 (4,85)
<i>Pseudomonas mosselii</i>	1 (1,67)	0 (0)	1 (0,97)
<i>Pseudomonas putida</i>	3 (5)	0 (0)	3 (2,91)
<i>Pseudomonas spp.</i>	18 (30)	0 (0)	18 (17,48)
<i>Staphylococcus aureus</i>	1 (1,67)	0 (0)	1 (0,97)
Totale	60 (100)	43 (100)	103 (100)

Tabella 3: Numero e distribuzione percentuale delle specie batteriche isolate dai campioni positivi alla contaminazione batterica

Su un totale di 215 campioni raccolti, 48 campioni (22,33 %) sono risultati contaminati da specie batteriche coinvolte nelle MTA. Da questi campioni sono stati complessivamente isolati 52 microrganismi (Tabella 4). La specie prevalente è risultata essere *Listeria monocytogenes*.

Specie batterica	Campioni contaminati	Prevalenza (%)
<i>Clostridium perfringens</i>	1	0,46
<i>Escherichia coli</i>	17	7,91
<i>Listeria monocytogenes</i>	25	11,63
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	8	3,72
<i>Staphylococcus aureus</i>	1	0,46

Tabella 4: Prevalenza percentuale delle specie batteriche coinvolte nelle MTA nei campioni analizzati

In particolare, *L. monocytogenes* (Grafico 3) ed *E. coli* (Grafico 4) hanno mostrato le seguenti frequenze nelle varie matrici alimentari:

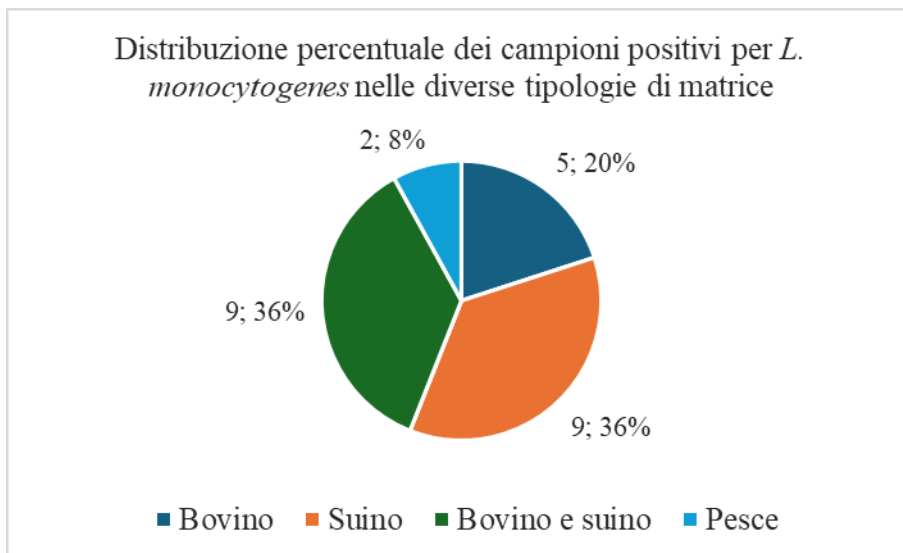


Grafico 3: Distribuzione percentuale dei campioni positivi per *L. monocytogenes* nelle diverse tipologie di matrice

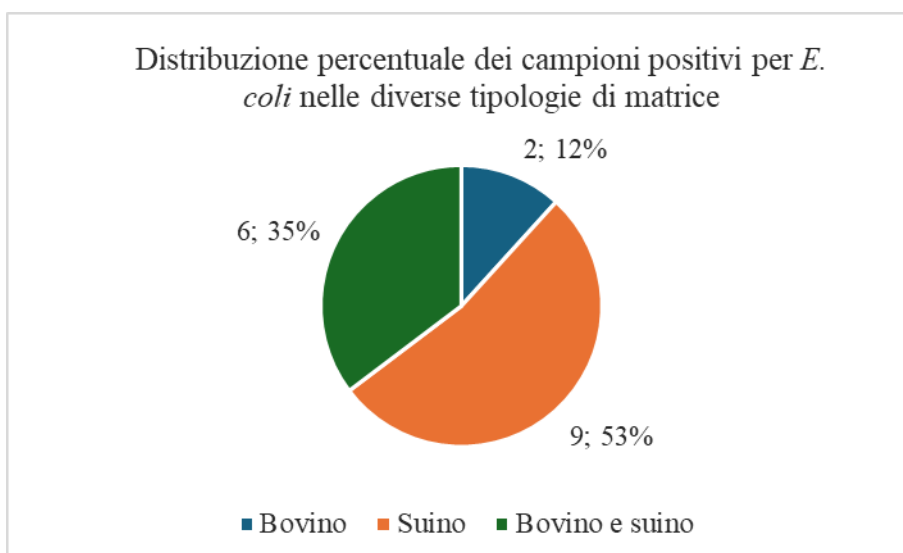


Grafico 4: Distribuzione percentuale dei campioni positivi per *E. coli* nelle diverse tipologie di matrice

Nella tabella sottostante sono riassunti i dati relativi alla carica batterica media riscontrata, per ogni microrganismo, nei campioni analizzati (Tabella 5).

Batterio	Carica batterica media (CFU/g)
<i>Clostridium perfringens</i>	40 ± 0
<i>Escherichia coli</i>	59,7 ± 35,9
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	328.500 ± 280.602,9
<i>Staphylococcus aureus</i>	140.000 ± 0
Batteri non MTA*	59.648,8 ± 131.417,3

Tabella 5: Carica batterica media degli isolati batterici ottenuti dai campioni analizzati. **A. rivuli*, anaerobio solfitoreiduttore, *L. innocua*, *P. fluorescens*, *P. fragi*, *P. mosselii*, *P. putida*, *Pseudomonas* spp.

Considerando i limiti di legge per la contaminazione batterica da *E. coli* (500 – 5000 CFU/g), tutti i campioni sono risultati conformi ai limiti, mentre, tutti i campioni nei quali è stata rilevata *L. monocytogenes* sono non conformi ai requisiti di legge, in quanto questi ne impongono l'assenza. Dall'analisi dell'antibiogramma sono emersi diversi profili di resistenza in base al microrganismo testato (Tabelle 6-9):

- *Listeria monocytogenes*: 7 profili
- *Escherichia coli*: 3 profili
- *Pseudomonas aeruginosa*: 1 profilo
- *Staphylococcus aureus*: 1 profilo

<i>Listeria monocytogenes</i>	Sensibile (S)	Sensibile a maggiore esposizione (I)	Resistente (R)
Profilo 1	Ampicillina, teicoplanina, vancomicina	Benzilpenicillina	Clindamicina
2	Benzilpenicillina, ampicillina, teicoplanina, vancomicina		Clindamicina
3	Teicoplanina, vancomicina		Benzilpenicillina, ampicillina, clindamicina
4	Ampicillina, teicoplanina		Benzilpenicillina, clindamicina, vancomicina
5	Teicoplanina, vancomicina	Benzilpenicillina	Ampicillina, clindamicina
6*	Benzilpenicillina, teicoplanina, vancomicina		Ampicillina, clindamicina
7	Teicoplanina, vancomicina	Benzilpenicillina, ampicillina	Clindamicina

Tabella 6: Profili di resistenza degli isolati di *L. monocytogenes*. *Il profilo è relativo ad uno dei due isolati ottenuti da un lotto di pesce

<i>Escherichia coli</i>	Sensibile (S)	Sensibile a maggiore esposizione (I)	Resistente (R)

<p>Profilo 1</p>	<p>Amoxicillina/acido clavulanico, piperacillina/tazobactam, ceftazidime, ceftazidime/avibactam, ceftolozane/tazobactam, cefepime, meropenem, imipenem/relebactam, meropenem, vaborbactam, amikacina, gentamicina, tigeciclina, colistina</p>		<p>Ciprofloxacina</p>
<p>2</p>	<p>Amoxicillina/acido clavulanico, piperacillina/tazobactam, ceftazidime, ceftazidime/avibactam, ceftolozane/tazobactam, cefepime, meropenem, imipenem/relebactam, meropenem, vaborbactam, amikacina, gentamicina, ciprofloxacina, tigeciclina, colistina</p>		
<p>3</p>	<p>Amoxicillina/acido clavulanico, piperacillina/tazobactam, ceftazidime, ceftazidime/avibactam, ceftolozane/tazobactam, cefepime, meropenem, imipenem/relebactam, meropenem,</p>	<p>Ciprofloxacina</p>	

	vaborbactam, amikacina, gentamicina, tigeciclina, colistina		
--	---	--	--

Tabella 7: Profili di resistenza degli isolati di *E. coli*

<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Sensibile (S)	Sensibile a maggiore esposizione (I)	Resistente (R)
	Ceftazidime/avibactam, ceftolozane/tazobactam, meropenem, imipenem/relebactam, tobramicina, colistina	Piperacillina/tazobactam, ceftazidime, cefepime, aztreonam, imipenem, ciprofloxacina	

Tabella 8: Profilo di resistenza degli isolati di *P. aeruginosa*

<i>Staphylococcus aureus</i>	Sensibile (S)	Sensibile a maggiore esposizione (I)	Resistente (R)
	Benzilpenicillina + meticillina, oxacillina, ceftarolina (polmonite, altro), gentamicina, eritromicina, clindamicina, linezolid, daptomicina, teicoplanina, vancomicina, tetraciclina, tigeciclina, acido fusidico, rifampicina	Levofloxacina	Benzilpenicillina, trimetoprim/sulfame- tossazolo

Tabella 9: Profilo di resistenza dell'isolato di *S. aureus*

È necessario sottolineare che il sistema VITEK 2 COMPACT non effettua test per tutti gli antibiotici presenti nelle card, basandosi sul database di confronto fornito da EUCAST, per vari motivi:

- L'antibiotico non è richiesto dal pannello di interpretazione EUCAST per quella specie batterica
- Il test di suscettibilità non è raccomandato perché la specie è un cattivo bersaglio per la terapia, spesso per resistenza intrinseca o scarsa attività terapeutica; in questi casi EUCAST sconsiglia di testarlo o refertarlo perché il risultato non avrebbe utilità clinica
- Non vi è sufficiente evidenza che la specie sia un buon bersaglio per la terapia

I test di antibiotico-resistenza condotti sugli isolati di *Listeria monocytogenes* hanno evidenziato come tutti gli isolati testati siano risultati resistenti alla clindamicina. Sono state inoltre riscontrate resistenze nei confronti di altri antibiotici, sebbene con frequenze più contenute, in particolare verso ampicillina (3 isolati, 12 %), benzilpenicillina (2 isolati, 8 %) e vancomicina (1 isolato, 4 %). Una quota rilevante di isolati ha mostrato una ridotta sensibilità (I), soprattutto nei confronti della benzilpenicillina (18 isolati, 72 %) e, in misura minore, dell'ampicillina (5 isolati, 20 %). Al contrario, tutti gli isolati sono risultati sensibili alla teicoplanina.

Il profilo di resistenza più comune tra gli isolati di *L. monocytogenes* (Tabella 3) è il numero 1, il quale è stato riscontrato in 12 isolati (48 %), compreso uno dei due isolati provenienti dai campioni di pesce, seguito dal numero 7 (5 isolati, 20 %) e dal numero 2 (4 isolati, 16%).

Per quanto riguarda i lotti dai quali sono stati ottenuti più campioni contaminati da *L. monocytogenes*, hanno mostrato profili di resistenza diversi all'interno dello stesso lotto (Tabella 10).

Lotto	Tipo di carne	Campione	Profilo di resistenza
LCP61250909000018	Bovino	GE2510837	1
	Bovino	GE2510838	2
	Bovino	GE2510839	2
LCP61250916000117	Bovino e suino	GE2511133	1
	Bovino e suino	GE2511134	1
	Bovino e suino	GE2511135	3
	Bovino e suino	GE2511136	1
	Bovino e suino	GE2511137	1
LCP61250916000178	Suino	GE2511143	1
	Suino	GE2511144	2
	Suino	GE2511145	1
	Suino	GE2511146	1
	Suino	GE2511147	1
LCP61250916000114	Bovino e suino	GE2511153	4
	Bovino e suino	GE2511154	1
	Bovino e suino	GE2511156	5
	Bovino e suino	GE2511157	1

Tabella 10: Profili di resistenza dei campioni appartenenti ai rispettivi lotti

Nella seguente tabella (Tabella 11) sono riportati la classe di appartenenza degli antibiotici testati, la loro classificazione secondo la WHO MIA List e le frequenze di resistenza mostrate dagli isolati di *L. monocytogenes*.

Classe (WHO MIA list)	Antibiotico	Classificazione (WHO MIA list)	Risultato AST (%)		
			S	I	R
Penicilline a spettro ristretto	Benzilpenicillina	HIA	20%	72%	8%
Penicilline	Ampicillina	HIA	68%	20%	12%
Lincosamidi	Clindamicina	HIA	0%	0%	100%
Glicopeptidi	Teicoplanina	Solo uso umano	100%	0%	0%
Lipopeptidi	Vancomicina	Solo uso umano	96%	0%	4%

Tabella 11: Classe, classificazione (WHO MIA List) e risultato AST degli antibiotici testati per *L. monocytogenes*

Considerando come multiresistenti ai farmaci gli isolati che hanno mostrato resistenza (R) o ridotta sensibilità (I) ad almeno 3 classi di antibiotici, 8 isolati (32 %) possono essere considerati MDR.

Questi isolati sono tutti stati ottenuti da campioni di carne rossa.

Gli antibiotici testati per questa specie batterica sono classificati nel WHO AWaRe Antibiotic Book come segue (Tabella 12):

Antibiotico	Classificazione AWaRe
Benzilpenicillina	Access
Ampicillina	Access
Clindamicina	Access
Teicoplanina	Watch
Vancomicina	Watch

Tabella 12: Classificazione secondo il WHO AWaRe Antibiotic Book degli antibiotici testati per *L. monocytogenes*

Tra i 17 isolati di *E. coli* ottenuti dai campioni di carne, solamente uno (5,88 %) ha mostrato resistenza nei confronti della ciprofloxacina ed un altro isolato (5,88 %) si è dimostrato meno sensibile all'azione di questo antibiotico, mentre nessun isolato è risultato multiresistente. La ciprofloxacina è un antibiotico appartenente alla classe dei chinoloni, classificato come HPCIA all'interno della WHO MIA List, mentre è classificato nel gruppo "Watch" nel WHO AWaRe Antibiotic Book. I due isolati in questione provenivano, rispettivamente, da un campione di macinato di bovino e suino e da un campione di coste di vitello. Inoltre, i due isolati rappresentano, rispettivamente, i profili di resistenza 1 e 3 identificati negli isolati di *E. coli* (Tabella 3).

Per quanto riguarda *P. aeruginosa*, i campioni risultati positivi (n = 8) provengono tutti da pesce pescato.

Nessun isolato ha mostrato resistenza agli antibiotici testati; tuttavia, tutti gli isolati (100%) hanno mostrato ridotta sensibilità (I) nei confronti di 6 degli antibiotici testati, le cui classi di appartenenza e classificazione secondo la WHO MIA List e secondo il WHO AWaRe Antibiotic Book sono riassunte nella Tabella 13. Considerando, come per *L. monocytogenes*, anche la categoria di ridotta sensibilità (I), tutti gli isolati di *P. aeruginosa* testati possono essere considerati MDR.

Classe (WHO MIA List)	Antibiotico	Classificazione (WHO MIA List)	Classificazione (AWaRe)
Penicilline anti-pseudomonas con inibitori delle β -lattamasi	Piperacillina/tazobactam	Solo uso umano	Watch
Cefalosporine (III, IV generazione)	Ceftazidime	HPCIA	Watch
	Cefepime	HPCIA	Watch
Monobattami	Aztreonam	Solo uso umano	Reserve
Carbapenemi	Imipenem	Solo uso umano	Watch
Chinoloni	Ciprofloxacina	HPCIA	Watch

Tabella 13: Classe e classificazioni degli antibiotici cui gli isolati di *P. aeruginosa* sono risultati sensibili a maggior esposizione (I)

Per quanto riguarda *S. aureus*, l'unico isolato identificato è risultato resistente alla benzilpenicillina ed alla combinazione trimetoprim/sulfametossazolo ed ha mostrato una ridotta sensibilità solo nei confronti della levofloxacina, mentre ha mostrato sensibilità per altri antibiotici testati, compresa la meticillina (Tabella 14). Considerando congiuntamente le categorie di "Ridotta sensibilità (I)" e "Resistente", possiamo considerare l'isolato come MDR.

Classe (WHO MIA List)	Antibiotico	Classificazione (WHO MIA List)	Classificazione (AWaRe)	Risultato AST
Penicilline (spettro ristretto)	Benzilpenicillina	HIA	Access	R
Sulfonamidi, inibitori della diidrofolato reductasi e	Trimetoprim/sulfametossazolo	HIA	Access	R

combinazioni				
Chinoloni	Levofloxacin	HPCIA	Watch	I

Tabella 14: Classe, classificazioni e risultato AST degli antibiotici ai quali l'isolato di *S. aureus* non è risultato sensibile (S)

4.2 Discussione

I risultati relativi alle resistenze degli isolati batterici coinvolti in MTA sottoposti a test di sensibilità agli antibiotici sono stati confrontati con quelli presenti nel report pubblicato da EFSA ed ECDC relativo al biennio 2023-24 (EFSA, ECDC, 2026), oppure con dati provenienti da studi autorevoli nel caso in cui non fossero presenti nel report prima citato.

Per quanto riguarda *Pseudomonas aeruginosa*, i dati raccolti in questo studio sono stati confrontati con lo studio più completo e rappresentativo tra quelli disponibili (Abou et al., 2024), considerando solo i campioni di pesce (Tabella 15).

	Studio corrente	Abou et al.
Totale campioni di pesce	108	226
Campioni + per <i>Pseudomonas</i> spp.	54	137
Prevalenza <i>Pseudomonas</i> spp.	50 %	60,62 %
Campioni + per <i>P. aeruginosa</i>	8	21
Prevalenza <i>P. aeruginosa</i>	7,41 %	9,29 %
Frequenza di <i>P. aeruginosa</i> nei campioni +	14,03 %	15,33 %

Tabella 15: Confronto tra i dati ottenuti nel presente studio e nello studio di riferimento (Abou et al., 2024)

Come sottolineano gli autori dello studio, i batteri del genere *Pseudomonas* fanno naturalmente parte del microbiota e possono essere trasportati dagli animali al di fuori del loro ambiente naturale, andando poi a contaminare gli utensili e gli operatori durante la lavorazione del pesce.

Tale meccanismo di trasmissione potrebbe spiegare i livelli simili di contaminazione riscontrati in questo studio, sottolineando la necessità di adottare rigorose misure igieniche durante la cattura, la lavorazione e la conservazione del pesce, al fine di limitare la contaminazione lungo la filiera alimentare.

Per quanto riguarda l'AMR i risultati sono, invece, discordanti: il presente studio non ha rilevato isolati resistenti o con piena multiresistenza (solo R), mentre nello studio di riferimento l'86,4% isolati hanno mostrato resistenza; in particolare: resistenza totale per tobramicina, gentamicina (aminoglicosidi) e colistina (lipopeptide) e il 61,5 % degli isolati ha mostrato piena multiresistenza. Gli studi risultano discordanti anche per quanto riguarda la ridotta sensibilità (I): nel presente studio

tutti gli isolati hanno mostrato ridotta sensibilità a 5 classi di antibiotici, potendoli quindi classificare come MDR, mentre nello studio di Abou et al. le percentuali di ridotta sensibilità sono risultate inferiori.

Confrontando i dati con il report annuale sulla resistenza antimicrobica in UE/EAA prodotto da EARS-Net (ECDC, 2025) e relativo al 2024, si può notare come gli antibiotici per i quali gli isolati hanno mostrato minore sensibilità sono gli stessi, o appartengono alle stesse classi, di quelli sorvegliati nel report. I dati europei indicano, nel periodo 2020–2024, una diminuzione significativa della percentuale di isolati invasivi resistenti a diverse classi antibiotiche, ovvero piperacillina/tazobactam, ceftazidime, carbapenemi, fluorochinoloni e aminoglicosidi; inoltre, anche la resistenza combinata a tre o più classi di antibiotici tra i precedenti ha mostrato una diminuzione significativa. Sebbene i dati non siano direttamente comparabili, in quanto riferiti a isolati clinici invasivi, i risultati ottenuti nel presente studio mostrano una parziale coerenza con il trend europeo.

Per quanto riguarda *Escherichia coli* commensale, comunemente utilizzato come indicatore di contaminazione fecale e delle condizioni igieniche durante le fasi di macellazione e lavorazione delle carni, i dati presenti nel report EFSA/ECDC relativo al biennio 2023-24 (EFSA, ECDC, 2026) sono i seguenti:

- Livelli mediani di resistenza da elevati o molto elevati ad ampicillina, sulfametossazolo, trimetoprim o tetraciclina nei maiali, livelli mediani di resistenza bassi nei vitelli
- Resistenza rara nei confronti di colistina, azitromicina e cefalosporine di terza generazione (cefotaxime o ceftazidime)
- Percentuale mediana di isolati MDR pari al 30,6 % degli isolati provenienti da maiali
- Percentuale mediana di isolati MDR pari al 22,9 % degli isolati provenienti da vitelli

Nel presente studio la resistenza alla ciprofloxacina in *E. coli* è stata osservata in un solo isolato su 17 analizzati (5,88 %), mentre un ulteriore isolato ha mostrato sensibilità intermedia. Sebbene il numero di isolati analizzati sia limitato, tali risultati mostrano una frequenza inferiore di isolati resistenti provenienti da bovini e suini, rispetto ai valori generalmente riportati dai sistemi di sorveglianza europei coordinati dall'EFSA

Nel complesso, i risultati ottenuti suggeriscono che, pur in presenza di contaminazione da *E. coli* nei campioni analizzati, la diffusione di ceppi resistenti, in particolare nei confronti dei fluorochinoloni, appare limitata.

Come precedentemente illustrato, *L. monocytogenes* è una specie batterica che può essere ritrovata in varie fonti ambientali, come suolo, vegetali, foraggio, acqua dolce e salata, feci di animali sani e prodotti alimentari associati. Altre fonti di contaminazione possono essere prodotti già contaminati, personale addetto e, in generale, gli ambienti di lavorazione del cibo (Lambrechts et al., 2024).

Per quanto riguarda la prevalenza nei campioni pesce, sono stati presi come riferimento tre studi:

- Sołtysiuk et al. (2025): studio condotto su 750 campioni di pesce raccolti in Polonia del Nord, prevalenza del 3,2 % (24/750 campioni)
- Peratikos et al. (2024): studio condotto su 104 campioni di pesce raccolti in Thessaloniki, Grecia, prevalenza del 11,5 % (12/104 campioni)
- Pitti et al. (2025): studio condotto su 290 campioni raccolti in Italia Nord-occidentale, prevalenza del 20% nei campioni di pesce (8/40 campioni)

I dati del presente studio si mostrano discordanti rispetto a quelli presenti negli studi di Peratikos et al. e Pitti et al., confrontabili per la numerosità campionaria, data la prevalenza riscontrata del 1,85 %.

La contaminazione nella filiera del pesce può verificarsi a vari livelli, ma nella maggior parte dei casi avviene nell'ambiente di lavorazione, dalle attrezzature di lavorazione e dopo la lavorazione del prodotto finale. I risultati ottenuti dal presente studio potrebbero essere indice un livello di aderenza alle buone pratiche igieniche (GHP) di lavorazione del cibo tale da limitare la contaminazione e lo sviluppo di tale organismo lungo questa filiera.

Relativamente alla prevalenza nella carne rossa, sono stati presi in considerazione i seguenti studi, i quali risultano essere tra i più recenti nella bibliografia scientifica:

- Papatzimos et al. (2022): studio condotto in Grecia settentrionale su 303 campioni, dei quali 45 di “raw unprocecced meat” e 30 di “raw meat products”; sono stati identificati 2 isolati di *L. monocytogenes* dai prodotti “raw meat products” (6,67 % dei campioni in questa categoria)
- Pitti et al. (2025): in questo studio sono stati analizzati anche 79 campioni di “meat products”, dei quali 16 (20 %) sono risultati contaminati da *L. monocytogenes*
- Paiva et al. (2025): studio condotto nel Nord del Portogallo su 75 campioni di “fresh meat” e “meat preparations” che ha evidenziato una prevalenza del 16 % (12 campioni)

I dati ottenuti dai campioni di carne rossa analizzati in questo studio sono simili a quelli ottenuti dallo studio di Pitti et al., data una prevalenza del 21,49 % di *L. monocytogenes* nei campioni di carne rossa analizzati.

Analogamente a quanto succede per la filiera del pesce, anche nella filiera della carne rossa *L. monocytogenes* è considerato un contaminante ambientale cui porre particolare attenzione, grazie

alla sua elevata resistenza alle condizioni ambientali che ne rende molto difficile l'eliminazione da tali ambienti. I dati raccolti durante questo studio, molto simili a quelli raccolti durante lo studio pubblicato da Pitti et al., suggeriscono una probabile minor osservanza delle GHP negli ambienti di lavorazione e durante la manipolazione del cibo.

Riguardo all'antibiotico-multiresistenza (MDR), i dati ottenuti nel presente studio sono discordi da quelli riportati negli studi presi in considerazione. Gli studi svolti da Soltysiuk et al. (sul pesce) e da Papatzimos et al. (sulla carne) hanno riscontrato MDR in tutti gli isolati testati. Nel presente studio nessuno degli isolati di *Listeria monocytogenes* provenienti da campioni di pesce (n = 2) è risultato MDR, mentre il 34,78% (8 su 23) degli isolati provenienti da campioni di carne rossa sono risultati MDR. I dati ottenuti si discostano, inoltre, da quelli della metanalisi condotta da Tayeb et al. (2023) sulla carne rossa, che ha riportato una prevalenza aggregata di isolati MDR del 22,97% (IC 95%: 14,95 - 32,13%) e, in particolare, del 13,46% (IC 95%: 10,74 - 16,58%) in Europa. Tale discrepanza, sebbene probabilmente influenzata dalle ridotte dimensioni del campione posto in analisi (n = 38), potrebbe riflettere differenze geografiche, temporali o metodologiche rispetto agli studi inclusi nella metanalisi e sottolinea la necessità di una sorveglianza locale continua.

Nel complesso, i risultati evidenziano come la diffusione della multiresistenza in *L. monocytogenes* presenti una variabilità rilevante; tuttavia, la resistenza comune alla clindamicina osservata in tutti gli isolati analizzati in questo studio sottolinea la possibile presenza di determinanti di resistenza diffusi nella popolazione studiata. Tali evidenze rafforzano l'importanza di monitoraggi mirati e aggiornati al contesto locale, al fine di supportare strategie efficaci di controllo e gestione del rischio lungo la filiera alimentare.

Staphylococcus aureus è un microrganismo frequentemente associato alla contaminazione degli alimenti, in particolare di quelli manipolati dopo la cottura, ed è uno dei principali agenti responsabili di intossicazioni alimentari grazie alla produzione di enterotossine termostabili. La contaminazione del cibo da parte di questo organismo avviene prevalentemente tramite gli operatori addetti alla manipolazione del cibo, in quanto può essere presente sulla cute e sulle mucose degli esseri umani. La totale assenza di contaminazione nei campioni di carne e la presenza di un singolo campione contaminato (1,75%) tra i campioni di pesce, potrebbero indicare un buon livello di osservanza delle GHP e dei metodi di conservazione dei prodotti alimentari.

La presenza di un singolo isolato non permette di formulare ipotesi sulla diffusione dell'AMR all'interno di questa specie batterica, tuttavia è necessario sottolineare che il singolo isolato identificato ha mostrato resistenza (R) a due classi di antibiotici e ridotta sensibilità (I) ad una terza classe antibiotica, caratteristiche che lo rendono classificabile come MDR; nonostante ciò, l'isolato

non è risultato resistente né alla meticillina né alla vancomicina, i quali sono i due antibiotici di principale interesse per quanto riguarda l'AMR in *Staphylococcus aureus*.

Per quanto riguarda *Salmonella* spp. non sono stati rilevati campioni positivi alla contaminazione. Poiché si ritiene che questi batteri siano una normale componente del microbiota intestinale degli animali, questi potrebbero avere un ruolo fondamentale nella trasmissione diretta o indiretta del patogeno all'uomo. La contaminazione da *Salmonella* nella carne rossa, inclusi manzo e maiale, si verifica generalmente a causa di una manipolazione impropria degli organi contaminati, come intestino e fegato, durante il processamento della carcassa. In particolare, secondo i dati del CDC, il manzo e il maiale sono responsabili rispettivamente del 16% e del 25% dei focolai di salmonellosi negli Stati Uniti, con il 10% dei casi umani attribuiti al consumo di carne bovina (Lamichane et al., 2024).

Per quanto riguarda il pesce ed i prodotti ittici la contaminazione da *Salmonella* spp. si verifica più frequentemente durante la fase di processamento, a causa dell'uso di acqua e ghiaccio non sicuri, di "overspray" con idropulitrici che causano contaminazione crociata e di un'inadeguata pulizia e sanificazione di superfici, utensili e ambienti di lavoro (Viazis et al., 2025).

Considerando la classificazione degli antibiotici secondo la WHO MIA List della World Health Organization, diversi antibiotici per i quali nel presente studio è stata osservata resistenza o ridotta sensibilità sono classificati come di importanza critica per la medicina umana (HPCIA) o di elevata importanza (HIA). Analogamente, secondo la classificazione WHO AWaRe antibiotic classification, la maggior parte degli antibiotici per i quali sono stati osservati fenomeni di resistenza o ridotta sensibilità appartiene alle categorie "Access" e "Watch", mentre uno solo rientra nella categoria "Reserve".

Questi risultati sottolineano l'importanza di una gestione appropriata dell'utilizzo degli antibiotici e del monitoraggio della resistenza antimicrobica lungo la filiera alimentare, al fine di limitare la diffusione di ceppi resistenti o multiresistenti verso classi di farmaci di particolare rilevanza per la salute pubblica.

Nel complesso, i risultati ottenuti evidenziano come la contaminazione batterica nelle matrici alimentari analizzate sia principalmente rappresentata da *L. monocytogenes* ed *E. coli*, mentre la presenza di altri patogeni come *S. aureus* risulta limitata. Dal punto di vista dell'antibiotico-resistenza, la diffusione di ceppi MDR appare particolarmente rilevante in *L. monocytogenes* e *P. aeruginosa*, mentre negli isolati di *E. coli* la resistenza ai fluorochinoloni risulta poco diffusa. Tali

risultati sottolineano l'importanza del monitoraggio continuo della contaminazione microbiologica e dell'AMR lungo la filiera alimentare, in linea con l'approccio One Health.

I risultati ottenuti assumono particolare importanza anche per quanto riguarda la sicurezza alimentare. La presenza di microrganismi potenzialmente patogeni in alimenti di origine animale destinati alla vendita al dettaglio evidenzia l'importanza di mantenere elevati standard igienici lungo tutte le fasi della filiera produttiva, comprese la distribuzione e la conservazione dei prodotti alimentari.

In particolare, il riscontro di specie come *Listeria monocytogenes* ed *Escherichia coli*, comunemente associate a malattie a trasmissione alimentare, sottolinea la necessità di un attento controllo delle condizioni igienico-sanitarie durante le fasi di macellazione, lavorazione e confezionamento degli alimenti. Inoltre, la presenza di isolati caratterizzati da resistenza o ridotta sensibilità agli antimicrobici evidenzia come gli alimenti possano rappresentare un possibile veicolo di diffusione di batteri resistenti lungo la catena alimentare.

Questi aspetti confermano l'importanza delle attività di sorveglianza microbiologica e del monitoraggio dell'antimicrobico-resistenza negli alimenti di origine animale, strumenti fondamentali per individuare precocemente eventuali criticità e supportare strategie di prevenzione e controllo a tutela della salute pubblica.

CONCLUSIONI

Il presente studio ha avuto l'obiettivo di valutare i profili e i livelli di resistenza agli antibiotici in campioni di pesce e carne rossa provenienti dalla vendita al dettaglio. A tal fine sono stati prelevati complessivamente 215 campioni alimentari, di cui 108 di pesce e 107 di carne rossa, presso vari punti vendita della GDO.

I risultati ottenuti hanno evidenziato la presenza di contaminazione batterica in 95 campioni (44,2%), con una maggior frequenza nei campioni di pesce (57/108) rispetto alla carne rossa (38/107).

Tra i microrganismi isolati sono state identificate diverse specie batteriche potenzialmente associate a malattie a trasmissione alimentare (MTA), tra cui *Listeria monocytogenes*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Staphylococcus aureus*.

L'analisi dei profili di resistenza agli antibiotici ha inoltre evidenziato la presenza di isolati con ridotta sensibilità (I) o resistenza nei confronti di varie classi di antibiotici. In particolare, sono stati osservati:

- Sporadici casi di resistenza o ridotta sensibilità tra gli isolati di *E. coli*
- Ridotta sensibilità per 5 classi di farmaci in tutti gli isolati di *P. aeruginosa*
- Multiresistenza diffusa tra gli isolati di *L. monocytogenes* e resistenza ad una classe di farmaci in tutti gli isolati di questa specie
- Resistenza a due classi e ridotta sensibilità ad una classe di farmaci nell'isolato di *S. aureus*

Tali risultati mostrano come anche batteri isolati da campioni alimentari possano presentare profili di resistenza rilevanti dal punto di vista sanitario.

Nel complesso, i dati ottenuti sottolineano l'importanza del monitoraggio microbiologico degli alimenti di origine animale e della sorveglianza dell'antimicrobico-resistenza (AMR) lungo la filiera alimentare. Studi di questo tipo risultano importanti per migliorare la conoscenza della diffusione di microrganismi potenzialmente patogeni negli alimenti e per supportare le strategie di controllo nell'ambito dell'approccio One Health.

Tuttavia, il numero limitato di campioni e la provenienza geografica circoscritta non consentono di generalizzare completamente i risultati ottenuti, rendendo necessari ulteriori studi effettuati su campioni più ampi e provenienti da diverse aree geografiche.

BIBLIOGRAFIA

Abou Elez RMM, Zahra EMF, Gharieb RMA, Mohamed MEM, Samir M, Saad AM, Merwad AMA. Resistance patterns, virulence determinants, and biofilm genes of multidrug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* isolated from fish and fish handlers. *Sci Rep*. 2024 Oct 14;14(1):24063. doi: 10.1038/s41598-024-73917-4. PMID: 39402087; PMCID: PMC11473961.

Alexandre LA, da Silva AC, Nascimento FLA, de Melo APZ, Verruck S. Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolated from fish and aquaculture water: an emerging concern for consumers. *Lett Appl Microbiol*. 2025 Aug 4;78(8):ovaf099. doi: 10.1093/lambio/ovaf099. PMID: 40693960.

Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet*. 2022 Feb 12;399(10325):629-655. doi: 10.1016/S0140-6736(21)02724-0. Epub 2022 Jan 19. Erratum in: *Lancet*. 2022 Oct 1;400(10358):1102. doi: 10.1016/S0140-6736(21)02653-2. PMID: 35065702; PMCID: PMC8841637.

Arbab S, Ullah H, Wang W, Zhang J. Antimicrobial drug resistance against *Escherichia coli* and its harmful effect on animal health. *Vet Med Sci*. 2022 Jul;8(4):1780-1786. doi: 10.1002/vms3.825. Epub 2022 May 24. PMID: 35608149; PMCID: PMC9297802.

Brito-Junior L, Brito HC, Simões MM, Farias JHA, Santos B, Marques FMC, Medeiros MAA, Alves MS, Pereira CT, Diniz AF, Vilela VLR, Silva DR, Oliveira-Filho A. Prevalence of *Escherichia coli* isolates in meat products: a systematic review. *Braz J Biol*. 2025 May 30;85:e292127. doi: 10.1590/1519-6984.292127. PMID: 40465954.

Derke RE, Rahimi E, Shakerian A, Khamesipour F. Prevalence, virulence factors, and antibiotic resistance of *Staphylococcus aureus* in seafood products. *BMC Infect Dis*. 2025 Apr 18;25(1):554. doi: 10.1186/s12879-025-10870-1. PMID: 40247155; PMCID: PMC12007133.

EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control), (2025). The European Union One Health 2024 Zoonoses Report. *EFSA Journal*, 23(12), e9759. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2025.9759>

EFSA, ECDC. The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2023–2024. *EFSA Journal*, volume 24, issue 2 (2026). <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2026.9887>Digital Object Identifier (DOI)

EFSA. Resistenza agli antimicrobici (2025). Tratto da <https://www.efsa.europa.eu/it/topics/topic/antimicrobial-resistance>

EFSA. Una sola salute (“One Health). Tratto da <https://www.efsa.europa.eu/it/topics/one-health>

European Centre for Disease Prevention and Control & World Health Organization. Regional Office for Europe (2025). Surveillance of antimicrobial resistance in Europe, 2024 data: executive summary. World Health Organization. Regional Office for Europe. <https://iris.who.int/handle/10665/383612>. License: CC BY-NC-SA 3.0 IGO

European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) - Annual Epidemiological Report for 2024. Stockholm: ECDC; 2025.

European Centre for Disease Prevention and Control, European Food Safety Authority, 2024. Prolonged multi-country outbreak of *Listeria monocytogenes* ST173 linked to consumption of fish products – 19 June 2024.

FAO. InFARM System (2022). Tratto da <https://www.fao.org/antimicrobial-resistance/resources/infarm-system/en/>

ISS. Piano Nazionale di Contrasto all'Antibiotico-Resistenza (PNCAR) 2022-2025 (2023). Tratto da <https://www.epicentro.iss.it/antibiotico-resistenza/pncar-2022>

IZSLT. Piano di monitoraggio armonizzato AMR. Tratto da <https://www.izslt.it/crab/piano-di-monitoraggio/>

IZSLT. Piano di monitoraggio armonizzato sulla resistenza agli antimicrobici di batteri zoonotici e commensali, pp 2-3. Roma: IZSLT, 2025

Koopmans MM, Brouwer MC, Vázquez-Boland JA, van de Beek D. Human Listeriosis. *Clin Microbiol Rev.* 2023 Mar 23;36(1):e0006019. doi: 10.1128/cmr.00060-19. Epub 2022 Dec 8. PMID: 36475874; PMCID: PMC10035648.

Lachmann R, Halbedel S, Lüth S, Holzer A, Adler M, Pietzka A, Al Dahouk S, Stark K, Flieger A, Kleta S, Wilking H. Invasive listeriosis outbreaks and salmon products: a genomic, epidemiological study. *Emerg Microbes Infect.* 2022 Dec;11(1):1308-1315. doi: 10.1080/22221751.2022.2063075. PMID: 35380514; PMCID: PMC9132468.

Lambrechts K, Rip D. *Listeria monocytogenes* in the seafood industry: Exploring contamination sources, outbreaks, antibiotic susceptibility and genetic diversity. *Microbiologyopen.* 2024 Oct;13(5):e70003. doi: 10.1002/mbo3.70003. PMID: 39420711; PMCID: PMC11486915.

Lamichhane, B., Mawad, A. M. M., Saleh, M., Kelley, W. G., Harrington, P. J., II, Lovestad, C. W., Amezcua, J., Sarhan, M. M., El Zowalaty, M. E., Ramadan, H., Morgan, M., & Helmy, Y. A. (2024). Salmonellosis: An Overview of Epidemiology, Pathogenesis, and Innovative Approaches to Mitigate the Antimicrobial Resistant Infections. *Antibiotics*, 13(1), 76. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13010076>

Li X, Gu N, Huang TY, Zhong F, Peng G. *Pseudomonas aeruginosa*: A typical biofilm forming pathogen and an emerging but underestimated pathogen in food processing. *Front Microbiol.* 2023 Jan 25;13:1114199. doi: 10.3389/fmicb.2022.1114199. PMID: 36762094; PMCID: PMC9905436.

MacKinnon MC, Sargeant JM, Pearl DL, Reid-Smith RJ, Carson CA, Parmley EJ, McEwen SA. Evaluation of the health and healthcare system burden due to antimicrobial-resistant *Escherichia coli* infections in humans: a systematic review and meta-analysis. *Antimicrob Resist Infect Control.* 2020 Dec 10;9(1):200. doi: 10.1186/s13756-020-00863-x. PMID: 33303015; PMCID: PMC7726913.

Matle I, Mbatha KR, Madoroba E. A review of *Listeria monocytogenes* from meat and meat products: Epidemiology, virulence factors, antimicrobial resistance and diagnosis. *Onderstepoort J*

Vet Res. 2020 Oct 9;87(1):e1-e20. doi: 10.4102/ojvr.v87i1.1869. PMID: 33054262; PMCID: PMC7565150.

Paiva J, Silva V, Poeta P, Saraiva C. Antimicrobial Resistance Profile and Biofilm Formation of *Listeria monocytogenes* Isolated from Meat. *Antibiotics*. 2025; 14(5):454. <https://doi.org/10.3390/antibiotics14050454>

Papatzimos G, Kotzamanidis C, Kyritsi M, Malissiova E, Economou V, Giantzi V, Zdragas A, Hadjichristodoulou C, Sergelidis D. Prevalence and characteristics of *Listeria monocytogenes* in meat, meat products, food handlers and the environment of the meat processing and the retail facilities of a company in Northern Greece. *Lett Appl Microbiol*. 2022 Mar;74(3):367-376. doi: 10.1111/lam.13620. Epub 2021 Dec 8. PMID: 34850423.

Peratikos P, Tsitsos A, Damianos A, Kyritsi MA, Hadjichristodoulou C, Soultos N, Economou V. *Listeria monocytogenes* from Marine Fish and the Seafood Market Environment in Northern Greece: Prevalence, Molecular Characterization, and Antibiotic Resistance. *Applied Sciences*. 2024; 14(7):2725. <https://doi.org/10.3390/app14072725>

Pitti M, Tavecchia M, Romano A, Carrella S, Previto G, Bianchi DM. Investigation of *Listeria monocytogenes* in Food in Northwestern Italy (2020–2024). *Foods*. 2025; 14(21):3788. <https://doi.org/10.3390/foods14213788>

Poudel AN, Zhu S, Cooper N, Little P, Tarrant C, Hickman M, Yao G. The economic burden of antibiotic resistance: A systematic review and meta-analysis. *PLoS One*. 2023 May 8;18(5):e0285170. doi: 10.1371/journal.pone.0285170. PMID: 37155660; PMCID: PMC10166566.

Poursina S, Ahmadi M, Fazeli F, Ariaii P. Assessment of virulence factors and antimicrobial resistance among the *Pseudomonas aeruginosa* strains isolated from animal meat and carcass samples. *Vet Med Sci*. 2023 Jan;9(1):315-325. doi: 10.1002/vms3.1007. Epub 2022 Nov 23. PMID: 36418165; PMCID: PMC9857000.

Rezaloo, Manizhe & Motalebi, Abbasali & Mashak, Zohreh & Anvar, Amirali. (2022). Prevalence, Antimicrobial Resistance, and Molecular Description of *Pseudomonas aeruginosa* Isolated from Meat and Meat Products. *Journal of Food Quality*. 2022. 10.1155/2022/9899338.

Roy PK, Roy A, Jeon EB, DeWitt CAM, Park JW, Park SY. Comprehensive analysis of predominant pathogenic bacteria and viruses in seafood products. *Compr Rev Food Sci Food Saf*. 2024 Jul;23(4):e13410. doi: 10.1111/1541-4337.13410. PMID: 39030812.

Sołtysiuk M, Przyborowska P, Wiszniewska-Łaszczych A, Tobolski D. Prevalence and antimicrobial resistance profile of *Listeria* spp. isolated from raw fish. *BMC Vet Res*. 2025 May 10;21(1):333. doi: 10.1186/s12917-025-04792-y. PMID: 40346558; PMCID: PMC12065245.

Tayeb BA, Mohamed-Sharif YH, Choli FR, Haji SS, Ibrahim MM, Haji SK, Rasheed MJ, Mustafa NA. Antimicrobial Susceptibility Profile of *Listeria monocytogenes* Isolated from Meat Products: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Foodborne Pathog Dis*. 2023 Aug;20(8):315-333. doi: 10.1089/fpd.2023.0004. Epub 2023 Jun 30. PMID: 37389828.

Viazis S, Lindsay M, Cripe J, Carran S, Greenlee T, Federman SS, Schwensohn C, Nguyen TA, Chen Parker C. An Overview of Multistate Outbreak Investigations of *Salmonella* Infections

Linked to Fish and Fishery Products, United States - 2012-2021. *J Food Prot.* 2025 Jul 21;88(8):100566. doi: 10.1016/j.jfp.2025.100566. Epub 2025 Jun 18. PMID: 40541701.

Warmate D, Onarinde BA. Food safety incidents in the red meat industry: A review of foodborne disease outbreaks linked to the consumption of red meat and its products, 1991 to 2021. *Int J Food Microbiol.* 2023 Aug 2;398:110240. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110240. Epub 2023 May 3. PMID: 37167789.

WHO. Global action plan on antimicrobial resistance, pp 1, 8-11. Geneva: WHO, 2015

WHO. Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS). Tratto da <https://www.who.int/initiatives/glass>

WHO. The One Health Definition and Principles Developed by OHHLEP (2023)

WHO. The WHO AWaRe (Access, Watch, Reserve) antibiotic book (2022). Tratto da <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062382>

WHO. The WHO AWaRe (Access, Watch, Reserve) antibiotic book, pp 5. Geneva: WHO, 2022

WHO. WHO bacterial priority pathogens list, 2024: Bacterial pathogens of public health importance to guide research, development and strategies to prevent and control antimicrobial resistance. Geneva: WHO, 2024

WHO. WHO estimates of the global burden of foodborne diseases: foodborne diseases burden epidemiology reference group 2007-2015. Geneva: WHO, 2015

WHO. WHO List of Medically Important Antimicrobials. Geneva: WHO, 2024

Wise MG, Karlowsky JA, Mohamed N, Hermsen ED, Kamat S, Townsend A, Brink A, Soriano A, Paterson DL, Moore LSP, Sahm DF. Global trends in carbapenem- and difficult-to-treat-resistance among World Health Organization priority bacterial pathogens: ATLAS surveillance program 2018-2022. *J Glob Antimicrob Resist.* 2024 Jun;37:168-175. doi: 10.1016/j.jgar.2024.03.020. Epub 2024 Apr 10. PMID: 38608936.

Xianli Gao, Can Li, Ronghai He, Yaqiong Zhang, Bo Wang, Zhi-Hong Zhang, Chi-Tang Ho, Research advances on biogenic amines in traditional fermented foods: Emphasis on formation mechanism, detection and control methods, *Food Chemistry*, Volume 405, Part A, 2023, 134911, ISSN 0308-8146, <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.134911>.

Xing L, Cheng M, Wang S, Jiang J, Li T, Zhang X, Yang J, Tian Y, Liu W. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* contamination in meat and meat products: a systematic review and meta-analysis. *Front Microbiol.* 2025 Jul 15;16:1636622. doi: 10.3389/fmicb.2025.1636622. PMID: 40735619; PMCID: PMC12303875.

Zakrzewski AJ, Gajewska J, Chajęcka-Wierzchowska W, Załuski D, Zadernowska A. Prevalence of *Listeria monocytogenes* and other *Listeria* species in fish, fish products and fish processing environment: A systematic review and meta-analysis. *Sci Total Environ.* 2024 Jan 10;907:167912. doi: 10.1016/j.scitotenv.2023.167912. Epub 2023 Oct 20. PMID: 37866612.

