

SINTESI

E' di crescente preoccupazione lo sviluppo di resistenze ai macrolidi, classe di antibiotici "salvavita" nell'uomo, dovuto al loro frequente ed elevato utilizzo nella pratica veterinaria. La resistenza ai macrolidi può essere riscontrata in batteri Gram negativi (agenti patogeni zoonosici e indicatori/commensali opportunisti), spesso anche multiresistenti, potenzialmente trasmissibili all'uomo dalla produzione primaria lungo la catena alimentare. Ad oggi, le conoscenze disponibili sulla prevalenza dei geni di resistenza ai macrolidi in batteri Gram-negativi che circolano nelle filiere zootecniche italiane e del loro "genetic environment", sono ancora estremamente limitate. In tale progetto un set di isolati di agenti patogeni zoonosici (*Salmonella* spp. e *Campylobacter jejuni*) e di indicatori/commensali opportunisti (*E. coli*), rappresentativi delle produzioni animali sul territorio italiano, sono stati sottoposti oltre alle tecniche "classiche" di subtipizzazione, anche a caratterizzazione profonda tramite tecniche molecolari di Next Generation Sequencing (NGS) per sequenziare l'intero genoma (Whole Genome Sequencing, WGS). I dati ottenuti sono stati sottoposti ad analisi bioinformatica per determinare le basi genetiche della resistenza ai macrolidi (associata o meno ad altre resistenze) e caratterizzare alcuni "major zoonotic pathogens" e indicatori/commensali opportunisti come *E.coli*, che diffondono tali resistenze nelle filiere zootecniche.

Parole chiave: resistenza ai macrolidi, NGS, WGS, antibioticoresistenza, *E.coli*, *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni*

SUMMARY

Resistance to macrolides, a class of last-resort drugs in humans, is of growing concern due to their frequent use in veterinary practice. Macrolide resistance can be found in Gram negative bacteria (zoonotic pathogens or opportunistic indicators/commensals), often also multidrug-resistant, that are potentially transmissible to humans from primary production along the foodchain. To date, the available knowledge on the prevalence of macrolide resistance genes in Gram-negative bacteria circulating in the Italian livestock production system and on their "genetic environment" is still limited. In this project, a set of isolates of zoonotic pathogens (*Salmonella* spp. and *Campylobacter jejuni*) and commensal *E. coli*, representative of the national animal production systems, were analysed by "classic" molecular subtyping techniques and in-depth characterized using Next Generation Sequencing (NGS) techniques for whole genome sequencing (Whole Genome Sequencing, WGS) purposes. The obtained data were analysed with bioinformatics tools to determine the genetic basis of macrolide resistance (associated or not with other AMR genes) and characterize some "major zoonotic pathogens" and commensal bacteria, as *E. coli*, spreading in animal productions and along the food chain.

Key words: macrolide resistance, NGS, WGS, AMR, *E.coli*, *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni*