

Ricerca corrente IZS VE 10/22

Sviluppo di approcci eco-epidemiologici e molecolari per la valutazione del rischio di diffusione di determinanti genetici di antibiotico resistenza dall'ambiente marino all'uomo, attraverso il consumo di molluschi bivalvi sessili (Eco-Res)

Responsabile scientifico: Carmen Losasso

L'ambiente marino è riconosciuto come uno dei maggiori serbatoi di geni di antibiotico resistenza (ARGs), ormai considerati inquinanti ambientali (1). Gli ARGs ambientali possono essere intracellulari, e far quindi parte del genoma delle comunità batteriche residenti nell'ambiente marino (2) o extracellulari, componenti integranti della colonna d'acqua e del sedimento, altamente stabili e diffusibili, attualmente negletti (3). Entrambe queste frazioni di DNA, intracellulare (iDNA) ed extracellulare (eDNA), possono essere trasferite al microbioma residente negli animali acquatici edibili, tra cui i molluschi bivalvi sessili filtratori (MBS), e rappresentare un pericolo per la salute pubblica attraverso il loro consumo.