

Ricerca corrente IZS VE 09/10 **Attribuzione delle fonti d'infezioni umane causate da *Salmonella* Typhimurium e dalla sua variante monofasica S. 4,5,12:i:- lungo la catena alimentare**

Responsabile scientifico: dott.ssa Antonia Ricci

Abstract

L'efficace controllo delle infezioni trasmesse da alimenti richiede la conoscenza delle principali fonti e vie di trasmissione dei patogeni all'uomo. Tra i diversi approcci impiegati al fine di caratterizzare le fonti di infezioni alimentari nell'uomo quello microbiologico mira all'isolamento, identificazione e caratterizzazione del microorganismo responsabile dell'infezione. L'analisi dei dati relativi alla presenza del patogeno nelle potenziali fonti d'infezione e la comparazione dei sottotipi dell'agente isolati dall'uomo con quelli isolati nei serbatoi animali e nei veicoli alimentari rappresentano un valido strumento per individuare le fonti d'infezione più probabili.

Nell'ambito del presente progetto l'approccio microbiologico, basato sulla subtipizzazione microbica, sarà impiegato per approfondire l'epidemiologia di due sierotipi che, in Italia, sono responsabili della grande maggioranza delle infezioni da *Salmonella* nell'uomo, ovvero *Salmonella* Typhimurium (STM) e S. 4,[5],12:i:-. L'utilizzo di diverse metodologie di subtipizzazione molecolare consentirà di raccogliere informazioni sui ceppi appartenenti a questi due sierotipi isolati a diversi livelli della catena alimentare e tali dati verranno elaborati per formulare ipotesi relative alle potenziali vie di infezione per l'uomo.

La scelta di indagare questi due sierotipi nasce dal fatto che, a partire dalla fine degli anni '90, sono aumentate esponenzialmente le notifiche di episodi di malattia causati da un nuovo sierotipo di *Salmonella* con formula antigenica simile a STM, ma privo del secondo antigene flagellare. Questo sierotipo si è, in tempi relativamente brevi, diffuso nell'ambiente, in molteplici popolazioni animali (p.e. suini, bovini, avicoli, rettili). Stiamo quindi assistendo ad una rapida diffusione di questo sierotipo negli alimenti, negli animali e nell'uomo, come si è verificato qualche anno fa per i cloni epidemici di STM. Gli approfondimenti condotti su tale sierotipo emergente hanno permesso di identificare numerose similitudini con gli isolati di STM e, dal momento che è stato dimostrato che S. 4,[5],12:i:- deriva dalle linee genetiche di STM, esso è

considerato una variante monofasica di STM. Entrambi questi sierotipi sono caratterizzati da una elevata percentuale di ceppi con resistenza multipla agli antibiotici e da una distribuzione ubiquitaria e pertanto difficilmente correlabili ad una fonte specifica. È quindi importante approfondire la loro epidemiologia (es: l'evoluzione, l'ecologia, le principali vie di trasmissione) al fine di individuare le più probabili fonti d'infezione per l'uomo.