



Enter-Vet Report 2016

Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi



Enter-Vet Report 2016

A cura di/ Editor:

Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi
Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie
Viale dell'Università n. 10 - 35020 Legnaro (PD)

La preparazione del report è stata curata da/ The report was prepared by:

Veronica Cibir, Marzia Mancin, Pestelli Paola, Antonia Ricci

Il report è disponibile esclusivamente nel sito www.izsvenezie.it

The report is available at: www.izsvenezie.it

Qualsiasi utilizzo dei dati qui citati dovrebbe fare specifico riferimento al presente report
Any use of the present data should include specific reference to this report

Sommario/Index

Introduzione	6
Introduction.....	7
Elenco dei Laboratori di Riferimento/ Enter-Vet Laboratories	8
Gestione dei dati e riepilogo delle notifiche	10
Data management and Reports of <i>Salmonella</i> spp. isolates.....	11
Dati relativi alla distribuzione dei sierotipi.....	13
Data on serovar distribution.....	13
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione	17
Serovar distribution by type of sample	17
Distribuzione dei sierotipi per specie animale	23
Serovar distribution by animal species.....	23
Dati relativi alla distribuzione dei fagotipi.....	28
Data on distribution of phagetypes.....	28
Dati relativi alla distribuzione dei profili MLVA/Data on MLVA types distribution.....	33
Conclusioni	36
Conclusions.....	36

Indice delle tabelle

Tab. 1. Isolamenti di <i>Salmonella</i> spp. suddivisi per laboratorio Enter-Vet di riferimento.....	12
Tab. 2. Distribuzione degli isolati di <i>Salmonella</i> spp. per specie e sottospecie e tipo di campione.	14
Tab. 3. Numero e percentuale di ceppi isolati per specie animale.	15
Tab. 4. Distribuzione dei sierotipi isolati nelle diverse matrici.....	16
Tab. 5. Distribuzione per specie animale dei sierotipi isolati da matrice animale.....	18
Tab. 6 . Distribuzione per categoria animale di origine dei sierotipi isolati da alimenti.	19
Tab. 7. Distribuzione per specie animale dei sierotipi isolati da ambiente.....	20
Tab. 8. Distribuzione dei sierotipi isolati da campioni di acqua.....	21
Tab. 9. Distribuzione dei sierotipi isolati da campioni di mangime per categoria animale di destinazione. ...	22
Tab. 10. Distribuzione dei sierotipi più frequentemente isolati da pollo nel triennio 2014-2016.....	24
Tab. 11. Distribuzione dei sierotipi più frequentemente isolati da tacchino nel triennio 2014-2016.....	25
Tab. 12. Distribuzione dei sierotipi più frequentemente isolati da bovino nel triennio 2014-2016.....	26
Tab. 13. Distribuzione dei sierotipi più frequentemente isolati da suino nel triennio 2014-2016.....	27
Tab. 14. Distribuzione dei fagotipi della variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> isolati da alimento per specie animale.....	31
Tab. 15. Distribuzione dei fagotipi della variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> isolati da animale per specie animale.....	31

Index of tables

Table 1. Number of Salmonella spp. strains distributed for Enter-Vet reporting laboratory.	12
Table 2. Distribution of Salmonella spp. strains depending on the species, subspecies and origin of the sample.	14
Table 3. Number and percentage of strains isolated in each animal species.	15
Table 4. Distribution of serovars isolated from different matrices.	16
Table 5. Distribution by animal species of the serovars isolated from animal matrices.	18
Table 6. Distribution by animal category of origin of the serovars isolated from food samples.	19
Table 7. Distribution by animal species of the serovars isolated from environmental samples.	20
Table 8. Distribution of serovars isolated from water samples.	21
Table 9. Distribution of serovars isolated from feed samples according to the animal category for which the feed was intended.	22
Table 10. Distribution of the serovars most frequently isolated from poultry (2014-2016)	24
Table 11. Distribution of the serovars most frequently isolated from turkeys (2014-2016)	25
Table 12. Distribution of the serovars most frequently isolated from cattle (2014-2016)	26
Table 13. Distribution of the serovars most frequently isolated from pigs (2014-2016)	27
Table 14. Distribution of the monophasic variant of S. Typhimurium phage types belonging to food samples in each animal species.	31
Table 15. Distribution of the monophasic variant of S. Typhimurium phage types belonging to animal samples in each animal species.	31

Indice delle figure

Figura 1. Classificazione dei campioni di origine veterinaria inclusi in Enter-Vet.	10
Figura 2. Andamento delle frequenze di isolamento dei sierotipi prevalenti nel pollo nel periodo 2014-2016.	24
Figura 3. Andamento delle frequenze di isolamento dei sierotipi prevalenti nel tacchino nel periodo 2014-2016.	25
Figura 4. Andamento delle frequenze di isolamento dei sierotipi prevalenti nel bovino nel periodo 2014-2016.	26
Figura 5. Andamento delle frequenze di isolamento dei sierotipi prevalenti nel suino nel periodo 2014-2016.	27
Figura 6a e 6b. Confronto delle frequenze di isolamento dei fagotipi di S. Typhimurium nel periodo 2014-2016 da campioni di alimento (a) e da animali (b).	30
Figura 7a e 7b. Confronto delle frequenze di isolamento dei fagotipi della variante monofasica di S. Typhimurium nel periodo 2013-2015 da campioni di alimento (a) e da animali (b).	32

Index of figures

Figure 1. Classification of samples of veterinary origin included in Enter-Vet.	11
Figure 2. Distribution of the most frequently isolated serovars reported over the period 2014-2016 from poultry.	24
Figure 3. Distribution of the most frequently isolated serovars reported over the period 2014-2016 from turkeys.	25

Figure 4. Distribution of the most frequently isolated serovars reported over the period 2014-2016 from cattle..... 26

Figure 5. Distribution of the most frequently isolated serovars reported over the period 2014-2016 from pigs..... 27

Figure 6a and 6b. Frequency variation in the number of reports of *S. Typhimurium* phagetypes isolated from food (a) and animal (b) samples over the period 2014-2016..... 30

Figure 7a and 7b. Frequency variation in the number of reports of the monophasic variant of *S. Typhimurium* phage types isolated from food (a) and animal (b) samples over the period 2013-2015. 32

Introduzione

Il report presenta i dati relativi a sierotipi e fagotipi di ceppi di *Salmonella* isolati da matrici veterinarie nel 2016, raccolti dai laboratori di riferimento della rete Enter-vet e trasmessi al Centro di Riferenza Nazionale per le Salmonellosi (CRNS).

Il report si articola nelle seguenti sezioni:

- gestione dei dati e riepilogo delle notifiche;
- esiti della sierotipizzazione delle salmonelle;
- esiti della fagotipizzazione di *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* e della variante monofasica di *S. Typhimurium*.
- esiti della determinazione del profilo MLVA di una selezione di ceppi di *S. Typhimurium* e *S. Typhimurium* variante monofasica.

Il report è disponibile esclusivamente online accedendo al sito www.izsvenezie.it, quindi alle pagine dedicate al Centro di Riferenza Nazionale per le Salmonellosi.

A garanzia della qualità dei dati analitici prodotti dai laboratori, il Centro di Riferenza Nazionale per le Salmonellosi ha organizzato, anche nel 2016, come di consuetudine, un circuito interlaboratorio di isolamento di *Salmonella* spp. e uno di sierotipizzazione a cui hanno preso parte tutti i laboratori afferenti alla rete Enter-Vet.

Nell'ambito della presente pubblicazione, un ringraziamento particolare deve essere rivolto a tutti coloro che hanno partecipato ed in particolare ai colleghi degli Istituti Zooprofilattici che analizzano i campioni, raccolgono e inviano i dati su base volontaria.

Infine, invito tutti coloro che utilizzano queste informazioni a trasmetterci commenti e suggerimenti che saranno presi in considerazione al fine di migliorare la qualità del report.

Antonia Ricci

Direttore del Laboratorio Nazionale di Riferimento per le Salmonelle

Introduction

The report presents data on serovars and phage-types of *Salmonella* isolates from veterinary matrices in 2016, collected by the laboratories participating in the Enter-vet net and submitted to the Italian Reference Laboratory for Salmonella (CRNS).

The report includes the following sections:

- data management and summary of the reported data
- results of *Salmonella* serotyping
- results of *S. Enteritidis* and *S. Typhimurium* (including the monophasic variant) phage-typing
- results of *S. Typhimurium* and *S. Typhimurium* monophasic variant MLVA profile determination

This report is available only as an on-line version (www.izsvenezie.it, pages dedicated to the reference laboratory).

In order to guarantee the quality of the data obtained by Enter-vet laboratories, the National Reference Laboratory for Salmonella organized, in 2015, as in the previous years, interlaboratory comparison studies to test the ability of the participating laboratories to isolate and serotype *Salmonella*.

Hereby I express my gratitude to all persons whose job has been fundamental for the preparation of this report and in particular to colleagues at the Istituti Zooprofilattici who analyze samples, collect and send data on a voluntary basis.

Finally, I would like to invite people using the data reported in this document to send us comments and suggestions that will be taken into account in order to improve the quality of the report.

Antonia Ricci
Director of the National Reference Laboratory for Salmonella

Elenco dei Laboratori di Riferimento/ Enter-Vet Laboratories

1. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta

Laboratorio Controllo Alimenti

Via Bologna, 148 10154 Torino

Tel 011/2686233 - 335 | Fax 011/2473450

Referente/ Contact person:

Dott.ssa Lucia De Castelli - lucia.decastelli@izsto.it

Dott.ssa Silvia Gallina - silvia.gallina@izsto.it

certis@izsto.it

2. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lombardia ed Emilia Romagna

Dipartimento di Diagnostica Specializzata – Reparto di Batteriologia Specializzata

Via A. Bianchi, 9 25124 Brescia

Tel 030/2290323 - 268

Referente/Contact person:

Dott. Mario D'Incau - mario.dincau@izsler.it

3. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche (Perugia)

Via G. Salvemini, 1 06126 Perugia

Laboratorio di Microbiologia degli Alimenti

Tel 075/343269 | Fax 075/35047

Referente/ Contact person:

Dott.ssa Stefania Scuota - s.scuota@izsum.it

4. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche (Macerata)

Via Maestri del Lavoro 7, 62029 Tolentino (MC)

Tel 0733/262206 | Fax 0733/262069

Referente/ Contact person:

Dott.ssa Monica Staffolani - m.staffolani@izsum.it

Dott.ssa Laura Medici - l.medici@izsum.it

Dott. Stefano Fisichella - s.fisichella@izsum.it

Dott.ssa Maira Napoleoni – m.napoleoni@izsum.it

5. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lazio e Toscana

Microbiologia degli alimenti

Via Appia Nuova, 1411 00178 Roma

Tel 06/79099423 | Fax 06/79340724

Referente/ Contact person:

Dott. Stefano Bilei - stefano.bilei@izslt.it

6. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Abruzzo e Molise

Reparto di Igiene delle Tecnologie Alimentari e dell'Alimentazione Animale

Campo Boario, 64100 Teramo

Tel 0861/332259 | Fax 0861/332251

Referente/ Contact person:

Dott.ssa Elisabetta Di Giannatale - e.digiannatale@izs.it

Dott.ssa Romana Romantini – r.romantini@izs.it

7. Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Mezzogiorno

Dipartimento di Ispezione degli Alimenti di Origine Animale

Via Salute, 2 80055 Portici (Na)

Tel 081/7865213 | Fax 081/7766495

Referente/ Contact person:

Dott.ssa. Maria Rosaria Carullo - mariarosaria.carullo@cert.izsmportici.it

Dott.ssa Debora Cozza – debora.cozza@cert.izsmportici.it

8. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Puglia e Basilicata

Unità Operativa Batteriologia Alimentare

Via Manfredonia, 20 71100 Foggia

Tel 0881/786319 | Fax 0881/786362

Referente/ Contact person:

Dott.ssa Elisa Goffredo - elisa.goffredo@izspb.it

Dott.ssa Rosa Coppola – rosa.coppola@izspb.it

9. Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia

Settore Diagnostica Specialistica - Laboratorio di Batteriologia Speciale

Via Rocco Dicillo, 4 90129 Palermo

Tel 091/6565305 | Fax 091/6570803

Referente/ Contact person:

Dott.ssa Chiara Piraino - chiara.piraino@izssicilia.it

Dott. Franco Sciarba – franco.sciarba@gmail.com

10. Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sardegna

Via Duca degli Abruzzi, 8 07100 Sassari

Sede centrale di Sassari- Dipartimento di Sanità animale

Laboratorio di Batteriologia Speciale

Tel. 079 2892327-Fax 079 2892324

Referente/ Contact person:

Dott. Stefano Lollai - stefano.lollai@izs-sardegna.it

Dott.ssa Vittoria D'Ascenzo – vittoria.dascenzo@izs-sardegna.it

Gestione dei dati e riepilogo delle notifiche

Il sistema Enter-Vet, attivo dal 2002, ha la finalità di raccogliere, a livello nazionale, i dati relativi alla caratterizzazione degli isolati di *Salmonella* spp. da campioni di origine veterinaria, nonché i correlati dati epidemiologici. In questo undicesimo report vengono presentati i dati raccolti nel 2016.

I nodi della rete Enter-Vet sono rappresentati dagli Istituti Zooprofilattici Sperimentali (IZZSS), con il coordinamento del Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi (CRNS). Gli Istituti inviano al CRNS, su base volontaria, i dati relativi alla tipizzazione dei ceppi di *Salmonella* spp. oltre che alcuni stipiti (in particolare i ceppi appartenenti ai sierotipi *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* e la variante monofasica di *S. Typhimurium*) da sottoporre a tipizzazione fagica e/o determinazione del profilo MLVA. I dati 2016, comprensivi delle informazioni epidemiologiche, sono stati trasmessi attraverso un database Access fornito ai laboratori dal CRNS.

È importante sottolineare che la trasmissione volontaria dei dati, nonché la mancanza di criteri specifici per la selezione dei campioni da sottoporre ad analisi, rende poco affidabile la valutazione di trend ma permette di ottenere indicazioni sulla persistenza ed emergenza di particolari sierotipi/fagotipi in specifici contesti.

La sierotipizzazione viene eseguita dai laboratori afferenti alla rete secondo il sistema di Kauffmann-White-Le Minor, mentre la fagotipizzazione è eseguita presso il CRNS seguendo gli schemi forniti dall'istituto Health Protection Agency (Colindale, London, UK).

La determinazione del profilo di MLVA dei sierotipi *S. Typhimurium* e la variante monofasica di *S. Typhimurium* è eseguito presso il CRNS secondo la procedura fornita dall'European Centre for Disease prevention and Control (ECDC).

La tipologia di campioni di origine veterinaria da cui viene isolata *Salmonella* spp. e previsti nel database Enter-Vet sono presentati in figura 1.



Figura 1. Classificazione dei campioni di origine veterinaria inclusi in Enter-Vet

Indipendentemente dal tipo di matrice, i campioni vengono sempre riferiti alla specie animale a cui il campione risulta, direttamente o indirettamente, riconducibile.

In riferimento al 2016, sono stati trasmessi dati per un totale di 3.534 isolati (Tabella 1), un numero quindi significativamente superiore al 2015 (dati 2015 relativi a 2.824 isolati). Il maggior numero di ceppi, deriva da animale (39%), gli isolati da alimento rappresentano il 36%, mentre

ambiente, acqua e mangime sono rappresentati in percentuale più limitata e senza significative variazioni rispetto agli anni precedenti; si evidenzia un consistente numero di isolati di cui non è nota l'origine (20%). Per quanto riguarda le specie animali principalmente interessate dagli isolamenti di *Salmonella* spp. al primo posto troviamo suino, cui si riferisce circa il 32% del totale degli isolati, seguito da pollo (26%).

Data management and Reports of *Salmonella* spp. isolates

The Enter-Vet system, which was conceived in 2002, has the objective to collect, at national level, analytical data on *Salmonella* isolates from samples of veterinary origin, as well as the relevant epidemiological data. In this 10° report, data collected in 2016 are presented.

The Enter-Vet net nodes are the Istituti Zooprofilattici Sperimentali (IIZZSS) coordinated by the National Reference Laboratory for Salmonella (CRNS); IIZZSS send to CRNS, on a voluntary basis, data resulting from serotyping of *Salmonella* isolates. Moreover, they submit a selection of isolates belonging to *S. Enteritidis*, Typhimurium and monophasic variant of *S. Typhimurium* for phage typing and/or determination of MLVA profile. Data, including epidemiological information, are submitted through an Access data base that is annually provided by the CRNS.

It is important to underline that the absence of an obligation to send data as well as of criteria to select samples to be submitted hampers the robustness of trends evaluation, although this data collection does provides information on persistence and emergence of certain serovars/phage-types in specific contexts.

Serotyping is performed by laboratories of the Enter-vet net according to the Kauffmann-White-Le Minor scheme, while phage typing is performed by CRNS following the schemes provided by the Health Protection Agency (Colindale, London, UK).

The determination of MLVA profile is performed according the procedure provided by the European Centre for Disease prevention and Control (ECDC).

The type of samples of veterinary origin from which *Salmonella* were isolated and included in the Enter-Vet data base are shown in Figure 1.

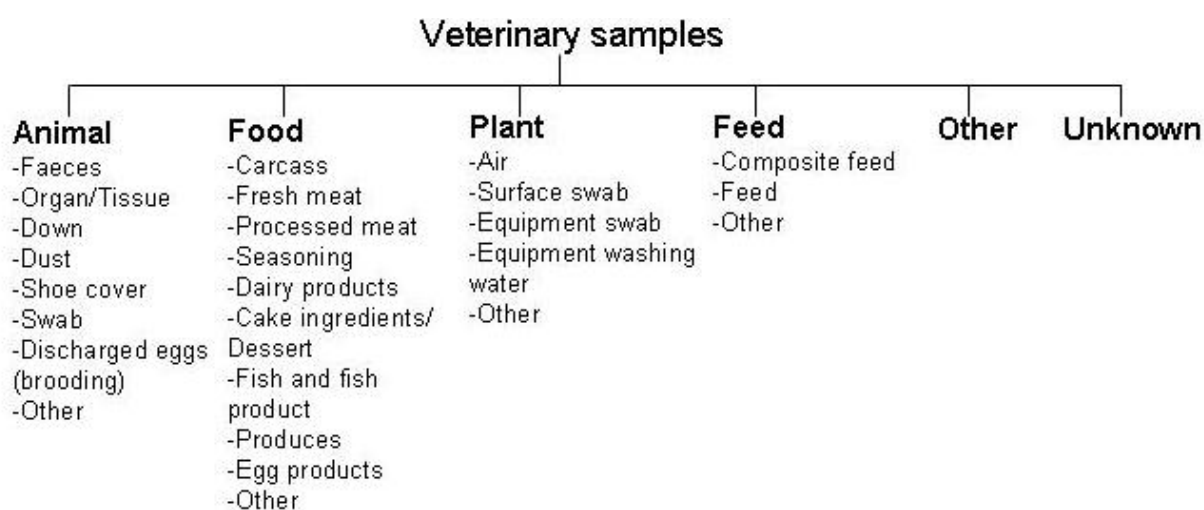


Figure 1. Classification of samples of veterinary origin included in Enter-Vet

Samples were always categorized independently by the type of matrix, according to the animal species to which the sample was directly or indirectly related.

In 2016, data on 3,534 isolates were submitted (Table 1), a higher number compared to 2015 (when data related to 2,824 strains were reported).

Most of the isolates, derive from animal (39%); isolates from food represent the 36%, while isolates from the environment, water or feed are reported less frequently with no significant changes compared to the previous years. For a significant number of isolates (20 no reference to the origin is available).

As regards animal species, the most frequently reported one is pig with 32% of the isolates, followed by poultry (26%).

Laboratorio Enter-Vet di riferimento Enter-Vet laboratory	N° di ceppi notificati Number of strains reported
IZS Lombardia ed Emilia Romagna	1430
IZS delle Venezie	1009
IZS Umbria e Marche (Perugia)	213
IZS Lazio e Toscana	170
IZS Piemonte Liguria e Valle d'Aosta	148
IZS Abruzzo e Molise	146
IZS del Mezzogiorno	131
IZS Umbria e Marche (Macerata)	129
IZS Sicilia	55
IZS Sardegna	52
IZS Puglia e Basilicata	51
Totale/Total	3534

Tab. 1. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per laboratorio Enter-Vet di riferimento.

Table 1. Number of *Salmonella* spp. strains distributed for Enter-Vet reporting laboratory.

Dati relativi alla distribuzione dei sierotipi

Analisi di dettaglio in merito alla distribuzione dei sierotipi sono effettuate esclusivamente per *Salmonelle* appartenenti alla specie *enterica* sub-specie *enterica*, cui si riferisce la maggior parte dei dati, come si evince dalla tabella 2.

Osservazioni di modifiche negli anni in merito alla frequenza di distribuzione dei sierotipi devono necessariamente tenere conto del fatto che sono possibili delle variazioni nel tempo anche significative nel numero di isolati sottoposti a sierotipizzazione per specie animale e/o matrice.

Nel 2016 l'isolamento di sierotipi di *Salmonella* considerati rilevanti per la salute pubblica, ovvero *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium*, *S. Typhimurium* variante monofasica, è avvenuto con una frequenza, nel complesso, pari al 31%, senza variazioni quindi rispetto agli anni precedenti.

La frequenza di isolamento di ceppi di variante monofasica di *S. Typhimurium* (pari al 17%) non presenta significative modifiche rispetto al 2015, mentre la frequenza di isolamento di *S. Typhimurium* (pari al 9%) è inferiore rispetto al 2015 (13%); infine la frequenza di isolamento di *S. Enteritidis* rimane inferiore al 5% (tabella 4).

Data on serovar distribution

As regards distribution of serovars, only isolates belonging to *Salmonella enterica* subspecies *enterica* are considered, as they represent the majority of the data (table 2).

Any possible conclusions on changes in serovar distribution over time must be made considering that significant variations in the number of isolates submitted to serotyping per animal species and/or type of matrix are possible.

In 2016, serovars with public health significance, *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* and *S. Typhimurium* monophasic variant, were isolated (all three together) with the same frequency of the previous years (31%).

In 2016 the frequency of isolation of *S. Typhimurium* monophasic variant (about 17%) does not show changes compared to 2015 while that one of *S. Typhimurium* (about 9%) is lower compared to 2015; the isolation frequency of *S. Enteritidis* doesn't present major changes being lower than 5% (table 4).

Tipo di campione Origin of the sample	<i>enterica</i> sub. <i>enterica</i>	<i>enterica</i> sub. <i>diarizonae</i>	<i>enterica</i> sub. <i>salamae</i>	<i>enterica</i> sub. <i>arizonae</i>	<i>enterica</i> sub. <i>houtenae</i>	<i>bongori</i>	Totale Total
Animale / Animal	1317	34	10	9	2		1372
Alimento / Food	1258	9	2	1	1	1	1272
Mangime / Feed	100					1	101
Ambiente / Environment	53						53
Acqua / Water	32						32
Non noto / Unknown	702	2					704
Totale/ Total	3462	45	12	10	3	2	3534

Tab. 2. Distribuzione degli isolati di *Salmonella* spp. per specie e sottospecie e tipo di campione.

Table 2. Distribution of *Salmonella* spp. strains depending on the species, subspecies and origin of the sample.

Specie / Species	N. di ceppi N. strains	%
Suino / Pig	1161	32,85
Pollo / Chicken	933	26,40
Non noto / Unknown	614	17,37
Bovino / Cattle	191	5,40
Altra specie / Other species**	169	4,78
Tacchino / Turkey	137	3,88
Pecora / Sheep	62	1,75
Cinghiale / Wild boar	61	1,73
Molluschi / Shellfish	59	1,67
Bufalo / Buffalo	34	0,96
Bovino-Suino / Cattle-Pig	20	0,57
Non pertinente / Not pertinent*	16	0,45
Piccione / Pigeon	16	0,45
Tartaruga / Tortoise	13	0,37
Anatra / Duck	11	0,31
Pollo-Suino/ Chicken- Pig	10	0,28
Rettile / Reptile	8	0,23
Equino / Horse	5	0,14
Capra / Goat	5	0,14
Quaglia / Quail	5	0,14
Coniglio / Rabbit	3	0,08
Faraona / Guinea fowl	1	0,03
Totale/Total	3534	100,00

*si tratta di campioni "non veterinari"/ this refers to "not veterinary" samples

**si tratta di campioni di alimento cui partecipano diverse specie / this refers to food samples based on different species

Tab. 3. Numero e percentuale di ceppi isolati per specie animale.

Table 3. Number and percentage of strains isolated in each animal species.

Sierotipo / Serovar	Animale Animal	Alimento Food	Mangime Feed	Ambiente Environment	Acqua Water	Totale Total	%
Typhimurium var. monofasica	220	297	1	10	2	612	17,68
Infantis	159	201	6	5	1	499	14,41
Typhimurium	124	63	5	2	13	337	9,73
Derby	66	217	3	6		324	9,36
Livingstone	140	17	24	2		254	7,34
Kentucky	120	9	2	2		151	4,36
Rissen	36	79	1		2	136	3,93
Enteritidis	58	26		1		123	3,55
Brandenburg	7	41		3		56	1,62
Bredeney	8	29	1	3		56	1,62
London	9	40	3			55	1,59
Newport	8	20				40	1,16
Senftenberg	13		7	1		36	1,04
Choleraesuis	33					33	0,95
Give	9	18	1		2	32	0,92
Muenchen	11	16	1			31	0,90
Abortusovis	31					31	0,90
Dublin	12	11				25	0,72
Thompson	12	4	2	5	1	25	0,72
Veneziana	18	5			1	25	0,72
Agona	8	8	3	1		24	0,69
Kedougou	8	10	1			22	0,64
Napoli	15	3			1	20	0,58
Altro/ Other*	20	15	10			49	1,42
Altro sierotipo/ Other serovar**	172	129	29	12	9	466	13,46
Totale/ Total	1317	1258	100	53	32	3462	100

* isolati per cui non è stato possibile identificare il sierotipo/strains for which it was not possible to identify the serovar.

** sierotipi isolati con frequenza inferiore a 20/ serovars isolated with a frequency below 20.

Tab. 4. Distribuzione dei sierotipi isolati nelle diverse matrici.

Table 4. Distribution of serovars isolated from different matrices.

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione

Osservando i dati relativi agli isolati da matrice animale (tabella 5) si può notare come, per quanto riguarda il pollo, i sierotipi più frequentemente isolati sono *S. Infantis*, *S. Livingstone* e *S. Kentucky*; *S. Enteritidis* occupa la quarta posizione (quindi risale di una posizione rispetto al 2015).

Nel caso del suino il sierotipo più frequentemente isolato risulta essere *S. Typhimurium* variante monofasica (circa il 40% dei casi).

Nel caso degli isolati da alimenti (tabella 6), circa la metà degli isolati deriva dal suino dove dominano *S. Typhimurium* variante monofasica e *S. Derby*.

Nel caso di isolati da ambiente (tabella 7) il 26% degli isolati è riferibile a suino, ed i sierotipi predominanti sono variante monofasica di *S. Typhimurium* e *S. Derby*.

Per quanto riguarda l'acqua (tabella 8), il numero di isolati riferibili a questa matrice è aumentato notevolmente rispetto al 2015, ciò che si nota, come gli anni precedenti, è una elevata eterogeneità dei sierotipi isolati.

Anche per quanto riguarda il mangime (tabella 9) si evidenzia un aumento significativo del numero degli isolati; così come per i dati 2015 risulta estremamente elevato il numero di isolati che non sono riconducibili ad una specie definita (77%); per quanto riguarda la frequenza di isolamento dei sierotipi si nota rispetto al 2015 un aumento di *S. Infantis* ed un calo di *S. Typhimurium* variante monofasica.

Serovar distribution by type of sample

Observing the data on isolates from animal matrices (Table 5), as far as poultry is concerned, the most frequently identified serovars are *S. Infantis*, *S. Livingstone* and *S. Kentucky*; *S. Enteritidis* occupies the fourth position (it was the fifth in 2015).

In the case of pigs, the most frequently isolated serovar is *S. Typhimurium* monophasic variant (about 40% of the isolates).

Regarding isolates from food (Table 6), the isolates derive most frequently from pigs (around 50%), and *S. Typhimurium* monophasic variant together with *S. Derby* predominate.

As regards environmental samples (Table 7), pig is the most represented reservoir in 2016 (26%), and therefore predominant serovars are *S. Typhimurium* monophasic variant and *S. Derby*.

As far as water is concerned (Table 8), a significant increase of reports for this matrix is observed and an heterogeneity of serovars.

Finally, in feed (Table 9) an increase in the number of reports is highlighted and as in 2015 a huge number of isolates are not related to any particular animal species (77%); among the most frequently isolated serovars a significant increase of *S. Infantis* and a decrease of *S. Typhimurium* monophasic variant is highlighted.

Sierotipo / Serovar	Altra specie animale Other animal species	Anatra Duck	Bovino Cattle	Bufalo Buffalo	Capra Goat	Cinghiale Wild boar	Coniglio Rabbit	Equino Horse	Non noto Unknown	Pecora Sheep	Piccione Pigeon	Pollo Chicken	Quaglia Quail	Rettile Reptile	Suino Pig	Tacchino Turkey	Tartaruga Tortoise	Totale Total
Typhimutium var. monofasica	10	34	3	1		1		2	8	1		7			152	1		220
Infantis	3	1							4			141			6	4		159
Livingstone	1	3	3						1			127			5			140
Typhimurium	29	50		2	1	1			1		11	7	2		18	2		124
Kentucky												107			13			120
Derby	1	1	2						1		1	4			48	8		66
Enteritidis	9	1			5				1	1	1	28			12			58
Rissen	1		1						1			4			29			36
Choleraesuis												1			32			33
Abortusovis										31								31
Veneziana	5	1			7		1					3			1			18
Napoli	2				9				1	1		2						15
Senftenberg								1				7				5		13
Dublin		11													1			12
Thompson	4						1					7						12
Kottbus	1	4	3		1				1								2	12
Muenchen	3		3									2			3			11
Altro/ Other*	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	4	0	0	10	1		20
Altro sierotipo/ Other serovar**	31	10	18	1	18	0	3	0	2	1	0	74	1	1	43	3	11	217
Totale/ Total	101	117	33	5	42	2	5	3	21	36	13	525	3	1	373	24	13	1317

* isolati per cui non è stato possibile identificare il sierotipo/ strains for which it was not possible to identify the serovar.

** sierotipi isolati con frequenza inferiore a 5 / serovars isolated with a frequency below 5.

Tab. 5. Distribuzione per specie animale dei sierotipi isolati da matrice animale.

Table 5. Distribution by animal species of the serovars isolated from animal matrices.

Sierotipo / Serovar	Varie specie/ Various species	Duck Anatra	Cattle Bovino	Cattle-Pig Bovino-Suino	Rabbit Coniglio	Wild boar Cinghiale	Shellfish Molluschi	Unknown Non noto	Not pertinent Non pertinente	Sheep Pecora	Pigeon Piccione	Chicken Pollo	Chicken-Pig Pollo-Suino	Quail Quaglia	Pig Suino	Turkey Tacchino	Total Totale
Typhimutium var. monofasica	7	2	10	8			14	37				3			216		297
Derby	6		6	2			3	12		1				1	184	2	217
Infantis	8		5				1	49				108	1		20	9	201
Rissen	1		1				3	5							69		79
Typhimurium	4	1	4				7	17	2					1	27		63
Brandenburg							1	4							36		41
London			2				1	1				1			33	2	40
Bredeney				1			1	6				4			7	10	29
Enteritidis	2	5			1		1	1	3			13					26
Newport						1	2					6				11	20
Give			2				1	2							12	1	18
Livingstone	1											2			14		17
Muenchen			1									9			6		16
Saintpaul																11	11
Dublin			11														11
Bovismorbificans							1	2							8		11
Kedougou								2				6			1	1	10
Altro/ Other*	1							4				1	5		3	1	15
Altro sierotipo/ Other serovar**	8	2	7	3	0	1	14	32	4	2	1	15	0	0	34	13	136
Totale/ Total	38	10	49	14	1	2	50	174	9	3	1	168	6	2	670	61	1258

* isolati per cui non è stato possibile identificare il sierotipo/ strains for which it was not possible to identify the serovar.

** sierotipi isolati con frequenza inferiore a 10/ serovars isolated with a frequency below 10.

Tab. 6 . Distribuzione per categoria animale di origine dei sierotipi isolati da alimenti.

Table 6. Distribution by animal category of origin of the serovars isolated from food samples

Sierotipo / Serovar	Altra specie animale Other animal species	Non noto Unknown	Non pertinente* Not pertinent*	Bovino Cattle	Pollo Chicken	Suino Pig	Totale Total
Typhimutium var. monofasica		3				7	10
Hato		1	7				8
Derby		1				5	6
Thompson		5					5
Infantis		1			3	1	5
Brandenburg		3					3
Cerro	1	2					3
Bredeney		3					3
Typhimurium				1	1		2
Kentucky		1			1		2
Livingstone		1			1		2
Senftenberg		1					1
Enteritidis					1		1
Stanleyville		1					1
Agona						1	1
Totale/ Total	1	23	7	1	7	14	53

*si tratta di campioni "non veterinari" / this refers to "not veterinary" samples

Tab. 7. Distribuzione per specie animale dei sierotipi isolati da ambiente.

Table 7. Distribution by animal species of the serovars isolated from environmental samples.

Sierotipo / Serovar	Totale Total	%
Typhimurium	13	40,63
Coeln	3	9,38
Rissen	2	6,25
Give	2	6,25
Typhimutium var. monofasica	2	6,25
Goettingen	1	3,13
Thompson	1	3,13
Stanleyville	1	3,13
Veneziana	1	3,13
Gaminara	1	3,13
Corvallis	1	3,13
Infantis	1	3,13
Vitkin	1	3,13
Muenster	1	3,13
Napoli	1	3,13
Totale/ Total	32	100

Tab. 8. Distribuzione dei sierotipi isolati da campioni di acqua.

Table 8. Distribution of serovars isolated from water samples.

Tipo di acqua/ Type of water	Totale Total
Di mare	27
Non noto	3
Potabile	1
Altro	1
Totale/ Total	32

Tab. 8bis. Distribuzione dei campioni di acqua per tipologia.

Table 8bis. Distribution of water samples according to type.

Sierotipo / Serovar	Non noto Unknown	Varie specie/ Various species	Bovino Cattle	Pollo Chicken	Suino Pig	Totale Total
Livingstone	20			2	2	24
Senftenberg	5	2				7
Infantis	5	1				6
Typhimurium	1	2	1		1	5
Mbandaka	4					4
Muenster	4					4
Anatum	4					4
Agona	2	1				3
Derby	3					3
Cerro	3					3
London	3					3
Hato	3					3
Llandoff	1		1			2
Thompson	1			1		2
Kentucky				2		2
Fischerhuetten	1					1
Aberdeen	1					1
Stanley				1		1
Give	1					1
Worthington				1		1
Apeyeme	1					1
Isangi	1					1
Montevideo	1					1
Kedougou					1	1
Muenchen	1					1
Typhimurium var. monofasica					1	1
Bredeney	1					1
Adelaide	1					1
Orion	1					1
Rissen	1					1
Altro/ Other*	7			3		10
Totale/ Total	77	6	2	10	5	100

* isolati per cui non è stato possibile identificare il sierotipo/ strains for which it was not possible to identify the serovar.

Tab. 9. Distribuzione dei sierotipi isolati da campioni di mangime per categoria animale di destinazione.

Table 9. Distribution of serovars isolated from feed samples according to the animal category for which the feed was intended.

Distribuzione dei sierotipi per specie animale

Entrando nel dettaglio delle singole specie animali si nota come nel caso del pollo (tabella 10, figura 2) *S. Infantis* risulta essere il sierotipo più isolato anche nel 2016, confermando la tendenza degli ultimi anni. Per quanto riguarda *S. Enteritidis* si conferma un trend decrescente.

Nel caso del tacchino (tabella 11, figura 3) nel 2016 si evidenzia un cambiamento rispetto al 2015, con considerevole riduzione degli isolamenti di *S. Typhimurium*, ciò è attribuibile al fatto che nel 2015 gli isolati di *S. Typhimurium* erano riferibili al medesimo focolaio. Nel tacchino i sierotipi più frequenti nel 2016 sono *S. Newport*, *S. Senftenberg* e *S. Bredeney*.

Per quanto riguarda il bovino (tabella 12 e figura 4) nel 2016 circa la metà degli isolati sono riferibili a *S. Typhimurium* e *S. Typhimurium* variante monofasica anche se rispetto al 2015 si nota una riduzione di *S. Typhimurium* ed un aumento di *S. Typhimurium* variante monofasica.

Nel caso del suino (tabella 13 e figura 5), nel 2016 non si osservano variazioni rispetto agli anni precedenti: *S. Typhimurium* variante monofasica sommata a *S. Derby*, supera il 50% del totale degli isolati.

Serovar distribution by animal species

Looking at the isolates by animal species, it is evident that in poultry (Table 10, figure 2), *S. Infantis* is the most frequent serovar also in 2016, thus confirming the epidemiological trend of the last three years. As regards *S. Enteritidis* a decreasing trend is noticed.

In turkeys (Table 11, figure 3), in 2016 the epidemiological situation changed compared to the preceding year due to a significant decrease of *S. Typhimurium* isolates, anyway this changing is just apparent because since it is influenced by the fact that most of the isolates reported in 2015 belonged all to the same outbreak. In 2016 the most frequent serovars in turkeys were *S. Newport*, *S. Senftenberg* and *S. Bredeney*. In cattle (Table 12 and figure 4), in 2016 nearly the half of the isolates belong to *S. Typhimurium*, followed by its monophasic variant.

In the case of pigs (Table 13, figure 5) in 2016 no changes could be observed compared to the previous years: *S. Typhimurium* monophasic variant, together with *S. Derby*, account for more than 50% of the isolates.

Sierotipo / Serovars	N.isolamenti per anno N. reports per year			%		
	2014	2015	2016	2014	2015	2016
Infantis	220	198	345	27,16	34,80	36,98
Livingstone	85	40	196	10,49	7,03	21,01
Kentucky	107	103	125	13,21	18,10	13,40
Enteritidis	68	40	50	8,40	7,03	5,36
Muenchen	5	4	13	0,62	0,70	1,39
Typhimurium	16	23	12	1,98	4,04	1,29
VMST***	6	9	11	0,74	1,58	1,18
Thompson	30	9	9	3,70	1,58	0,96
Senftenberg	14	9	8	1,73	1,58	0,86
Newport	1	3	8	0,12	0,53	0,86
Kedougou	6	1	8	0,74	0,18	0,86
Mbandaka	33	0	8	4,07	0,00	0,86
Altro/ Other*	20	15	11	2,47	2,64	1,18
Altro sierotipo/ Other serovar**	199	115	129	24,57	20,21	13,83
Totale/ Total	810	569	933	100,00	100,00	100,00

* isolati per cui non è stato possibile identificare il sierotipo/ strains for which it was not possible to identify the serovar.

** sierotipi isolati nel 2016 con frequenza inferiore al 8/ serovars isolated in 2015 with a frequency below 8.

***Typhimurium var monofasica/ monophasic variant

Tab. 10. Distribuzione dei sierotipi più frequentemente isolati da pollo nel triennio 2014-2016

Table 10. Distribution of the serovars most frequently isolated from poultry (2014-2016)

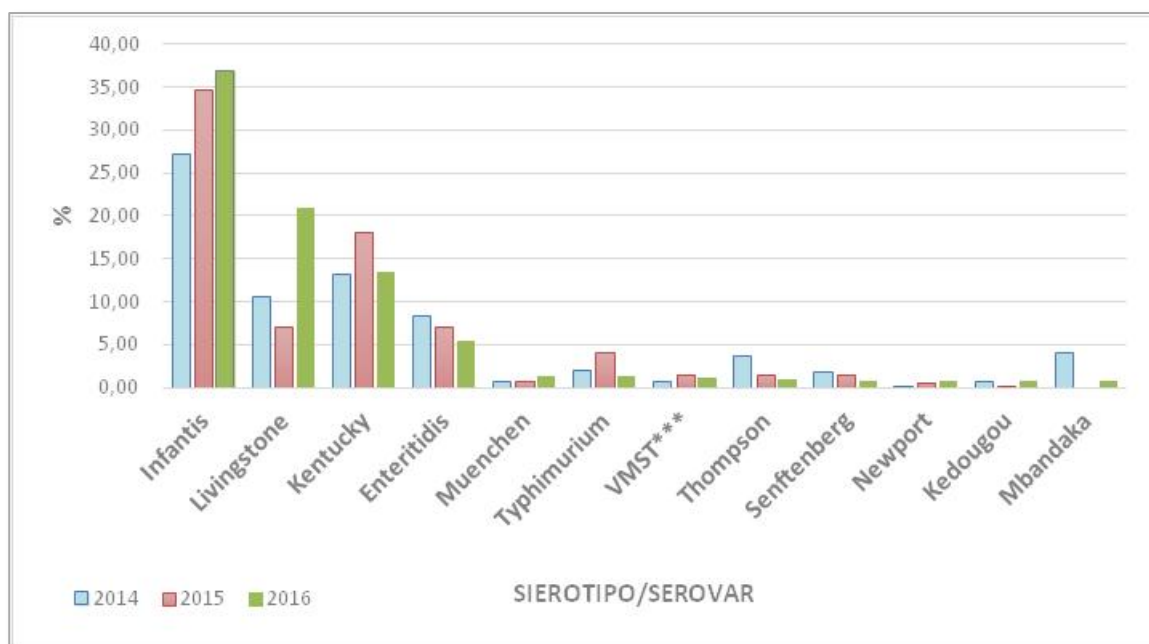


Figura 2. Andamento delle frequenze di isolamento dei sierotipi prevalenti nel pollo nel periodo 2014-2016

Figure 2. Distribution of the most frequently isolated serovars reported over the period 2014-2016 from poultry

Sierotipo / Serovars	N.isolamenti per anno N. reports per year			%		
	2014	2015	2016	2014	2015	2016
Newport	15	5	23	11,28	7,25	16,79
Senftenberg	0	5	19	0,00	7,25	13,87
Bredeney	3	3	18	2,26	4,35	13,14
Infantis	10	8	14	7,52	11,59	10,22
Saintpaul	21	3	11	15,79	4,35	8,03
Derby	4	6	10	3,01	8,70	7,30
Indiana	0	0	7	0,00	0,00	5,11
Kentucky	1	1	7	0,75	1,45	5,11
Typhimurium	7	16	4	5,26	23,19	2,92
Altro/ Other*	2	0	3	1,50	0,00	2,19
Altro sierotipo/ Other serovar**	70	22	21	52,63	31,88	15,33
Totale/ Total	133	69	137	100,00	100,00	100,00

* isolati per cui non è stato possibile identificare il sierotipo/ strains for which it was not possible to identify the serovar.

** sierotipi isolati nel 2015 con frequenza inferiore al 4/ serovars isolated in 2015 with a frequency below 4.

Tab. 11. Distribuzione dei sierotipi più frequentemente isolati da tacchino nel triennio 2014-2016

Table 11. Distribution of the serovars most frequently isolated from turkeys (2014-2016)

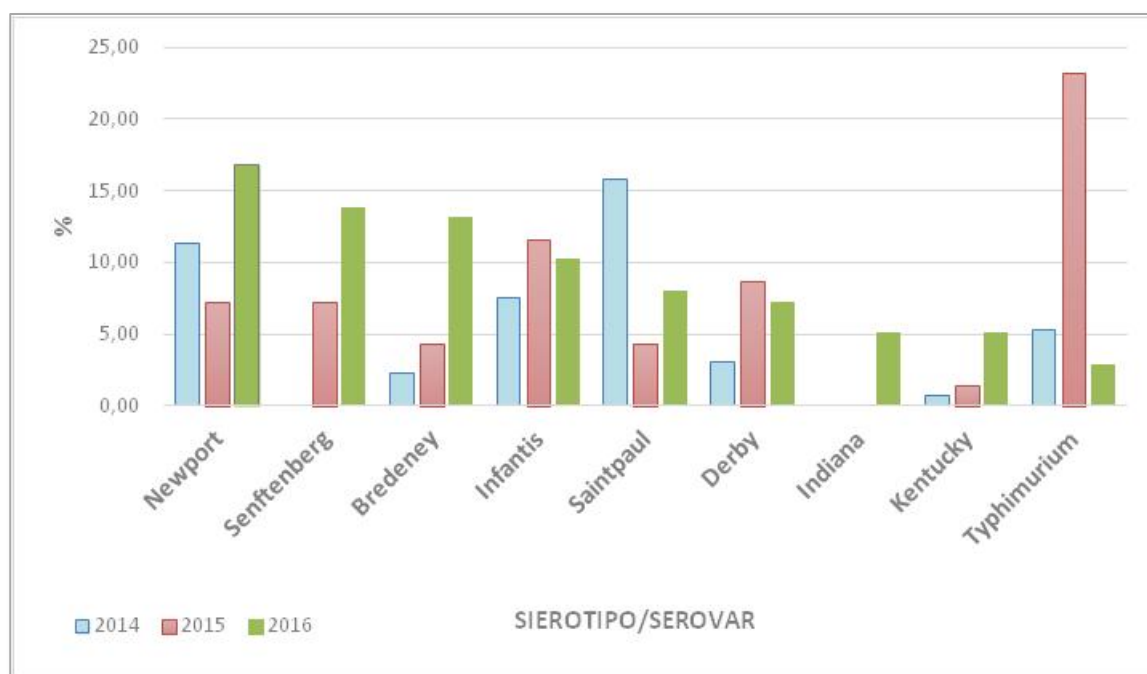


Figura 3. Andamento delle frequenze di isolamento dei sierotipi prevalenti nel tacchino nel periodo 2014-2016

Figure 3. Distribution of the most frequently isolated serovars reported over the period 2014-2016 from turkeys

Sierotipo / Serovars	N.isolamenti per anno N. reports per year			%		
	2014	2015	2016	2014	2015	2016
Typhimurium	65	80	61	59,63	46,78	31,94
VMST***	25	26	51	22,94	15,20	26,70
Dublin	26	15	23	23,85	8,77	12,04
Derby	4	2	9	3,67	1,17	4,71
Infantis	2	1	7	1,83	0,58	3,66
Kottbus	0	0	4	0,00	0,00	2,09
Mbandaka	3	2	3	2,75	1,17	1,57
Muenster	2	4	3	1,83	2,34	1,57
Livingstone	0	1	3	0,00	0,58	1,57
Veneziana	0	0	3	0,00	0,00	1,57
London	1	2	3	0,92	1,17	1,57
Give	0	3	3	0,00	1,75	1,57
Altro/ Other**	6	2	4	5,50	1,17	2,09
Altro sierotipo/ Other serovar*	9	11	14	8,26	6,43	7,33
Totale/ Total	109	171	191	100,00	100,00	100,00

* isolati per cui non è stato possibile identificare il sierotipo/ strains for which it was not possible to identify the serovar.

** sierotipi isolati nel 2016 con frequenza inferiore al 3/ serovars isolated in 2016 with a frequency below 3.

***Typhimurium var monofasica/ monophasic variant

Tab. 12. Distribuzione dei sierotipi più frequentemente isolati da bovino nel triennio 2014-2016

Table 12. Distribution of the serovars most frequently isolated from cattle (2014-2016)

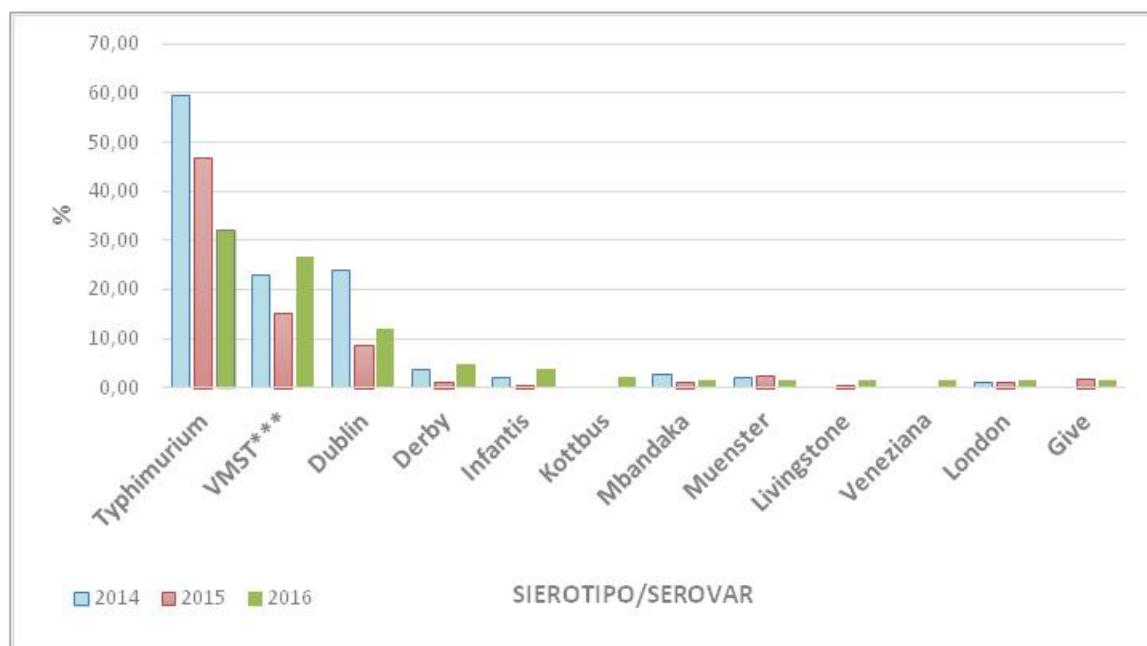


Figura 4. Andamento delle frequenze di isolamento dei sierotipi prevalenti nel bovino nel periodo 2014-2016

Figure 4. Distribution of the most frequently isolated serovars reported over the period 2014-2016 from cattle

Sierotipo / Serovars	N.isolamenti per anno N. reports per year			%		
	2014	2015	2016	2014	2015	2016
VMST***	359	413	423	35,20	31,43	36,43
Derby	220	330	261	21,57	25,11	22,48
Rissen	117	133	108	11,47	10,12	9,30
Typhimurium	61	128	49	5,98	9,74	4,22
London	31	48	41	3,04	3,65	3,53
Brandenburg	32	42	39	3,14	3,20	3,36
Choleraesuis	19	26	32	1,86	1,98	2,76
Infantis	24	13	28	2,35	0,99	2,41
Livingstone	12	12	23	1,18	0,91	1,98
Give	16	22	16	1,57	1,67	1,38
Kentucky	1	12	13	0,10	0,91	1,12
Enteritidis	7	6	13	0,69	0,46	1,12
Bredeney	9	15	10	0,88	1,14	0,86
Kedougou	2	3	10	0,20	0,23	0,86
Muenchen	2	6	10	0,20	0,46	0,86
Altro/ Other*	17	16	17	1,67	1,22	1,46
Altro sierotipo/ Other serovar**	91	89	68	8,92	6,77	5,86
Totale/ Total	1020	1314	1161	100,00	100,00	100,00

* isolati per cui non è stato possibile identificare il sierotipo/ strains for which it was not possible to identify the serovar.

** sierotipi isolati nel 2016 con frequenza inferiore al 10/ serovars isolated in 2016 with a frequency below 10.

***Typhimurium var monofasica/ monophasic variant

Tab. 13. Distribuzione dei sierotipi più frequentemente isolati da suino nel triennio 2014-2016

Table 13. Distribution of the serovars most frequently isolated from pigs (2014-2016)

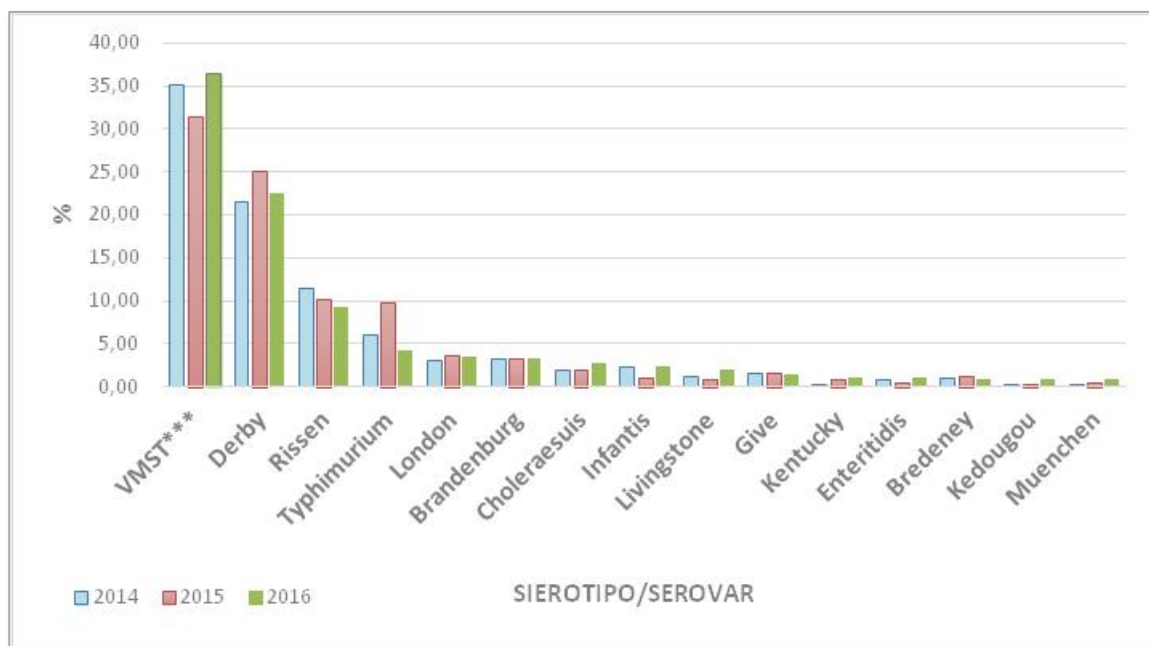


Figura 5. Andamento delle frequenze di isolamento dei sierotipi prevalenti nel suino nel periodo 2014-2016

Figure 5. Distribution of the most frequently isolated serovars reported over the period 2014-2016 from pigs

Dati relativi alla distribuzione dei fagotipi

In questa sezione vengono riportate le frequenze di distribuzione dei fagotipi relativi a *S. Typhimurium*, *S. Enteritidis* e *S. Typhimurium* variante monofasica nelle tipologie di campioni "alimento" e "animale". Vengono presentati nei grafici solo i fagotipi identificati con una frequenza superiore a 1 o 2.

Salmonella Typhimurium

Nel caso di *S. Typhimurium* da campioni di alimento sono stati sottoposti a fagotipizzazione nel 2016 32 ceppi, di cui 14 sono risultati NT (non tipizzabili) e 2 RDNC (non interpretabili). Il fagotipo più frequentemente evidenziato nel 2016 risulta essere DT2 (9 isolati); si nota inoltre nel 2016 un decremento rispetto al 2015 dei fagotipi DT193 e DT104; i fagotipi DT1 e U302 identificati nel 2016 non erano presenti nel 2015 (figura 6).

In merito a campioni di origine animale nel 2016 sono stati sottoposti a fagotipizzazione 60 ceppi (di cui 26 da bovino e 12 da suino) di cui 14 sono risultati NT e 6 RDNC. Il fagotipo più frequentemente evidenziato nel 2016 risulta essere DT104 (9 isolati), con un trend crescente. Rispetto al 2015 si nota una diminuzione di U302 e DT120; inoltre nel 2016 diversamente dal biennio precedente sono stati identificati ceppi riferibili a DT46A e DT41A.

Salmonella Enteritidis

Nel caso di *S. Enteritidis* da campioni di alimento sono stati sottoposti a fagotipizzazione 13 isolati di cui 8 da pollame (3 PT8 e 2 PT22).

In merito a campioni da animali sono stati sottoposti a fagotipizzazione 31 isolati, di cui 15 da *Gallus gallus* (9 PT4 e 2PT8) e 10 da suino (4 PT8 e 3 PT4).

Salmonella variante monofasica di Salmonella Typhimurium

Infine, per quanto riguarda *S. Typhimurium* variante monofasica, questo sierotipo costituisce la parte più consistente del dataset relativo alla fagotipizzazione (127 isolati da alimento e 110 da animale).

In merito agli isolati da alimento (tabella 14) la maggior parte è riferibile a suino ed i fagotipi più frequenti sono DT193 e DT20A.

Rispetto agli anni precedenti si nota in particolare un aumento del numero di ceppi DT193 e DT20A ed una riduzione di ceppi DT120 e U311 (figura 7).

Anche in merito agli isolati da animale (tabella 15) la maggior parte è riferibile a suino ed il fagotipo più frequente è DT193.

Rispetto al 2015 non vi sono significative modifiche e ciò che si osserva è sovrapponibile a quanto si osserva per gli isolati da alimento (figura 8).

Data on distribution of phage types

In this section, the frequency of distribution of phage types for *S. Typhimurium*, *S. Enteritidis* and *S. Typhimurium* monophasic variant referred to food and animal samples is reported. In the graphs are included only the phage types reported with a frequency higher than 1 or 2.

Salmonella Typhimurium.

With regard to *S. Typhimurium* referred to food samples, in 2015 32 isolates were submitted to phage-typing, 14 out of 32 resulted to be NT (not typable) and 2 RDNC (the strain reacts but does not conform).

The most common phage-type in 2016 is DT2 (9 isolates); a decrease of the phage-type DT193 and DT104 is observed compared to 2015; phage-type DT1 and U302 (4 isolates in 2015) identified in 2016 were not present in 2015 (figure 6).

As regards isolates from animals, in 2016 60 isolates were submitted to phage-typing (26 from cattle and 12 from pigs), 14 out of 60 resulted to be NT and 6 RDNC. The most frequent phage-type in 2016 resulted to be DT104 (9 isolates), with an increasing trend. A lower frequency for U302 and DT120 is observed compared to 2015; moreover in 2016 differently from the preceding years DT46A and DT41A isolates were reported.

Salmonella Enteritidis

In the case of *S. Enteritidis* from food samples, 13 isolates were submitted to phage-typing: 8 from chicken (3PT8 and 2PT22).

As regards animal samples 31 isolates were submitted to phage-typing: 15 from *Gallus gallus* (9 PT4 and 2PT8) and 10 from pigs (4 PT8 and 3 PT4).

Monophasic variant of Salmonella Typhimurium

Finally, for the monophasic variant of *S. Typhimurium*, this is the major contributor to the phage types dataset (127 isolates from food and 110 from animal).

As regards isolates referred to food (table 14) most of them are pig related and the most frequent phage types are DT193 and DT20A. In 2016 an increase of strains belonging to DT 193 and a decrease of strains belonging to DT120 and U311 compared to 2015 is observed (figure 7).

A similar picture is observed for isolates referred to animals (table 15 and figure 8).

Figura 6a e 6b. Confronto delle frequenze di isolamento dei fagotipi di *S. Typhimurium* nel periodo 2014-2016 da campioni di alimento (a) e da animali (b)
Figure 6a and 6b. Frequency variation in the number of reports of *S. Typhimurium* phagetypes isolated from food (a) and animal (b) samples over the period 2014-2016.

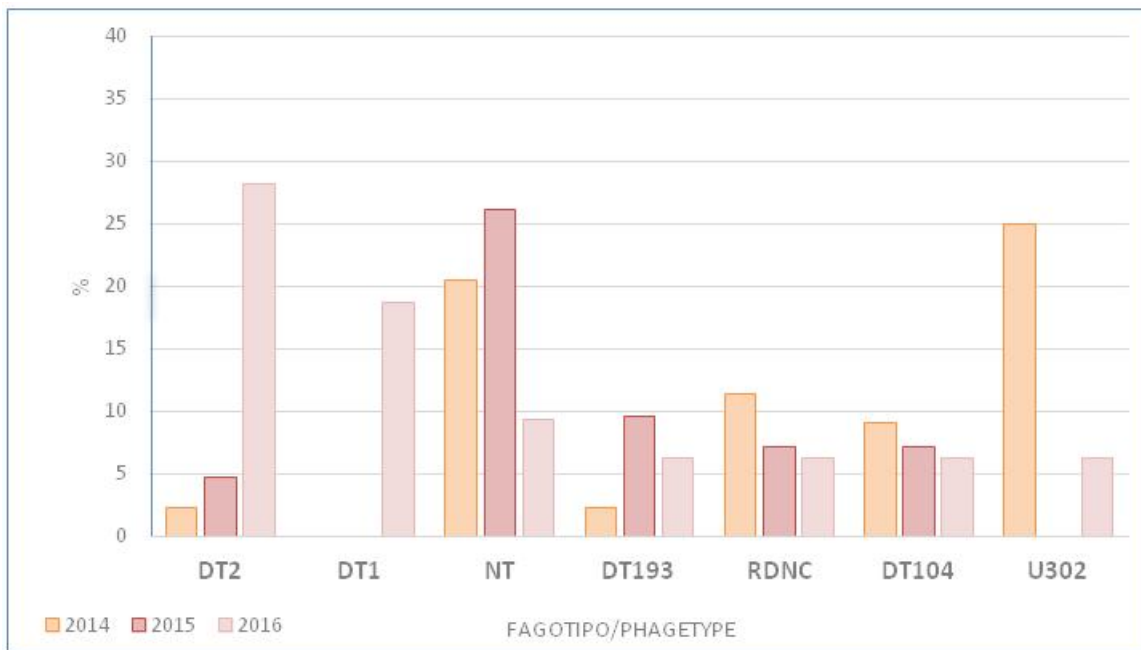


Figura 6a/ Figure 6a

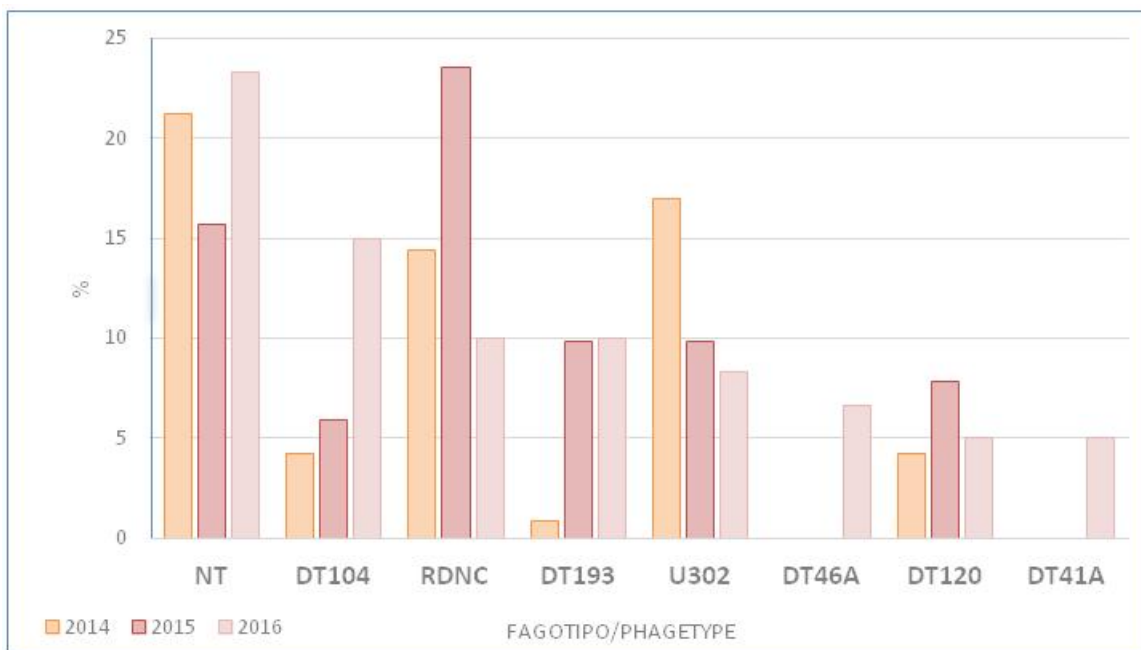


Figura 6b/ Figure 6b

Fagotipo / Phagotype	Non noto Unknown	Bovino Cattle	Bovino-Suino Cattle-Pig	Molluschi Shellfish	Pollo Chicken	Suino Pig	Totale Total
NT*	7			1		30	38
DT193	5			1	1	28	35
DT20A	1					24	25
DT120		1	5			7	13
U311	1					6	7
DT110						3	3
RDNC**						3	3
DT27						1	1
DT41				1			1
DT7	1						1
Totale/Total	15	1	5	3	1	102	127

*NT: non fagotipizzabile / not phagetytable.

** RDNC: lettura stabile non identificata / Reacts but does not conform.

Tab. 14. Distribuzione dei fagotipi della variante monofasica di *S. Typhimurium* isolati da alimento per specie animale.

Table 14. Distribution of the monophasic variant of *S. Typhimurium* phage types belonging to food samples in each animal species.

Fagotipo / Phagotype	Varie specie/ Various species	Non noto Unknown	Bovino Cattle	Coniglio Rabbit	Pollo Chicken	Suino Pig	Totale Total
NT	1	1	9		1	34	46
DT193	2	4	3			31	40
DT20A	2		2	1		5	10
DT120						8	8
U311						4	4
DT104			1				1
DT27						1	1
Totale/Total	5	5	15	1	1	83	110

*NT: non fagotipizzabile / not phagetytable.

** RDNC: lettura stabile non identificata / Reacts but does not conform.

Tab. 15. Distribuzione dei fagotipi della variante monofasica di *S. Typhimurium* isolati da animale per specie animale.

Table 15. Distribution of the monophasic variant of *S. Typhimurium* phage types belonging to animal samples in each animal species.

Figura 7a e 7b. Confronto delle frequenze di isolamento dei fagotipi della variante monofasica di *S. Typhimurium* nel periodo 2013-2015 da campioni di alimento (a) e da animali (b).

Figure 7a and 7b. Frequency variation in the number of reports of the monophasic variant of *S. Typhimurium* phage types isolated from food (a) and animal (b) samples over the period 2013-2015.

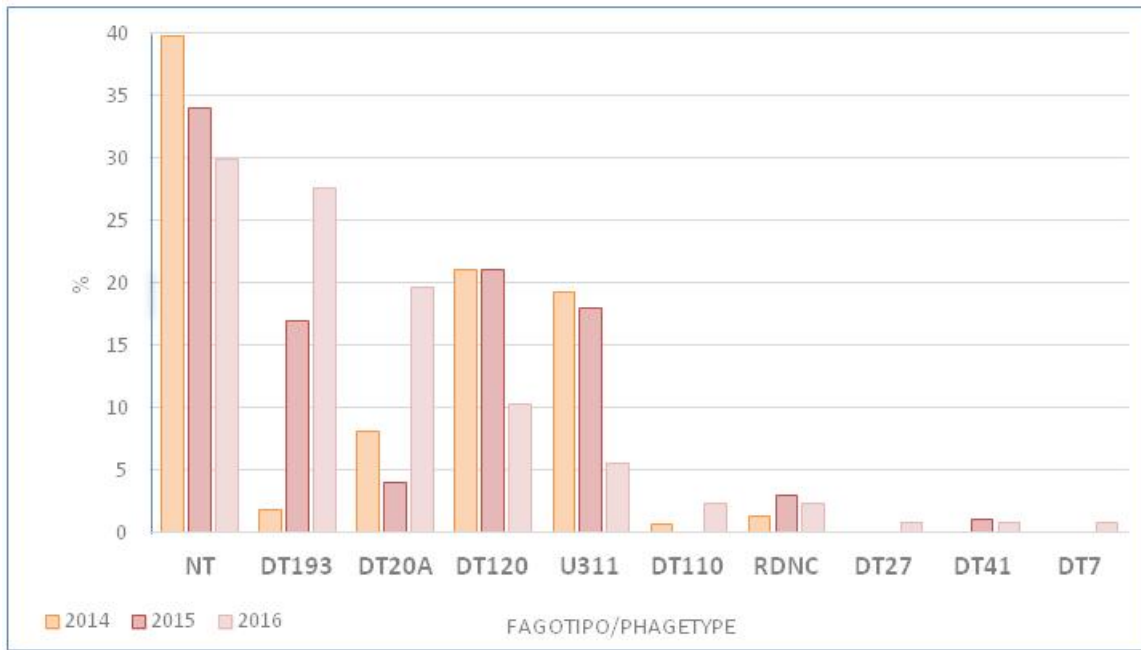


Figura 7a/ Figure 7a

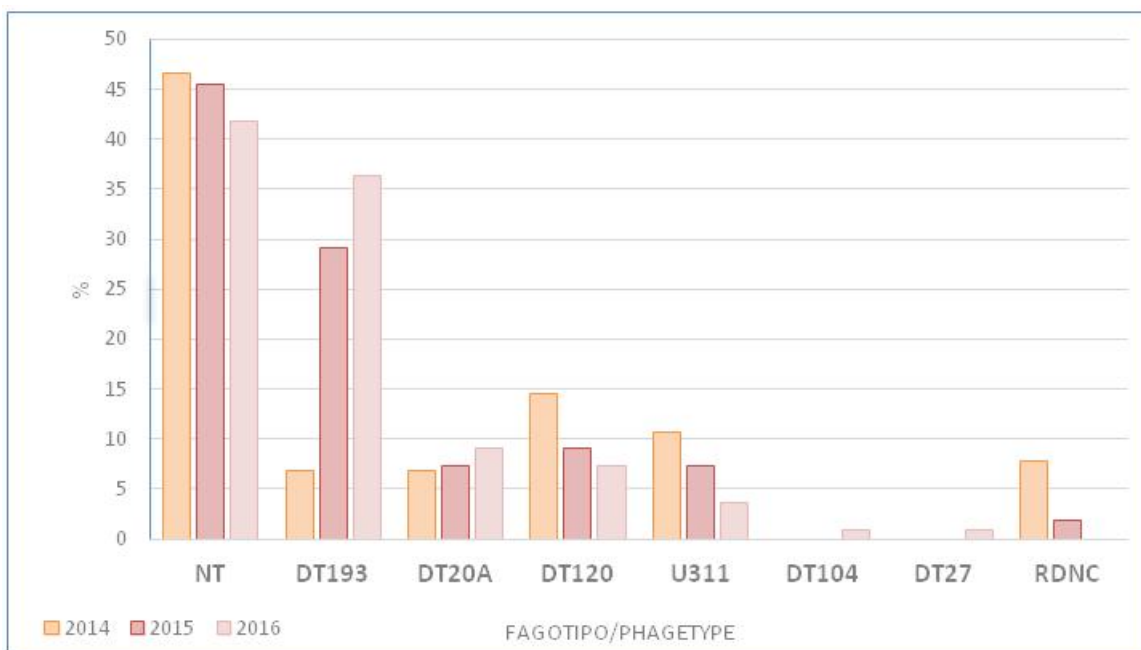


Figura 7b/ Figure 7b

Dati relativi alla distribuzione dei profili MLVA/Data on MLVA types distribution

In questa sezione vengono riportate le frequenze di distribuzione dei profili MLVA relativi a *S. Typhimurium*, e *S. Typhimurium* variante monofasica.

Nel 2016, infatti, diversamente dagli altri anni, una selezione dei ceppi di *S. Typhimurium* e di *S. Typhimurium* variante monofasica sono stati sottoposti ad analisi per la determinazione del profilo MLVA. In totale sono stati tipizzati 962 isolati inviati al CRNS da vari laboratori della rete Enter-vet (Tabella 16).

In this section the frequency of distribution of MLVA types for *S. Typhimurium* and *S. Typhimurium* monophasic variant is reported.

In 2016, in fact, differently from the preceding years, a selection of isolates belonging to *S. Typhimurium* and its monophasic variant were submitted to MLVA profile determination. 962 isolates, sent to CRNS from Enter- vet laboratories, were analysed (Table 16).

Laboratorio Enter-Vet di riferimento Enter-Vet laboratory	N° di ceppi tipizzati Number of strains typed
	2016
IZS Del Mezzogiorno	16
IZS delle Venezie	298
IZS Lazio e Toscana	24
IZS Lombardia ed Emilia Romagna	517
IZS Umbria e Marche	27
IZS Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta	55
IZS Puglia e Basilicata	10
IZS Sardegna	3
IZS Sicilia	12
Totale/Total	962

Tab. 16. Origine degli isolati sottoposti a determinazione del profilo MLVA nel 2016

Table 16. Origin of the stains submitted to the determination of the MLVA profile in 2016

In tabella 17 viene riportata la distribuzione per specie dei ceppi sottoposti a determinazione del profilo MLVA.

In the Table 17 isolates submitted to MLVA profile determination are distributed according to the animal species of origin.

Specie / Species	N. di ceppi / N. strains		%
	S. Typhimurium	S. Typhimurium var. monofasica	
Suino / Pig	32	509	56,24
Pollo/ Chicken	7	10	1,77
Non noto / Unknown	66	83	15,49
Bovino / Cattle	91	43	13,93
Altra specie/ Other species**	8	3	1,14
Tacchino / Turkey	10		1,04
Pecora/ Sheep		2	0,21
Cinghiale / Wild boar	4		0,42
Molluschi / Shellfish	5	6	1,14
Bufalo / Buffalo		10	1,04
Bovino-Suino / Cattle-Pig	1	23	2,49
Altri avicoli/ Other birds	34	2	3,74
Tartaruga / Tortoise	1		0,10
Anatra / Duck	2		0,21
Pollo-Suino/ Chicken- Pig		1	0,10
Capra / Goat		2	0,21
Quaglia / Quail	4		0,42
Coniglio / Rabbit		1	0,10
Non pertinente/Not pertinent*	2		0,21
Totale/Total	267	695	100,00

*si tratta di campioni "non veterinari"/ this refers to "not veterinary" samples

**si tratta di campioni di alimento cui partecipano diverse specie / this refers to food samples based on different species

Tab. 17. Numero e percentuale di ceppi sottoposti a determinazione del profilo MLVA per specie animale.

Table 17. Number and percentage of strains analysed for MLVA profile in each animal species.

Nel caso di *S. Typhimurium* si è osservata una elevata eterogeneità in termini di profili MLVA (Tabella 18); in totale sono stati osservati 147 profili diversi. Per il sierotipo variante monofasica di *S. Typhimurium* i profili MLVA sono caratterizzati da una maggiore omogeneità, ed in totale sono stati osservati 117 profili diversi (Tabella 19).

As regards *S. Typhimurium* a high heterogeneity of MLVA types is observed (Table 18); 147 MLVA types were identified. As regards *S. Typhimurium* monophasic variant less heterogeneity is observed, as 117 MLVA types were identified (Table 19).

ST_Profilo MLVA / ST_MLVA type	Numero (%) / Number (%)
2-14-17-12-0212	36 (13,5%)
2-20-9-6-0212	16 (6%)
3-14-16-14-0311	8 (3%)
9-13-NA-NA-0211	7 (2,62%)
6-11-NA-8-0211	5 (1,87%)
2-23-NA-NA-0211	5 (1,87%)
3-14-16-13-0311	5 (1,87%)
2-19-NA-NA-0211	4 (1,50%)
2-20-9-7-0212	4 (1,50%)

Tab. 18. Numero e percentuale di ceppi di S.Typhimurium (ST) che mostrano uno specifico profilo MLVA
Table 18. Number and percentage of S. Typhimurium (ST) that show a specific MLVA type.

VMST_Profilo VMST_MLVA type	MLVA/	Numero (%) / Number (%)
3-13-10-NA-0211		63 (9,2%)
3-11-9-NA-0211		49 (7,1%)
3-11-11-NA-0211		39 (5,7%)
3-13-9-NA-0211		38 (5,5%)
3-11-10-NA-0211		36 (5,23%)
3-12-9-NA-0211		33 (4,8%)
3-12-11-NA-0211		27 (3,9%)
3-12-10-NA-0211		25 (3,6%)
3-13-11-NA-0211		25 (3,6%)
3-14-9-NA-0211		20 (2,9%)
4-9-12-NA-0211		20 (2,9%)

Tab. 19. Numero e percentuale di ceppi di S.Typhimurium variante monofasica (VMST) che mostrano uno specifico profilo MLVA

Table 19. Number and percentage of S. Typhimurium monophasic variant (VMST) that show a specific MLVA type.

Conclusioni

I dati relativi agli approfondimenti sulle caratteristiche degli isolati di salmonella da matrici di origine veterinaria corredati da alcune informazioni di tipo epidemiologico hanno permesso di avere un quadro generale dei principali ceppi di salmonella circolanti in specifici contesti nel 2016. Il CRNS auspica che la raccolta dei dati relativa agli isolati 2017 possa ulteriormente incrementare sia come numero che come qualità delle informazioni grazie alla pubblicazione del nuovo gestionale web-based oltre che all'applicazione di metodiche analitiche di sub-tipizzazione molecolare.

Conclusions

The data about the characteristics of Salmonella strains from veterinary matrices combined with epidemiological information allowed to get a general overview about the most common Salmonella isolates from different contexts in 2016.

As regards 2017 data collection the availability of a new web-based system for data collection and management and the application of molecular sub-typing methods will hopefully increase the attractiveness of the system, leading to an increase in the number and quality of data.

*Lo staff del Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi
The Staff of National Reference Laboratory for Salmonellosis*