Enter-Vet
Report Dati 2019

Centro di referenza nazionale per le salmonellosi

Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie

Enter-Vet - Report 2019

A cura di:

Centro di referenza nazionale per le salmonellosi

SCS1 - Microbiologia generale e sperimentale

SCS4- Epidemiologia veterinaria

Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie

Viale dell'Università n. 10 - 35020 Legnaro (PD)

La preparazione del report è stata curata da:

Marta Leati[2], Veronica Cibin[2], Marzia Mancin[1], Pestelli Paola[1], Lisa Barco[1*]

1. SCS1-Microbiologia generale e sperimentale

2. SCS4-Epidemiologia veterinaria

1*. Direttore della Struttura Microbiologia generale e sperimentale (SCS1) e direttore del Centro di referenza nazionale per le salmonellosi

Il report è disponibile nel sito dell'IZS delle Venezie al seguente link:

https://www.izsvenezie.it/temi/malattie-patogeni/salmonella/enter-vet/

E' inoltre disponibile nella piattaforma Moodle per Enter-Vet

Qualsiasi utilizzo dei dati qui citati dovrà fare specifico riferimento al presente report

Sommario

Introduzione 4
Elenco dei Laboratori di Riferimento Rete Enter-Vet 5
Gestione dei dati e riepilogo delle notifiche 7
Dati relativi alla distribuzione dei sierotipi 13
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione animale 19
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione alimento 23
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione mangime 26
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione ambiente 29
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione acqua 32
Dati relativi alla distribuzione dei profili MLVA 34
Profili MLVA ceppi di *S.* Enteritidis 35
Profili MLVA ceppi di *S.* Typhimurium e Variante monofasica di *S.* Typhimurium 36
Conclusioni 38

Introduzione

Il report presenta i dati relativi ai ceppi di *Salmonella* isolati da matrici veterinarie nel 2019, raccolti dai laboratori di riferimento della rete Enter-Vet e trasmessi al Centro di referenza nazionale per le salmonellosi (CRNS).

La raccolta dei dati dal 2017 avviene tramite il gestionale web-based, che rappresenta uno strumento funzionale e strategico per la sorveglianza epidemiologica sia a livello locale che nazionale ma anche sovranazionale, consentendo infatti al CRNS di rispondere in modo rapido alle richieste da parte di EFSA e Commissione Europea.

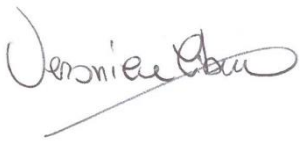
Il CRNS ringrazia tutti i colleghi degli Istituti Zooprofilattici Sperimentali appartenenti alla rete Enter-Vet che hanno partecipato alla realizzazione di questa raccolta di informazioni, a partire dal personale che esegue le analisi di laboratorio a chi effettua la revisione della presente pubblicazione.

Un ringraziamento particolare è da rivolgere ai colleghi che hanno curato la gestione della piattaforma web-based e a coloro che hanno inserito i dati nel sistema, dimostrando notevole spirito di collaborazione.

Ci auguriamo che con il supporto di tutti la qualità dei dati relativi ai ceppi di *Salmonella* isolati da matrici veterinarie possa migliorare ulteriormente sia in termini di quantità e caratteristiche dei dati raccolti ma anche in termini di tempestività di inserimento delle informazioni nel gestionale. Rinnoviamo quindi l'invito a continuare a trasmetterci commenti e suggerimenti al fine di migliorare la qualità del report.

Buon lavoro a tutti!

Per il Coordinamento della rete Enter-Vet



Elenco dei Laboratori di Riferimento Rete Enter-Vet

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

Via Bologna, 148 10154 Torino

Tel 011/2686233 - 335 | Fax 011/2473450

2. **Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lombardia ed Emilia Romagna**

Via A. Bianchi, 9 25124 Brescia

Tel 030/2290323 - 268

3. **Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche (Perugia)**

Via G. Salvemini, 1 06126 Perugia

Tel 075/343269 | Fax 075/35047

4. **Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche (Tolentino)**

Via Maestri del Lavoro 7, 62029 Tolentino (MC)

Tel 0733/262206 | Fax 0733/262069

5. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lazio e Toscana

Via Appia Nuova, 1411 00178 Roma

Tel 06/79099423 | Fax 06/79340724

6. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Abruzzo e Molise

Campo Boario, 64100 Teramo

Tel 0861/332259 | Fax 0861/332251

7. Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Mezzogiorno

Via Salute, 2 80055 Portici (Na)

Tel 081/7865213 | Fax 081/7766495

8. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Puglia e Basilicata

Via Manfredonia, 20 71100 Foggia

Tel 0881/786319 | Fax 0881/786362

9. Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia

Via Rocco Dicillo, 4 90129 Palermo

Tel 091/6565305 | Fax 091/6570803

10. Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sardegna

Via Duca degli Abruzzi, 8 07100 Sassari

Tel. 079 2892327-Fax 079 2892324

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 dei ceppi di *Salmonella* spp. isolati da campioni di origine veterinaria, nonché i correlati dati epidemiologici. In questo report vengono presentati i dati relativi al 2019.

I nodi della rete Enter-Vet sono rappresentati dagli Istituti Zooprofilattici Sperimentali (IIZZSS), con il coordinamento del Centro di referenza nazionale per le salmonellosi (CRNS).

Gli Istituti riportano su base volontaria, nel gestionale messo a disposizione dal CRNS, i dati relativi alle analisi di tipizzazione ed ulteriori caratterizzazioni dei ceppi di *Salmonella* spp. ed inviano al laboratorio CRNS una selezione di ceppi. In particolare per quanto riguarda il 2019 era previsto l'invio al CRNS almeno di:

- tutti i ceppi di *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium e variante monofasica di *S.* Typhimurium isolati da campioni prelevati in ambito PNCS (Piano Nazionale di Controllo delle Salmonellosi negli avicoli) da campioni ufficiali;
- tutti gli isolati da campioni prelevati nell'ambito del Piano Nazionale Alimentazione Animale (PNAA);
- tutti gli isolati da campioni prelevati nel contesto dell'Export di alimenti verso gli USA;

come previsto dai rispettivi piani.

Si è inoltre concordato l'invio al CRNS: dei ceppi per cui il laboratorio di origine ha evidenziato difficoltà alla sierotipizzazione, dei ceppi isolati nel contesto di focolai per ulteriori caratterizzazioni (ad esempio analisi PFGE e/o WGS), dei ceppi di *S.* Enteritidis e *S.* Typhimurium, dei ceppi rari e/o con formule antigeniche non congruenti con quanto riportato nello schema di Kauffmann-White-Le Minor.

I dati 2019, comprensivi delle informazioni epidemiologiche, sono stati trasmessi attraverso il gestionale web-based disponibile dal 2017 e gestito dal CRNS.

È importante ribadire che, date le sue caratteristiche, questo sistema di sorveglianza passiva, pur permettendo di ottenere indicazioni sulla frequenza di isolamento dei sierotipi di *Salmonella* spp. ed evidenziare sierotipi emergenti in specifici contesti, non consente una affidabile valutazione di trend.

L'identificazione del sierotipo viene effettuata, indipendentemente dal metodo utilizzato (sia esso agglutinazione a vetrino o metodo molecolare), dai laboratori afferenti alla rete sulla base dello schema di Kauffmann-White-Le Minor.

La determinazione del profilo MLVA dei sierotipi *S.* Typhimurium e la variante monofasica di *S.* Typhimurium è eseguito secondo la procedura fornita dall'European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) nel 2011, mentre per quanto riguarda *S.* Enteritidis, la procedura di riferimento è descritta nel documento tecnico prodotto da ECDC nel 2016, secondo la metodica descritta da Hopkins et al., 2011. Questa analisi viene svolta dal CRNS o presso altro laboratorio del circuito degli IIZZSS.

La tipologia di campioni di origine veterinaria da cui viene isolata *Salmonella* spp. e prevista nel gestionale Enter-Vet è variegata, ma si può ricondurre alle seguenti macrocategorie: animali, alimenti, mangime, ambiente, acqua.

Il gestionale permette di raccogliere oltre alle informazioni relative all'esito delle analisi cui è stato sottoposto l'isolato anche i seguenti metadati: origine del campione, data del prelievo e analisi, motivo dell'accertamento, nonché indicazione relativa alla proprietà del ceppo. Inoltre viene richiesto di indicare se il ceppo è stato inviato o meno a CRNS e se è o meno conservato presso il laboratorio.

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

In riferimento all'anno 2019, sono stati raccolti dati per un totale di 4075 isolati, cui hanno contribuito tutti i laboratori della rete Enter-Vet **(tabella 1)**, in aumento rispetto agli anni precedenti (per gli anni 2016, 2017 e 2018 rispettivamente 3530, 3534 e 3632 dati registrati). A parte alcune eccezioni, ovvero un aumento importante di isolati registrati dall'IZS Venezie e una netta riduzione di quelli registrati dall'IZS Abruzzo e Molise, il contributo dai diversi laboratori si mantiene costante.

In **tabella 2** i dati sono organizzati sulla base del **luogo prelievo**; similmente a quanto osservato nel 2018, "allevamento" rappresenta il luogo prelievo da cui deriva la maggior parte dei ceppi (più del 30%), seguito da "esercizio commerciale", da cui derivano circa il 16% degli isolati. Rispetto agli anni precedenti, sono stati isolati un numero nettamente inferiore di ceppi presso "laboratorio lavorazione" che passano dal 13,1% degli isolati al 5,1%.

Un numero importante di isolati (9,9%), presentano come luogo prelievo "altro", questo è legato al fatto che il luogo prelievo del campione è diverso dai "luoghi" opzionabili, a dimostrazione del fatto che il contesto epidemiologico degli isolati è sempre più vario; ciò richiederebbe quindi un aggiornamento degli elenchi disponibili al fine di incrementare la qualità dei dati raccolti.

Nel 2,3% dei casi il luogo prelievo risulta essere "non indicato", ovvero diversamente da "altro" l'informazione in questi casi risulta non essere disponibile; andando nel dettaglio, si può osservare che nel quasi 40% dei casi, il motivo accertamento per questi isolati corrisponde a "Piano controllo alimenti" e nel 30% a "ricerca", mentre per quel che riguarda la specie di origine, nel 65% dei casi gli isolati sono riconducibili o alla specie suino (38 ceppi) o alla specie mollusco (22 ceppi).

In **tabella 3** i dati sono organizzati per **motivo accertamento**, da cui si evince che i ceppi sono riconducibili sia ad attività eseguite nell'ambito di controlli ufficiali (38,7%), di autocontrollo (30,4%), che ad attività diagnostica (12,3%) e anche ad attività di ricerca (4,2%).

In **tabella 4** i dati sono organizzati per **tipologia di campione**. La maggior parte degli isolati (>80%) deriva da animale o da alimento in parti uguali; rispetto al 2018, si nota un aumento degli isolati da animale, che erano inferiori di dieci punti percentuali rispetto agli isolati da alimento. Ambiente, mangime e acqua sono rappresentati in percentuale molto più limitata, ovvero rispettivamente pari a 4,0%, 2,0% e 1,9%.

I ceppi per cui non è nota la tipologia di origine rappresentano il 7,9% del totale; entrando nel dettaglio di questi isolati, si evince che nel 92% il luogo prelievo indicato è "studio consulenza/lab. analisi" e nel 78% dei casi il motivo sopraluogo è "Autocontrollo: altro". Quindi si tratta di ceppi batterici conferiti agli IIZZSS da enti che non appartengono al SSN e di conseguenza è plausibile che i metadati a corredo degli isolati non siano forniti o lo siano con un livello non sufficiente.

Laboratorio Enter-Vet di riferimento	N° ceppi
IZS LOMBARDIA ED EMILIA ROMAGNA - BRESCIA	1438
IZS DELLE VENEZIE - PADOVA	1136
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. MACERATA	307
IZS PUGLIA E BASILICATA - FOGGIA	261
IZS PIEMONTE, LIGURIA E VALLE D'AOSTA - TORINO	208
IZS DEL MEZZOGIORNO - PORTICI	200
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. PERUGIA	176
IZS LAZIO E TOSCANA - ROMA	161
IZS ABRUZZO E MOLISE - TERAMO	84
IZS DELLA SARDEGNA - SASSARI	52
IZS DELLA SICILIA - PALERMO	52
Totale complessivo	**4075**

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

Luogo prelievo	N° ceppi
ALLEVAMENTO	1347
ESERCIZIO COMMERCIALE	644
MACELLO	433
ALTRO	403
STUDIO CONSULENZA / LAB. ANALISI	314
STABILIMENTO DI PRODUZIONE	261
LABORATORIO LAVORAZIONE	207
AMBITO MARE/LAGUNA	107
NON INDICATO	93
LABORATORIO SEZIONAMENTO	74
COMMERCIO ALL'INGROSSO	64
MANGIMIFICIO	61
RISTORAZIONE COLLETTIVA	28
MEZZO DI TRASPORTO	14
CENTRO DI SPEDIZIONE	8
CASEIFICIO	7
CANILE	5
CENTRO DEPURAZIONE	5
Totale complessivo	**4075**

Tabella 2. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per luogo prelievo

Motivo sopraluogo	N° ceppi
PIANO CONTROLLO ALIMENTI	1097
DIAGNOSTICA	500
AUTOCONTROLLO: ALTRO	493
AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	473
PIANO NAZIONALE DI CONTROLLO DELLE SALMONELLOSI NEGLI AVICOLI (PNCS)	430
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO	388
AUTOCONTROLLO: PNCS	274
RICERCA	172
PIANO NAZIONALE ALIMENTAZIONE ANIMALE	41
INDAGINE IN CASO DI TOSSINFEZIONE ALIMENTARE	12
NON NOTO	4
ALTRO	191
Totale complessivo	**4075**

Tabella 3. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per motivo sopraluogo

Tipo di campione	N° ceppi
ALIMENTO	1719
ANIMALE	1713
AMBIENTE	165
MANGIME	81
ACQUA	76
NON NOTO	321
Totale complessivo	**4075**

Tabella 4. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per tipo campione

In **tabella 5** è riportata la distribuzione degli isolati per specie animale, per tipo campione "alimento" e per tipo campione "animale" (esclusivamente specie rappresentate con una frequenza maggiore o uguale a 10). I dati per i quali è stata indicata la specie animale pollo, broiler, gallina ovaiola e pollo riproduttore, sono stati accorpati in "*Gallus gallus*", che rappresenta la specie da cui provengono la maggior parte degli isolati (1542), seguita da suino (665) e bovino (435).

Per quel che riguarda la categoria "misto", essa rappresenta gli isolati che sono riferibili a più di una specie e nella totalità dei casi sono riconducibili alla matrice alimento; nella maggior parte dei casi (61%), sono a riferibili alle specie pollo/suino/tacchino e pollo/tacchino.

Specie	N° ceppi
Gallus gallus	1542
SUINO	665
BOVINO	435
TACCHINO	115
MOLLUSCO BIVALVE	80
MAMMIFERO SELVATICO	53
TARTARUGA	49
OVINO	45
ITTICA	39
BUFALO	37
VOLATILE SELVATICO	28
UCCELLO	27
GATTO	23
CINGHIALE	22
COLOMBO	19
RETTILE	16
QUAGLIA	16
VOLPE	11
CANE	10
SPECIE ANIMALE NON PRECISATA	84
SPECIE ANIMALE NON ATTRIBUIBILE	33
MISTO	44
ALTRO	40
Totale	**3433**

Tabella 5. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per specie (dato disponibile per animale e alimento)

Nel **grafico 1** i dati sono organizzati per specie ed espressi in percentuale (esclusivamente le dieci specie animali più rappresentate); si può osservare nell'immediato che la maggior parte degli isolati proviene dal comparto avicolo. Rispetto all'anno precedente, si osserva un aumento degli isolati riferibili alla specie bovino; in quest'ultima specie, l'aumento è notevole, passando da 215 a 435 dal 2018 al 2019, ovvero dal 6% al 13% degli isolati rappresentati. In aumento anche gli isolati riferibili alla specie *Gallus gallus*, che nel 2018 erano 1416, pari al 38%, mentre nel 2019 sono 1542, pari al 45%. In lieve aumento gli isolati riferibili alla specie suino (596, pari al 16.4% nel 2018 e 665, pari al 19% nel 2019), mentre si mantengono costanti gli isolati da tacchino (112 pari al 3.1% nel 2018 e 115 pari al 3% nel 2019) e risultano diminuiti gli isolati da mollusco bivalve (171 pari al 4.7% nel 2018 e 80 pari al 2,3% nel 2019).

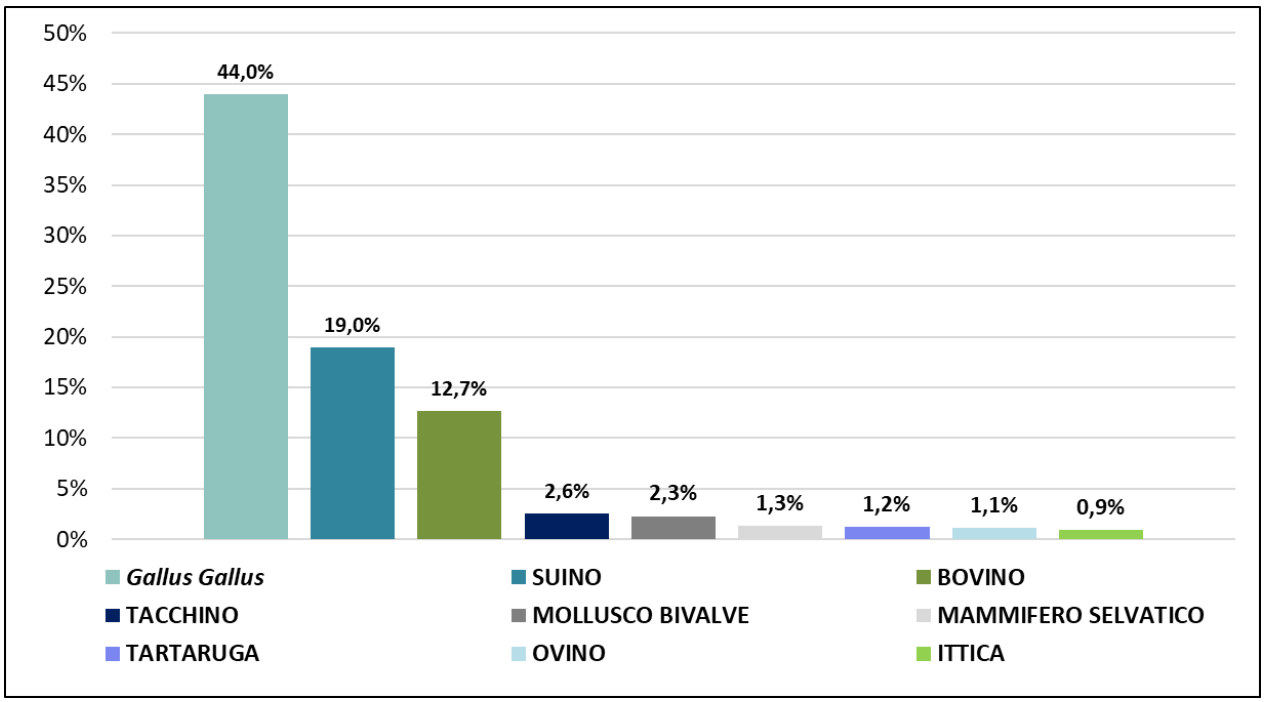


Grafico 1. Distribuzione isolati nel 2019 per specie (dato disponibile per animale e alimento)

Dati relativi alla distribuzione dei sierotipi

Analisi di dettaglio in merito alla distribuzione dei sierotipi sono effettuate per isolati di *Salmonella* appartenenti alla specie *enterica* subspecie *enterica* che rappresenta la quasi totalità degli isolati, come si evince dalla **tabella 6**.

Tipo Campione	Non Identificata	*S* . bongori	*S* . *enterica* subsp. *arizonae*	*S. enterica* subsp. *diarizonae*	S. *enterica* subsp. *enterica*	S. *enterica* subsp. *houtenae*	S. *enterica* subsp. *salamae*	Totale complessivo
ALIMENTO	3	0	0	6	1705	2	3	1719
ANIMALE	16	1	2	14	1663	6	11	1713
NON NOTO	1	1	0	1	310	1	7	321
AMBIENTE	0	0	0	0	165	0	0	165
MANGIME	0	0	0	0	81	0	0	81
ACQUA	0	0	1	5	69	1	0	76
Totale complessivo	**20**	**2**	**3**	**26**	**3993**	**10**	**21**	**4075**

Tabella 6. Dati suddivisi per specie e sub specie di *Salmonell*a spp. declinati per tipologia di campione.

Osservazioni di modifiche negli anni (trend) 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 e/o motivo sopraluogo.

In **tabella 7** è riportata la distribuzione degli isolati **per sierotipo** (dettagli relativi solo ai sierotipi isolati più di 10 volte) e nel **grafico 2** i dati sono espressi in percentuale e sono rappresentati solo i dieci sierotipi più frequentemente identificati in modo da poter apprezzare con immediatezza la frequenza di distribuzione degli stessi.

Si osserva che nel 2019 il sierotipo più frequentemente isolato, analogamente al 2018 dove rappresentava il 23% degli isolati, è *S*. Infantis (26,4%), seguito dalla variante monofasica di *S*. Typhimurium (10%) e *S*. Typhimurium (6,5%), in aumento rispetto al 2018 quando occupava la quinta posizione.

S. Enteritidis é in lieve aumento rispetto all'anno precedente (6% con 183 isolati), rappresentando nel 2018 il 4,4% dei sierotipi identificati, con 171 ceppi.

Sierotipo	N° ceppi
S . Infantis	1026
Variante monofasica di *S* . Typhimurium	400
S . Typhimurium	330
S . Bredeney	238
S. Kentucky	230
S . Derby	212
S . Enteritidis	171
S . Dublin	123
S . Rissen	93
S . London	59
S . Livingstone	57
S . Veneziana	54
S . Senftenberg	53
S . Brandenburg	52
S . Thompson	47
S . Agona	43
S . Coeln	36
S . Give	32
S. Mbandaka	30
S . Napoli	28
S . Abony	27
S . Newport	25
S . Muenchen	24
S . Montevideo	22
S. Goldcoast	20
S . Abortusovis	19
S . Kasenyi	17
S . Stanleyville	16
S . Bovismorbificans	16
S. Muenster	15
S . Cerro	15
S . Hadar	15
S. Anatum	14
S . Choleraesuis	13
S . Corvallis	13
S . Kedougou	12
S . Kapemba	11
S . Llandoff	11
S . Braenderup	10
S . Mishmarhaemek	10
Altro sierotipo	241
Non Identificato	113
Totale complessivo	**3993**

Tabella 7. Numero di ceppi notificati per sierotipo nel 2019

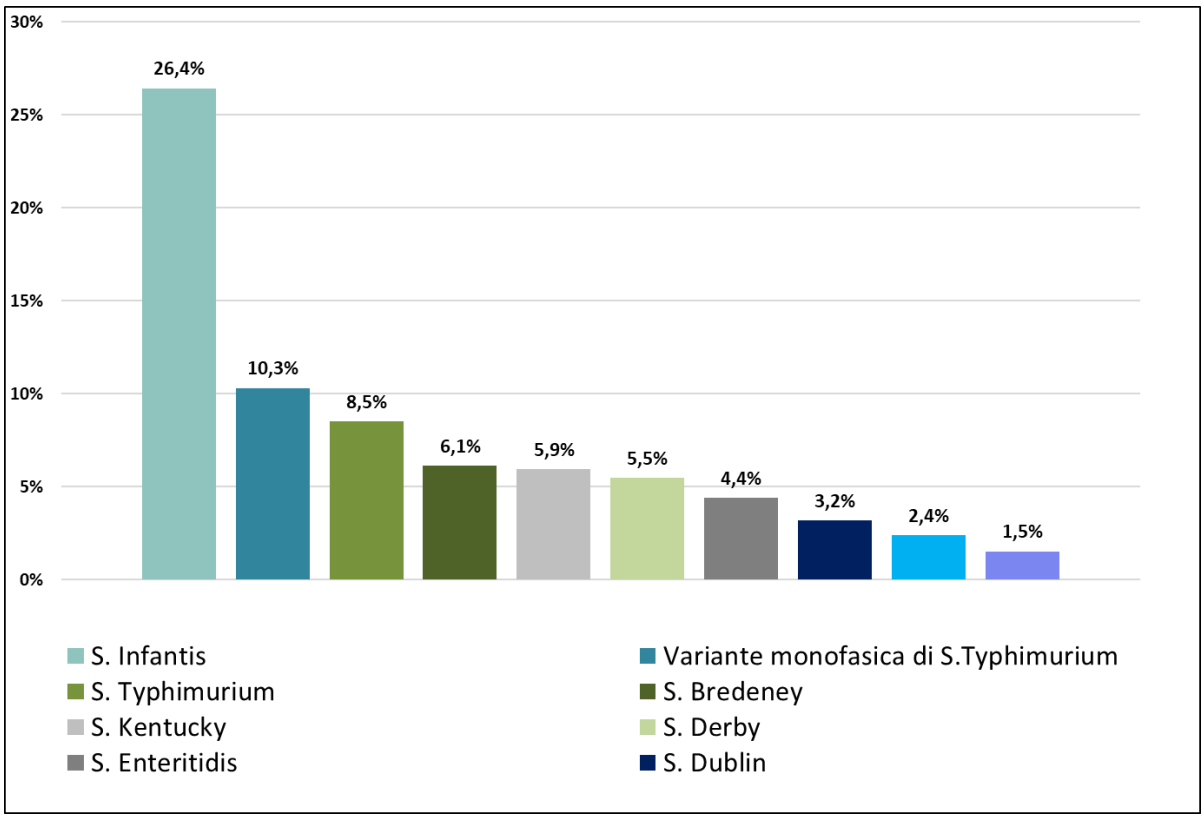


Grafico 2. Distribuzione isolati nel 2018 appartenenti a subspecie *enterica* per sierotipo.

In **tabella 8** i sierotipi di cui alla tabella 7 vengono declinati per **tipologia di campione** (solo sierotipi identificati con una frequenza superiore a 30). Come si evince, nella maggior parte dei casi i ceppi (2977, pari a più del 86%) sono riconducibili o ad alimento o a campioni di origine animale.

In **tabella 9** i sierotipi sono rappresentati per **luogo prelievo** (solo sierotipi identificati con una frequenza superiore a 30 e luoghi prelievo indicati con una frequenza maggiore di 50) e in **tabella 10** per **motivo accertamento/sopraluogo** (solo sierotipi identificati con una frequenza superiore a 30 e tutti i motivi sopraluogo rappresentati indipendentemente dalla frequenza).

In questo contesto è stata attribuita l'etichetta sierotipo "non identificato" per i 113 ceppi appartenenti alla specie *S. enterica* subsp. *enterica* per cui non è stato indicato il sierotipo (93 isolati per cui il campo sierotipo non è stato valorizzato e 20 casi in cui è stato selezionato il campo "sierotipo non identificato").

Osservando i dati riportati nelle **tabelle 8** e **10**, emerge che *S.* Infantis, il sierotipo identificato più frequentemente tra i ceppi notificati, è isolato da un'ampia variabilità di campioni prelevati in contesti differenti, dimostrando una forte capacità di adattamento a nicchie ecologiche differenti.

Osservando nel dettaglio i dati, si può notare anche come *S.* Infantis nella maggior parte dei casi sia isolata da alimento nell'ambito del "Piano controllo alimenti"; questo aspetto è particolarmente rilevante per la potenziale esposizione del consumatore, considerato che l'alimento è di gran lunga il veicolo più frequente di infezione per l'uomo.

Sierotipo	ALIMENTO	ANIMALE	NON NOTO	AMBIENTE	ACQUA	MANGIME	Totale complessivo
S. Infantis	632	248	78	61	2	5	1026
S .Typhimurium	228	149	6	8	7	2	400
S. Typhimurium	66	237	6	8	8	5	330
S . Bredeney	110	95	30	2	1	0	238
S. Kentucky	7	183	26	13	0	1	230
S . Derby	163	32	4	4	4	5	212
S. Enteritidis	34	131	5	1	0	0	171
S . Dublin	26	91	0	6	0	0	123
S . Rissen	65	15	10	1	2	0	93
S . London	31	13	4	0	1	10	59
S. Livingstone	14	29	5	8	0	1	57
S. Veneziana	3	21	16	2	11	1	54
S. Senftenberg	3	25	11	10	0	4	53
S . Brandenburg	38	8	1	3	2	0	52
S . Thompson	15	23	5	4	0	0	47
S . Agona	7	23	10	0	1	2	43
S. Coeln	22	8	0	2	4	0	36
S . Give	19	6	6	1	0	0	32
Non identificato	48	45	11	5	0	4	113
Totale complessivo	**1531**	**1382**	**234**	**139**	**43**	**40**	**3369**

Tabella 8. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* declinati per tipo di campione

Sierotipo	ALLEVAMENTO	ESERCIZIO COMMERCIALE	MACELLO	ALTRO/ NON INDICATO	STABILIMENTO DI PRODUZIONE	STUDIO CONSULENZA / LAB. ANALISI	LABORATORIO LAVORAZIONE	LABORATORIO SEZIONAMENTO	AMBITO MARE/LAGUNA	COMMERCIO ALL'INGROSSO	Totale complessivo
S . Infantis	219	347	53	76	128	77	42	29	4	28	1003
Variante monofasica di *S* .Typhimurium	126	48	85	39	19	8	46	14	9	0	394
S. Typhimurium	168	17	19	83	11	7	6	1	6	3	321
S . Bredeney	89	55	10	11	6	30	18	4	1	6	230
S . Kentucky	189	1	0	7	1	26	3	0	0	0	227
S . Derby	29	35	54	14	26	5	34	5	5	0	207
S . Enteritidis	88	8	12	47	6	5	1	1	0	2	170
S. Dublin	54	9	41	1	7	0	3	2	0	6	123
S . Rissen	11	5	33	6	6	10	10	5	5	1	92
S . London	9	7	17	1	7	3	3	1	1	0	49
S . Livingstone	28	3	2	11	4	4	1	0	2	0	55
S. Veneziana	6	1	0	16	1	17	0	0	11	0	52
S . Senftenberg	36	0	0	1	1	8	0	0	0	1	47
S . Brandenburg	3	6	22	2	1	1	9	5	3	0	52
S. Thompson	15	11	5	9	2	4	0	0	0	0	46
S. Agona	22	3	5	2	0	5	1	1	1	0	40
S . Coeln	4	3	2	6	10	0	0	0	7	0	32
S. Give	6	6	4	3	1	6	1	1	1	1	30
Non identificato	33	14	11	23	3	12	6	0	1	5	108
Totale complessivo	**1135**	**579**	**375**	**358**	**240**	**228**	**184**	**69**	**57**	**53**	**3278**

Tabella 9. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* declinati per luogo prelievo

Sierotipo	PIANO CONTROLLO ALIMENTI	AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	DIAGNOSTICA	AUTOCONTROLLO: ALTRO	PNCS	PIANO MONITORAGGIO/ CONTROLLO REGIONALE /LOCALE	AUTOCONTROLLO: PNCS	ALTRO	RICERCA	INDAGINE IN CASO DI TOSSINFEZIONE ALIMENTARE	PNAA	Totale complessivo
S. Infantis	407	165	20	80	103	90	73	36	51	1	0	1026
monofasica di *S* .Typhimurium	121	90	71	37	6	33	2	18	15	3	2	400
S. Typhimurium	51	10	145	40	9	48	3	20	2	1	1	330
S . Bredeney	88	23	2	19	16	8	64	14	4	0	0	238
S . Kentucky	2	9	18	51	80	2	66	0	1	0	1	230
S. Derby	109	41	14	11	4	16	1	3	12	0	1	212
S . Enteritidis	14	13	14	18	57	22	11	12	6	4	0	171
S . Dublin	55	1	47	2	0	12	0	6	0	0	0	123
S . Rissen	29	27	4	9	3	10	1	3	7	0	0	93
S. London	21	4	1	3	3	6	0	4	7	0	10	59
S . Livingstone	4	4	1	9	24	5	6	1	3	0	0	57
S . Veneziana	1	2	8	25	2	9	1	4	1	0	1	54
S . Senftenberg	0	0	10	18	11	3	4	3	0	0	4	53
S . Brandenburg	19	21	1	1	0	7	0	2	1	0	0	52
S . Thompson	13	0	3	11	8	4	3	2	3	0	0	47
S. Agona	7	1	6	11	12	4	0	0	1	0	1	43
S. Coeln	16	3	0	3	3	6	2	3	0	0	0	36
S. Give	10	4	4	4	1	6	1	2	0	0	0	32
Non identificato	23	9	18	13	13	14	2	13	4	3	1	113
Totale complessivo	**990**	**427**	**387**	**365**	**355**	**305**	**240**	**146**	**118**	**12**	**22**	**3369**

Tabella 10. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* declinati per motivo sopraluogo (PNCS corrisponde a Piano Nazionale di Controllo delle Salmonellosi negli Avicoli; PNAA corrisponde a Piano Nazionale Alimentazione Animale)

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione animale

In **tabella 11** sono riportati i dati relativi ai ceppi **isolati da animali declinati per specie** (sierotipi isolati con una frequenza maggiore di 10 ed esclusi quelli privi di informazione sulla specie o sul sierotipo). In questo caso, le categorie avicole raggruppate all'interno della specie *Gallus gallus* sono mantenute separate. Si noti inoltre che per quanto riguarda la specie tacchino, non sono inclusi i ceppi attribuiti alla specie "tacchini da riproduzione".

Per quel che riguarda la specie "altro", essa comprende isolati rispettivamente da: coniglio (7), specie ittiche (4), equino (3) e da tacchino da riproduzione (2).

Alcuni sierotipi, noti per essere altamente specie-specifici, sono come prevedibile riconducibili nella quasi totalità dei casi alla loro specie ospite d'elezione, come nel caso di *S*. Cholerausuis (suino); *S*. Dublin (bovino) e *S*. Abortusovis (ovi-caprini).

Osservando la distribuzione dei sierotipi non specie-specifici emergono interessanti informazioni. Si può osservare ad esempio come *S*. Infantis, *S*. Kentucky, *S*. Bredeney, *S*. Seftemberg e *S*. Livingstone siano sierotipi più frequentemente riconducibili alla specie *Gallus gallus*, con alcune differenze in termini di categoria produttiva; ad esempio, *S*. Kentucky è riconducibile nel 56% dei casi a gallina ovaiola, mentre *S*. Infantis nel 44% dei casi alla categoria broiler.

S. Rissen è identificata maggiormente in campioni di origine suina (60%).

Variante monofasica di *S*. Typhimurium è associata prevalentemente alla specie bovina (41% degli isolati), in controtendenza con quanto osservato nel 2018, dove era stato identificato maggiormente nella specie suina (26,2%) rispetto a quella bovina (nel bovino la frequenza di isolamento era pari al 36.5% nel 2019 e nel suino pari al 21,3% nel 2018). Anche *S.* Typhimurium è stata isolata maggiormente (48%) da campioni di origine bovina.

Tali dati trovano riscontro con quanto registrato nel gestionale SIMAN, da cui si evince che nel 2019 rispetto all'anno precedente sono stati notificati un numero maggiore di focolai in aziende bovine, la maggior parte localizzate in Lombardia ed Emilia Romagna.

Interessante è sicuramente che il 6,5% degli isolati di *S*. Typhiumurium sono riconducibili al gatto (corrispondente a 15/23 isolati di *Salmonella* spp. da questa specie); un aspetto che merita di essere approfondito per indagare il potenziale ruolo degli animali da compagnia nel veicolare la *Salmonella* all'uomo. Si evidenzia che anche nel 2018, tutti i ceppi di *Salmonella* isolati da gatto corrispondevano a *S*. Typhimurium o a Variante monofasica di *S*. Typhimurium.

Per quanto riguarda *S.* Enteritidis, nonostante sia isolata prevalentemente da gallina ovaiola, risulta in aumento anche nel pollo e nel mammifero selvatico.

S. Napoli, un sierotipo associato con frequenza ad episodi di tossinfezione nell'uomo, è stato identificata in 15 casi; il 53% (8) di questi è riconducibile alla specie avicola, di cui tre ceppi sono stati isolati da pollo riproduttore.

I 26 ceppi di *S.* Abony da rettile sono tutti stati isolati da tartaruga nel contesto di un programma di ricerca e sono stati tutti notificati dall'IZS di Puglia e Basilicata.

Per quanto riguarda *S*. Kasenyi, che risulta essere stata isolata in 10 casi da bovino (sul totale dei 12 ceppi notificati), si osserva che questi 10 isolamenti sono riferibili a campioni prelevati tutti nello stesso periodo in un unico macello di Foggia nel contesto del medesimo evento (focolaio).

Si ricorda che nel valutare questi dati bisogna sempre tenere conto che le specie sottoposte a campionamento sono in molti casi associate strettamente al motivo del sopraluogo (ad esempio nel caso del PNCS le specie di riferimento sono esclusivamente gli avicoli delle specie *Gallus gallus* e *Meleagris gallopavo*).

Nel **grafico 3** si possono osservare le **matrici di origine animale** da cui sono stati isolati i sierotipi di cui alla tabella 11 (sono raggruppate in "altro" le matrici rappresentate con una frequenza minore di 10; per quel che riguarda la matrice "organo" esso raggruppa le seguenti matrici: organo; pool di organi; fegato; linfonodo; milza e muscolo).

Dal grafico 3 si può notare come *S*. Infantis, *S.* Bredeney, *S*. Seftenberg e *S.* Livingstone siano più frequentemente riconducibili alla matrice sovrascarpe, tipica del PNCS.

Alcuni sierotipi sono isolati quasi esclusivamente o con frequenza significativa in organi; è il caso di *S.* Dublin, *S*. Choleraesuis e *S*. Abortusovis, isolate rispettivamente da bovino, suino e da ovino, confermando come questi sierotipi siano isolati in ambito diagnostico, evidentemente responsabili di forme cliniche, anche gravi, negli animali infetti.

Sierotipo	BROILER	POLLO	BOVINO	GALLINA OVAIOLA	SUINO	AVICOLO	MAMMIFERO SELVATICO	RETTILE	OVI-CAPRINI	TACCHINO	POLLO RIPRODUTTORE	GATTO	BUFALO	CANE	ALTRO*	Totale complessivo
S . Infantis	104	102	2	12	2	2	2	0	0	6	2	2	1	0	1	238
S . Typhimurium	2	7	113	0	16	54	9	0	0	1	1	15	3	0	11	232
S . Kentucky	2	65	0	102	1	0	0	1	0	2	8	0	0	0	0	181
Variante monofasica di *S* . Typhiumurium	0	4	62	5	54	4	1	0	5	5	0	1	5	2	0	148
S . Enteritidis	1	21	7	57	0	6	33	1	0	1	1	3	0	0	0	131
S. Bredeney	66	22	1	0	0	0	1	0	0	3	0	0	0	1	1	95
S . Dublin	0	0	91	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	91
S . Derby	1	3	1	1	22	0	1	0	0	2	1	0	0	0	0	32
S . Livingstone	4	17	0	2	1	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	28
S . Abony	0	0	0	0	0	0	0	26	0	0	0	0	0	1	0	27
S . Senftenberg	0	17	0	6	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	25
S . Agona	1	7	2	3	0	1	0	0	0	6	0	0	2	1	0	23
S . Thompson	3	5	0	1	0	0	4	0	0	0	9	0	0	0	0	22
S . Veneziana	1	5	0	1	0	2	7	0	0	1	0	1	0	1	1	20
S . Abortusovis	0	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	19
S . Muenchen	0	2	3	4	0	0	1	0	0	0	0	0	5	0	0	15
S . Napoli	0	0	0	0	1	6	1	1	1	1	2	0	0	2	0	15
S . Rissen	0	5	0	0	9	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	15
S . London	0	0	6	0	4	0	0	0	0	2	0	0	0	0	1	13
S . Kasenyi	0	0	10	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	12
S . Choleraesuis	0	0	0	0	11	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	12
Totale complessivo	**185**	**282**	**298**	**194**	**121**	**76**	**63**	**29**	**25**	**34**	**25**	**22**	**17**	**8**	**15**	**1394**

Tabella 11. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni animali declinati per specie

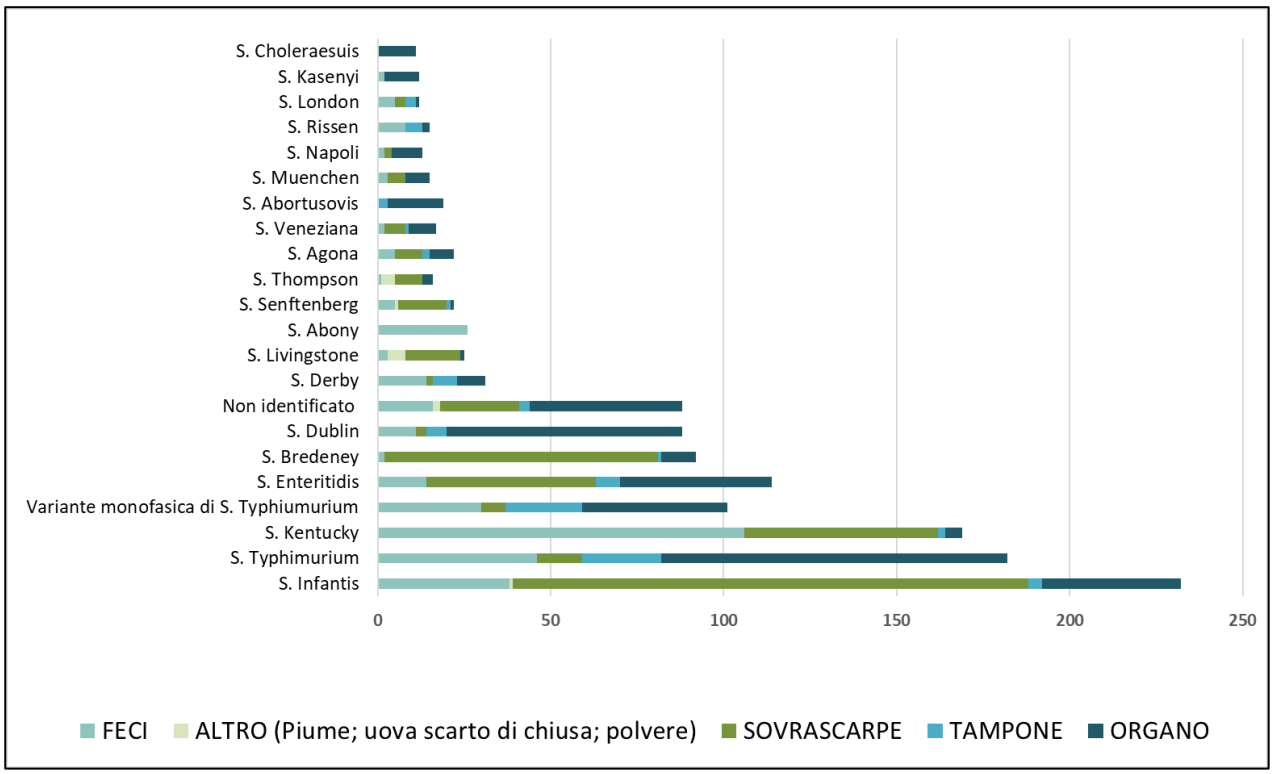


Grafico 3. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni animali declinati per matrice

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione alimento

In **tabella 12** sono riportati i dati relativi ai **ceppi isolati da alimenti declinati per specie** (inclusi solo i dati sui sierotipi isolati con una frequenza maggiore di 10; esclusi i sierotipi riconducibili a più di una specie animale ed esclusi quelli riferibili a specie non precisata e specie animale non attribuibile e quelli privi di informazione sulla specie o sul sierotipo).

Dai dati si evince che, analogamente agli anni passati, *S*. Infantis è prevalentemente, anche se non esclusivamente, isolata da alimenti di origine avicola, similmente a *S*. Bredeney e *S*. Enteritidis.

Variante monofasica di *S.* Typhimurium è isolata quasi esclusivamente da carne di suino, in contrasto con gli anni passati, dove sembrava mostrare una maggiore ubiquitarietà. Altri sierotipi fortemente associati ad alimenti di origine suina sono: *S*. London, *S*. Derby *S*. Rissen, *S*. Give; *S*. Dublin è isolata quasi esclusivamente da bovino.

S. Typhimurium, come già osservato per la tipologia di campione animale, è stata individuata in alimenti di origine diverse, ma con maggiore frequenza da suino, bovino e molluschi.

Nel **grafico 4** a ciascun sierotipo viene associata la matrice alimentare da cui sono stati isolati i ceppi; sono esclusi le seguenti matrici: uova e prodotti derivati (10 ceppi notificati), latte e prodotti derivati (9), prodotti vegetali (4) e spezie (1).

Dal grafico si evince che la matrice dove *Salmonella* viene identificata maggiormente è la matrice carne.

Sierotipo	POLLO	SUINO	BOVINO	MOLLUSCO BIVALVE	TACCHINO	MISTO	ITTICA	OVINO	ANATRA	BUFALO	CINGHIALE	GALLINA OVAIOLA	QUAGLIA	AVICOLI GENERICI	CONIGLIO	Totale complessivo
S. Infantis	563	12	3	2	17	15	3	0	0	0	0	0	0	0	1	616
Variante monofasica di *S.* Typhiumurium	7	170	13	6	2	3	1	0	0	4	0	0	0	0	0	206
S. Derby	4	131	9	4	7	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	158
S. Bredeney	75	9	4	5	5	6	0	0	0	0	0	0	1	0	0	105
S. Rissen	1	54	3	1	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	62
S. Typhimurium	1	11	22	15	4	3	1	1	2	0	0	0	2	0	0	62
S. Brandenburg	0	32	1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	36
S . London	0	26	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	30
S. Enteritidis	18	4	4	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	28
S . Dublin	0	1	25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	26
S. Coeln	3	0	11	5	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	22
S . Give	0	11	1	3	0	2	0	0	1	0	0	0	0	0	0	18
S. Livingstone	2	5	0	0	0	0	2	0	1	0	0	1	0	2	0	13
S. Newport	1	0	2	2	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	11
S. Thompson	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	11
S. Hadar	1	0	0	1	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11
Totale complessivo	**685**	**466**	**98**	**45**	**47**	**36**	**12**	**5**	**5**	**5**	**2**	**3**	**3**	**2**	**1**	**1415**

Tabella 12. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni di alimento declinati per specie

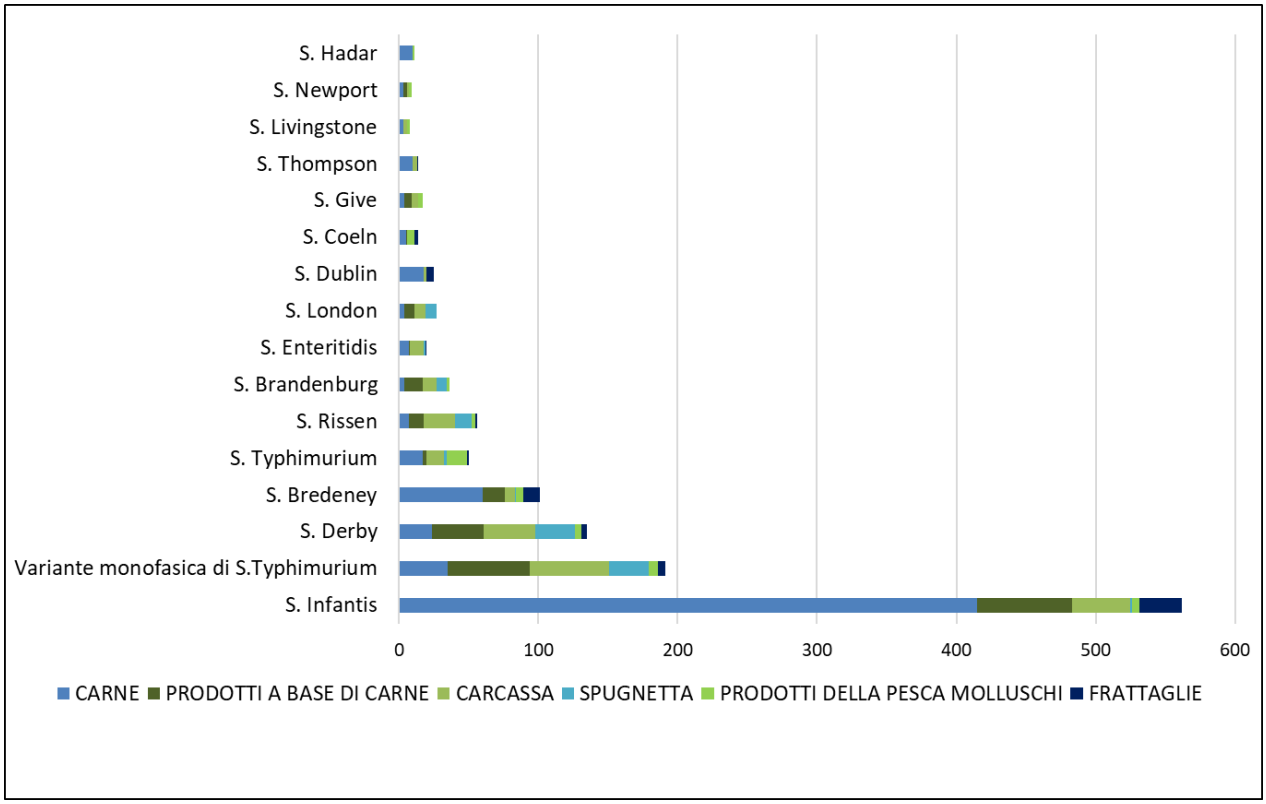


Grafico 4. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni di alimento declinati per matrice

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione mangime

In **tabella 13** sono riportati i dati relativi ai ceppi isolati da **tipologia di campione mangime** declinati per le tre sottocategorie: mangime dedicato ad animali d'affezione, mangime semplice e mangime composto; la matrice in cui più frequentemente è stata isolata *Salmonella* è relativa a mangime semplice (74%).

Sono stati isolati in tutto 77 ceppi appartenenti a diversi sierotipi, un numero analogo al 2018 (79).

I sierotipi isolati con maggior frequenza risultano essere, diversamente dal 2018: *S*. London, *S*. Mbandaka, *S*. Derby, *S.* Infantis, *S.* Montevideo e *S.* Typhimurium. Tra questi, solo *S*. Infantis figurava tra quelli più frequentemente identificati nel 2018. *S.* Agona, il sierotipo maggiormente identificato nel 2018, è stato identificato solo in due campioni di mangime semplice nel 2019.

I ceppi di *S*. London, un sierotipo generalmente isolato con una frequenza non elevata nel mangime, sono riconducibili, per quanto riguarda al 2019, tutti al medesimo mangimificio.

In **tabella 14** si possono osservare i dati sui **sierotipi isolati nell'ambito del PNAA** (esclusi i ceppi privi di informazione sul sierotipo, pari a 4 ceppi). Confrontandoli con quelli riportati in tabella 13, si può notare come i sierotipi isolati con più frequenza nell'ambito PNAA, ad eccezione di *S*. Infantis (mai rilevata nell'ambito del PNAA nel 2019), siano essenzialmente gli stessi di quelli isolati genericamente riconducibili a matrice mangime (quindi indipendentemente dal motivo accertamento).

In **tabella 15** i dati sono organizzati per **motivo sopraluogo**; si osserva che la maggior parte dei ceppi (44,4%) sono stati isolati nell'ambito del Piano Nazionale Alimentazione Animale, seguito da "Autocontrollo: altro" (32%).

Sierotipo	MANGIME PER ANIMALI D'AFFEZIONE	MANGIME COMPOSTO	MANGIME SEMPLICE	Totale complessivo
S. London	0	0	10	10
S. Mbandaka	0	4	4	8
S. Derby	1	1	3	5
S. Infantis	0	1	4	5
S. Montevideo	0	1	4	5
S. Typhimurium	2	2	1	5
S. Jerusalem	0	1	3	4
S. Senftenberg	0	1	3	4
S. Isangi	0	0	3	3
S. Ohio	0	0	3	3
S. Orion	0	0	3	3
S. Agona	0	0	2	2
S. Alachua	0	2	0	2
Variante monofasica *S.* Typhiumurium	0	1	1	2
S. Bovismorbificans	0	0	1	1
S. Cubana	0	0	1	1
S. Goldcoast	0	1	0	1
S. Idikan	0	0	1	1
S. Kentucky	0	0	1	1
S. Lexington	0	0	1	1
S. Liverpool	0	0	1	1
S. Livingstone	0	0	1	1
S. Mapo	0	0	1	1
S. Minnesota	0	0	1	1
S. Mishmarhaemek	0	0	1	1
S. Muenster	0	0	1	1
S. Putten	0	1	0	1
S. Soerenga	0	0	1	1
S. Tennessee	0	0	1	1
S. Veneziana	0	1	0	1
Totale complessivo	**3**	**17**	**57**	**77**

Tabella 13. Sierotipi da campioni di mangime declinati per macrocategoria

PIANO NAZIONALE ALIMENTAZIONE ANIMALE	
Sierotipo	**Numero ceppi**
S. London	10
S. Mbandaka	6
S. Senftenberg	2
S. Alachua	2
S. Goldcoast	1
S. Montevideo	1
S. Typhimurium	1
S. Derby	1
S. Idikan	1
S. Mishmarhaemek	1
S. Jerusalem	1
S. Muenster	1
S. Kentucky	1
S. Soerenga	1
S. Liverpool	1
S. Veneziana	1
Variante monofasica di *S*.Typhimurium	1
S. Agona	1
S. Mapo	1
Totale complessivo	**35**

Tabella 14. Ceppi notificati riferibili a mangime motivo sopraluogo Piano Nazionale Alimentazione Animale (PNAA)

Motivo sopraluogo	Numero ceppi
PIANO NAZIONALE ALIMENTAZIONE ANIMALE (PNAA)	35
AUTOCONTROLLO: ALTRO	25
ALTRO	9
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO	6
PIANO CONTROLLO ALIMENTI	1
DIAGNOSTICA	1
Totale complessivo	**77**

Tabella 15. Ceppi notificati riferibili a mangime declinati per motivo sopraluogo

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione ambiente

Nella **Tabella 16** vengono riportati i sierotipi isolati da **campioni ambientali**. Per questa tipologia di campione sono stati notificati 165 ceppi, in netto aumento rispetto all'anno precedente (75). La maggior parte di essi sono identificati come *S.* Infantis, analogamente al 2018 e *S.* Kentucky.

Dalla **Tabella 17** (numero di ceppi notificati per motivo sopraluogo) si osserva che la maggior parte dei campioni sono stati collezionati nell'ambito di ricerca.

Osservando il **Grafico 5,** che riporta i dati dei sierotipi declinati per motivo sopraluogo, si evince che nella maggior parte dei casi si tratta di isolati di *S*. Infantis da tampone ambientale collezionati nell'ambito di ricerca (48, pari al 29% di tutti i sierotipi identificati). Nel dettaglio, tutti e 48 gli isolati sono riconducibili al laboratorio di riferimento IZS Venezie con sede a Padova e sono stati collezionati nell'ambito di un progetto di ricerca finalizzato ad indagare i fattori di rischio alla base della diffusione e della persistenza di *S.* Infantis nella filiera del pollo da carne. Maggiori informazioni sui risultati dello studio sono disponibili alla pagina web dedicata dell'IZS Venezie. (https://www.izsvenezie.it/salmonella-infantis-allevamenti-polli-procedure-pulizia\ )

Sierotipo	Numero ceppi
S. Infantis	61
S. Kentucky	13
S. Senftenberg	10
S. Typhimurium	8
S.Typhimurium	8
S. Livingstone	8
S. Cerro	7
S. Dublin	6
S. Montevideo	5
S. Derby	4
S. Thompson	4
S. Mbandaka	4
S. Brandenburg	3
S. Veneziana	2
S. Newport	2
S. Coeln	2
S. Bredeney	2
S. Goldcoast	1
S. Enteritidis	1
S. Rissen	1
S. Liverpool	1
S. Give	1
S. Azteca	1
S. Blockley	1
S. Llandoff	1
S. Mishmarhaemek	1
S. Anatum	1
S. Jerusalem	1
Non identificato	5
Totale complessivo	**165**

Tabella 16 Sierotipi appartenenti a specie *enterica* sub specie *enterica* isolati da campioni ambientali

Motivo sopraluogo	Numero ceppi
RICERCA	58
DIAGNOSTICA	25
PNCS	20
AUTOCONTROLLO: ALTRO	21
AUTOCONTROLLO: PNCS	13
PIANO CONTROLLO ALIMENTI	8
AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	6
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO	6
ALTRO	2
INDAGINE IN CASO DI TOSSINFEZIONE	1
Totale complessivo	**160**

Tabella 17. Ceppi notificati riferibili ad ambiente declinati per motivo sopraluogo

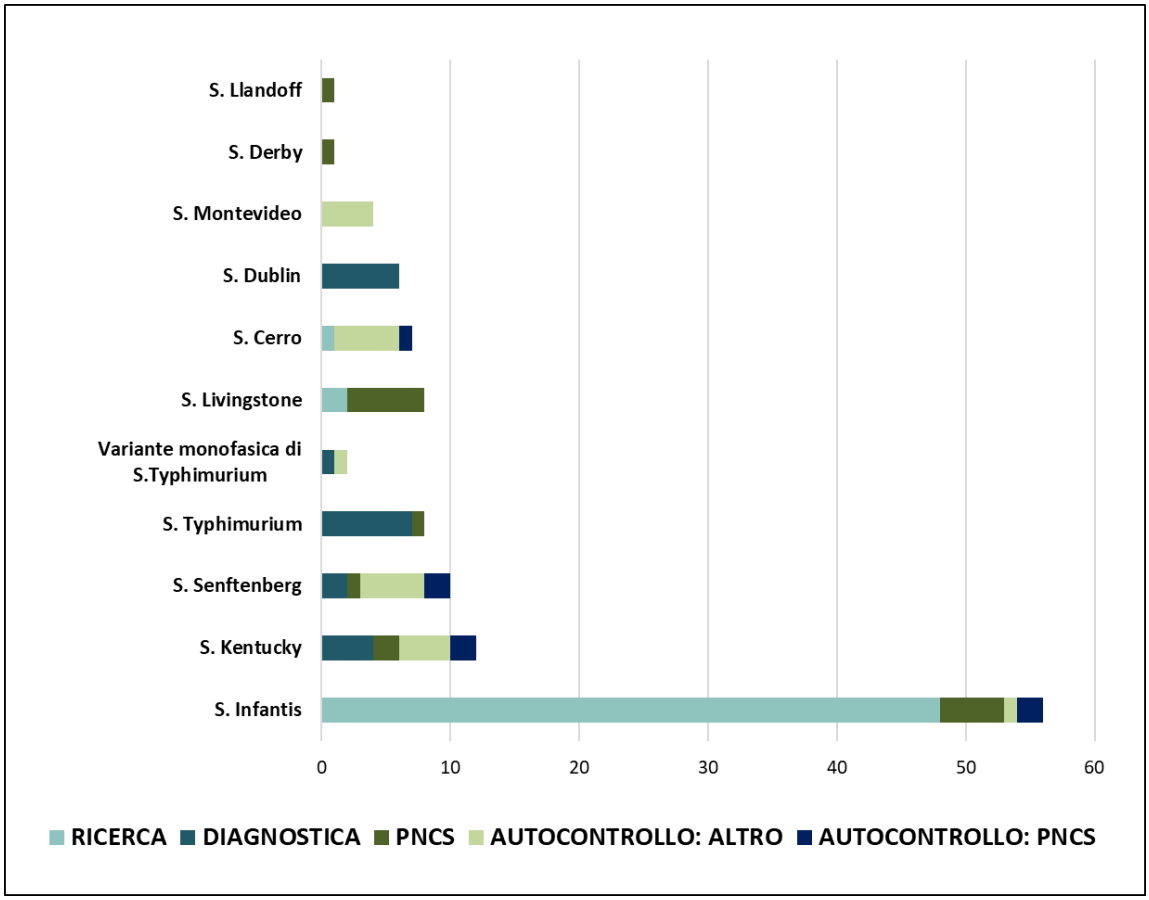


Grafico 5 Sierotipi isolati da campioni ambientali declinati per motivo sopraluogo

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione acqua

In **tabella 18** sono riportati i dati relativi ai ceppi isolati da **acqua** declinati per le macrocategorie: acqua superficiale, acqua di mare e non noto. Sono stati isolati in tutto 76 ceppi appartenenti a diversi sierotipi, in lieve diminuzione rispetto all'anno precedente (85). Nel 2019, rispetto all'anno precedente, non sono rappresentate le macrocategorie "acqua di acquario" e "acqua potabile". I sierotipi più frequentemente identificati sono, analogamente al 2018, *S.* Veneziana e *S.* Typhimurium; si segnala inoltre un aumento di Variante monofasica di *S*. Typhiumurium. *S*. Cerro, il terzo sierotipo maggiormente identificato nel 2018, non è mai stato identificato nel 2019.

Sierotipo	NON NOTO	ACQUA MARE	ACQUA SUPERFICIE	Totale complessivo
S. Veneziana	0	1	10	11
S. Typhimurium	0	6	2	8
Variante monofasica di *S*.Typhimurium	1	6	0	7
S. Derby	0	4	0	4
S. Coeln	0	1	3	4
S. Stanleyville	0		4	4
S. Newport	0	2	2	4
S. Muenster	0	2	1	3
S. Goldcoast	0	2	0	2
S. Brandenburg	0	2	0	2
S. Rissen	0	2	0	2
S. Infantis	0	2	0	2
S. Agama	0	0	2	2
S. Sangera	0	0	1	1
S. Agona	0	1	0	1
S. Chester	0	0	1	1
S. Mikawasima	0	1	0	1
S. London	0	1	0	1
S. Muenchen	0	1	0	1
S. Frankfurt	0	0	1	1
S. Bredeney	0	0	1	1
S. Umbilo	0	1	0	1
S. Napoli	0	0	1	1
S. Corvallis	0	1	0	1
S. Eboko	0	0	1	1
S. Fischerhuette	0	1	0	1
S. Kapemba	0	0	1	1
Totale complessivo	**1**	**37**	**31**	**69**

Tabella 18. Sierotipi da campioni di acqua declinati per macrocategoria

Nel **grafico 6** sono riportati i dati sui sierotipi isolati da acqua distribuiti **per motivo sopraluogo** (esclusi ceppi con sierotipo non noto e solo sierotipi identificati con una frequenza maggiore di 1). Osservando il grafico, si evince che la maggior parte degli isolati sono stati collezionati in ambito di "autocontrollo" (44% degli isolati), seguito da "piani di monitoraggio regionale/locale" (il 31,5% degli isolati).

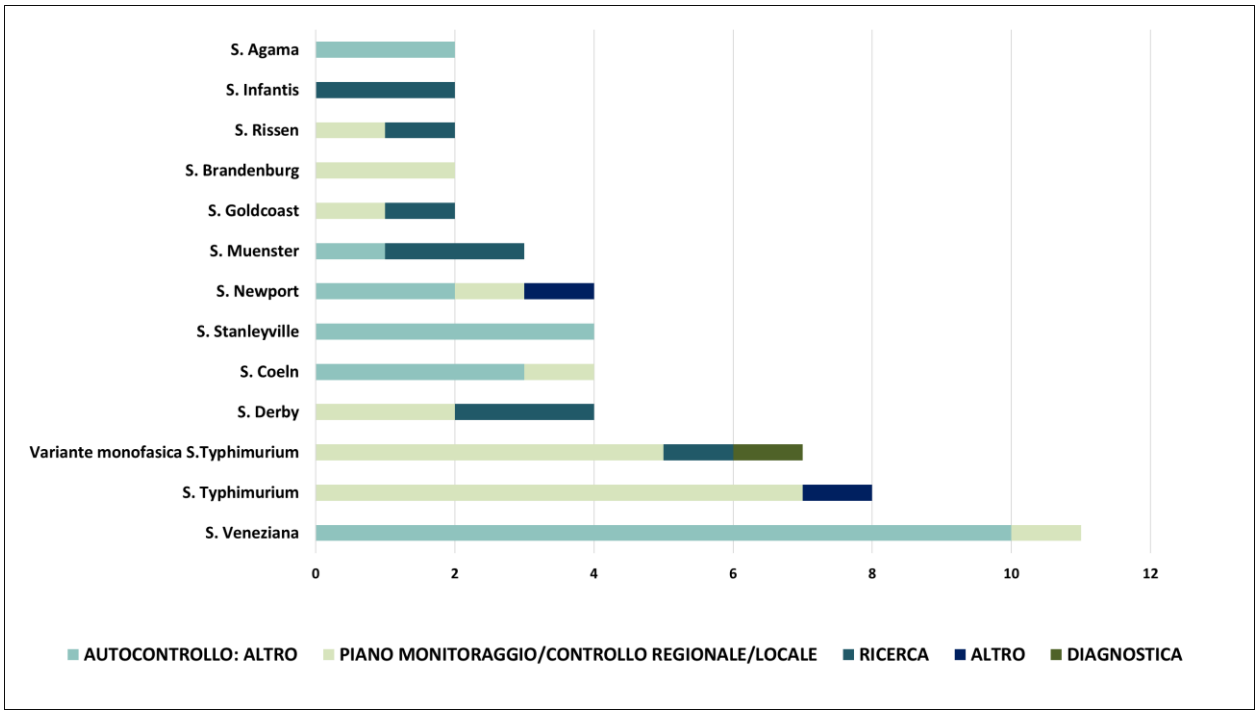


Grafico 6. Sierotipi notificati riferibili ad acqua declinati per motivo sopraluogo

Dati relativi alla distribuzione dei profili MLVA

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

Nel gestionale Entervet sono riportati i profili MLVA per un totale di **354** ceppi di cui 119 riferibili a *S.* Typhimurium, 146 a Variante monofasica di *S*. Typhimurium e 89 a *S.* Enteritidis.

In **tabella 21** vengono indicati i laboratori cui sono riferibili i ceppi con profilo MLVA registrato nel gestionale distribuiti per i tre sierotipi.

	S . Enteritidis		*S* . Typhimurium		Variante monofasica *S* . Typhiumurium		Totale complessivo	
Laboratorio Enter-Vet di riferimento	N° ceppi	N° Profili MLVA	N° ceppi	N° Profili MLVA	N° ceppi	N° Profili MLVA	N° ceppi	N° Profili MLVA
IZS ABRUZZO E MOLISE - TERAMO	2	0	5	0	0	0	7	0
IZS DEL MEZZOGIORNO - PORTICI	1	1	11	10	14	14	26	25
IZS DELLA SARDEGNA - SASSARI	0	0	2	0	9	0	11	0
IZS DELLA SICILIA - PALERMO	0	0	7	0	6	0	13	0
IZS DELLE VENEZIE - PADOVA	66	31	99	46	116	52	281	129
IZS LAZIO E TOSCANA - ROMA	5	0	7	0	18	0	30	0
IZS LOMBARDIA ED EMILIA ROMAGNA - BRESCIA	73	56	162	57	127	41	362	154
IZS PIEMONTE, LIGURIA E VALLE D'AOSTA - TORINO	17	0	24	0	29	0	70	0
IZS PUGLIA E BASILICATA - FOGGIA	5	0	3	0	14	0	22	0
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. PERUGIA	1	1	6	6	39	39	46	46
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. MACERATA	1	0	4	0	28	0	33	0
Totale complessivo	**171**	**89**	**330**	**119**	**400**	**146**	**901**	**354**

Tabella 21. Isolati per cui è disponibile profilo MLVA declinati per sierotipo e laboratorio di origine

Profili MLVA ceppi di *S.* Enteritidis

Nel 2019 sono stati identificati 32 profili MLVA differenti da 89 ceppi di *S.* Enteritidis.

In **tabella 22** sono riportati i **dieci profili MLVA più comuni** identificati **per i ceppi di *S.* Enteritidis** declinati per specie cui sono riferibili gli isolati.

Profilo MLVA	GALLINA OVAIOLA	MAMMIFERO SELVATICO	POLLO	BOVINO	SUINO	COLOMBO	UCCELLO	POLLO RIPRODUTTORE	Totale complessivo
2-10-12-5-1	7	0	1	0	0	0	0	1	9
2-9-7-3-2	6	0	2	0	0	0	0	0	8
3-10-5-4-1	6	0	1	0	0	0	0	0	7
2-14-7-4-1	0	6	0	0	0	0	1	0	7
2-11-7-3-2	0	0	0	3	3	0	0	0	6
3-8-5-4-1	4	1	0	0	0	0	0	0	5
3-12-5-4-1	4	0	1	0	0	0	0	0	5
2-10-7-3-2	2	0	1	0	0	1	0	0	4
2-13-7-4-1	0	3	0	0	0	1	0	0	4
3-11-5-4-1	3	0	0	0	0	0	0	0	3
Totale complessivo	**32**	**10**	**6**	**3**	**3**	**2**	**1**	**1**	**58**

Tabella 22. Profilo MLVA degli isolati di *S.* Enteritidis declinati per specie cui sono riferibili i ceppi

Il profilo identificato con maggiore frequenza in Italia nel 2019 è il 2-10-12-5-1, un profilo individuato da isolati in corso di un focolaio che ha avuto inizio nel 2018 e che ha coinvolto sia polli riproduttori che galline ovaiole di allevamenti in diverse regioni italiane.

Il secondo profilo più frequentemente identificato in Italia (2-9-7-3-2) corrisponde a quello individuato in corso del multi-country outbreak legato al consumo di uova contaminate, che dal 2017 ha visto coinvolti 15 Paesi Membri e notificati più di 656 casi confermati e 202 casi probabili.

Tale focolaio, originato da allevamenti di ovaiole in Polonia, ha visto raggiungere il picco di casi nei mesi estivi tra il 2016-2018, risulta ancora in corso, come si evince dal report EFSA-ECDC aggiornato a febbraio 2020. (https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/multi-country-outbreak-salmonella-enteritidis-infections-linked-eggs).

Da segnalare infine che, come l'anno scorso, uno dei ceppi identificati con maggiore frequenza (3-10-5-4-1) è lo stesso profilo MLVA individuato per il ceppo utilizzato per l'allestimento del vaccino "Salmovac 440".

Profili MLVA ceppi di *S.* Typhimurium e Variante monofasica di *S.* Typhimurium

Per quanto riguarda *S.* Typhimurium**,** sono stati identificati 87 profili MLVA da 111 ceppi. Di questi 87, 70 sono profili identificati con frequenza pari ad 1, 10 profili comuni al massimo a due ceppi, 2 comuni a 3 o più ceppi e 4 a 4 o più ceppi; infine vi è un profilo identificato con frequenza pari a 7. In **tabella 23** sono riportati i **profili MLVA identificati per i ceppi di *S.* Typhimurium** comuni a due o più ceppi declinati per specie cui sono riferibili gli isolati (nella colonna dove indicato specie "Altro", sono riportati i profili individuati delle seguenti specie: tacchino; volatile; anatra e specie ittica).

Profilo MLVA	BOVINO	MOLLUSCO BIVALVE	COLOMBO	POLLO	MAMMIFERO SELVATICO	BUFALO	QUAGLIA	SUINO	ALTRO *	Totale complessivo
2-23-13-11-212	5	0	0	1	0	0	0	0	1	7
3-14-15-21-0311	0	4	0	0	0	0	0	0	0	4
2-23-5-15-0112	4	0	0	0	0	0	0	0	0	4
3-12-15-23-311	3	0	0	0	0	0	0	0	0	3
3-14-15-16-0311	3	0	0	0	0	0	0	0	0	3
2-20-9-7-0212	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
2-23-13-11-0212	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
2-20-NA-NA-211	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2
2-23-14-11-212	1	0	0	0	0	0	0	1	0	2
3-13-9-NA-0211	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
3-14-14-14-0311	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2
2-20-9-7-212	0	1	0	0	0	0	0	0	1	2
3-17-NA-NA-0111	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
3-16-9-NA-0311	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2
2-18-8-10-12	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2
2-25-5-6-0112	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2
2-23-8-11-212	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Totale complessivo	**22**	**5**	**4**	**3**	**2**	**2**	**2**	**1**	**4**	**45**

Tabella 23. Profilo MLVA degli isolati di *S.* Typhimurium comuni a tre o più ceppi declinati per specie cui sono riferibili gli isolati

Per quanto riguarda variante monofasica di *S.* Typhimurium, sono stati identificati 70 profili differenti da 146 ceppi. Tra questi 70 profili, 40 sono stati identificati con frequenza uguale a 1, 12 profili comuni al massimo a 2 ceppi, 14 identificati con una frequenza compresa tra 3 e 5, 2 profili individuati con una frequenza rispettivamente di 6 e di 7.

In **tabella 24** sono riportati **i profili MLVA identificati per i ceppi di Variante monofasica di *S.* Typhimurium** comuni a tre o più ceppi declinati per specie cui sono riferibili gli isolati.

Profilo MLVA	SUINO	BOVINO	TACCHINO	BUFALO	CANE	GALLINA OVAIOLA	MISTO BOVINO-SUINO	Totale complessivo
3-11-10-NA-0211	5	0	0	0	2	0	0	7
3-11-11-NA-211	3	0	0	0	0	0	0	3
3-11-17-NA-0211	1	0	0	2	0	0	0	3
3-11-8-NA-0211	5	0	0	0	0	0	0	5
3-11-9-NA-0211	7	0	0	0	0	0	0	7
3-12-10-NA-0211	5	0	0	0	0	0	0	5
3-12-12-NA-0211	4	0	0	0	0	0	0	4
3-12-3-NA-0211	3	0	0	0	0	0	0	3
3-12-9-NA-0211	4	0	2	0	0	0	0	6
3-13-10-NA-0211	4	0	0	0	0	0	0	4
3-13-11-NA-0211	5	0	0	0	0	0	0	5
3-14-10-NA-0211	4	0	0	0	0	0	0	4
3-14-11-NA-211	3	0	0	0	0	0	0	3
3-14-8-NA-0211	0	5	0	0	0	0	0	5
3-14-9-NA-0211	1	1	0	0	0	1	1	4
3-9-13-NA-0211	4	0	0	0	0	0	0	4
Totale complessivo	**58**	**6**	**2**	**2**	**2**	**1**	**1**	**72**

Tabella 24. Profilo MLVA degli isolati di variante monofasica di *S.* Typhimurium comuni a sei o più ceppi declinati per specie cui sono riferibili gli isolati

Conclusioni

I dati relativi agli approfondimenti sulle caratteristiche degli isolati di *Salmonella* da matrici di origine veterinaria corredati da informazioni di tipo epidemiologico hanno permesso di ottenere un quadro generale dei principali ceppi circolanti in specifici contesti nel 2019.

Si raccomanda di tenere sempre in considerazione, nell'osservare i dati, che essi sono il risultato di un sistema di notifica basato su sorveglianza passiva e quindi soggetti a fisiologiche fluttuazioni nelle notifiche da parte dei laboratori partecipanti alla rete, come anche influenzati dalle specifiche attività implementate dai laboratori stessi (nel caso specifico, un esempio è l'attività di ricerca dell' IZSVe che ha impattato sul numero di isolati di *S*. Infantis da ambiente). L'evidenza di trend deve quindi essere opportunamente contestualizzata.

Va tuttavia evidenziato che il sistema Enter-Vet sta diventando di anno in anno una fonte sempre più importante di informazioni; consente infatti di rispondere in modo rapido alle richieste di dati da parte di EFSA e Commissione Europea, contribuendo così in modo efficace alla sorveglianza epidemiologica e alla precoce individuazione di potenziali fonti di esposizione per l'uomo.

Grazie al contributo dei laboratori della rete Enter-Vet, l'Italia è uno dei Paesi Membri più attivi nella trasmissione di dati nell'ambito del "Molecular Typing" promosso da EFSA: nel 2019 sono stati trasmessi 276 record corrispondenti ad altrettanti ceppi di S. Enteritidis/Typhimurium/variante monofasica di *S*. Typhimurium per cui era disponibile il profilo MLVA.

Il CRNS con la costante collaborazione dei laboratori della rete Enter-Vet continuerà ad adoperarsi per ottimizzare il sistema di raccolta di informazioni, così da rendere i dati disponibili più facilmente interpretabili e maggiormente informativi.

Lo staff del Centro di referenza nazionale per le salmonellosi

Data di pubblicazione:

03/03/2022