

Enter-Vet

Report Dati 2020

Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi

Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie



Enter-vet – Report 2021

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:

Veronica Cibirin², Clara Tassinato², Giulia Cento¹, Laura Ciot¹, Pestelli Paola¹, Lisa Barco^{1*}

¹ SCS1 – Microbiologia generale e sperimentale

² SCS4 – Epidemiologia, servizi e ricerca in sanità pubblica veterinaria

^{1*} Direttore della Struttura Microbiologia generale e sperimentale (SCS1) e direttore del Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi

Si ringrazia inoltre la dott.ssa Marta Leati (AULSS5 Veneto, alla data di pubblicazione del report) per il contributo nella fase di raccolta ed elaborazione dei dati).

Data di pubblicazione: 21/07/2023

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	3
Elenco dei Laboratori di Riferimento	4
1. Gestione dei dati e riepilogo delle notifiche	6
2. Dati relativi alla distribuzione dei sierotipi	13
3. Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione animale	19
4. Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione alimento	21
5. Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione mangime	24
6. Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione ambiente	27
7. Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione acqua	29
8. Dati relativi alla distribuzione dei profili MLVA	31
9. Profili MLVA ceppi di <i>S. Enteritidis</i>	32
10. Profili MLVA ceppi di <i>S. Typhimurium</i> e Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i>	33
Conclusioni	36

Introduzione

Il report presenta i dati relativi ai ceppi di *Salmonella* isolati da matrici veterinarie nel 2020, 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 un 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 della 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.

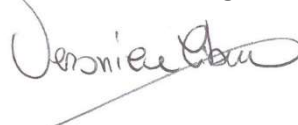
Un ringraziamento particolare è da rivolgere ai colleghi che hanno curato la gestione della piattaforma web-based e a coloro che hanno inserito i dati nel sistema, dimostrando notevole spirito di collaborazione.

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

Dott.ssa Veronica Cibir



Elenco dei Laboratori di Riferimento

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

Referenti:

Dott.ssa Lucia De Castelli - lucia.decastelli@izsto.it
Dott.ssa Clara Tramuta - clara.tramuta@izsto.it
Dott.ssa Michela Fabbri - michela.fabbri@izsto.it

2. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lombardia ed Emilia-Romagna

Reparto Tecnologie Biologiche Applicate - Laboratorio Batteriologia Specializzata
Via A. Bianchi, 9 25124 Brescia
Tel 030 2290323 - 268

Referente:

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

3. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche (Perugia)

Laboratorio di Microbiologia degli Alimenti
Via G. Salvemini, 1 06126 Perugia
Tel 075 343269 | Fax 075 35047

Referenti:

Dott.ssa Roberta Orteni - r.ortenzi@izsum.it
Dott.ssa Alessia Zicavo - a.zicavo@izsum.it
Dott.ssa Sara Primavilla - s.primavilla@izsum.it

4. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche (Macerata)

Via Maestri del Lavoro 7, 62029 Tolentino (MC)
Tel 0733 262206 | Fax 0733 262069

Referenti:

Dott.ssa Giuliana Blasi - g.blasi@izsum.it
Dott.ssa Monica Staffolani - m.staffolani@izsum.it
Dott.ssa Maira Napoleoni - m.napoleoni@izsum.it
Dott.ssa Elena Rocchegiani - e.rocchegiani@izsum.it

5. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lazio e Toscana

Microbiologia degli alimenti
Via Appia Nuova, 1411 00178 Roma
Tel 06 79099423 | Fax 06 79340724

Referenti:

Dott. Stefano Bilei - stefano.bilei@izslt.it
Dott. Antonio Battisti - antonio.battisti@izslt.it
Dott.ssa Alessia Franco - alessia.franco@izslt.it
Dott.ssa Teresa Bossù - teresa.bossu@izslt.it
Dott.ssa Maria Laura De Marchis - marialaura.demarchis@izslt.it

6. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Abruzzo e Molise

Reparto di Batteriologia e Igiene dei prodotti lattiero caseari
Campo Boario, 64100 Teramo
Tel 0861/332463-461-411 | Fax 0861/332251

Referenti:

Dott. Giuliano Garofalo - g.garofolo@izs.it
Dott.ssa Romina Romantini – r.romantini@izs.it
Dott.ssa Katuscia Zilli - k.zilli@izs.it
Dott.ssa Lisa Di Marcatonio - l.dimarcatonio@izs.it

7. Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Mezzogiorno

Coordinamento di Sicurezza Alimentare
U.O.C. Controllo degli Alimenti e Sicurezza alimentare
U.O.S. Tipizzazione Salmonelle
Via Salute, 2 80055 Portici (Na)
Tel 081 7865127 – 128 – 194

Referenti:

Dott.ssa. Anna Balestrieri - anna.balestrieri@izsmportici.it
Dott.ssa Maria Rosaria Carullo - mariarosaria.carullo@izsmportici.it
Dott.ssa Immacolata La Tela - immacolata.latela@izsmportici.it
tipizzazioniosalmonelle@izsmportici.it

8. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Puglia e Basilicata

Struttura Semplice Microbiologia degli alimenti
Via Manfredonia, 20 71100 Foggia
Tel 0881 786319 | Fax 0881 786362

Referenti:

Dott.ssa Elisa Goffredo - elisa.goffredo@izspb.it
Dott.ssa Maria Emanuela Mancini - maria.mancini@izspb.it
Dott.ssa Simona Faleo - simona.faleo@izspb.it
Dott.ssa Gilda Occhiochiuso - gilda.occhiochiuso@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

Referenti:

Dott.ssa Chiara Piraino - chiara.piraino@izssicilia.it
Dott. Franco Sciarba – franco.sciarba@gmail.com
Dott.ssa Concetta Napoli – concetta.napoli@izssicilia.it

10. Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sardegna

Sede centrale di Sassari – Dipartimento di Sanità animale
Laboratorio di Batteriologia Speciale
Via Duca degli Abruzzi, 8 07100 Sassari
Tel. 079 2892327 | Fax 079 2892324

Referenti:

Dott. Stefano Lollai - stefano.lollai@izs-sardegna.it
Dott.ssa Vittoria D'Ascenzo – vittoria.dascenzo@izs-sardegna.it

1. 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 2020.

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 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 2020 era previsto l'invio a 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 2020, comprensivi delle informazioni epidemiologiche, sono stati trasmessi attraverso il gestionale web-based già menzionato, 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 IZZSS.

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.

I dati nel report vengono descritti attraverso tabelle e grafici. Le tabelle vogliono esprimere il maggior livello di dettaglio possibile dei dati (anche se necessariamente, non potendo inserire sempre tutti i dati, in alcuni casi vengono posti dei limiti per rendere le tabelle leggibili, ciononostante in caso di necessità di approfondimenti alcune interrogazioni sui dati possono essere effettuate su richiesta). I grafici vogliono esprimere una immediata lettura della distribuzione delle informazioni più significative, ovvero più frequentemente rappresentate.

In riferimento all'anno 2020, sono stati raccolti dati per un totale di 3550 isolati, cui hanno contribuito tutti i laboratori della rete Enter-Vet (**tabella 1**), in diminuzione rispetto al 2019 (4075) ma in linea con il numero di isolati registrati gli anni precedenti (per gli anni 2016, 2017 e 2018 rispettivamente 3530, 3534 e 3632 dati registrati).

Per quanto riguarda il contributo dei diversi IZZSS, si registra un calo importante (più del 50%) degli isolati registrati da IZS Puglia e Basilicata rispetto al 2019 (85 vs 261), ed una lieve diminuzione di quelli registrati dall'IZS Piemonte e Liguria (149 vs 208), dall'IZS dell'Umbria e delle Marche sezione di Macerata (241 vs 307) e dall'IZS delle Venezie (926 vs 1136). Nel caso dell'IZS delle Venezie, la lieve diminuzione degli isolati registrati è legata ad un maggior lavoro di pulizia del database, finalizzata ad avere dati di sempre più elevata qualità e non si esclude che anche per quanto riguarda gli altri istituti sia stata applicata una selezione dei dati a monte.

Viceversa, si nota un lieve aumento di ceppi registrati dall'IZS della Sicilia (89 vs 52), e dall'IZS della Sardegna (86 vs 52); anche in questo caso non è possibile affermare che si tratti di un reale aumento delle salmonelle circolanti piuttosto imputare la variazione a modifiche dei criteri di reporting.

In **tabella 2** i dati sono organizzati sulla base del **luogo prelievo**; similmente a quanto osservato nel 2018 e 2019, "allevamento" rappresenta il luogo prelievo da cui deriva la maggior parte dei ceppi (37,2%), in aumento oltretutto rispetto al 2019, quando rappresentava il 33% degli isolati; "esercizio commerciale" rappresenta il secondo luogo prelievo più rappresentato da cui derivano circa il 13,7% degli isolati, in lieve calo in confronto al 2019 (16%). Si nota un calo, già osservato negli anni precedenti, degli isolati presso "laboratorio di lavorazione", che rappresentano nel 2020 solamente il 3,0% degli isolati (nel 2018 erano il 15%, nel 2019 il 5%), e degli isolati presso "mangimificio" che nel 2020 rappresentano soltanto lo 0,9% degli isolati (2,3% nel 2018; 1,5% nel 2019). Rispetto al 2019, si assiste inoltre ad un calo degli isolati prelevati presso "ambito mare/laguna" (da 2,7% nel 2019 a 1,8% nel 2020) e presso "stabilimento di produzione" (da 5% nel 2019 al 3,1% nel 2020).

Infine, è stato registrato un numero maggiore di ceppi riferibili a campioni prelevati presso “studio consulenza/lab analisi”, che passano dal 7,7% al 10,6% degli isolati, e sono riconducibili prevalentemente ad attività di autocontrollo.

Un numero importante di isolati (9,7%) presenta come luogo prelievo “altro”, percentuale simile al 2019 (9,9%). Questa percentuale costante ma consistente è legata 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. A supporto di questa tesi, la percentuale di ceppi registrati con informazione sul luogo prelievo “non indicato” è scesa, passando da 2,3% (93 ceppi) all’ 1,1% (39 ceppi).

Andando nel dettaglio dei ceppi con luogo prelievo “altro”, si può osservare che quasi nel 23% dei casi il motivo accertamento per questi isolati corrisponde a “Ricerca” e nel 21% a “Piano monitoraggio/controllo regionale/locale”. Per quel che riguarda la specie di origine, nel 20,8% il dato non è disponibile oppure corrispondente a “specie animale non precisata”, mentre nel 26% dei casi gli isolati sono riconducibili a “mammifero selvatico”; una minor parte, il 5,7% degli isolati, è invece riconducibile alla specie “pollo”.

In **tabella 3** i dati sono organizzati per **motivo sopraluogo**, da cui si evince che la maggior parte dei ceppi è riconducibile ad attività eseguite nell’ambito di controlli ufficiali (45%); il resto dei ceppi è riconducibile ad attività eseguite nell’ambito dell’autocontrollo (20% degli isolati, in netto calo rispetto al 2019 dove rappresentavano il 30%); ad attività diagnostica (17%) e anche ad attività di ricerca (5%). L’elevato numero di ceppi che presentano “motivo sopraluogo” corrispondente ad “altro” induce a riflettere rispetto alla tipologia di “motivi sopraluogo” messi a disposizione nel gestionale.

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 simili; rispetto al 2018, si nota un aumento degli isolati da animale, che erano inferiori di 10 punti percentuali rispetto agli isolati da alimento; si nota invece solo una lieve diminuzione degli isolati da campioni di origine animale rispetto al 2019. Ambiente, mangime e acqua sono percentualmente significativamente inferiori rispetto al 2019, ovvero rispettivamente: 2,5% rispetto al 4% del 2019 per i campioni riconducibili alla tipologia ambiente, e 1,4% e 1,2% rispetto al 2% del 019 per i campioni rispettivamente di mangime e acqua.

Al contrario, risultano in aumento i ceppi per cui non è nota la tipologia di origine (12,6% nel 2020 rispetto al 7,9% del 2019); entrando nel dettaglio di questi isolati, si evince che nell’ 80% dei casi il luogo prelievo indicato è “studio consulenza/lab. analisi” e nel 38% dei casi il motivo sopraluogo è “Altro” (54,1%) o “Autocontrollo: altro” (19,6%). Si tratta quindi di ceppi batterici conferiti agli IZZSS da enti che non appartengono al SSN e di conseguenza i metadati a corredo degli isolati non sono di fatto trasferiti e/o recuperabili.

Laboratorio Enter-Vet di riferimento	N° ceppi
IZS LOMBARDIA ED EMILIA ROMAGNA - BRESCIA	1363
IZS DELLE VENEZIE - PADOVA	926
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. MACERATA	241
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. PERUGIA	182
IZS LAZIO E TOSCANA - ROMA	173
IZS PIEMONTE, LIGURIA E VALLE D'AOSTA - TORINO	149
IZS DEL MEZZOGIORNO - PORTICI	146
IZS ABRUZZO E MOLISE - TERAMO	110
IZS DELLA SICILIA - PALERMO	89
IZS DELLA SARDEGNA - SASSARI	86
IZS PUGLIA E BASILICATA - FOGGIA	85
Totale complessivo	3550

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

Luogo prelievo	N° Ceppi
ALLEVAMENTO	1320
ESERCIZIO COMMERCIALE	487
MACELLO	426
STUDIO CONSULENZA / LAB. ANALISI	378
LABORATORIO SEZIONAMENTO	125
STABILIMENTO DI PRODUZIONE	112
LABORATORIO LAVORAZIONE	108
AMBITO MARE/LAGUNA	67
NON INDICATO	39
COMMERCIO ALL'INGROSSO	39
MANGIMIFICIO	34
MEZZO DI TRASPORTO	27
CANILE	13
CASEIFICIO	12
RISTORAZIONE COLLETTIVA	10
CENTRO DI SPEDIZIONE	6
CENTRO DEPURAZIONE	1
ALTRO	346
Totale complessivo	3550

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

Motivo sopraluogo	N° Ceppi
PIANO CONTROLLO ALIMENTI	847
DIAGNOSTICA	616
PIANO NAZIONALE DI CONTROLLO DELLE SALMONELLOSI NEGLI AVICOLI (PNCS)	351
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO REGIONALE/LOCALE	309
AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	278
AUTOCONTROLLO: ALTRO	269
RICERCA	170
AUTOCONTROLLO: PNCS	147
INDAGINE IN CASO DI TOSSINFEZIONE ALIMENTARE	50
PIANO NAZIONALE ALIMENTAZIONE ANIMALE	33
NON NOTO	6
ALTRO	474
Totale complessivo	3550

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

Tipo di campione	N° ceppi 2020
ALIMENTO	1525
ANIMALE	1392
AMBIENTE	88
MANGIME	51
ACQUA	45
NON NOTO	449
Totale complessivo	3550

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

In **tabella 5** è riportata la distribuzione degli isolati **per specie animale** (sono rappresentate esclusivamente le specie con una frequenza maggiore o uguale a 5). Si precisa che, in fase di registrazione dei dati sul gestionale Enter-vet, è possibile inserire la specie animale a cui è riconducibile l'isolato solamente nei casi in cui il campione d'origine appartenga alle categorie "Animale" e "Alimento". I dati per i quali è stata indicata la specie animale pollo, broiler, gallina ovaiole e pollo riproduttore sono stati accorpate in "*Gallus gallus*", che rappresenta la specie da cui provengono la maggior parte degli isolati (1082), seguita da bovino (633) e suino (462).

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 (35,5%) sono riferibili a pollo-tacchino, seguito da bovino-suino (21%) e pollo-suino (12,5%).

Specie	N° Ceppi
<i>Gallus gallus</i>	1082
BOVINO	633
SUINO	462
TACCHINO	123
OVINO	122
MAMMIFERO SELVATICO	58
MOLLUSCO BIVALVE	43
CINGHIALE	37
BUFALO	25
CANE	22
ITTICA	14
VOLATILE SELVATICO	14
TARTARUGA	13
VOLPE	13
RETTILE	11
UCCELLO	9
GATTO	8
COLOMBO	7
SPECIE ANIMALE NON PRECISATA	93
SPECIE ANIMALE NON ATTRIBUIBILE	27
MISTO	48
ALTRO	53
Totale	2917

Tabella 5. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per specie (dato disponibile solo per campioni della tipologia “animale” e “alimento”)

Nel **grafico 1** i dati sono organizzati **per specie animale** ed espressi in percentuale (esclusivamente le 10 specie animali più rappresentate); si può osservare nell'immediato che la maggior parte degli isolati proviene dal comparto avicolo.

Come già osservato nel 2019, negli ultimi anni si è assistito ad un importante aumento di isolati riferibili alla specie bovino. Nel 2018 sono stati registrati 215 isolati (6% degli isolati totali), nel 2019 435 isolati (13% degli isolati rappresentati), mentre nel 2020 risultano 633 isolati (21,7% del totale).

Si assiste inoltre ad una fluttuazione nel numero degli isolati riconducibili alla specie *Gallus gallus*, che nel 2018 erano 1416, pari al 38%, mentre nel 2019 erano 1542, pari al 45%; nel

2020 rappresentano il 37,1% degli isolati. Lo stesso trend si può osservare per la specie suino, che nel 2020 è la specie di origine indicata per 462 isolati, pari al 15,8% di quelli registrati, similmente al 2018 (596 isolati, pari al 14,4% degli isolati), mentre nel 2019 gli isolati da suino rappresentavano il 19,2% degli isolati (659).

Un lieve aumento nel 2020 si ha in termini percentuali per gli isolati riconducibili alle specie tacchino (115, pari al 3% nel 2019 e 123, pari al 4,2% nel 2020) e per quelli riconducibili a mollusco bivalve (80 pari al 2,3% nel 2019 e 43 pari a 4,2% nel 2020).

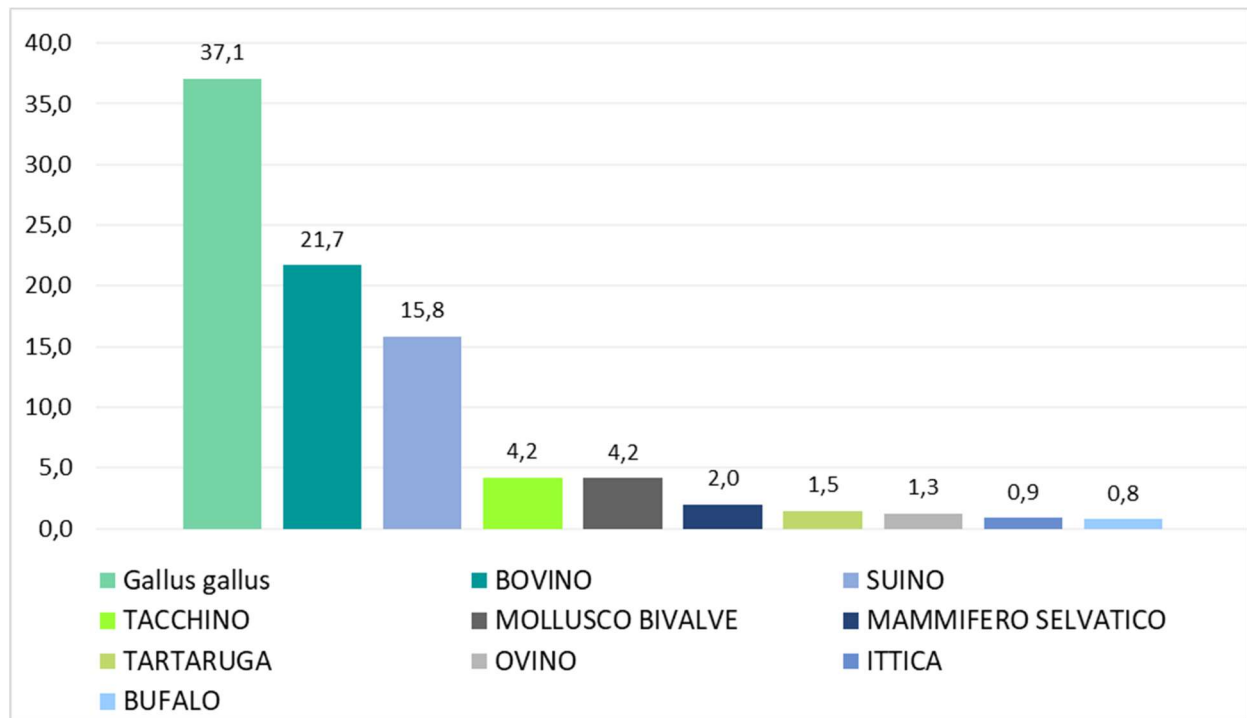


Grafico 1. Distribuzione isolati nel 2020 per specie animale (dato disponibile per tipo campione animale e alimento)

2. 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	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i>	<i>S. enterica</i> subsp. <i>diarizonae</i>	<i>S. enterica</i> subsp. <i>salamae</i>	<i>S. enterica</i> subsp. <i>houtenae</i>	<i>S. bongori</i>	<i>S. enterica</i> subsp. <i>arizonae</i>	Non identificata	Totale complessivo
ANIMALE	1482	20	9	9	1	1	3	1525
ALIMENTO	1377	10	3	1	1	0	0	1392
AMBIENTE	86	0	2	0	0	0	0	88
MANGIME	51	0	0	0	0	0	0	51
ACQUA	42	2	0	0	0	0	1	45
- NON NOTO -	446	1	1	1	0	0	0	449
Totale complessivo	3484	33	15	11	2	1	4	3550

Tabella 6. Dati suddivisi per specie e subspecie di *Salmonella* 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**, sono esclusi i sierotipi isolati con frequenza inferiore a 10 (236 in totale) e quelli per cui non si è giunti ad una tipizzazione completa (73 in totale); nel **grafico 2** i dati dei sierotipi sono espressi in percentuale rispetto al totale e sono rappresentati solo i 10 sierotipi più frequentemente identificati in modo da poter apprezzare con immediatezza la frequenza di distribuzione degli stessi.

Si osserva che nel 2020 il sierotipo più frequentemente isolato è *S. Infantis* (24,1%), analogamente al 2018 e al 2019 quando rappresentava rispettivamente il 23% e il 26,4% degli isolati, seguito da *S. Typhimurium* (10,8%) e variante monofasica di *S. Typhimurium* (10%). Per *S. Typhimurium* risulta confermato il trend in crescita già osservato nel 2019 (6% degli isolati nel 2018, 6,5% nel 2019).

S. Enteritidis è in lieve aumento rispetto all'anno precedente (4,4% con 171 isolati nel 2019), rappresentando nel 2020 il 5,5% dei sierotipi identificati, con 192 ceppi. Oltre ai sierotipi considerati rilevanti per la salute pubblica, si segnala per il 2020 un aumento importante di *S. Anatum*, sierotipo che nel 2019 rappresentava lo 0,4% degli isolati (14), mentre nel 2020

compare tra i 10 sierotipi più frequentemente identificati, pari all'1,8% degli isolati; oltre a *S. Anatum*, nel 2020 si registra un aumento anche di *S. Dublin*, che dal 3,1% passa al 5,6% degli isolati identificati. Viceversa, si osserva una diminuzione di *S. Bredeney*, che, dal 6% del 2019, rappresenta nel 2020 il 3,3% degli isolati.

Sierotipo	N° ceppi
<i>S. Infantis</i>	841
<i>S. Typhimurium</i>	377
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i>	347
<i>S. Dublin</i>	195
<i>S. Enteritidis</i>	192
<i>S. Derby</i>	152
<i>S. Kentucky</i>	152
<i>S. Bredeney</i>	116
<i>S. Blockley</i>	66
<i>S. Anatum</i>	63
<i>S. Abortusovis</i>	62
<i>S. Thompson</i>	62
<i>S. London</i>	51
<i>S. Veneziana</i>	51
<i>S. Brandenburg</i>	50
<i>S. Newport</i>	42
<i>S. Agona</i>	40
<i>S. Rissen</i>	39
<i>S. Mbandaka</i>	33
<i>S. Senftenberg</i>	25
<i>S. Give</i>	24
<i>S. Choleraesuis</i>	22
<i>S. Havana</i>	22
<i>S. Livingstone</i>	22
<i>S. Coeln</i>	20
<i>S. Kedougou</i>	19
<i>S. Goldcoast</i>	15
<i>S. Hadar</i>	15
<i>S. Bovismorbificans</i>	14
<i>S. Muenster</i>	12
<i>S. Napoli</i>	12
<i>S. Braenderup</i>	11
<i>S. Montevideo</i>	11
Totale complessivo	3175

Tabella 7. Numero di ceppi registrati per sierotipo nel 2020, con frequenza maggiore di 10 (sono esclusi inoltre i ceppi per cui non si è giunti ad una tipizzazione completa)

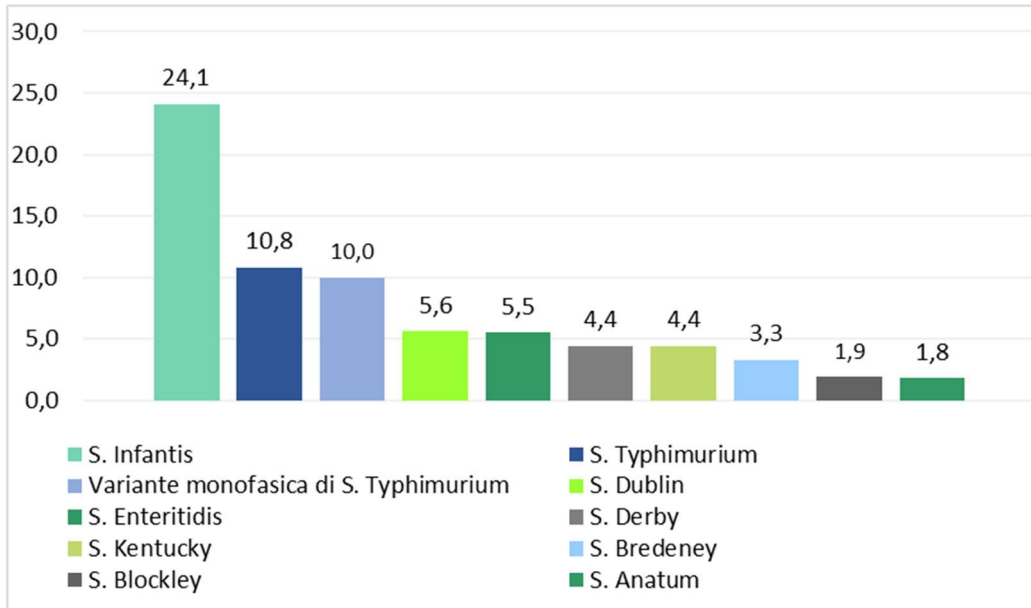


Grafico 2. Distribuzione isolati nel 2020 appartenenti a subspecie *enterica* per sierotipo.

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). Nella maggior parte dei casi, i ceppi (2481, pari all' 82,5%) sono riconducibili o ad alimento o a campioni di origine animale, valore inferiore rispetto a quanto registrato nel 2019 (pari al 86%), indice di una maggior varietà di tipologie di campioni nel 2020.

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 30) 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 73 ceppi appartenenti alla specie *S. enterica* subsp. *enterica* per cui è stato selezionato il campo "sierotipo non identificato".

Osservando i dati riportati nelle **tabelle 8 e 10**, si osserva che, analogamente a quanto osservato gli anni precedenti, *S. Infantis*, è isolato in contesti differenti da diverse matrici e luoghi, indice della forte capacità di adattamento di questo sierotipo, anche se esso è riconducibile principalmente a campioni di alimento (49%). Dalle tabelle viene confermata anche la grande ubiquità di sierotipi come *S. Typhimurium* e Variante monofasica di *S. Typhimurium*, identificati anch'essi in diversi contesti e matrici differenti. Alcuni sierotipi invece, come *S. Kentucky* e *S. Abortusovis*, vengono isolati quasi sempre da campione di origine animale nel contesto dell'allevamento.

Sierotipo	ANIMALE	ALIMENTO	NON NOTO	AMBIENTE	ACQUA	MANGIME	Totale complessivo
S. Infantis	213	408	186	28	0	6	841
S. Typhimurium	259	94	14	1	4	5	377
Variante monofasica S. Typhimurium	110	201	28	3	4	1	347
S. Dublin	107	78	10	0	0	0	195
S. Enteritidis	100	79	6	6	1	0	192
S. Kentucky	130	6	11	4	0	1	152
S. Derby	16	127	5	1	3	0	152
S. Bredeney	50	40	21	4	0	1	116
S. Blockley	31	16	19	0	0	0	66
S. Anatum	38	19	3	0	2	1	63
S. Thompson	20	12	3	27	0	0	62
S. Abortusovis	61	1	0	0	0	0	62
S. Veneziana	18	5	17	0	9	2	51
S. London	8	34	5	0	4	0	51
S. Brandenburg	12	32	3	0	3	0	50
S. Newport	16	19	3	1	3	0	42
S. Agona	14	11	13	0	0	2	40
S. Rissen	10	23	3	1	1	1	39
S. Mbandaka	12	2	14	3	0	2	33
Non identificato	24	25	22	1	0	1	73
Totale complessivo	1249	1232	386	80	34	23	3004

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

Sierotipo	ALLEV.TO	ESERCIZIO COMM.LE	MACELLO	STUDIO CONSULENZA / LAB. ANALISI	ALTRO	LABORATORIO SEZIONAMENTO	STABILIMENTO DI PRODUZIONE	LABORATORIO LAVORAZIONE	AMBITO MARE/ LAGUNA	NON INDICATO	Totale comp.vo
S. Infantis	201	273	55	182	19	30	19	26	3	9	817
S. Typhimurium	236	13	44	17	39	4	3	3	8	2	369
Variante monofasica S. Typhimurium	113	37	73	22	24	20	20	21	5	8	343
S. Dublin	103	13	56	4	3	1	2	4	0	3	189
S. Enteritidis	65	4	5	6	49	13	5	3	3	0	153
S. Kentucky	129	2	1	12	1	2	2	0	0	2	151
S. Derby	17	22	54	4	11	18	7	16	1	1	151
S. Bredeney	45	26	6	21	6	4	2	2	0	0	112
S. Blockley	28	11	3	19	3	0	1	1	0	0	66
S. Thompson	11	8	1	3	37	2	0	0	0	0	62
S. Abortusovis	62	0	0	0	0	0	0	0	0	0	62
S. Anatum	30	13	3	1	2	4	4	1	2	1	61
S. London	13	3	13	3	3	1	2	6	5	2	51
S. Veneziana	5	0	2	3	13	0	15	0	11	1	50
S. Brandenburg	12	3	17	3	2	2	0	4	6	1	50
S. Rissen	7	2	13	3	3	3	1	4	2	1	39
S. Agona	17	2	4	7	1	1	5	1	0	0	38
S. Newport	2	3	4	3	14	3	0	3	3	0	35
S. Mbandaka	15	0	2	5	0	0	7	0	0	0	29
Non identificato	23	5	8	16	6	4	3	3	1	1	70
Totale complessivo	1134	440	364	334	236	112	98	98	50	32	2898

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

Sierotipo	PIANO CONTROLLO ALIMENTI	DIAGNOSTICA	ALTRO	PNCS	PIANO MONITORAGGIO/ CONTROLLO REGIONALE/ LOCALE	AUTOCONTROLLO SETTORE ALIMENTARE	AUTOCONTROLLO ALTRO	AUTOCONTROLLO PNCS	RICERCA	INDAGINE IN CASO DI TOSSINFEZIONE ALIMENTARE	PNAА	NON NOTO	Totale comp.vo
S. Infantis	330	14	148	98	49	54	37	53	51	2	5	0	841
S. Typhimurium	44	191	34	12	25	10	49	7	3	0	2	0	377
Variante monofasica S.Typhimurium	85	85	29	2	21	63	36	2	16	5	2	1	347
S. Dublin	49	80	30	0	21	4	11	0	0	0	0	0	195
S. Enteritidis	27	10	25	31	44	2	2	6	4	40	0	1	192
S. Kentucky	6	5	9	64	4	26	10	25	3	0	0	0	152
S. Derby	51	6	21	6	15	30	7	0	14	1	0	1	152
S. Bredeney	38	3	19	7	10	1	3	24	11	0	0	0	116
S. Blockley	14	5	12	7	0	2	4	13	9	0	0	0	66
S. Anatum	16	1	5	23	4	5	5	2	2	0	0	0	63
S. Thompson	7	3	4	9	2	2	33	1	1	0	0	0	62
S. Abortusovis	0	61	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	62
S. Veneziana	2	5	6	4	8	14	10	0	1	0	1	0	51
S. London	15	4	2	3	9	7	4	0	6	0	1	0	51
S. Brandenburg	17	7	3	2	8	6	3	0	4	0	0	0	50
S. Newport	8	0	13	1	15	1	0	0	3	0	0	1	42
S. Agona	7	5	8	5	4	4	2	3	0	0	2	0	40
S. Rissen	16	2	3	3	6	2	3	1	1	0	2	0	39
S. Mbandaka	5	0	5	9	2	7	2	0	2	0	1	0	33
Non identificato	13	15	17	4	7	4	6	1	5	0	1	0	73
Totale complessivo	750	502	393	290	254	244	228	138	136	48	17	4	3004

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

3. 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 (sono esclusi gli avicoli generici).

Per quel che riguarda la specie "altro", essa comprende isolati da specie con frequenza uguale o inferiore a 10 al netto di quelli già esclusi perché isolati in generale con una frequenza inferiore o uguale a 10; in particolare nella categoria "altro" sono raggruppati i seguenti dati: mammifero (9); bufalo, colombo, coniglio, uccello, volatile selvatico e volpe (ciascuno pari a 7); gatto (6); tartaruga (3); caprino (2); avicoli generici, fagiano, faraona, insetto e mollusco bivalve (ciascuno pari ad 1).

Osservando la distribuzione dei sierotipi non specie-specifici emergono interessanti informazioni. Si può osservare ad esempio come *S. Infantis* e *S. Kentucky* siano i sierotipi più frequentemente riconducibili alla specie *Gallus gallus*, e come *S. Typhimurium* e la Variante monofasica di *S. Typhimurium* siano stati frequentemente isolate nel bovino. Per quanto riguarda *S. Enteritidis*, si evidenzia un significativo numero di isolamenti nel mammifero selvatico (31).

Si ricorda che nel valutare questi dati bisogna sempre tenere conto che le specie sottoposte a campionamento dipendono strettamente dal motivo del sopralluogo, che, fatta eccezione per attività regolamentate, come il Piano nazionale di controllo della salmonellosi negli avicoli, può subire variazioni nel tempo e nello spazio.

Nel **grafico 3** si possono osservare le **matrici di origine animale** da cui sono stati isolati i sierotipi con una frequenza > 30 (sono raggruppate in "altro" le matrici corrispondenti a piume, polvere e uova scarto di schiusa, per un totale di 7 record); per quel che riguarda la matrice "organo" esso raggruppa le seguenti matrici: organo, pool di organi, fegato, linfonodo, milza e muscolo. Si evidenzia che per l'anno 2020 un numero non indifferente di isolati presenta come matrice "materiale non specificato" (pari circa al 10%).

Dal grafico 3 si può notare come *S. Infantis*, e *S. Kentucky* siano più frequentemente riconducibili a matrici previste nell'ambito del PNCS. Alcuni sierotipi, come *S. Dublin*, e *S. Abortusovis* sono isolati quasi esclusivamente o con frequenza significativa in organi della specie di elezione; da evidenziare come anche più della metà delle *S. Enteritidis* è riconducibile alla matrice organo, e la maggior parte di queste sono state isolate nell'ambito di attività configurabili come piani regionali/locali.

Sierotipo	BOVINO	POLLO	GALLINA OVAIOLA	BROILER	OVINO	TACCHINO	SUINO	MAMMIFERO SELVATICO	POLLO RIPRODUTTORE	CANE	CINGHIALE	ALTRO*	Totale complessivo
S. Typhimurium	194	12	3	1	0	7	3	3	0	1	2	32	258
S. Infantis	1	116	11	68	0	7	2	0	0	3	1	2	211
S. Kentucky	2	57	67	2	0	1	0	0	0	0	0	1	130
Variante monofasica S. Typhimurium	71	3	1	0	0	3	26	1	0	0	1	4	110
S. Dublin	105	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	107
S. Enteritidis	0	29	24	0	3	0	0	31	1	4	2	6	100
S. Abortusovis	0	0	0	0	61	0	0	0	0	0	0	0	61
S. Bredeney	1	13	0	25	0	3	1	1	0	2	0	4	50
S. Anatum	2	3	0	4	0	27	0	0	0	0	0	2	38
S. Blockley	1	9	2	15	0	0	0	0	2	1	0	1	31
S. Thompson	0	1	1	5	0	2	0	1	8	2	0	0	20
S. Veneziana	0	2	2	0	0	1	0	7	2	0	0	4	18
S. Newport	2	2	0	0	0	1	0	1	0	0	6	3	15
S. Derby	2	1	1	0	0	0	5	0	5	0	0	2	16
S. Agona	3	1	6	1	0	1	0	0	0	0	0	2	14
S. Senftenberg	0	4	3	2	0	2	0	0	0	1	0	1	13
S. Mbandaka	0	9	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	12
S. Brandenburg	3	0	3	0	0	0	2	0	0	0	0	4	12
S. Livingstone	0	8	1	0	0	2	0	0	0	1	0	0	12
S. Choleraesuis	1	0	0	0	0	0	8	0	0	0	2	0	11
Totale complessivo	388	270	127	124	64	57	48	45	18	15	14	69	1239

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

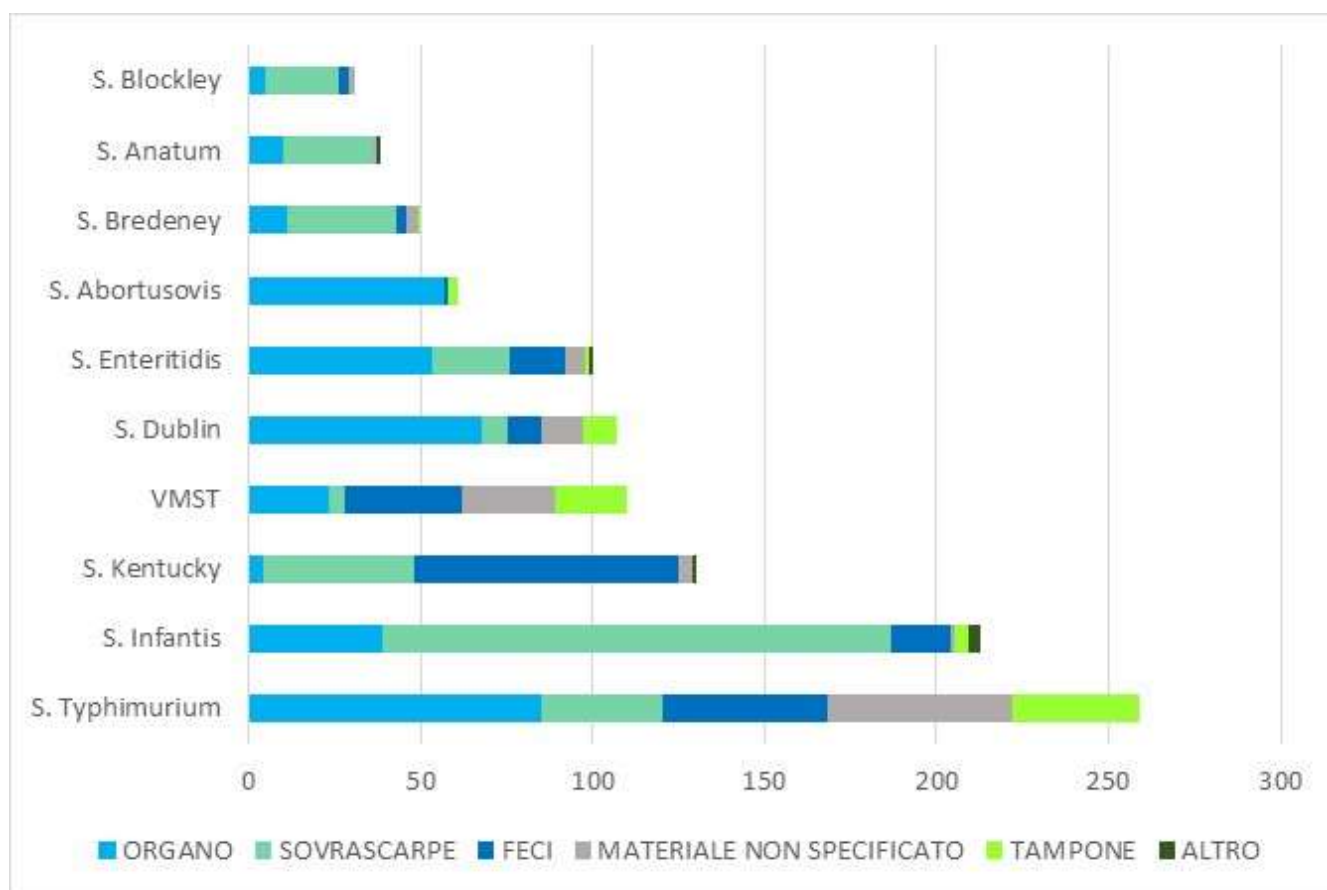


Grafico 3. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni animali declinati per matrice

4. 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 animale non precisata e specie animale non attribuibile).

Dai dati in tabella si evince che, analogamente agli anni passati, *S. Infantis* è quasi esclusivamente isolato da alimenti di origine avicola (91,8%); *S. Enteritidis* è riconducibile sicuramente ad alimenti di origine avicola ma anche, sorprendentemente, ad alimenti di origine ovina, da cui provengono il 46% delle *S. Enteritidis* riportate. Questo aumento di *S. Enteritidis* da ovino è correlata ad un focolaio che ha avuto luogo nel corso dell'anno 2020 nel territorio della Regione Marche, e segnalato dall'IZSUM; infatti il motivo sopralluogo cui sono riconducibili questi isolati è "indagine in corso di tossinfezione alimentare" (per maggiori informazioni si veda Napoleoni *et al* 2021 <https://doi.org/10.3390/microorganisms9122464>).

Variante monofasica di *S. Typhimurium* è isolata quasi esclusivamente da alimenti riconducibili a suino (80%), confermando i dati del 2019. Altri sierotipi fortemente associati

ad alimenti di origine suina sono: S. Derby S. London, S. Brandenburg S. Dublin e S. Rissen. Un così elevato numero di isolamenti di S. Dublin in alimenti riconducibili a suino è anomalo ed andrebbe valutato con attenzione.

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. Si evidenzia che per quanto riguarda i 58 isolati da bovino, in 27 casi sono riconducibili a motivo di campionamento “diagnostica” che appare incongruente con la matrice d’origine (alimento); non si esclude quindi un errore nella registrazione dei dati relativi a questi isolati.

Nel **grafico 6** a ciascun sierotipo viene associata la **matrice alimentare** da cui sono stati isolati i ceppi (sono presi in considerazione solo i sierotipi per cui sono stati riscontrati in generale più di 10 isolamenti). Si sottolinea che sono riportati nel gestionale 40 sierotipi isolati da “materiale non specificato” di cui 32 riconducibili a “piano controllo alimenti” riportati da un unico IZS, ciò sottintende la necessità di identificare e correggere questa criticità.

Non sono descritti nel grafico i sierotipi isolati con una frequenza inferiore a 10, tra questi 2 ceppi isolati da spezie identificati come S. Morehead e S. Rubislaw e 3 isolati da prodotti vegetali di cui una S. Orianenburg, una *Salmonella* subsp. *salamae* ed una subsp. *diarizonae*.

Per quanto riguarda i dati presentati nel grafico è evidente che S. Infantis rappresenta di gran lunga il sierotipo più frequentemente isolato in carne e prodotti a base di carne; questo sierotipo è isolato con maggior frequenza (83%) in alimenti riconducibili a specie “pollo” e questo denota la grande capacità di questo sierotipo di persistere nelle fasi di lavorazione, essendo anche il sierotipo più frequentemente identificato a livello di produzione primaria. Altrettanto non si può affermare per S. Typhimurium che, pur essendo il sierotipo più frequentemente isolato negli animali, occupa la quarta posizione per quanto riguarda gli alimenti ed in questo contesto viene più frequentemente isolato da carcasse al macello e meno frequentemente in carne e prodotti a base di carne.

Per quanto riguarda gli isolamenti in formaggio e da latte crudo, in 15 e 20 casi rispettivamente si tratta di S. Enteritidis identificate nel contesto del caso descritto in precedenza (Napoleoni *et al*; 2021 <https://doi.org/10.3390/microorganisms9122464>). Per quanto riguarda gli isolamenti da latte crudo in 11 casi si tratta di S. Dublin.

Sierotipo	POLLO	SUINO	BOVINO	OVINO	TACCHINO	MOLLUSCO BIVALVE	ITTICA	GALLINA OVAIOLO	EQUINO	MAMMIFERO	ANATRA	Totale complessivo
S. Infantis	339	12	4	1	8	4	1	0	0	0	0	369
Variante monofasica S. Typhimurium	3	139	24	1	1	2	1	0	1	0	0	172
S. Derby	5	98	7	0	2	0	1	0	0	0	0	113
S. Typhimurium	1	12	58	1	2	10	2	1	0	0	1	88
S. Enteritidis	32	1	0	35	0	3	0	2	1	2	0	76
S. Dublin	0	19	55	0	0	2	0	0	0	0	0	76
S. Bredeney	25	3	1	0	1	0	0	0	0	0	0	30
S. London	0	24	5	0	1	1	0	0	0	0	0	31
S. Brandenburg	0	20	6	0	0	2	2	0	0	0	0	30
S. Rissen	0	17	0	0	0	0	1	0	0	0	0	18
S. Anatum	0	1	1	0	9	0	0	0	0	0	0	11
S. Newport	13	0	0	0	4	1	0	0	0	0	0	18
S. Havana	0	0	16	1	0	0	0	0	0	0	0	17
S. Blockley	13	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	16
S. Give	1	7	2	1	1	0	0	0	0	0	0	12
Totale complessivo	432	353	180	40	30	26	8	3	2	2	1	1077

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

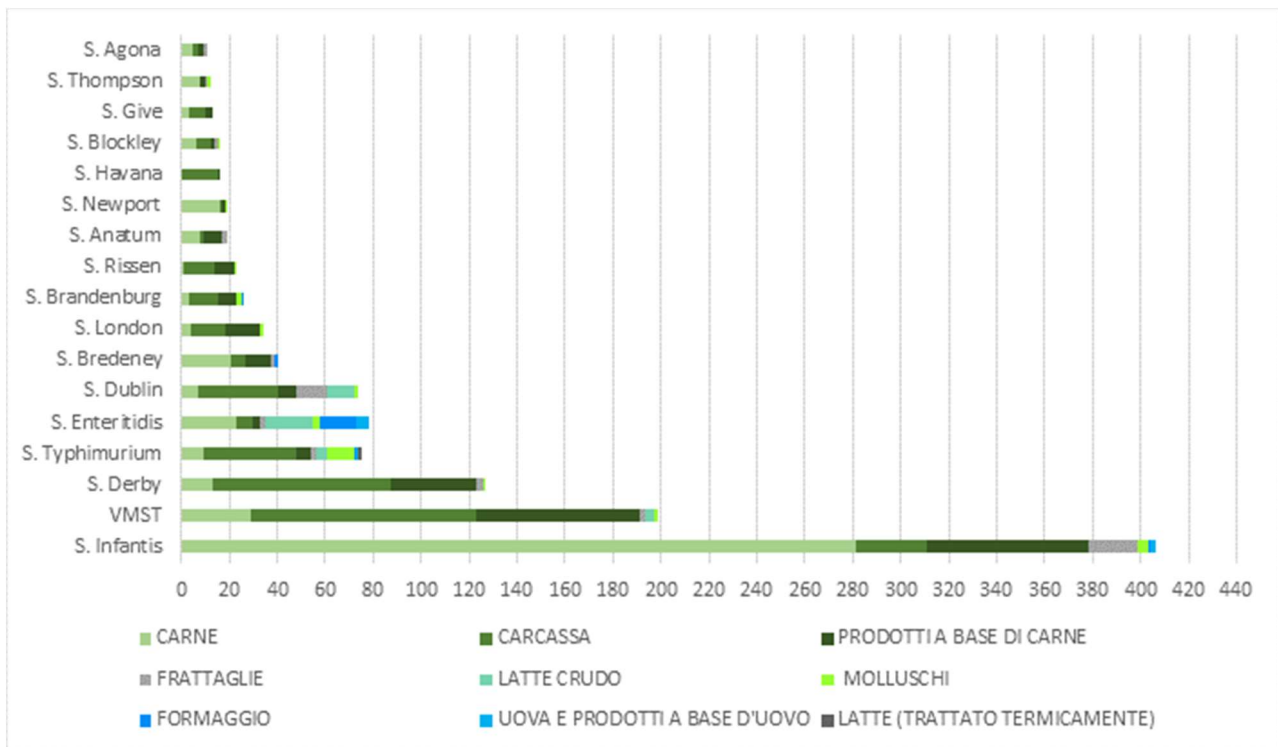


Grafico 6. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni di alimento declinati per matrice (sierotipi isolati con frequenza maggiore di 10)

5. 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 mangime semplice (62,7%). Sono stati registrati nel gestionale in tutto 51 ceppi appartenenti a diversi sierotipi, un numero inferiore rispetto agli anni precedenti (79 ceppi nel 2018 e 77 ceppi nel 2019).

I sierotipi isolati con maggior frequenza risultano essere: *S. Infantis*, *S. Typhimurium*, *S. Isangi*, *S. Ohio* e *S. Senftenberg*. Tra questi, solo *S. Infantis* e *S. Typhimurium* erano tra i sierotipi maggiormente identificati nel 2019. *S. London*, il sierotipo maggiormente identificato nel 2019, non è mai stato identificato nel 2020, mentre *S. Mbandaka*, il secondo sierotipo maggiormente rilevato, è stato identificato solo due volte nel 2020.

In **tabella 14** i dati sono organizzati **per motivo sopraluogo**; si osserva che la maggior parte dei ceppi (54,9%) sono stati isolati nell'ambito del Piano Nazionale Alimentazione Animale, seguito da "Piano monitoraggio/controllo regionale/locale" (19,6%) e da "Autocontrollo: altro" (15,68%).

In **tabella 15** si possono osservare i dati sui sierotipi isolati nell'ambito del PNAA. Confrontandoli con quelli riportati in tabella 13, si può notare come i sierotipi isolati nell'ambito PNAA, ad eccezione di *S. Isangi* e *S. Ohio*, siano essenzialmente gli stessi di quelli isolati da mangime (tutti gli ambiti), e come il sierotipo più frequentemente identificato sia *S. Infantis*.

Sierotipo	MANGIME ANIMALI D'AFFEZIONE	MANGIME COMPOSTO	MANGIME SEMPLICE	Totale complessivo
<i>S. Infantis</i>	0	0	6	6
<i>S. Typhimurium</i>	0	3	2	5
<i>S. Isangi</i>	0	0	3	3
<i>S. Ohio</i>	0	0	3	3
<i>S. Senftenberg</i>	1	1	1	3
<i>S. Agona</i>	0	1	1	2
<i>S. Coeln</i>	0	2	0	2
<i>S. Idikan</i>	0	0	2	2
<i>S. Livingstone</i>	0	1	1	2
<i>S. Mbandaka</i>	0	0	2	2
<i>S. Mishmarhaemek</i>	1	0	1	2
<i>S. Montevideo</i>	0	0	2	2
<i>S. Veneziana</i>	1	0	1	2
<i>S. Anatum</i>	0	0	1	1
<i>S. Bredeney</i>	0	0	1	1
<i>S. Cerro</i>	0	1	0	1
<i>S. Chester</i>	0	0	1	1
<i>S. Give</i>	0	1	0	1
<i>S. Hadar</i>	0	1	0	1
<i>S. Kasenyi</i>	0	1	0	1
<i>S. Kentucky</i>	0	1	0	1
<i>S. Muenster</i>	0	1	0	1
<i>S. Orion</i>	0	0	1	1
<i>S. Rissen</i>	0	1	0	1
<i>S. Worthington</i>	0	0	1	1
<i>S. Zaiman</i>	0	1	0	1
Variante monofasica <i>S. Typhimurium</i>	0	0	1	1
Non identificato	0	0	1	0
Totale complessivo	3	16	32	51

Tabella 13. Sierotipi da campioni di mangime declinati per macrocategoria

Motivo sopralluogo	Numero ceppi
PIANO NAZIONALE ALIMENTAZIONE ANIMALE (PNAA)	28
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO REGIONALE/LOCALE	10
AUTOCONTROLLO: ALTRO	8
ALTRO	4
PIANO CONTROLLO ALIMENTI	1
Totale complessivo	51

Tabella 14. Ceppi notificati riferibili a mangime declinati per motivo sopralluogo

PIANO NAZIONALE ALIMENTAZIONE ANIMALE (PNAA)	
Sierotipo	Numero ceppi
S. Infantis	4
S. Senftenberg	3
S. Idikan	2
S. Agona	2
S. Coeln	2
S. Typhimurium	2
S. Give	1
S. Muenster	1
S. Montevideo	1
S. Cerro	1
S. Rissen	1
S. Zaiman	1
S. Veneziana	1
S. Worthington	1
S. Kasenyi	1
Variante monofasica S. Typhimurium	1
S. Mbandaka	1
S. Mishmarhaemek	1
Non identificato	1
Totale complessivo	28

Tabella 15. Ceppi notificati riferibili a mangime motivo sopralluogo Piano Nazionale Alimentazione Animale (PNAA)

6. Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione ambiente

Nella **tabella 16** vengono riportati i sierotipi isolati da **campioni ambientali**. Per questa tipologia di campione, analogamente a quanto visto per il mangime, sono stati registrati nel gestionale un numero nettamente inferiore di ceppi rispetto al 2019 (86 ceppi vs. 165), ma in linea con il 2018 (75 ceppi). La maggior parte di essi (32,6%) è identificata come *S. Infantis*, analogamente al 2019 e 2018, e *S. Thompson* (31,4%).

Dalla **tabella 17** (numero di ceppi notificati per motivo sopraluogo) si osserva che la maggior parte dei campioni sono stati collezionati sia nell'ambito di ricerca (36%) che per "Autocontrollo: altro" (34,9%).

Entrando nel dettaglio dei ceppi, si nota che quasi la totalità (26/27) dei ceppi di *S. Thompson* è stata collezionata presso lo stesso incubatoio.

Osservando il **grafico 7**, 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 (n=23, pari al 26,7% di tutti i sierotipi identificati). Analogamente al 2019, la maggior parte di ceppi (17/23) sono riconducibili al laboratorio di riferimento IZS Venezia 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 persistenza di *S. Infantis* nella filiera del pollo da carne, la cui fase di campionamento si è prolungata fino a metà 2020. Maggiori informazioni sono disponibili alla pagina web dedicata dell'IZS Venezia (<https://www.izsvenezie.it/salmonella-infantis-allevamenti-polli-procedure-pulizia/>).

Sierotipo	Numero ceppi
S. Infantis	28
S. Thompson	27
S. Enteritidis	6
S. Bredeney	4
S. Kentucky	4
S. Mbandaka	3
Variante monofasica S. Typhimurium	3
S. Montevideo	2
S. Derby	1
S. Havana	1
S. Kedougou	1
S. Lagos	1
S. Livingstone	1
S. Newport	1
S. Rissen	1
S. Typhimurium	1
Non identificato	1
Totale complessivo	86

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

Motivo sopralluogo	Numero ceppi
RICERCA	31
AUTOCONTROLLO: ALTRO	30
PNCS	9
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO REGIONALE/LOCALE	5
DIAGNOSTICA	4
ALTRO	3
AUTOCONTROLLO: PNCS	2
AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	2
Totale complessivo	86

Tabella 17. Ceppi notificati riferibili ad ambiente declinati per motivo sopralluogo (PNCS corrisponde a Piano Nazionale di Controllo delle Salmonellosi negli avicoli)

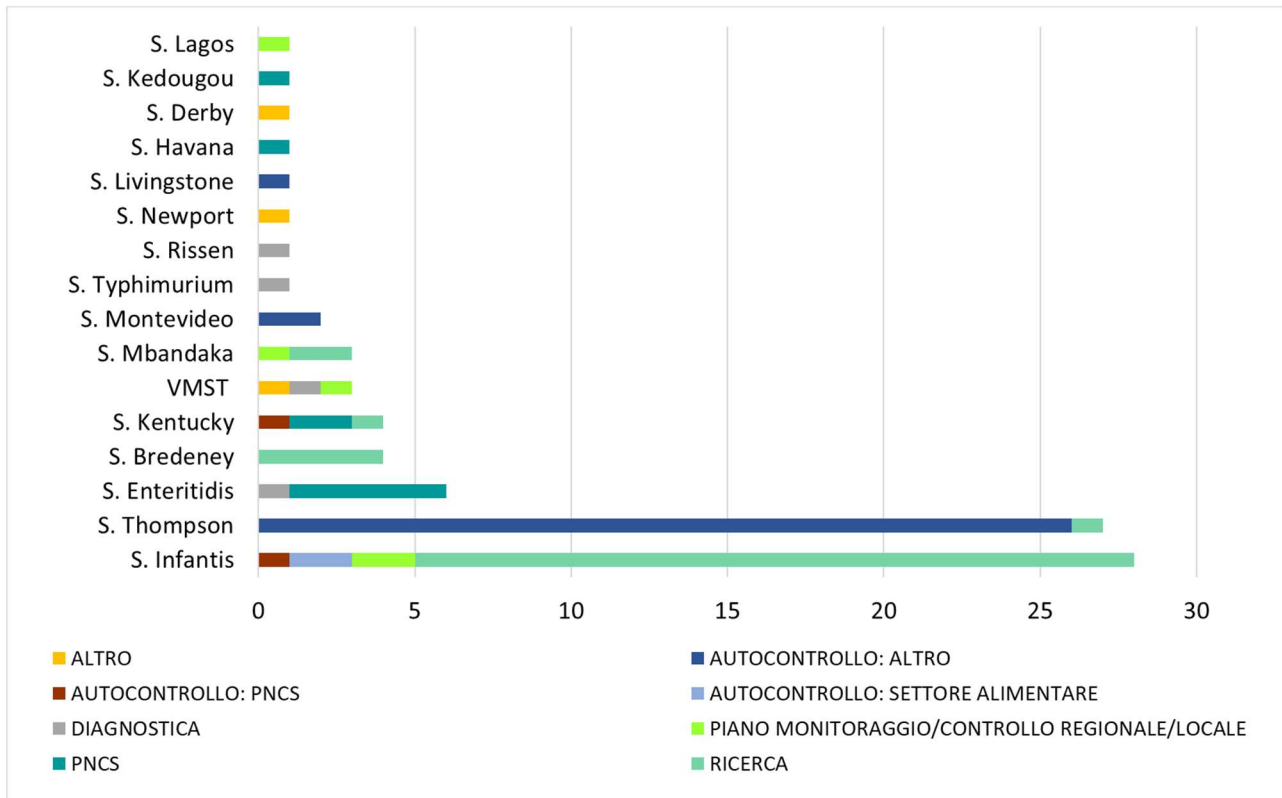


Grafico 7. Sierotipi isolati da campioni ambientali declinati per motivo sopralluogo (PNCS corrisponde a Piano Nazionale di Controllo delle Salmonellosi negli avicoli)

7. 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 di mare; acqua di superficie; acqua potabile; acqua di acquario; non noto. Sono stati isolati in tutto 42 ceppi appartenenti a diversi sierotipi, in ulteriore diminuzione rispetto agli anni precedenti (69 ceppi nel 2019; 86 ceppi nel 2018).

Il sierotipo più frequentemente identificato è, analogamente al 2018 e 2019, *S. Veneziana*. Gli altri ceppi identificati con più frequenza da questa matrice sono *S. London*, *S. Typhimurium*, in aumento rispetto al 2019 e Variante monofasica di *S. Typhimurium*.

Sierotipo	ACQUA MARE	ACQUA SUPERFICIE	ACQUA POTABILE	ACQUA ACQUARIO	NON NOTO	Totale complessivo
S. Veneziana	1	8	0	0	0	9
S. London	4	0	0	0	0	4
S. Typhimurium	3	0	1	0	0	4
Variante monofasica S. Typhimurium	3	0	0	0	1	4
S. Brandenburg	3	0	0	0	0	3
S. Derby	0	0	3	0	0	3
S. Newport	2	1	0	0	0	3
S. Anatum	2	0	0	0	0	2
S. Muenster	2	0	0	0	0	2
S. Enteritidis	0	1	0	0	0	1
S. Goldcoast	1	0	0	0	0	1
S. Kottbus	0	1	0	0	0	1
S. Muenchen	0	0	0	1	0	1
S. Pomona	0	0	0	1	0	1
S. Rissen	1	0	0	0	0	1
S. Stanley	1	0	0	0	0	1
S. Stanleyville	0	1	0	0		1
Totale complessivo	23	12	4	2	1	42

Tabella 18. Sierotipi da campioni di acqua declinati per macrocategoria

Nel **grafico 8** 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 quasi totalità degli isolati di S. Veneziana (8/9) sono stati collezionati in ambito di “autocontrollo: altro”, mentre i restanti sierotipi sono stati collezionati nell’ambito di attività di “ricerca” (40%) o nell’ambito di “Piani di monitoraggio/controllo regionale/locale” (24,2%).



Grafico 8. Sierotipi notificati riferibili ad acqua declinati per motivo sopralluogo

8. 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 Enter-vet sono riportati i profili MLVA per un totale di **255** ceppi di cui 102 riferibili a Variante monofasica di *S. Typhimurium*, 101 riferibili a *S. Typhimurium* e 52 a *S. Enteritidis*.

In **tabella 19** vengono indicati i laboratori cui sono riconducibili ceppi con profilo MLVA registrato nel gestionale distribuiti per i tre sierotipi.

Laboratorio Enter-Vet di riferimento	S. Enteritidis		S. Typhimurium		Variante monofasica S. Typhimurium		Totale complessivo	
	N° ceppi	N° Profili MLVA	N° ceppi	N° Profili MLVA	N° ceppi	N° Profili MLVA	N° ceppi	N° Profili MLVA
IZS LOMBARDIA ED EMILIA ROMAGNA - BRESCIA	83	35	205	33	141	44	429	112
IZS DELLE VENEZIE - PADOVA	24	14	123	65	80	32	227	111
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. MACERATA	40	3	10	0	11	0	61	3
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. PERUGIA	2	0	3	2	43	26	48	28
IZS PIEMONTE, LIGURIA E VALLE D'AOSTA - TORINO	18	0	11	0	17	0	46	0
IZS LAZIO E TOSCANA - ROMA	13	0	4	0	14	0	31	0
IZS DELLA SICILIA - PALERMO	11	0	4	0	7	0	22	0
IZS ABRUZZO E MOLISE - TERAMO	0	0	7	0	14	0	21	0
IZS DEL MEZZOGIORNO - PORTICI	0	0	4	1	10	0	14	1
IZS PUGLIA E BASILICATA - FOGGIA	1	0	5	0	8	0	14	0
IZS DELLA SARDEGNA - SASSARI	0	0	1	0	2	0	3	0
Totale complessivo	192	52	377	101	347	102	916	255

Tabella 19. Isolati per cui è disponibile profilo MLVA declinati per sierotipo e laboratorio di origine

9. Profili MLVA ceppi di S. Enteritidis

Nel 2020 sono stati identificati 22 profili MLVA differenti da 52 ceppi di S. Enteritidis. Di questi 22, 9 sono profili identificati con frequenza pari ad 1, 4 profili comuni al massimo a 2 ceppi, 6 comuni a 3 ceppi, 1 profilo comune a 4 ceppi, 1 profilo comune a 6 ceppi ed, infine, 1 profilo identificato con frequenza pari a 7.

In **tabella 20** sono riportati i **profili MLVA identificati per i ceppi di S. Enteritidis** declinati per specie cui sono riferibili gli isolati (sono esclusi i 9 profili identificati una sola volta).

Profilo MLVA	MAMMIFERO SELVATICO	POLLO	CANE	GALLINA OVAIOLO	OVINO	NON NOTA	POLLO RIPRODUTTORE	VOLATILE SELVATICO	ANATRA	MAMMIFERO	Totale complessivo
2-13-7-4-1	6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	7
2-9-7-3-1	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6
2-12-7-4-1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4
2-11-7-3-2	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	3
2-14-7-4-1	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3
2-8-7-4-1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3
2-9-7-3-2	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	3
3-11-5-4-1	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	3
3-9-4-4-1	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	3
2-10-7-3-2	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2
2-9-10-4-2	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
3-10-5-4-1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
3-12-5-4-1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Totale complessivo	21	7	4	3	2	2	1	1	1	1	43

Tabella 20. Profilo MLVA degli isolati di *S. Enteritidis* declinati per specie cui sono riferibili i ceppi

Il profilo identificato con maggiore frequenza in Italia nel 2020 è il 2-13-7-4-1, seguito da 2-9-7-3-1.

Il profilo 2-9-7-3-2, identificato per tre ceppi e già osservato nel 2019, è stato individuato nel corso di un *multi-country outbreak* riconducibile al consumo di uova. Tale focolaio, nonostante abbia registrato il picco dei casi tra il 2016 e il 2018, a febbraio 2020 risultava ancora in atto (<https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/multi-country-outbreak-salmonella-enteritidis-infections-linked-eggs>).

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

Per quanto riguarda *S. Typhimurium*, sono stati identificati 59 profili MLVA da 101 ceppi. Di questi 59, 46 sono profili identificati con frequenza pari ad 1, 7 profili comuni al massimo a 2 ceppi, 3 comuni a 3 ceppi, 1 profilo comune a 5 ceppi, 1 profilo comune a 6 ceppi ed, infine, un profilo identificato con frequenza pari a 21. Il profilo 2-22-13-11-212, identificato con la frequenza maggiore (21), è relativo a ceppi isolati da bovino, riconducibili per la maggior parte a campioni animali (16/21); per quel che riguarda i motivi sopralluogo registrati per i ceppi, 5 casi riportavano "Piano Controllo Alimenti", 4 "diagnostica" e 12 "autocontrollo: altro". Inoltre, dei 21 ceppi, più della metà (12) sono stati isolati a seguito di attività di autocontrollo presso allevamenti localizzati in Veneto.

In **tabella 21** 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.

Profilo MLVA	BOVINO	COLOMBO	POLLO	SPECIE ANIMALE NON ATTRIBUIBILE	TACCHINO	NON NOTA	Totale complessivo
2-22-13-11-212	21	0	0	0	0	0	21
3-12-NA-10-311	6	0	0	0	0	0	6
2-23-13-11-212	4	0	0	1	0	0	5
2-15-8-12-212	3	0	0	0	0	0	3
2-20-9-7-212	0	2	0	0	0	1	3
3-15-16-15-311	3	0	0	0	0	0	3
2-13-17-10-212	2	0	0	0	0	0	2
2-14-5-NA-0112	0	0	2	0	0	0	2
2-15-6-12-212	2	0	0	0	0	0	2
2-24-13-12-212	2	0	0	0	0	0	2
2-9-NA-11-212	0	0	0	0	2	0	2
3-13-11-NA-211	0	0	0	0	1	1	2
3-14-16-14-311	2	0	0	0	0	0	2
Totale complessivo	45	2	2	1	3	2	55

Tabella 21. Profilo MLVA degli isolati di *S. Typhimurium* comuni a tre o più ceppi declinati per specie cui sono riferibili gli isolati

Per quanto riguarda la variante monofasica di *S. Typhimurium*, sono stati identificati 54 profili differenti da 102 ceppi. Tra questi 54 profili, 33 sono stati identificati con frequenza uguale a 1, 9 sono profili comuni a 2 ceppi, 4 identificati con una frequenza compresa tra 3 e 5 e infine tre profili individuati con una frequenza rispettivamente di 5 e di 6.

In **tabella 22** 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	SPECIE ANIMALE NON PRECISATA/ NON NOTA	BOVINO	GATTO	MISTO BOVINO-SUINO	OVINO	POLLO	Totale complessivo
3-10-11-NA-211	1	0	5	0	0	0	0	6
3-12-10-NA-0211	6	0	0	0	0	0	0	6
3-13-11-NA-211	2	0	4	0	0	0	0	6
3-11-10-NA-0211	4	0	1	0	0	0	0	5
3-11-8-NA-211	4	0	0	1	0	0	0	5
3-12-11-NA-211	4	1	0	0	0	0	0	5
3-11-11-NA-0211	2	0	0	0	0	1	0	3
3-11-8-NA-0211	1	0	1	0	0	0	1	3
3-12-10-NA-211	1	2	0	0	0	0	0	3
3-13-10-NA-211	0	3	0	0	0	0	0	3
3-13-9-NA-211	1	1	0	0	1	0	0	3
3-17-7-NA-211	0	3	0	0	0	0	0	3
Totale complessivo	26	10	11	1	1	1	1	51

Tabella 22. Profilo MLVA degli isolati di variante monofasica di *S. Typhimurium* comuni a tre 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 2020. Eventuali richieste di dati specifici e che per motivi logistici non sono stati riportati, possono essere trasmesse al CRNS, che sarà lieto di soddisfare eventuali curiosità.

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. L'evidenza di trend deve quindi essere opportunamente contestualizzata.

Va tuttavia evidenziato che il sistema Enter-Vet rappresenta una fonte 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 raccolta di informazioni in occasione di focolai che interessano più paesi europei.

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

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

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