

Centro di Riferimento Regionale Enterobatteri Patogeni (CRREP) – Regione Marche Sezione di Tolentino

Dati relativi agli isolamenti di batteri enteropatogeni effettuati da casi clinici umani, da animali, da alimenti e da ambiente nell'anno 2019 nella Regione Marche

Data on isolates of enteric bacteria from human clinical cases, animals, food and environment samples in the year 2019 in Marche Region (Italy)

Maira Napoleoni, Monica Staffolani, Irene Pazzaglia, Stefano Fisichella

Abstract. In this report are shown data on strains of enteropathogenic bacteria isolated from human, animals, food and environment cases in the year 2019 in Marche Region.

A total of 163 Salmonella, 67 Campylobacter, 7 Listeria monocytogenes, 4 Escherichia coli VTEC, 1 Escherichia coli ETEC, 1 Shigella isolated from cases of human infection have been sent to CRREP of Tolentino within the Enter-Net surveillance network. At the same time, a total of 307 Salmonella, 21 Listeria and 16 Campylobacter isolated from non-human cases have been analyzed at CRREP of Tolentino. With regard to isolates of human origin, the frequency, the distribution in different age groups, the rate of hospitalization, the source of isolation, the probable association with food are detailed. The non-human isolates are categorized by origin and source of isolation. This report also shows results of antimicrobial susceptibility testing performed on all strains of Salmonella of human and non-human origin

Riassunto. In questo report vengono illustrati i dati relativi agli stipiti di batteri enteropatogeni isolati da casi clinici umani, da animali, da alimenti e da ambiente nell'anno 2019 nella Regione Marche.

Un totale di 163 ceppi di Salmonella, 67 ceppi di Campylobacter, 7 Listeria monocytogenes, 4 Escherichia coli VTEC, 1 Escherichia coli ETEC, 1 Shigella isolati da casi di infezione umana, sono pervenuti al CRREP di Tolentino nell'ambito della rete di sorveglianza Enter-Net. Contemporaneamente, in ambito non umano sono stati analizzati presso il CRREP di Tolentino un totale di 307 ceppi di Salmonella, 21 di Listeria e 16 di Campylobacter. Relativamente agli isolamenti di origine umana vengono descritti la frequenza, la distribuzione nelle varie fasce di età, il tasso di ospedalizzazione, la matrice di isolamento e la probabile associazione con alimenti. Gli isolati di origine non umana sono suddivisi per origine e per matrice di isolamento. Vengono inoltre riportati i risultati degli antibiogrammi effettuati su tutti i ceppi di Salmonella di origine umana e non umana

Notifiche ricevute dal 01/01/2019 al 31/12/2019

INDICE

Introduzione	3
1. Enteropatogeni di origine umana	4
1.1 Salmonelle di origine umana	5
1.2 Antibiotico-resistenza nei ceppi di salmonella di origine umana	9
1.3 Campylobacter di origine umana	11
1.4 Escherichia coli patogeni e shigella di origine umana	13
2. Enteropatogeni di origine non umana	15
2.1 Salmonelle di origine non umana	17
2.2 Salmonelle isolate da matrice animale	21
2.3 Salmonelle isolate da matrice alimentare	23
2.4 Salmonelle isolate da matrice ambientale	26
2.5 Antibiotico-resistenza nei ceppi di salmonella di origine veterinaria (alimentare, ambiente veterinario, animale)	29
2.6 Antibiotico-resistenza nei ceppi di salmonella di origine ambientale (acqua superficiale fiume, acqua superficiale lago, acqua sorgente, acqua pozzo)	31
2.7 Campylobacter di origine non umana	33

Introduzione

Nel corso del **2019** i Laboratori periferici che collaborano con il Centro di Riferimento Regionale per gli Enterobatteri Patogeni (CRREP) di Tolentino e le sezioni marchigiane dell'IZSUM hanno notificato **587** stipiti batterici di cui **470** appartenenti al genere Salmonella, **83** al genere Campylobacter, **28** al genere Listeria, **5** al genere Escherichia coli e **1** al genere Shigella (Tab.1).

Rispetto al 2018, il numero totale di ceppi batterici pervenuti presso il CRREP nel corso del 2019 è notevolmente aumentato in virtù dell'aumento delle Strutture Ospedaliere e Private che partecipano alla rete di sorveglianza Enter-Net (Tab.2).

Stipiti	Salmonella spp.	Campylobacter spp.	Listeria spp.	Escherichia coli VTEC	Escherichia coli ETEC	Shigella dysenteriae	TOTALE
Origine umana	163	67	7	4	1	1	243
Origine veterinaria	307	16	21	-	-	-	344
Totale	470	83	28	4	1	1	587

Stipiti	N. 2019	%2019	N. 2018	%2018
Salmonella spp.	470	85	436	84,2
Campylobacter spp.	83	15	82	15,8
Totale	553	100	518	100

1. Enteropatogeni di origine umana

Dalla Tab.3 si evince come quasi tutte le Strutture Ospedaliere della Regione partecipino all'invio dei ceppi di Salmonella; per quanto riguarda i ceppi di Campylobacter invece, nel corso del 2019 rispetto al 2018, si è assistito a un aumento delle Strutture Ospedaliere partecipanti all'invio, che ha coinvolto l'Ospedale di Urbino e l'Ospedale di Fermo. Il totale degli stipiti di Campylobacter analizzati è infatti risultato di 67 ceppi totali per il 2019 a fronte dei 51 del 2018.

Nel corso del 2019 è aumentato anche il numero delle Strutture private che sono entrate a far parte della rete di sorveglianza Enter-Net per un totale di sei nuovi laboratori di analisi cliniche: Laboratorio analisi cliniche Salus Macerata, Clinica Villa Pini Civitanova Marche, Laboratorio analisi cliniche Biemme Castelraimondo, Laboratorio analisi cliniche Delta Porto Recanati, Qualis Lab-Ormodiagnostica, Qualis Lab-Biotest. Per quanto riguarda i laboratori privati, risulta ancora poco ricercato il Campylobacter a differenza della Salmonella.

Tale problematica è in parte riconducibile alla scorretta pratica di non ricercare di routine il Campylobacter nonostante la richiesta di "coprocoltura" preveda la ricerca obbligatoria di Salmonella, Shigella e Campylobacter che rappresentano gli agenti causali più frequenti di gastroenterite mentre per altri patogeni enterici (es. E. coli enteroemorragico, Vibrio cholerae, Yersinia enterocolitica) la richiesta deve essere specificata in relazione al quadro clinico o al contesto epidemiologico. Nel corso del 2019 sono stati identificati anche 7 ceppi appartenenti al genere Listeria (monocytogenes), 5 appartenenti al genere Escherichia coli (VTEC e ETEC) e 1 appartenente al genere Shigella (dysenteriae).

Laboratorio	spp.Salmonella	Campylobacter spp.	Listeria monocytogenes	E.scherichia coli VTEC	E.scherichia coli ETEC	dysenteriaeShigella	TOT
AO Ospedali Riuniti Marche Nord sedi di Pesaro e Fano	12	6	1	-	-	-	19
AV 1 sede di Urbino	12	8	-	-	-	-	20
AV 2 sede di Senigallia	9	14	-	-	-	-	23
AV 2 sede di Jesi	14	11	-	-	-	-	25
AV 2 sede di Fabriano	-	1	-	-	-	-	1
AOU Ospedali Riuniti Ancona	29	3	3	3	1	-	39
INRCA Ancona	-	-	-	-	-	-	-
INRCA Osimo	3	-	-	-	-	-	3

AV 3 sedi di Civitanova Marche - Macerata	15	5	1	-	-	-	21
AV 3 sedi di Camerino - San Severino Marche	8	-	-	-	-	-	8
AV 4 sede di Fermo	21	8	2	-	-	1	32
AV 5 sedi di Ascoli Piceno - San Benedetto del Tronto	18	11	-	1	-	-	30
Laboratorio analisi Scorcelletti Senigallia	1	-	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Salus Macerata	2	-	-	-	-	-	2
Clinica Villa Pini Civitanova Marche	5	-	-	-	-	-	5
Laboratorio analisi cliniche Biemme Castelraimondo	4	-	-	-	-	-	4
Laboratorio analisi cliniche Delta Porto Recanati	6	-	-	-	-	-	6
Qualis Lab - Ormodiagnostica	2	-	-	-	-	-	2
Qualis Lab - Biotest	2	-	-	-	-	-	2
Totale	163	67	7	4	1	1	243

1.1 Salmonelle di origine umana

Nella tabella 4 e nel grafico 1 sono riportati l'elenco e la distribuzione dei sierotipi di Salmonella isolati da casi clinici umani.

Sierotipo	N.	% 2019	% 2018
Variante monofasica di S. Typhimurium (VMST)	91	56	57
Derby	12	7,6	3,5
Typhimurium	9	5,5	2,8
Enteritidis	7	4,3	9,9
Infantis	7	4,3	0,7
Give	4	2,5	1,3
Napoli	3	1,8	1,3
Panama	3	1,8	-
Rissen	3	1,8	0,7
Strathcona	3	1,8	-
Coeln	2	1,2	8,5
Chester	2	1,2	0,7

London	2	1,2	1,3
Typhi	2	1,2	1,3
Veneziana	2	1,2	-
Bovismorbificans	1	0,6	-
Bredeney	1	0,6	0,7
Goldcoast	1	0,6	2,1
Kapemba	1	0,6	-
Mbandaka	1	0,6	-
Newport	1	0,6	-
Paratyphi A	1	0,6	-
Portland	1	0,6	-
Stanleyville	1	0,6	-
Thompson	1	0,6	-
subsp. arizonae (IIIa) 38:z ₄ ,z ₂₃ :-	1	0,6	-
Brandenburg	-	-	3,5
Choleraesuis Var. Kunzendorf	-	-	0,7
Kedougou	-	-	0,7
Liverpool	-	-	0,7
Montevideo	-	-	1,3
subsp. salamae (II) 41:z:1,5	-	-	1,3
Totale	163	100	100

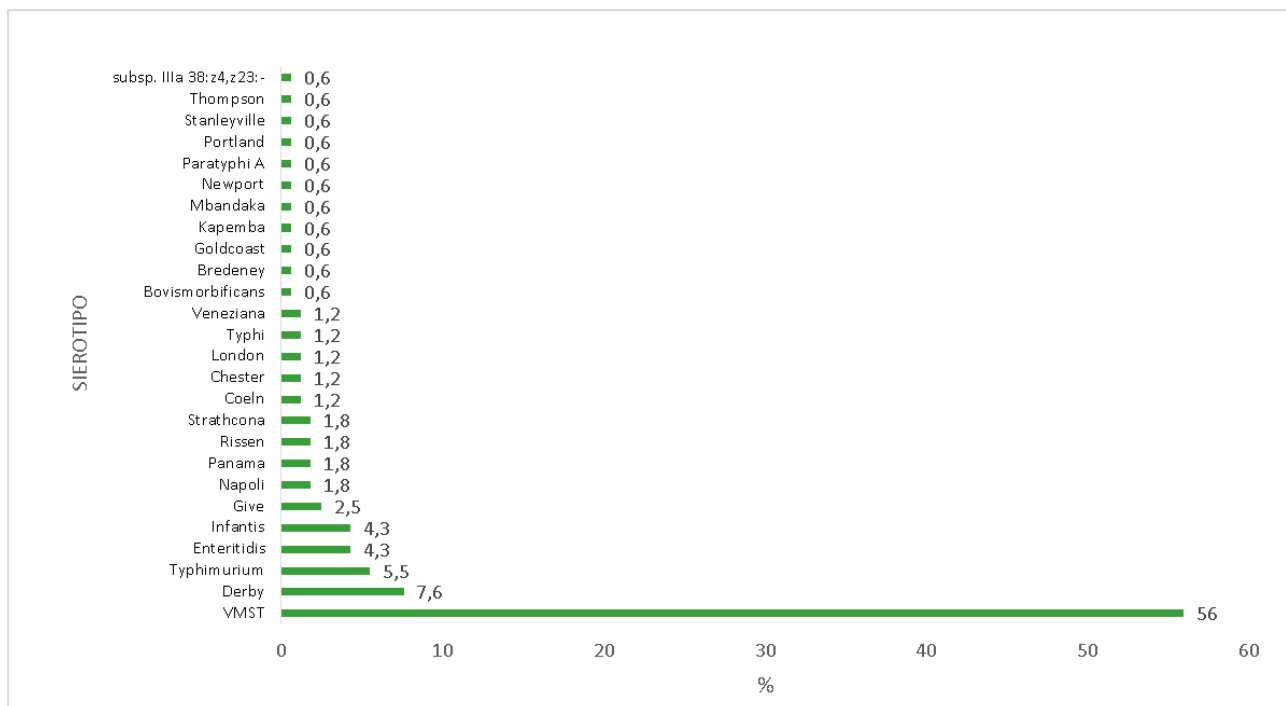


Grafico 1. Distribuzione di sierotipi di Salmonella da casi clinici umani

Anche per il 2019 così come era stato per il 2018, il trend relativo al numero di isolamenti di Salmonella spp. nella regione Marche è aumentato. Si è passati infatti da 100 ceppi tipizzati nel 2016, 135 nel 2017, 142 nel 2018 fino a un totale di 163 nel 2019.

E' possibile osservare come anche quest'anno, il sierotipo maggiormente isolato sia rappresentato dalla Variante monofasica di Salmonella Typhimurium (VMST).

Il secondo sierotipo maggiormente isolato è rappresentato da S. Derby. Relativamente a questo sierotipo, il CRREP aveva ricevuto intorno al mese di maggio del 2019 una comunicazione da parte del coordinamento Enter-Net dell'ISS circa la possibilità di un incremento nel numero di infezioni sostenute da questo sierotipo in seguito a isolamento di Salmonella Derby in un lotto di salame successivamente ritirato dal commercio. Effettivamente anche nella regione Marche è stato possibile constatare un aumento di incidenza di S. Derby sia in ambito umano che in quello veterinario/alimentare da specie suina.

Dato sicuramente da considerare è rappresentato dai due ceppi di Salmonella Typhi e dal ceppo di S. Paratyphi A. S. Typhi e S. Paratyphi sono responsabili delle forme tifoidee di infezione che determinano infezione sistemica e febbre tifoide; la loro trasmissione è interumana dal momento che l'uomo rappresenta l'unico serbatoio di tali microrganismi. I due casi di S. Typhi, uno da emocoltura e uno da coprocoltura rispettivamente di due bambini di 4 e 8 anni di nazionalità straniera, sono stati isolati rispettivamente presso l'Ospedale di Ascoli Piceno e l'Ospedale di Jesi. Il caso di S. Paratyphi A da emocoltura di una bambina di 6 anni anche lei di nazionalità straniera, è stato isolato presso l'Ospedale di Civitanova Marche.

Sicuramente degno di nota è il ceppo relativo a S. Bovismorbificans isolato a partire da coprocoltura di un soggetto straniero di 52 anni presso l'Ospedale di Fermo.

Non si tratta del primo isolamento verificatosi nella regione Marche; dal 2002 (anno di fondazione del CRREP) sono stati registrati isolamenti nel 2004 (4 casi), nel 2013 (1 caso) e nel 2015 (1 caso).

A livello mondiale tale sierotipo si è reso responsabile nel corso degli anni di numerosi focolai di tossinfezione, ultimo in ordine di tempo quello verificatosi ad agosto 2019 in Francia con 25 casi totali riguardanti persone di età compresa tra i 2 e i 90 anni e riconducibile al consumo di carne di cavallo proveniente dalla Romania.

La tabella 5 riporta la distribuzione degli isolamenti umani di Salmonella per classe di età.

Tabella 5. Distribuzione degli isolamenti umani per classe di età.				
Età (in anni)	N. 2019	% 2019	N. 2018	% 2018
< 1	1	0,7	4	2,9
1 - 5	48	29,4	32	22,5
6 - 14	38	23,3	24	16,9
15 - 64	39	23,9	35	24,6
> 64	37	22,7	44	31
Non noto	-	-	3	2,1
Totale	163	100	142	100

E' possibile osservare come a differenza dell'anno 2018, nel corso del 2019 si sia registrato 1 unico caso di infezione in un bambino di età inferiore all'anno di vita. Nella classe di età compresa tra 1-5 e 6-14 anni si osserva un discreto aumento di casi. Si attesta circa sullo stesso numero di casi per il 2019 e per il 2018 la fascia di età 15-64 mentre per quanto riguarda la classe over 64, è possibile osservare una lieve diminuzione di incidenza.

La Tabella 6 riporta la matrice di isolamento.

Tabella 6. Matrici di isolamento				
Matrice	N. 2019	% 2019	N. 2018	% 2018
Feci	149	91,4	134	94,4
Sangue	8	4,9	5	3,5
Urine	4	2,5	-	-
Tampone ferita	1	0,6	-	-
Liquido sinoviale	1	0,6	-	-
Feci e sangue	-	-	2	1,4
Feci ed espettorato	-	-	1	0,7
Totale	163	100	142	100

La quasi totalità dei ceppi di Salmonella è stata isolata da feci, ad eccezione di 14 campioni isolati da diversa matrice.

Per quanto riguarda gli 8 ceppi isolati da sangue, 3 sono riconducibili a Variante monofasica di Salmonella Typhimurium, 2 rispettivamente a S. Typhi e a S. Paratyphi A, sierotipi notoriamente responsabili di infezione sistemica in seguito a trasmissione interumana, 3 rispettivamente a S. Derby, S. Chester e S. Rissen.

I 4 ceppi isolati da urinocoltura sono riconducibili 2 a S. Derby, 1 a Variante monofasica di Salmonella Typhimurium e 1 a S. Typhimurium.

Nel 2019 si sono registrati anche due isolamenti a partire da matrici insolite, rispettivamente S. Enteritidis da un tampone da ferita e S. Infantis da liquido sinoviale.

Per quanto riguarda le percentuali di ospedalizzazione e non, queste risultano falsate dal fatto che in 20 casi le informazioni relative al ricovero o meno non sono state riportate sulla scheda di notifica, non è perciò possibile fare un'analisi veritiera di questo dato.

Tabella 7. Ospedalizzazione				
Ospedalizzazione	N.2019	% 2019	N.2018	% 2018
Sì	69	42,3	68	47,9
No	74	45,4	69	48,6
Non noto	20	12,3	5	3,5
Totale	163	100	142	100

1.2 Antibiotico-resistenza nei ceppi di Salmonella di origine umana

Tutti i ceppi di Salmonella di origine umana pervenuti al CRREP sono stati saggiati per valutare la sensibilità agli antibiotici secondo le linee guida del CLSI (*Performance standards for antimicrobial susceptibility testing, seventeenth informational supplement, January 2010, M100-S20*).

Tabella 8. Antibiotici e ceppi sensibili, intermedi e resistenti			
ANTIBIOTICO	N. CEPPI SENSIBILI	N. CEPPI INTERMEDI	N. CEPPI RESISTENTI
Acido nalidixico (NA)	145	3	15
Ampicillina (AMP)	64	-	99
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	141	-	22
Cefoxitina (FOX)	162	-	1
Cefotaxime (CTX)	160	-	3
Ceftazidime (CAZ)	159	3	1
Ciprofloxacina (CIP)	120	42	1
Cloramfenicolo (C)	154	-	9
Gentamicina (CN)	153	5	5
Pefloxacina (PEF)	141	-	22
Streptomina (S)	59	13	91
Sulfisossazolo (ST)	63	3	97
Tetraciclina (TE)	56	1	106
Trimetoprim (TMP)	145	-	18
TOTALE CEPPI TESTATI	163		

Dalla tabella è possibile osservare come il maggior numero di resistenze siano relative alle molecole (AMP, S, ST, TE) coinvolte nel tipico profilo di resistenza presentato dalla Variante monofasica di *S. Typhimurium* che come visto in precedenza rappresenta il primo sierotipo isolato da fonte umana.

Nel 2019 a differenza di quanto accaduto nel 2018 si sono state registrate resistenze alle cefalosporine di terza generazione (CTX e CAZ) riconducibili a 2 casi di *S. Infantis* e a 1 caso di Variante Monofasica di *S. Typhimurium* produttori di β -lattamasi a spettro esteso (ESBL).

Dato degno di rilievo è rappresentato dai 42 ceppi intermedi alla Ciprofloxacina e da 1 ceppo totalmente resistente.

Secondo i dati del report congiunto Efsa-Ecdc, già nel 2017, in *Salmonella* spp. la resistenza ai fluorochinoloni risultava in aumento ed era pari al 13% dei ceppi totali isolati dall'uomo in Europa.

La Ciprofloxacina è un farmaco appartenente alla famiglia dei fluorochinoloni di seconda generazione, pertanto dotato di un più ampio spettro d'azione e di ottime proprietà farmacocinetiche. Il suo meccanismo d'azione si esplica inibendo due enzimi batterici: la DNA girasi (o topoisomerasi II batterica) e la topoisomerasi IV che sono coinvolti nei processi di superavvolgimento, disavvolgimento, taglio e saldatura dei due filamenti che costituiscono il DNA batterico.

Con l'inibizione di questi due enzimi tutti i processi cellulari, compresa la replicazione, vengono interrotti causando quindi morte cellulare batterica.

La comparsa di resistenza batterica alla Ciprofloxacina sembra essere un processo graduale che procede per stadi successivi. Non è noto, inoltre, lo sviluppo di una resistenza mediata da plasmidi.

I meccanismi che portano a sviluppare resistenza batterica ai fluorochinoloni sono essenzialmente due:

1. Mutazione spontanea dei geni che codificano per la DNA girasi con conseguente sintesi di DNA girasi resistente all'azione dei fluorochinoloni;
2. Diminuzione della concentrazione intracellulare del farmaco per variazioni della permeabilità della membrana cellulare batterica a causa della diminuzione delle porine della membrana esterna o per presenza di un sistema di trasporto energia-dipendente che espelle il composto.

Nella tabella che segue viene riportato il numero dei ceppi umani risultati intermedi e il ceppo umano risultato resistente alla Ciprofloxacina nel corso del 2019, suddivisi per sierotipo.

Tabella 9. Sierotipi intermedi e resistenti		
Sierotipo	N. Intermedi CIP	N. Resistenti CIP
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	12	
<i>Infantis</i>	6	
<i>Derby</i>	5	
<i>Enteritidis</i>	4	
<i>Typhimurium</i>	3	
<i>Chester</i>	2	

Give	2	
Rissen	2	
Typhi	2	
Goldcoast	1	
Panama	1	
Paratyphi A		1
Thompson	1	
Veneziana	1	
Totale	42	1

1.3 Campylobacter di origine umana

Per quanto riguarda gli isolamenti di Campylobacter di origine umana, nel 2019 sono pervenuti al CRREP un totale di 67 ceppi, 16 in più rispetto al 2018 grazie alla partecipazione di tre nuove Strutture Ospedaliere (AV 1 sede di Urbino, AV 2 sede di Fabriano, AV 4 sede di Fermo) che hanno iniziato a inviare i propri isolati di Campylobacter nel corso del 2019.

Riguardo la distribuzione degli isolamenti per classi di età, è possibile notare, sempre in proporzione al numero totale di ceppi per i due differenti anni, che la differenza di casi tra il 2019 e il 2018 va a occupare la fascia di età 15-64.

La matrice di isolamento ha riguardato per 66 casi il campione feci e per 1 unico caso il campione sangue mentre l'ospedalizzazione si è resa necessaria nel 37,3 % dei casi.

Per nessuno dei casi è stata rilevata un'associazione con il consumo di alimenti sospetti.

Laboratorio	Campylobacter jejuni	Campylobacter coli	Campylobacter jejuni/coli	TOT
AO Ospedali Riuniti Marche Nord sedi di Pesaro e Fano	4	2	-	6
AV 1 sede di Urbino	8	-	-	8
AV 2 sede di Fabriano	1	-	-	1
AOU Ospedali Riuniti Ancona	2	1	-	3
AV 2 sede di Senigallia	11	1	2	14
AV 2 sede di Jesi	11	-	-	11
AV 3 sedi di Macerata-	5	-	-	5

Civitanova Marche				
AV 4 sede di Fermo	8	-	-	8
AV 5 sedi di Ascoli Piceno-San Benedetto del Tronto	11	-	-	11
Totale	61	4	2	67

Tabella 11. Distribuzione degli isolamenti umani per classe d'età

Età (in anni)	N. 2019	% 2019	N. 2018	% 2018
≤ 1	4	6	1	2
2 - 5	8	11,9	5	9,7
6 -14	8	11,9	12	23,5
15 - 64	35	52,2	18	35,3
> 64	12	18	14	27,5
Non noto	-	-	1	2
Totale	67	100	51	100

Tabella 12. Matrici di isolamento

Matrice	N.	% 2019
Feci	66	98,5
Sangue	1	1,5
Totale	67	100

Tabella 13. Ospedalizzazione

Ospedalizzazione	N.	% 2019
Sì	25	37,3
No	32	47,8
Non noto	10	14,9
Totale	67	100

1.4 Escherichia coli patogeni e Shigella di origine umana

Nel corso del 2019 sono stati confermati come patogeni 5 ceppi appartenenti al genere Escherichia coli e 1 ceppo di Shigella dysenteriae.

Nello specifico i risultati ottenuti sono riassunti nella tabella che segue.

Laboratorio	E. coli VTEC	Sierogruppo	Geni di patogenicità	E. coli ETEC	Geni di patogenicità	Shigella dysenteriae
AOU Ospedali Riuniti Ancona	1	O157	vtx2+	1	LT-1+ STh- Stp-	
	1	O26	vtx2+			
	1	ND	vtx2/eae+			
AV 5 sede di Ascoli Piceno	1	ND	vtx1+			
AV 4 sede di Fermo						1

I 5 ceppi di E. coli sono stati analizzati in real time PCR per la ricerca dei geni di patogenicità e del sierogruppo e inviati al Laboratorio di Referenza Europeo e Nazionale per Escherichia coli dell'Istituto Superiore di Sanità (ISS) per essere sottoposti a conferma.

Per quanto riguarda i 4 ceppi di Escherichia coli verocitotossico (VTEC) sono stati isolati da coprocultura di:

- una bambina di quattro anni presso l'Ospedale di Ascoli Piceno (non noto lo stato di ricovero)

- un bambino di tre anni presso AOU Ospedali Riuniti Ancona (non ospedalizzato)
- un bambino di due anni presso AOU Ospedali Riuniti Ancona ricoverato presso il reparto di Nefrologia
- un bambino di quattro anni presso AOU Ospedali Riuniti Ancona ricoverato presso la Clinica Pediatrica

Per due dei quattro ceppi è stato possibile definire il sierogruppo, rispettivamente O157 e O26 entrambi rientranti nei sierogruppi VTEC Top Five (O157, O26, O111, O103, O145) associati a casi di SEU, sindrome emolitico-uremica.

Per tutti e quattro sono stati identificati i geni codificanti per le verocitotossine (vtx1 e vtx2) e in un caso per il gene dell'intimina (eae).

L'infezione da Escherichia coli produttore di verocitotossina (VTEC) è considerata una zoonosi poiché il tratto gastro-intestinale dei ruminanti, in particolare dei bovini e dei bufalini, costituisce il serbatoio naturale di questi batteri. E. coli O157 viene incluso tra gli agenti di tossinfezione alimentare, anche se l'epidemiologia delle infezioni da VTEC, rispetto alle più classiche tossinfezioni, presenta alcuni caratteri distintivi.

La trasmissione all'uomo avviene prevalentemente per via alimentare, attraverso l'ingestione di derrate di origine animale contaminate in fase di produzione o lavorazione (carni contaminate e non sottoposte a cottura completa, latte crudo, latticini non pastorizzati) ma anche attraverso ortaggi e frutti coltivati su terreni fertilizzati o irrigati con reflui da allevamenti bovini infetti. Tra le potenziali fonti di infezione, un ruolo sempre più importante viene attribuito alle fonti idriche, siano esse destinate a usi civili, agricoli o per balneazione. Infine il contatto diretto con animali appartenenti alle specie serbatoio e la trasmissione persona-persona (per via oro-fecale) possono giocare un ruolo nella propagazione dell'infezione.

Il ceppo di Escherichia coli enterotossigeno (ETEC) è stato isolato da feci di un bambino di 12 anni ricoverato presso la Clinica Pediatrica di AOU Ospedali Riuniti Ancona. Le infezioni a carico di E. coli ETEC colpiscono soprattutto i bambini dei Paesi in via di sviluppo e i viaggiatori diretti in queste zone tramite ingestione di alimenti o acqua contaminati da materiale fecale.

I ceppi ETEC producono due classi di tossine: tossine termolabili (LT-1, LT-2) e tossine termostabili (STa e STb). La tossina LT-2 non è patogena, mentre la LT-1 è simile a quella colerica poiché in grado di indurre, tramite internalizzazione della sua subunità A, un aumento di cAMP che stimola la secrezione di cloro e riduce l'assorbimento di sodio, causando diarrea acquosa.

La tossina STa con i suoi due sottotipi Sth e Stp, a differenza della STb, è patogena per l'uomo. STa si lega ai recettori che hanno attività guanilato-ciclasica inducendo un aumento di cGMP con conseguente ipersecrezione di fluidi.

Il ceppo di Shigella dysenteriae è stato isolato da coprocoltura di una ragazza di 22 anni di origine rumena.

La Shigella è l'agente eziologico della [dissenteria](#) bacillare o [shigellosi](#). La sua azione patogena è dovuta alla spiccata invasività (malgrado sia immobile) nei confronti dell'epitelio intestinale dell'ileo e del colon e alla produzione di [endotossine](#) ed [esotossine](#), in particolare la [tossina di Shiga](#) presente in *Shigella dysenteriae*.

Si tratta di una proteina formata da sei subunità (una subunità A e cinque subunità B). Le subunità B si legano al [ganglioside](#) GB₃ e promuovono l'internalizzazione della subunità A. È la subunità A che cliva l' [RNA 28S](#) della [subunità ribosomiale maggiore](#) (60S) impedendo il legame di T-amminoacil RNA e bloccando quindi la [sintesi proteica](#). Ciò provoca distruzione dell'epitelio intestinale e, più raramente, può causare insufficienza renale per distruzione dell'endotelio dei glomeruli.

2. Enteropatogeni di origine non umana

La quasi totalità di enterobatteri di origine non umana è rappresentata da ceppi di *Salmonella* spp. (Tab.15).

Tabella 15. Numero di isolamenti di origine non umana distinti per struttura				
Strutture	Salmonella	Campylobacter	Listeria	Totale
IZSUM	113	16	15	144
ARPAM				
➤ Dipartimento Pesaro	29			34
➤ Dipartimento Macerata	5			
LABORATORI PRIVATI				
➤ Eco control (Fermo)	105			164
➤ Centro Assistenza Ecologica (Ancona)	29			
➤ Intertek (Fermo)	26			
➤ Analisi Control (Corridonia, MC)			4	
Totale	307	16	19	342

Salmonella:

Nel corso dell'anno 2019, il numero totale dei ceppi di Salmonella di origine non umana è leggermente aumentato rispetto allo scorso anno (294 isolamenti nel 2018). E' possibile osservare una diminuzione dei ceppi batterici ottenuti da campionamenti effettuati dall'Istituto sia in ambito ufficiale che di autocontrollo (227 nel 2018).

Per quanto riguarda i ceppi di Salmonella inviati dall'ARPAM (**ARPAM Pesaro** 29 ceppi; **ARPAM Macerata** 5 ceppi) il numero è diminuito rispetto al 2018 (55 isolamenti) mentre è notevolmente aumentato quello relativo agli isolamenti di Salmonella inviati dai Laboratori privati (**Eco Control Fermo** 105 ceppi; **Centro Assistenza Ecologica Ancona** 29 ceppi; **Intertek Fermo** 26 ceppi), (12 isolamenti nel 2018).

Campylobacter:

Gli isolamenti di Campylobacter relativi alle **attività istituzionali dell'IZSUM** derivano da campioni di pelle del collo, carni fresche e frattaglie di pollo analizzati presso il laboratorio di Sicurezza Alimentare della sezione di Tolentino e della sezione di Fermo nell'ambito della valutazione della presenza di Campylobacter come indicatore di igiene di processo sulle carcasse di pollo.

Nello specifico, nel corso del 2019, sono state identificate 16 positività per Campylobacter. I dettagli sono riportati nel paragrafo 2.7 Campylobacter di origine non umana.

Listeria:

Gli isolamenti di Listeria ottenuti nell'ambito delle **attività istituzionali dell'IZSUM** sono relativi agli esami di ricerca (analisi qualitativa) e di conta (analisi quantitativa) di *L. monocytogenes*.

Nel corso del 2019 nell'ambito delle analisi qualitative sono state ottenute le seguenti positività (definite come presenza di *L. monocytogenes* su 25 g di prodotto analizzato) a partire dalle seguenti matrici:

- Sezione di Tolentino (totale analisi eseguite 264):
 - Prodotti a base di carne crudi (ciauscolo, salame, salame fresco stagionatura <30 gg): n° 4 positività
- Sezione di Fermo (totale analisi eseguite 179):
 - Prodotti a base di carne crudi (salame): n° 1 positività
 - Prodotti a base di carne cotti (coppa): n° 6 positività
- Sezione di Ancona (totale analisi eseguite 35):
 - Prodotti e conserve di pesce (salmone affumicato): n°2 positività
- Sezione di Pesaro (totale analisi eseguite 6): nessuna positività

Nel corso del 2019 nell'ambito delle analisi quantitative non si è ottenuta alcuna positività (definita come conta superiore a 100 UFC di *L. monocytogenes*/g di prodotto analizzato).

Per quanto riguarda invece le **analisi condotte in autocontrollo**, dal laboratorio privato **Analisi Control** di Corridonia sono stati inviati nel corso del 2019, 4 ceppi di *Listeria* che sono stati sottoposti a identificazione biochimica e molecolare (PCR per l'identificazione di *Listeria monocytogenes*). Di seguito i risultati:

- 3 ceppi di *Listeria monocytogenes* isolati rispettivamente: 2 da insaccati di carne suina ready to eat (stagionatura <30 gg) prelevati presso un laboratorio lavorazione carni suine e un laboratorio di sezionamento carni; 1 da pizza surgelata prelevata presso un laboratorio di produzione prodotti di gastronomia pronti a cuocere
- 1 ceppo di *Listeria innocua* isolata da pizza surgelata prelevata presso un laboratorio di produzione prodotti di gastronomia pronti a cuocere

2.1 Salmonelle di origine non umana

I ceppi di *Salmonella* di origine non umana sono suddivisi per origine alimentare per il consumo umano e animale (mangime), animale (feci, organo), ambientale veterinaria (polvere, soprascarpe, tampone da superficie) e ambientale fluviale (acque superficiali) (Tab.16). Rispetto al 2018, nel 2019 si registra una leggera diminuzione della frequenza degli isolamenti di *Salmonella* da matrice alimentare umana dovuta al minor numero di campioni risultati non conformi nell'ambito delle analisi relative ai controlli ufficiali del Piano Nazionale Alimenti Marche e a quelli condotti in autocontrollo.

Per quanto riguarda le voci relative alla matrice animale, ambientale veterinaria e ambientale fluviale, i dati del 2019 indicano una diminuzione dei ceppi di origine animale e di origine ambientale fluviale e un notevole aumento dei ceppi di origine ambientale veterinario, aumento riconducibile all'incremento del numero di campionamenti eseguiti in autocontrollo da parte di una delle realtà avicole più importanti del territorio marchigiano.

Per quanto riguarda la voce mangime nel 2019 non è stata individuata nessuna positività relativamente a tale matrice.

Tabella 16 Isolamenti di Salmonella origine non umana distinti per origine degli isolati				
Origine	N. 2019	% 2019	N. 2018	% 2018
Alimentare umana	141	45,9	151	51,4
Mangime	-		- (+2 attività ricerca)	0,7
Animale	11	3,6	28 (+12 attività ricerca)	13,6
Ambientale veterinario	121	39,4	19 (+27 attività ricerca)	15,6
Ambientale fluviale	34	11,1	55	18,7
Totale	307	100	294	100

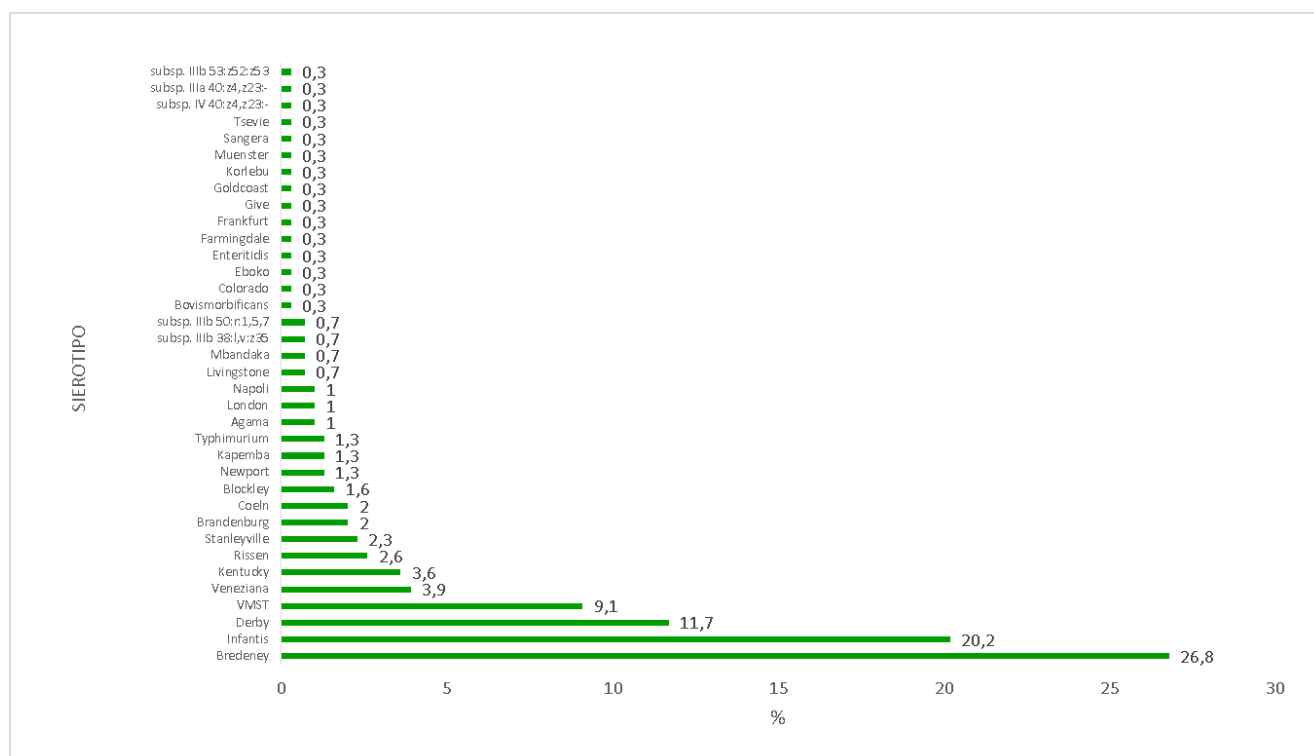


Gráfico 2. Distribuzione degli isolati di Salmonella di origine non umana per sierotipo

Tabella 17. Distribuzione degli isolati di Salmonella di origine non umana per origine						
Sierotipo	Alimento	Animale	Ambiente veterinario	Ambiente acquatico	N°	%
Bredeney	17	-	64	1	82	26,8
Infantis	24	-	38	-	62	20,2
Derby	34	1	1	-	36	11,7
Variante monofasica di S. Typhimurium (VMST)	27	-	1	-	28	9,1
Veneziana	1	-	1	10	12	3,9
Kentucky	-	6	5	-	11	3,6
Rissen	8	-	-	-	8	2,6
Stanleyville	1	1	1	4	7	2,3
Brandenburg	6	-	-	-	6	2
Coeln	3	-	-	3	6	2
Blockley	-	-	5	-	5	1,6
Newport	2	-	-	2	4	1,3
Kapemba	3	-	-	1	4	1,3
Typhimurium	2	2	-	-	4	1,3
Agama	1	-	-	2	3	1
London	3	-	-	-	3	1
Napoli	1	-	1	1	3	1
Livingstone	1	-	1	-	2	0,7
Mbandaka	1	-	1	-	2	0,7
subsp. diarizonae (IIIb) 38:l,v:Z ₃₅	-	-	-	2	2	0,7
subsp. diarizonae (IIIb) 50:r:1,5,7	-	-	-	2	2	0,7
Bovismorbificans	1	-	-	-	1	0,3
Colorado	-	-	1	-	1	0,3
Eboko	-	-	-	1	1	0,3
Enteritidis	1	-	-	-	1	0,3
Farmingdale	1	-	-	-	1	0,3
Frankfurt	-	-	-	1	1	0,3
Give	1	-	-	-	1	0,3
Goldcoast	1	-	-	-	1	0,3
Korlebu	-	-	1	-	1	0,3
Muenster	-	-	-	1	1	0,3
Sangera	-	-	-	1	1	0,3
Tsevie	-	1	-	-	1	0,3

subsp. houtenae (IV) 40:Z ₄ ,Z ₂₃ :-	-	-	-	1	1	0,3
subsp. arizonae (IIIa) 40:Z ₄ ,Z ₂₃ :-	-	-	-	1	1	0,3
subsp. diarizonae (IIIb) 53:Z ₅₂ :Z ₅₃	1	-	-	-	1	0,3
Totale	141	11	121	34	307	100

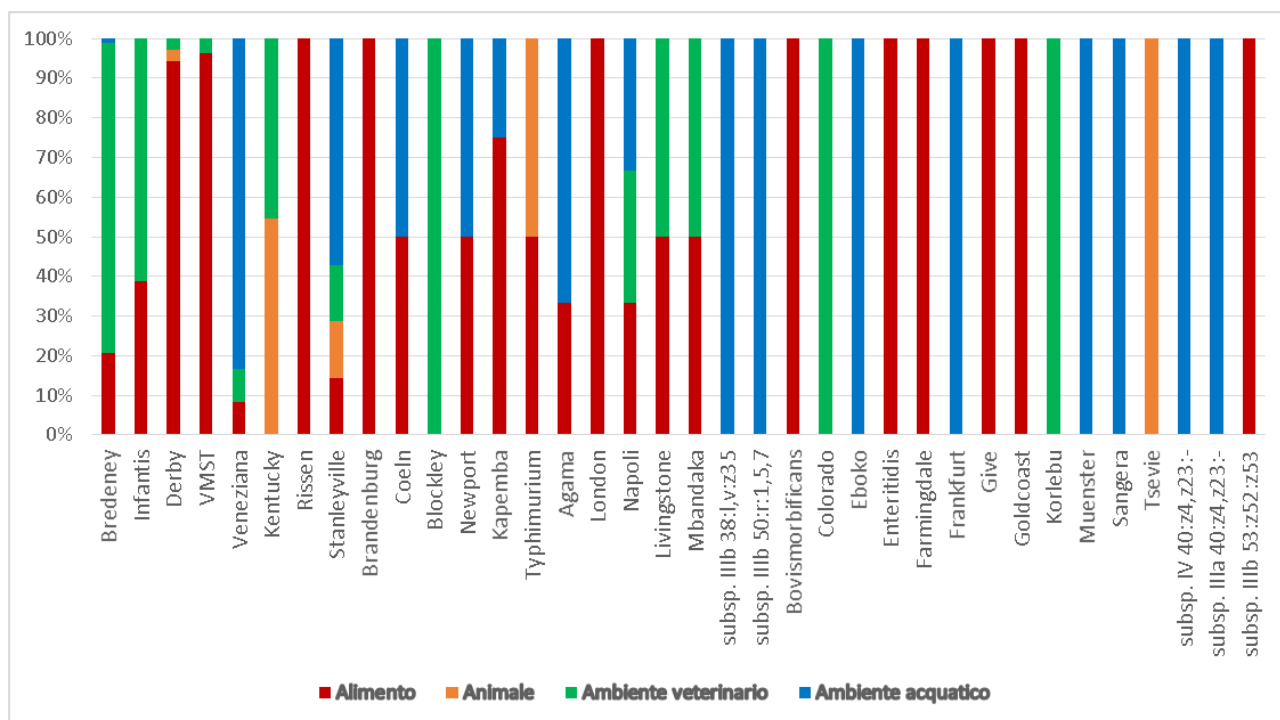


Grafico 3. Distribuzione degli isolati di Salmonella di origine non umana per origine

A differenza del 2018, nel 2019, al primo posto tra i sierotipi di Salmonella maggiormente tipizzati, c'è la Salmonella Bredenev, seguita dalla Salmonella Infantis che nel 2018 aveva rappresentato il primo sierotipo. Per quanto riguarda la Salmonella Bredenev, tale sierotipo che fino a qualche anno fa era generalmente associato alla specie suina, anche nel 2019 così come già era stato nel 2018 è stato isolato tranne che in 5 casi (in 1 caso da mollusco bivalente e in 4 da carne fresca/lavorata di suino) nei rimanenti 76 casi nell'ambito del Piano controllo alimenti (carne fresca e lavorata di pollo) e del Piano Nazionale di controllo delle salmonellosi negli avicoli e di autocontrollo (feci, soprascarpe e tamponi ambientali presso allevamenti di polli da carne) indicando un suo definitivo ingresso presso la filiera avicola.

Per quanto riguarda il numero di casi di *S. Infantis*, quello del 2019 (62 casi) è sovrapponibile a quello dell'anno precedente (65). Le frequenze del sierotipo Infantis sono progressivamente aumentate a partire dal 2014 passando dal 8,9% del totale degli isolati al 23,9% nel 2015. Nel 2016, la percentuale era scesa al 17,3% per poi risalire nel 2017 al 21,0% e ulteriormente nel 2018 al 22,2%. Quest'anno a differenza dello scorso, solo poco più della metà del totale dei ceppi di *S. Infantis* (36 su 62) isolati a partire da matrice alimentare,

animale e ambientale veterinaria presenta il fenotipo ESBL (produzione di β -lattamasi a spettro esteso) e le matrici di isolamento sono relative a carne fresca e lavorata di pollo e soprascarpe eseguiti presso allevamenti di polli da ingrasso.

Per quanto riguarda il terzo sierotipo maggiormente isolato, la Salmonella Derby, come già anticipato per gli isolamenti di origine umana, il suo aumento potrebbe essere attribuibile a un lotto di salame ritirato dal commercio risultato positivo per S. Derby.

2.2 Salmonelle isolate da matrice animale

Nella tabella 18 e nel grafico 4 è riportata la distribuzione dei sierotipi di Salmonella isolati da animali suddivisi per specie di origine.

Tabella 18. Distribuzione dei sierotipi per specie animale											
Sierotipo	da carne Pollo	ovaiola Gallina	Tacchino	Colombo	Suino	Bovino	Coniglio	Mollusco bivalve	Ittica	N.	%
Bredeney	72	-	-	-	4	-	-	1	-	77	29,1
Infantis	54	-	-	-	5	-	1	-	-	60	22,6
Derby	-	-	-	-	30	1	-	3	-	34	12,8
Var. mon. S. Typhimurium (VMST)	-	-	1	-	24	-	-	2	1	28	10,6
Kentucky	-	11	-	-	-	-	-	-	-	11	4,2
Rissen	-	-	-	-	6	1	-	1	-	8	3
Brandenburg	-	-	-	-	6	-	-	-	-	6	2,3
Blockley	5	-	-	-	-	-	-	-	-	5	1,9
Typhimurium	-	-	-	2	1	-	-	-	-	3	1,1
London	-	-	-	-	3	-	-	-	-	3	1,1
Coeln	3	-	-	-	-	-	-	-	-	3	1,1
Stanleyville	1	1	-	-	-	-	-	1	-	3	1,1
Kapemba	-	-	-	-	3	-	-	-	-	3	1,1
Veneziana	-	1	-	-	-	-	-	1	-	2	0,8
Mbandaka	1	-	-	-	1	-	-	-	-	2	0,8
Livingstone	-	1	-	-	-	-	-	-	1	2	0,8
Napoli	-	-	1	-	-	-	-	1	-	2	0,8
Newport	-	-	1	-	-	-	-	1	-	2	0,8
Give	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,4
Enteritidis	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	0,4
Goldcoast	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	0,4

Colorado	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0,4
Korlebu	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0,4
Tsevie	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0,4
Agama	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,4
Farmingdale	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,4
Bovismorbificans	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	0,4
subsp. diarizonae (IIIb) 53:Z ₅₂ :Z ₅₃	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,4
Totale	137	16	3	2	86	2	1	15	2	26	10
										4	0

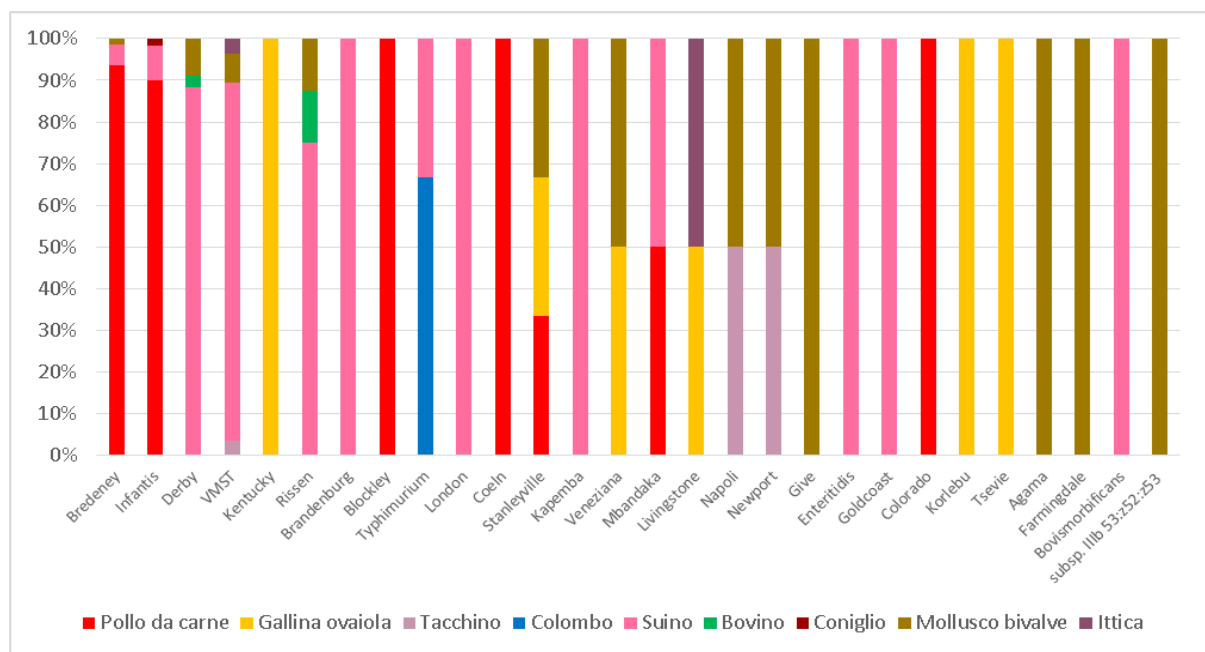


Grafico 4 Distribuzione dei sierotipi per specie animale

Tabella 19 e Grafico 5 Distribuzione dei sierotipi per specie animale mista					
Sierotipo	Bovino-Suino	Pollo-Suino	Pollo-Suino-Tacchino	N°	%
Bredeney	-	-	4	4	50
Infantis	-	1	1	2	25
Typhimurium	-	1	-	1	12,5
Derby	1	-	-	1	12,5
Totale	1	2	5	8	100

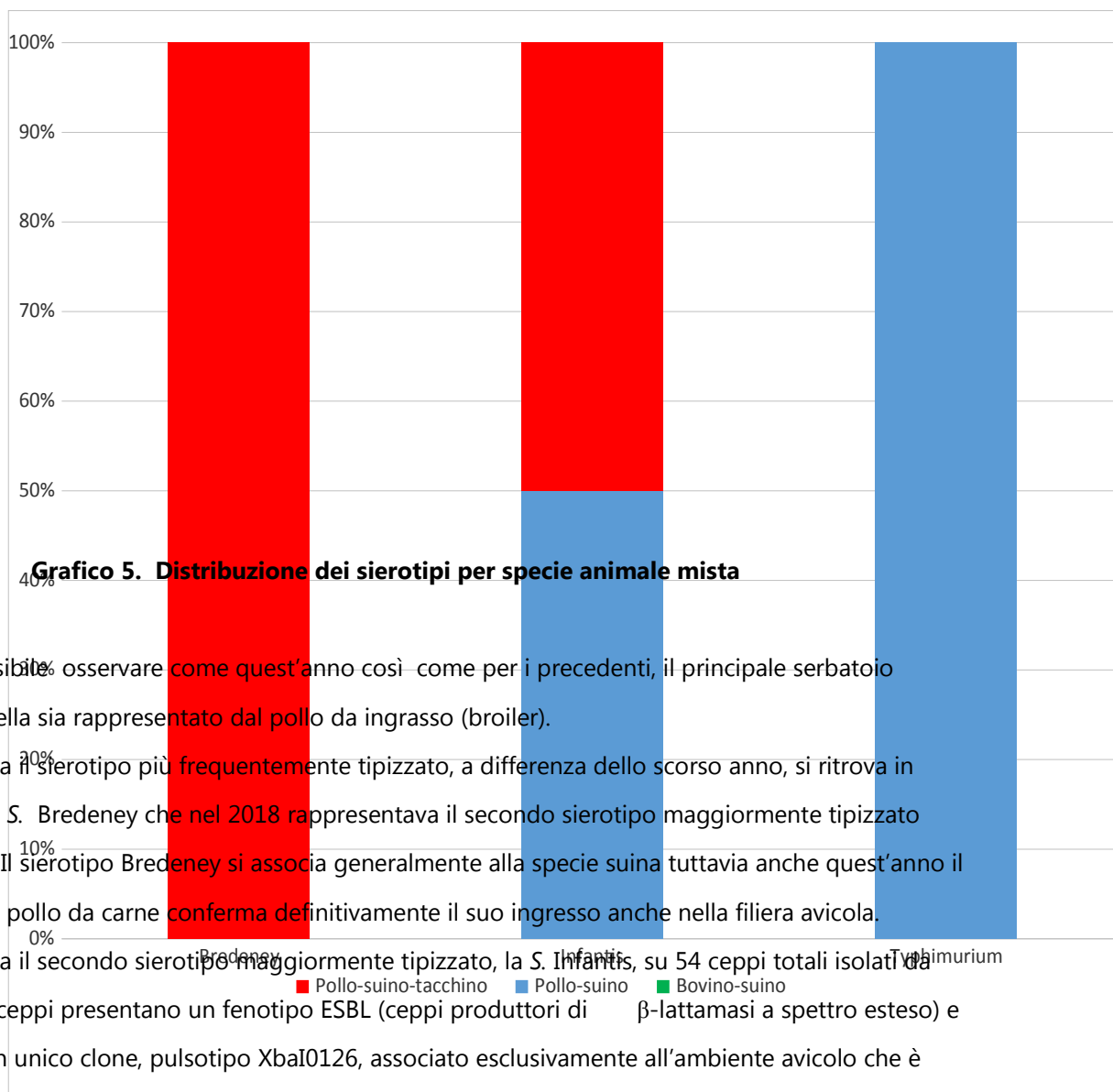


Grafico 5. Distribuzione dei sierotipi per specie animale mista

Dalla tabella è possibile osservare come quest'anno così come per i precedenti, il principale serbatoio animale di Salmonella sia rappresentato dal pollo da ingrasso (broiler).

Per quanto riguarda il sierotipo più frequentemente tipizzato, a differenza dello scorso anno, si ritrova in prima posizione la S. Bredeney che nel 2018 rappresentava il secondo sierotipo maggiormente tipizzato dopo la S. Infantis. Il sierotipo Bredeney si associa generalmente alla specie suina tuttavia anche quest'anno il suo isolamento nel pollo da carne conferma definitivamente il suo ingresso anche nella filiera avicola.

Per quanto riguarda il secondo sierotipo maggiormente tipizzato, la S. Infantis, su 54 ceppi totali isolati da pollo da carne, 36 ceppi presentano un fenotipo ESBL (ceppi produttori di β -lattamasi a spettro esteso) e sono ascrivibili a un unico clone, pulsotipo XbaI0126, associato esclusivamente all'ambiente avicolo che è divenuto stanziale, in seguito ad adattamento ottimale, nell'ambiente degli allevamenti italiani e per questo motivo molto difficile da debellare con le procedure di sanificazione.

2.3 Salmonelle isolate da matrice alimentare

Nella tabella 20 e nel grafico 6 sono mostrate le distribuzioni dei sierotipi di Salmonella isolati da matrice alimentare; sono incluse anche le frequenze relative agli isolamenti da carcasse suine prelevate al mattatoio.

Tabella 20. Distribuzione dei sierotipi per matrice alimentare										
Sierotipo	carne pollo	carne tacchino	carne suino	carne bovino	carne specie mista	carne coniglio	molluschi bivalvi	ittica	N.	%
Derby	-	-	29	1	1	-	3	-	34	24,1
Var. mon. S. Typhimurium (VMST)	-	-	24	-	-	-	2	1	27	19,1
Infantis	16	-	5	-	2	1	-	-	24	17
Bredeney	8	-	4	-	4	-	1	-	17	12,1
Rissen	-	-	6	1	-	-	1	-	8	5,7
Brandenburg	-	-	6	-	-	-	-	-	6	4,3
Coeln	3	-	-	-	-	-	-	-	3	2,1
Kapemba	-	-	3	-	-	-	-	-	3	2,1
London	-	-	3	-	-	-	-	-	3	2,1
Typhimurium	-	-	1	-	1	-	-	-	2	1,4
Newport	-	1	-	-	-	-	1	-	2	1,4
Agama	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,7
Enteritidis	-	-	1	-	-	-	-	-	1	0,7
Veneziana	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,7
Give	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,7
Mbandaka	-	-	1	-	-	-	-	-	1	0,7
Farmingdale	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,7
Livingstone	-	-	-	-	-	-	-	1	1	0,7
Stanleyville	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,7
Napoli	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,7
Bovismorbificans	-	-	1	-	-	-	-	-	1	0,7
Goldcoast	-	-	1	-	-	-	-	-	1	0,7
subsp. diarizonae (IIIb) 53:Z ₅₂ :Z ₅₃	-	-	-	-	-	-	1	-	1	0,7
Totale	27	1	85	2	8	1	15	2	141	100

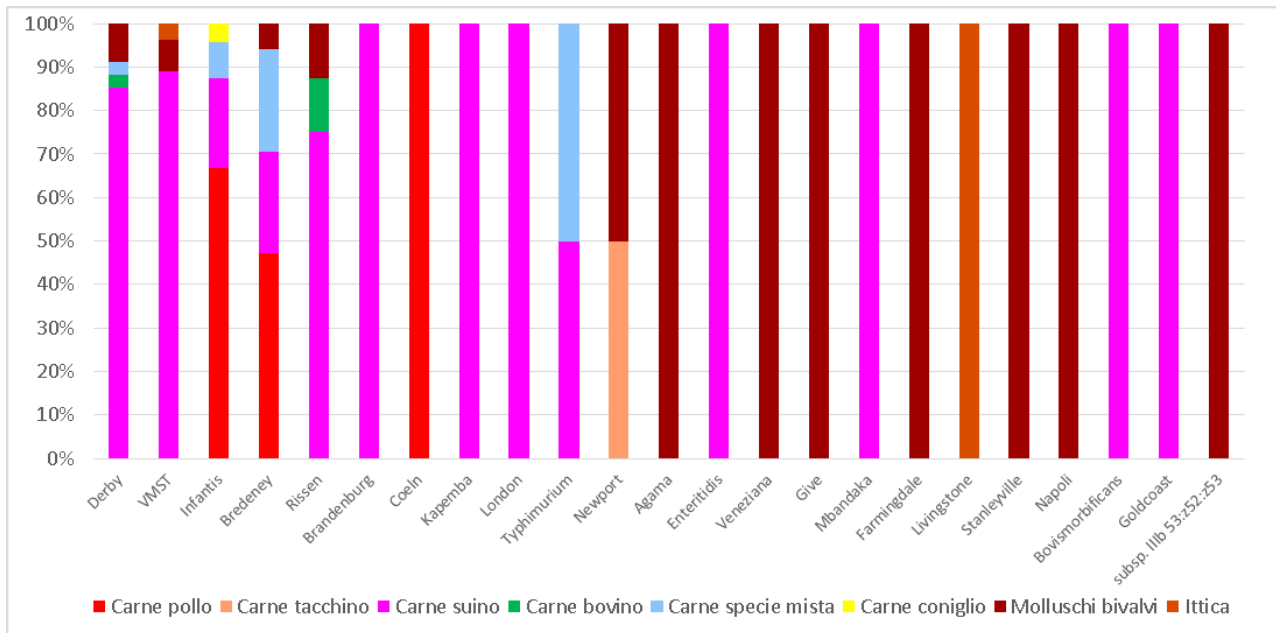


Grafico 6. Distribuzione dei sierotipi per matrice alimentare

Rispetto al 2018, nel 2019 il numero di stipiti isolati da matrici alimentari è leggermente diminuito passando da 149 a 141. La carne di suino risulta essere la matrice alimentare da cui deriva il maggior numero di isolamenti; i sierotipi maggiormente diffusi riguardano la S. Derby e la Variante monofasica di Salmonella Typhimurium.

La seconda tipologia di matrice alimentare è rappresentata da carne di pollo strettamente associata ai sierotipi Infantis e Bredeney, la terza è rappresentata dai molluschi con un'ampia varietà di sierotipi alcuni dei quali diffusi anche nell'uomo.

2.4 Salmonelle isolate da matrice ambientale

Le Salmonelle isolate da matrici ambientali sono rappresentate nella tabella 21 e nel grafico 7 suddivise per sierotipo e fonte di isolamento.

Tabella 21. Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale								
Sierotipo	Soprascarpe	tampone ambientale	fiumeacqua superficiale	acqua superficiale lago	acqua pozzo	sorgenteacqua	N.	%
Bredeney	64	-	-	1	-	-	65	42,1
Infantis	38	-	-	-	-	-	38	24,7
Veneziana	1	-	8	2	-	-	11	7,4
Blockley	5	-	-	-	-	-	5	3,2
Kentucky	5	-	-	-	-	-	5	3,2
Stanleyville	1	-	4	-	-	-	5	3,2
Coeln	-	-	3	-	-	-	3	1,9
Agama	-	-	2	-	-	-	2	1,3
Newport	-	-	2	-	-	-	2	1,3

Napoli	1	-	1	-	-	-	2	1,3
subsp. diarizonae (IIIb) 38:l,v;Z ₃₅	-	-	1	-	1	-	2	1,3
subsp. diarizonae (IIIb) 50:r:1,5,7	-	-	-	-	-	2	2	1,3
Var. mon. Salmonella Typhimurium (VMST)	1	-	-	-	-	-	1	0,6
Colorado	1	-	-	-	-	-	1	0,6
Korlebu	1	-	-	-	-	-	1	0,6
Mbandaka	1	-	-	-	-	-	1	0,6
Derby	-	1	-	-	-	-	1	0,6
Livingstone	1	-	-	-	-	-	1	0,6
Eboko	-	-	1	-	-	-	1	0,6
Muenster	-	-	-	1	-	-	1	0,6
Frankfurt	-	-	1	-	-	-	1	0,6
Sangera	-	-	1	-	-	-	1	0,6
Kapemba	-	-	-	1	-	-	1	0,6
subsp. arizonae (IIIa) 40:Z ₄ ,Z ₂₃ :-	-	-	-	-	1	-	1	0,6
subsp. houtenae (IV) 40:Z ₄ ,Z ₂₃ :-	-	-	-	-	-	1	1	0,6
Totale	120	1	24	5	2	3	15	100
							5	

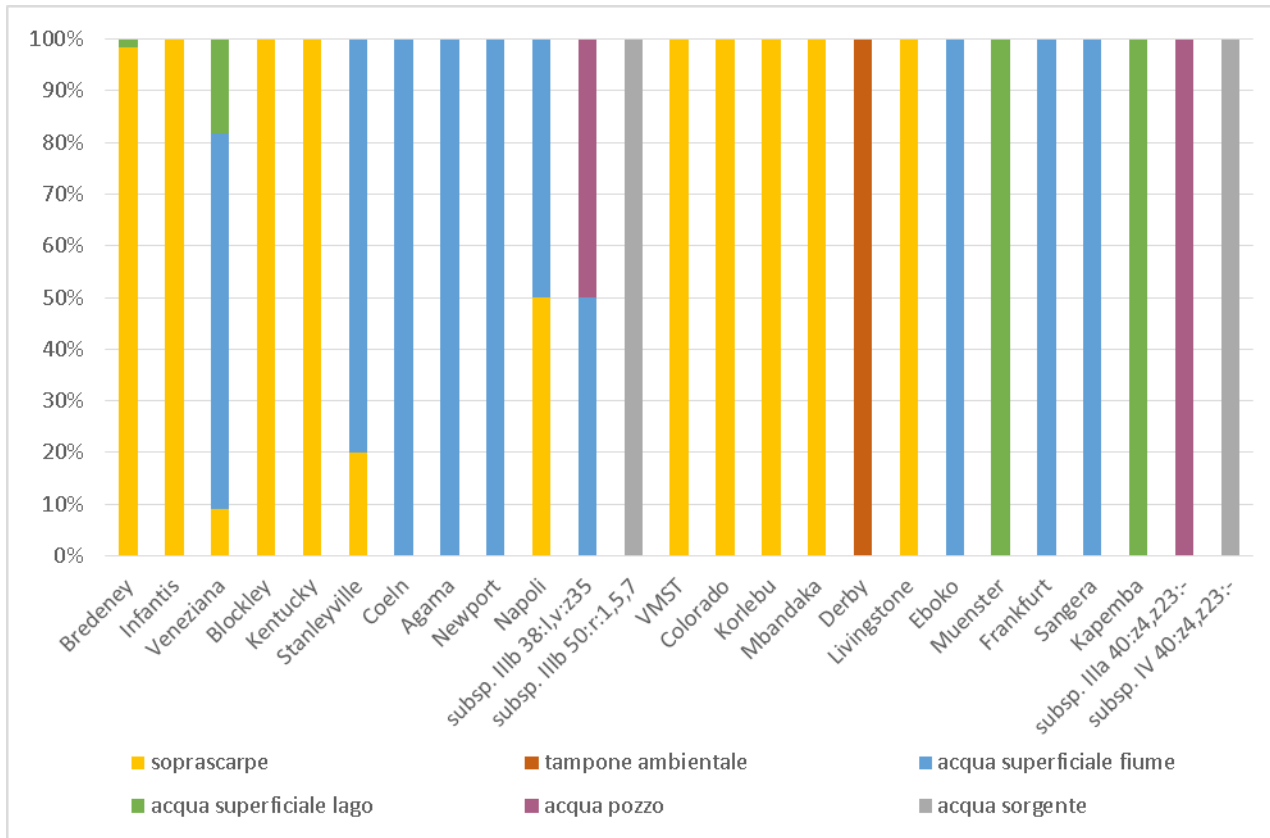


Grafico 7 Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale

Al primo posto in frequenza compare la *S. Bredeney* con 65 ceppi seguita da *S. Infantis* con 38 ceppi; di questi ultimi, 31 ceppi su 38 appartengono al fenotipo ESBL (produttori di β -lattamasi a spettro esteso) e sono stati isolati nell'ambito dei piani di controllo delle salmonellosi negli avicoli. Seguono gli 11 isolamenti di *S. Veneziana*, sierotipo tipicamente ambientale.

Sono presenti anche 4 ceppi di subspecie differente dalla prima; tutte e tre le subspecie tipizzate, *arizonae* (IIIa), *diarizonae* (IIIb) e *houtenae* (IV) si associano tipicamente ad animali a sangue freddo e all'ambiente.

2.5 Antibiotico-resistenza nei ceppi di Salmonella di origine veterinaria (alimentare, ambiente veterinario, animale)

Tutti i ceppi di Salmonella di origine veterinaria pervenuti al Centro sono stati saggiati per valutare la sensibilità agli antibiotici secondo le linee guida del CLSI (*Performance standards for antimicrobial susceptibility testing, seventeenth informational supplement, January 2010, M100-S20*).

Tabella 22. Antibiotici, ceppi sensibili, intermedi e resistenti			
ANTIBIOTICO	N. CEPPI SENSIBILI	N. CEPPI INTERMEDI	N. CEPPI RESISTENTI
Acido nalidixico (NA)	192	2	79
Ampicillina (AMP)	161	-	112
Cefotaxime (CTX)	234	3	36
Ceftazidime (CAZ)	261	12	-
Ciprofloxacina (CIP)	140	132	1
Cloramfenicolo (C)	257	-	15
Gentamicina (CN)	272	-	1
Tetraciclina (TE)	86	1	185
Trimetoprim - sulfametossazolo (SXT)	207	-	66
Trimetoprim (TMP)	206	-	27
Meropenem (MEM)	273	-	-
TOTALE CEPPI TESTATI		273	

Per quanto riguarda i ceppi di origine veterinaria la rete Enter-Vet prevede un pattern di molecole ridotto rispetto a quello previsto dalla rete Enter-Net. Sono comunque presenti molecole strategiche per la valutazione dell'antibiotico resistenza dei ceppi provenienti dall'ambiente veterinario, come ad esempio le Cefalosporine e la Ciprofloxacina.

Per quanto riguarda le Cefalosporine, il numero elevato di resistenze relative a Cefotaxime (CTX) è riconducibile al considerevole numero di ceppi di Salmonella Infantis ESBL isolati a partire da matrice animale e alimentare. Nel corso del 2019 seppur si sia registrata una sola resistenza alla Ciprofloxacina, è aumentato considerevolmente il numero di ceppi intermedi, dato che fa intuire, come abbiamo osservato nei ceppi isolati da fonte umana, un cambiamento nella risposta a tale antibiotico.

Nelle tabelle che seguono, viene riportato il numero dei ceppi di origine alimentare, animale e ambientale veterinaria risultati intermedi e il ceppo risultato resistente alla Ciprofloxacina nel corso del 2019, suddivisi per sierotipo e per matrice di isolamento.

Tabella 23. Numero di ceppi di origine alimentare								
Sierotipo	N. Intermedi CIP di origine alimentare							
	carne pollo	carne suino	carne bovino	carne mista pollo-suino	carne mista pollo-suino- tacchino	carne coniglio	mollusco bivalve	TOT
Infantis	15			1	1	1		18
Var. monofasica di S. Typhimurium		5					2	7
Bredeney	2	3						5
Coeln	3							3
Derby		1					2	3
Rissen		2	1					3
Typhimurium				1				1
Brandenburg		1						1
Goldcoast		1						1
Give							1	1
Newport							1	1
Kapemba		1						1
Totale	20	14	1	2	1	1	6	45

Tabella 24. Numero di ceppi di origine animale e ambientale								
Sierotipo	N. Intermedi CIP di origine animale e ambientale veterinaria					N. Resistenti CIP di origine ambientale veterinaria		
	feci gallina ovaioia	feci suino	soprascarpe allevamento galline ovaiole	soprascarpe allevamento broiler	tampone superficie sala macellazione	TOT	soprascarpe allevamento galline ovaiole	TOT
Infantis				34		34		
Bredeney				33		33		
Kentucky	6		5			11	1	1
Blockley				5		5		
Derby		1			1	2		
Stanleyville	1					1		
Tsevie	1					1		
Totale	8	1	5	72	1	87	1	1

2.6 Antibiotico-resistenza nei ceppi di Salmonella di origine ambientale (acqua superficiale fiume, acqua superficiale lago, acqua sorgente, acqua pozzo)

Tutti i ceppi di Salmonella di origine acquatica pervenuti al Centro sono stati saggiati per valutare la sensibilità agli antibiotici secondo le linee guida del CLSI (*Performance standards for antimicrobial susceptibility testing, seventeenth informational supplement, January 2010, M100-S20*).

Tabella 25. Antibiotici, ceppi sensibili, intermedi e resistenti			
ANTIBIOTICO	N. CEPPI SENSIBILI	N. CEPPI INTERMEDI	N. CEPPI RESISTENTI
Acido nalidixico (NA)	34	-	-
Ampicillina (AMP)	33	-	1
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	34	-	1
Cefotaxime (CTX)	34	-	-
Ceftazidime (CAZ)	34	-	-
Cefoxitina (FOX)	34	-	-
Ciprofloxacina (CIP)	20	14	-
Cloramfenicolo (C)	34	-	-
Gentamicina (CN)	34	-	-
Pefloxacina (PEF)	34	-	-
Meropenem (MEM)	34	-	-
Streptomicina (S)	26	5	3
Sulfisossazolo (ST)	34	-	-
Tetraciclina (TE)	34	-	-
Trimetoprim (TMP)	34	-	-
TOTALE CEPPI TESTATI		34	

Come si può osservare dalla tabella, il numero totale delle resistenze è molto esiguo poiché in campo ambientale la pressione selettiva esercitata dall'utilizzo delle molecole antibiotiche è minore rispetto alla tendenza che si ha in campo zootecnico e sanitario tuttavia la persistenza di ceppi batterici resistenti all'interno delle realtà produttive di carattere intensivo, rappresenta un concreto rischio di diffusione e dispersione dei geni di resistenza nell'ambiente attraverso l'immissione di acque reflue da produzione zootecnica, non adeguatamente purificate, nei corsi d'acqua. La diffusione di geni di resistenza agli antibiotici in ambiente può causare quindi lo sviluppo di comunità batteriche resistenti in natura e quindi la permanenza della resistenza per tempi lunghissimi, con il rischio, in aree antropizzate, di trasmissione della stessa a patogeni di tipo umano. Tale problematica sembrerebbe appunto illustrata nella situazione riportata in tabella dove, così come per i ceppi di origine umana e veterinaria, è possibile osservare un numero di isolati intermedi alla Ciprofloxacina.

Nella tabella che segue, viene riportato il numero dei ceppi di origine ambientale risultati intermedi alla Ciprofloxacina nel corso del 2019, suddivisi per sierotipo e per tipologia di prelievo.

Tabella 26. numero dei ceppi di origine ambientale suddivisi per sierotipo e per tipologia di prelievo				
Sierotipo	N. Intermedi CIP di origine ambientale			
	acqua superficiale fiume	acqua superficiale lago	acqua sorgente	TOT
Veneziana	4			4
Agama	2			2
Bredeney		1		1
Coeln	1			1
subsp. diarizonae (IIIb) 50:r:1,5,7			1	1
Frankfurt	1			1
Kapemba		1		1
Napoli	1			1
Newport	1			1
Stanleyville	1			1
Totale	11	2	1	14

2.7 Campylobacter di origine non umana

Il numero totale di ceppi di Campylobacter analizzati nel corso del 2019 è stato pari a 16. Tali campioni derivano dalle analisi che vengono condotte nell'ambito della valutazione del criterio di igiene di processo per la presenza di Campylobacter nella carcassa di pollo.

La predisposizione di tale criterio di processo è stata definita tramite il Regolamento (UE) 2017/1495 del 23 agosto 2017 che ha modificato il Regolamento (CE) n. 2073/2005 per quanto riguarda appunto il Campylobacter nelle carcasse di polli da carne.

La relazione di sintesi dell'Unione europea su tendenze e fonti di zoonosi, agenti zoonotici e focolai di tossinfezione alimentare nel 2015 pubblicata dall'Autorità europea per la sicurezza alimentare (EFSA) dal Centro europeo per la prevenzione e il controllo delle malattie (CEPCM) afferma che la campilobatteriosi umana rappresenta la malattia umana di origine alimentare più diffusa nell'Unione, con 230000 casi circa segnalati annualmente.

Nel 2010 l'EFSA ha pubblicato l'analisi dell'indagine di riferimento sulla prevalenza di *Campylobacter* nelle partite e nelle carcasse di polli da carne. L'indagine di riferimento è stata condotta nel 2008 a livello dei macelli al fine di ottenere cifre comparabili sulla prevalenza e sul livello di contaminazione dei polli da carne nell'Unione. L'EFSA ha concluso che il 75,8 % in media delle carcasse di polli da carne erano contaminate, con variazioni significative tra gli Stati membri e i macelli.

Secondo il parere scientifico pubblicato dall'EFSA nel 2010 sul rischio di campilobatteriosi umana dovuta alla carne di polli da carne, è probabile che la manipolazione, la preparazione e il consumo di carne di polli da carne siano all'origine del 20-30 % dei casi di campilobatteriosi nell'uomo, mentre il 50-80 % può essere attribuito al serbatoio di polli nel suo insieme.

Il parere scientifico pubblicato dall'EFSA nel 2011 (6) sulle possibilità di controllo del *Campylobacter* nella filiera produttiva delle carni di pollame propone una serie di opzioni sia a livello di azienda sia di macello, compresa appunto l'introduzione di un criterio di igiene del processo per il *Campylobacter*, e formula una stima del loro impatto sulla riduzione del numero di casi nell'uomo. L'EFSA ritiene che sarebbe possibile ridurre di oltre il 50 % il rischio per la salute pubblica derivante dal consumo di carne di polli da carne se le carcasse rispettassero un limite di 1 000 cfu/g e sottolinea la presenza di una significativa differenza nei livelli di contaminazione tra i campioni di pelle di collo e quelli di pelle di petto.

Nel 2012 l'EFSA ha anche pubblicato un parere scientifico sui pericoli per la salute pubblica che le ispezioni sulla carne di pollame devono valutare, che considera il *Campylobacter* altamente rilevante per la salute pubblica e raccomanda che i vigenti metodi di ispezione delle carcasse di pollame per il *Campylobacter* vengano adeguati. L'Autorità suggerisce in particolare l'introduzione di un criterio di igiene del processo per il *Campylobacter* nelle carcasse di polli da carne.

Alla luce dei pareri dell'EFSA del 2010 e del 2011, la Commissione ha richiesto un'analisi costi/benefici per la predisposizione di determinate misure di controllo per la riduzione del *Campylobacter* nella carne di polli da carne a vari livelli della catena alimentare.

La principale conclusione dell'analisi è che la predisposizione di un criterio di igiene del processo per il *Campylobacter* nelle carcasse di polli da carne offrirebbe uno degli equilibri migliori tra la riduzione della campilobatteriosi umana attribuita al consumo di carne di pollame e le conseguenze economiche dell'applicazione del criterio. L'obiettivo del criterio di igiene del processo per il *Campylobacter* nelle carcasse di polli da carne è quindi quello di tenere sotto controllo la contaminazione delle carcasse durante il processo di macellazione. Al fine di garantire un approccio a livello dell'intera catena inoltre, come

raccomandato nel parere dell'EFSA sulle possibilità di controllo del Campylobacter, dovrebbero essere considerate anche misure di controllo a livello di azienda.

Nella tabella che segue vengono riportati gli isolamenti di Campylobacter relativi all'attività istituzionale derivanti da campioni di pelle del collo di pollo e di carni fresche/frattaglie di pollo analizzati presso il laboratorio di Sicurezza Alimentare della sezione di Tolentino e della sezione di Fermo nell'ambito della valutazione della presenza di Campylobacter come indicatore di igiene di processo sulle carcasse di pollo.

Tabella 27 Distribuzione degli isolati di Campylobacter di origine veterinaria													
Pelle del collo		Positività su una/tre/cinque pelli totali analizzate per sessione										TOT	
LCA9 Tolentino	0/1	1/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	0/1	1/1	1/1	1/1	2/3	6/13
LCA10 Fermo	0/5	2/5	0/5	0/5	3/5								5/25
Totale												11/38	
Carni fresche e frattaglie		Positività su cinque campioni analizzati per sessione										TOT	
LCA9 Tolentino	5/5												5/5
LCA10 Fermo	0/5												0/5
Totale												5/10	



[Download documento - PDF \[645 KB\]](#)

Dati relativi agli isolamenti di batteri enteropatogeni effettuati da casi clinici umani, da animali, da alimenti e da ambiente nell'anno 2019 nella Regione Marche by Napoleoni et al., 2019 is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License. Permissions beyond the scope of this license may be available at <http://indice.spvet.it/adv.html>.