



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 campioni di origine animale, alimentare e ambientale nell'anno 2022 nella Regione Marche.

Data on isolates of enteric bacteria from human clinical cases, animals, food and environment samples in the year 2022 in Marche Region (Italy)

Maira Napoleoni, Monica Staffolani, Valentina Silenzi, Giuliana Blasi, Elena Rocchegiani*

* Corresponding Author: Dr. Maira Napoleoni, Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche "Togo Rosati"

E-mail address: m.napoleoni@izsum.it, maira.napoleoni@libero.it

Abstract. This report shows data on strains of enteropathogenic bacteria isolated from human, animals, food and environment cases in the year 2022 in Marche Region.

A total of 318 *Salmonella* spp., 70 *Campylobacter* spp., 5 *Klebsiella pneumoniae*, 2 *Yersinia enterocolitica*, 1 *Aeromonas hydrophilia*, 3 *Escherichia coli* STEC and 1 *Escherichia coli* EAEC isolated from cases of human infection have been sent to CRRPE of Tolentino in relation to the Enter-Net surveillance network. At the same time, a total of 881 *Salmonella* and 97 *Campylobacter* isolated from non-human cases have been analyzed at CRRPE of Tolentino. Regarding 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. Questo report illustra i dati relativi agli stipiti di batteri enteropatogeni isolati da casi clinici umani, da animali, da alimenti e da ambiente nell'anno 2022 nella Regione Marche.

Un totale di 318 ceppi di *Salmonella* spp., 70 ceppi di *Campylobacter* spp., 5 di *Klebsiella pneumoniae*, 2 di *Yersinia enterocolitica*, 1 di *Aeromonas hydrophilia*, 3 di *Escherichia coli* STEC e 1 di *Escherichia coli* EAEC isolati da casi di infezione umana, sono pervenuti al CRRPE di Tolentino nell'ambito della rete di sorveglianza Enter-Net. Contemporaneamente, in ambito non umano sono stati analizzati presso il CRRPE di Tolentino un totale di 881 ceppi di *Salmonella* e 97 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.

Notifiche ricevute dal 01/01/2022 al 31/12/2022

INDICE

INTRODUZIONE	3
1. ZONOSI A TRASMISSIONE ALIMENTARE: ISOLATI DI ORIGINE UMANA	4
1.1 <i>SALMONELLE</i> DI ORIGINE UMANA	5
1.2 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE UMANA	12
1.3 <i>CAMPYLOBACTER</i> DI ORIGINE UMANA	16
1.4 ALTRI ENTEROPATOGENI DI ORIGINE UMANA	18
2. ZONOSI A TRASMISSIONE ALIMENTARE: ISOLATI DI ORIGINE NON UMANA	22
2.1 <i>SALMONELLE</i> DI ORIGINE NON UMANA	23
2.1.1 <i>SALMONELLE</i> ISOLATE DA MATRICE ANIMALE	28
2.1.2 <i>SALMONELLE</i> ISOLATE DA MATRICE ALIMENTARE	30
2.1.3 <i>SALMONELLE</i> ISOLATE DA MATRICE AMBIENTALE VETERINARIA	31
2.1.4 <i>SALMONELLE</i> ISOLATE DA MATRICE AMBIENTALE NON VETERINARIA	33
2.2 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE VETERINARIA (ALIMENTARE, AMBIENTE VETERINARIO, ANIMALE)	33
2.3 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE AMBIENTALE (ACQUA SUPERFICIALE FIUME, ACQUA SUPERFICIALE LAGO, ACQUA SORGENTE)	36
2.4 <i>CAMPYLOBACTER</i> DI ORIGINE NON UMANA	38

Introduzione

Nel corso del **2022** i Laboratori periferici che collaborano con il Centro di Riferimento Regionale Patogeni Enterici (CRRPE) di Tolentino e le sezioni marchigiane dell'IZSUM hanno notificato **1378** stipiti batterici di cui **1199** appartenenti al genere *Salmonella*, **167** al genere *Campylobacter*, **5** riferibili a *Klebsiella pneumoniae*, **1** ad *Aeromonas hydrophilia*, **3** a *Escherichia coli* STEC e **1** a *Escherichia coli* EAEC (Tab.1). Il numero totale di ceppi di *Salmonella* registrati nel 2022 è di molto superiore rispetto a quello del 2021 (Tab. 2) ed è riconducibile a eventi di notevole impatto che hanno coinvolto la regione Marche nel 2022: episodi tossinfettivi a carico rispettivamente di Variante monofasica di *S. Typhimurum* (64 persone coinvolte) e di *S. Enteritidis* (focolaio e accertamenti ancora in corso) ed epidemia da *S. Enteritidis* in produzione primaria avicola (polli da carne).

Tabella 1: Stipiti isolati nel 2022 suddivisi per origine								
Stipiti	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>	<i>Aeromonas hydrophilia</i>	<i>Escherichia coli</i> STEC	<i>Escherichia coli</i> EAEC	TOTALE
Origine umana	318	70	5	2	1	3	1	400
Origine veterinaria	114	-	-	-	-	-	-	114
Origine alimentare (alimentazione umana)	196	97	-	-	-	-	-	293
Origine ambientale (veterinario)	530	-	-	-	-	-	-	530
Origine ambientale (non veterinario)	24	-	-	-	-	-	-	24
Origine ambientale (acqua)	17	-	-	-	-	-	-	17
Totale	1199	167	5	2	1	3	1	1378

Tabella 2: Stipiti di <i>Salmonella</i> spp. e <i>Campylobacter</i> spp. isolati nel 2022 e nel 2021				
Stipiti	N. 2022	%2022	N. 2021	%2021
<i>Salmonella</i> spp.	1199	87,8	443	94,4
<i>Campylobacter</i> spp.	167	12,2	71	5,86
Totale	1366	100	514	100

1. Zoonosi a trasmissione alimentare: isolati di origine umana

Dalla Tab.3 si evince come tutte le Strutture Ospedaliere della Regione partecipino alla rete di sorveglianza delle infezioni da patogeni enterici (Enter-Net) inviando i ceppi di *Salmonella* spp. e *Campylobacter* spp..

Tabella 3: isolati di origine umana								
Laboratorio	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>	<i>Aeromonas hydrophilia</i>	<i>Escherichia coli</i> STEC	<i>Escherichia coli</i> EAEC	TOT
AO Ospedali Riuniti Marche Nord sedi di Pesaro e Fano	10	-	-	-	-	-	-	10
AV 1 sede di Urbino	26	8	-	-	-	-	-	34
AV 2 sede di Senigallia	32	16	-	-	-	-	-	48
AV 2 sede di Jesi e di Fabriano	29	13	-	-	-	-	-	42
AOU Ospedali Riuniti Ancona	58	15	-	-	-	3	-	77
INRCA Osimo	6	3	-	-	-	-	-	9
AV 3 sedi di Civitanova Marche e Macerata	51	5	-	-	-	-	-	56
AV 4 sede di Fermo	28	4	5	1	-	-	1	39
AV 5 sedi di Ascoli Piceno e San Benedetto del Tronto	47	5	-	1	-	-	-	53

Laboratorio analisi cliniche Clinica Villa Pini (Civitanova Marche)	5	-	-	-	-	-	-	5
Laboratorio analisi cliniche Salus-Villalba (Macerata)*	7	1	-	-	1	-	-	9
Laboratorio analisi cliniche Biemme (Castelraimondo)*	1	-	-	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Delta (Porto Recanati)*	1	-	-	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Gamma (Fano)*	4	-	-	-	-	-	-	4
Laboratorio analisi cliniche Selemar (Urbino)*	1	-	-	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche CLINICALab (Civitanova Marche)	3	-	-	-	-	-	-	3
Laboratorio analisi cliniche del Piano (Ancona)	4	-	-	-	-	-	-	4
Laboratorio analisi cliniche BIOS (Castelfidardo)	1	-	-	-	-	-	-	1
Qualis Lab - Ormodiagnostica (Grottammare)	4	-	-	-	-	-	-	3
Totale	318	70	5	2	1	3	1	400

* L'isolamento e l'identificazione batterica vengono eseguiti presso il laboratorio analisi di Clinica Villa dei Pini di Civitanova Marche

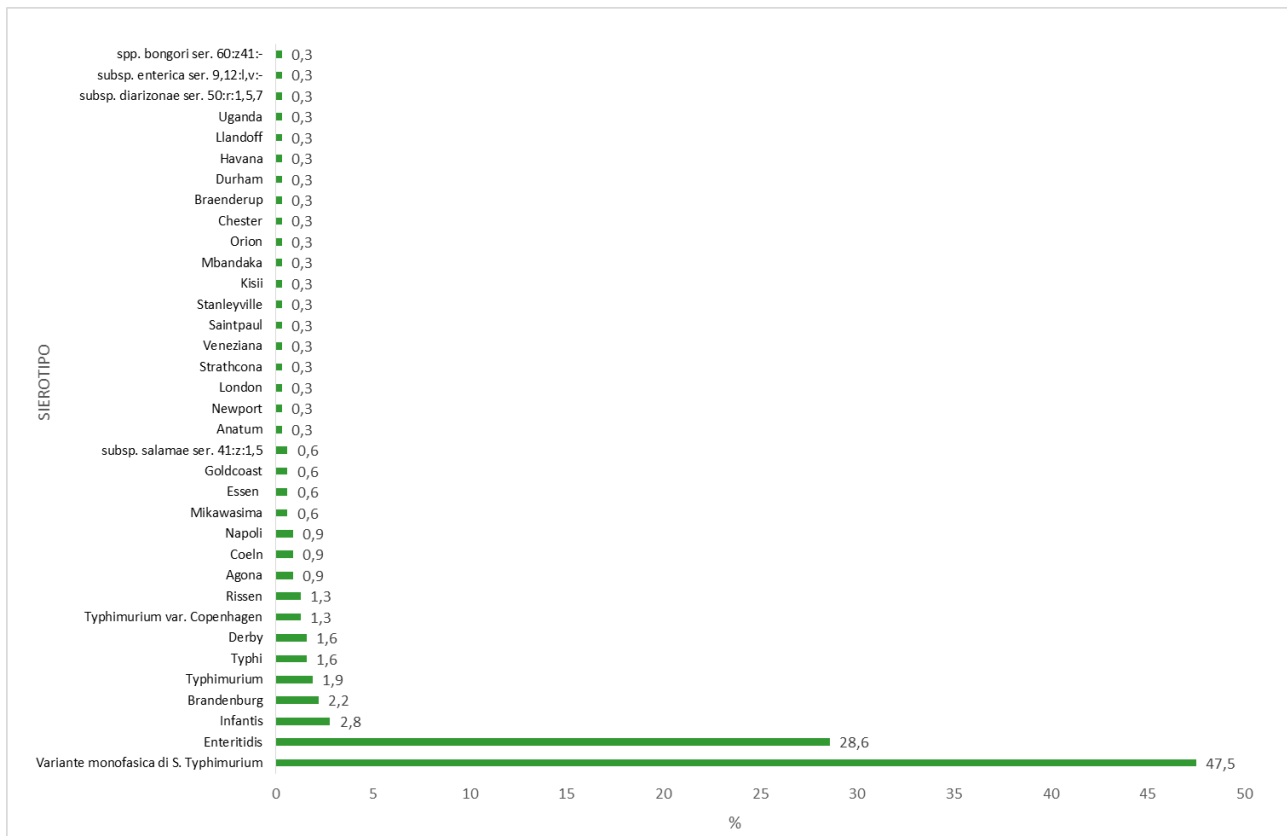
1.1 *Salmonelle* di origine umana

Nella tabella 4 e nel grafico 1 sono riportati l'elenco e la distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* isolati da casi clinici umani negli anni 2022 e 2021. Il totale indicato, relativo al 2022, è rappresentativo dei ceppi isolati a seguito di prima coprocoltura. Eventuali positività riscontrate in caso di successivi controlli eseguiti dallo stesso paziente (nel 2022 sono stati 30 i ceppi risultanti da secondi e terzi controlli su un totale di 348 ceppi di *Salmonella* spp. sierotipizzati nel corso del 2022) non sono state conteggiate in questa tabella.

Tabella 4 e Grafico 1

Specie <i>enterica</i>	N. 2022	% 2022	% 2021
Sierotipo			
Variante monofasica di <i>S.</i> Typhimurium (VMST)	151	47,5	42,8
Enteritidis	91	28,6	10,1
Infantis	9	2,8	2,5
Brandenburg	7	2,2	7,5
Typhimurium	6	1,9	2,5
Typhi	5	1,6	0,6
Derby	5	1,6	3,8
Typhimurium var. Copenhagen	4	1,3	3,8
Rissen	4	1,3	1,3
Agona	3	0,9	1,3
Coeln	3	0,9	0,6
Napoli	3	0,9	3,8
Mikawasima	2	0,6	-
Essen	2	0,6	-
Goldcoast	2	0,6	-
subsp. <i>salamae</i> ser. 41:z:1,5	2	0,6	-
Anatum	1	0,3	5
Newport	1	0,3	1,9
London	1	0,3	1,3
Strathcona	1	0,3	1,3
Veneziana	1	0,3	1,3
Saintpaul	1	0,3	0,6
Stanleyville	1	0,3	0,6

Kisii	1	0,3	-
Mbandaka	1	0,3	-
Orion	1	0,3	-
Chester	1	0,3	-
Braenderup	1	0,3	-
Durham	1	0,3	-
Havana	1	0,3	-
Llandoff	1	0,3	-
Uganda	1	0,3	-
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 50:r:1,5,7	1	0,3	-
subsp. <i>enterica</i> ser. 9,12:l,v:-	1	0,3	-
Abony	-	-	1,3
Kottbus	-	-	1,3
Bovismorbificans	-	-	0,6
Panama	-	-	0,6
Kapemba	-	-	0,6
Kedougou	-	-	0,6
Choleraesuis var. Kunzendorf	-	-	0,6
Jukestown	-	-	0,6
Kenya	-	-	0,6
Muenchen	-	-	0,6
Specie <i>bongori</i>	N. 2022	% 2022	% 2021
Sierotipo			
spp. <i>bongori</i> ser. 60:z41:-	1	0,3	-
Totale	318	100	100



Per il 2022, il trend relativo al numero di isolamenti di *Salmonella* spp. nella regione Marche sale notevolmente rispetto al 2021 e in generale rispetto ai precedenti anni [1]. Si è passati infatti da 100 ceppi tipizzati nel 2016, 135 nel 2017, 142 nel 2018, 163 nel 2019, 246 nel 2020, 159 nel 2021 fino a un totale di 318 nel 2022.

Il considerevole aumento di ceppi di origine clinica è da ricondurre ad episodi tossinfettivi che hanno coinvolto la popolazione su larga scala.

Il primo, verificatosi nel periodo compreso tra luglio e settembre, è stato causato da Variante monofasica di *Salmonella* Typhimurium (VMST). A partire dal 14 luglio 2022 infatti, nell'ambito della sorveglianza Enter-Net Italia, è stato osservato, rispetto ai due anni precedenti, un incremento di ceppi clinici di VMST conferiti al Centro (30 ceppi di VMST nel 2020, 16 nel 2021 e 79 nel 2022 nel periodo di interesse 14 luglio-7 settembre dei tre anni considerati).

Dei 79 ceppi di VMST totali, 58 hanno presentano le resistenze nei confronti dei seguenti antibiotici: Ampicillina (A), Cloramfenicolo (C), Streptomina (S), Sulfisossazolo (Su), Gentamicina (Gm), Trimetoprim (Tmp), Trimetoprim+Sulfametossazolo (Sxt) (ACSSu+Gm+Tmp+Sxt: "ceppo cluster").

Ulteriori 7 ceppi, riferibili come date prelievo all'ultimo periodo dell'incremento registrato, hanno presentano un profilo parzialmente sovrapponibile a quello precedentemente indicato: 3 ceppi (ACSSu+Tmp+Sxt), 1 ceppo (ACSSu+Sxt), 1 ceppo (ACSSu+Gm), 1 ceppo (ACSSu+Amc+Gm+Tmp+Sxt) e 1 ceppo (CSSu+Gm+Tmp+Sxt).

Dei 65 (58+7) ceppi di VMST, inviati al CRRPE dai laboratori ospedalieri e privati, 1 è stato isolato in AV1, 10 in AV2, 18 in AV3, 12 in AV4 e 24 in AV5.

I 58 ceppi clinici con profilo ACSSu+Gm+Tmp+Sxt e i 7 con profilo parzialmente sovrapponibile sono stati sottoposti presso il laboratorio del Coordinamento della sorveglianza Enter-Net Italia a tipizzazione molecolare tramite MLVA per la definizione del profilo allelico. L'individuazione di un alimento sospetto

(prodotto cotto a base di carne suina, porchetta) sulla base delle informazioni riportate nelle indagini epidemiologiche dei soggetti coinvolti, ha permesso di risalire al produttore e agli esercizi commerciali presso cui era stato acquistato. Il Servizio Igiene degli Alimenti di Origine Animale competente per territorio (AV4) ha quindi proceduto a effettuare campionamenti alimentari e ambientali presso tali strutture con conseguente isolamento di *Salmonella* spp., successivamente tipizzata come Variante monofasica di *S. Typhimurium*, da alimento sospetto e da tamponi ambientali. Tali ceppi hanno inoltre presentato lo stesso profilo di resistenza peculiare individuato per i ceppi clinici.

L'analisi in MLVA eseguita dal Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (Legnaro, PD) ha confermato l'attribuzione dello stesso profilo allelico individuato per i ceppi clinici a tutti i 5 ceppi isolati, da porchetta (n=1) e da spugne (n=4).

In questo caso specifico la peculiarità del profilo di antibiotico resistenza che ha riguardato antibiotici nei confronti dei quali il sierotipo VMST solitamente risulta sensibile (cloramfenicolo, gentamicina, trimetoprim, sulfametossazolo+trimetoprim) così come la bassa frequenza del profilo MLVA riscontrato (dati nazionali reti Enter-Net ed Enter-Vet), unitamente alle evidenze epidemiologiche, hanno permesso di individuare un cluster epidemico e di associare i ceppi dei casi clinici con quelli isolati da alimento (porchetta) e da superfici/utensili utilizzati per manipolare la porchetta.

Il secondo episodio tossinfettivo è tuttora in corso ed è a carico di *S. Enteritidis*.

A partire dalla seconda metà del mese di settembre 2022, nell'ambito delle attività di sorveglianza dei patogeni enterici circolanti sul territorio regionale marchigiano nel contesto della rete Enter-Net Italia, il CRRPE ha iniziato a registrare un consistente incremento di ceppi di origine clinica di *Salmonella* spp. riconducibili al sierotipo Enteritidis (SE), la maggior parte dei quali relativi a pazienti residenti in AST Ancona (ex AV2) (rispettivamente n=10, n=2 e n=97 ceppi tipizzati nel periodo di riferimento settembre-aprile a cavallo degli anni 2020-2021, 2021-2022, 2022-2023).

Nel periodo antecedente tale incremento e quindi da gennaio 2022 a fine settembre dello stesso anno, l'andamento di ceppi tipizzati come SE è risultato essere il seguente: 1 ceppo a marzo, 1 ad aprile, 2 a maggio, 3 a giugno, 1 a luglio, 3 ad agosto e 3 fino al 13 settembre.

L'andamento successivo ha previsto invece i seguenti isolamenti di SE:

- settembre 2022: 6 ceppi dal 23 settembre
- ottobre 2022: 43 ceppi
- novembre 2022: 22 ceppi
- dicembre 2022: 6 ceppi
- gennaio 2023: 7 ceppi
- febbraio 2023: 8 ceppi
- marzo 2023: 4 ceppi
- aprile 2023: 1 ceppo

Dalle indagini epidemiologiche condotte dal personale degli Uffici di Igiene e Sanità Pubblica delle varie AST coinvolte per appartenenza territoriale dei casi, è stato possibile concentrare l'attenzione inizialmente sul tiramisù come alimento sospetto e da questo, sulle uova.

Molte delle persone coinvolte infatti hanno riferito il consumo di dolci, pasta e preparati a base di uova.

Campioni prelevati presso un allevamento di galline ovaiole, presso un pastificio e presso un agriturismo (presso cui alcuni dei casi avevano consumato tortini di uova crude) sono risultati positivi per *S. Enteritidis*.

Le indagini di accertamento molecolare in MLVA condotte in prima battuta hanno consentito di individuare il profilo allelico del ceppo cluster sovrapponibile a quello del clone di *S. Enteritidis* responsabile dell'epidemia nei polli da carne della scorsa estate.

Le analisi genomiche condotte su core genome *Multi Locus Sequence Type* (cgMLST) sui ceppi di natura clinica e su quelli isolati rispettivamente da allevamento di galline ovaiole (campione di feci), pastificio (tampone ambientale) e agriturismo (tampone ambientale) hanno consentito di individuare due clusters epidemici contemporanei e distinti che condividono lo stesso profilo MLVA:

- cluster 1: 5 ceppi clinici hanno matching genomico con il clone di SE dell'epidemia broiler
- cluster 2: 76 ceppi clinici hanno matching genomico rispettivamente con i ceppi di SE isolati da allevamento di ovaiole, da pastificio e da agriturismo.

Gli approfondimenti di carattere molecolare tramite MLVA e cgMLST sono tuttora in corso sui restanti ceppi clinici per la loro attribuzione a un focolaio piuttosto che all'altro.

Seppur in decremento rispetto al periodo del picco (settembre-novembre 2022) al momento della redazione del presente report si continuano a registrare positività di SE (data esecuzione coprocoltura più recente 04/04/2023).

Rappresentano un aspetto degno di nota i 4 isolati di *S. Typhimurium* variante Copenhagen la cui formula antigenica 4,12:i:1,2, differisce dal sierotipo Typhimurium, formula antigenica 4,5,12:i:1,2 appunto per l'assenza dell'antigene somatico O:5. E' considerata una variante "adattata" alla specie del piccione in cui è responsabile di una grave patologia di tipo setticemico ad esito fatale, sebbene si isoli anche dai mammiferi e dall'uomo. Ulteriori analisi di caratterizzazione molecolare permetteranno di stabilire il grado di omologia tra questi ceppi.

Dato sicuramente da considerare è rappresentato dall'aumento di casi (n=5) di *Salmonella* Typhi nel 2022 rispetto ai precedenti anni: 1 caso rispettivamente nel 2021 e nel 2020 e 2 casi nel 2019 [1] [2] [3].

tutti i 5 ceppi sono stati isolati da emocoltura di due adulti, 36 e 39 anni residenti rispettivamente a Caldarola (MC) e ad Ancona e di tre bambini, 1, 8 e 12 anni residenti rispettivamente ad Ancona, Porto Recanati (MC) e Civitanova Marche (MC). *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.

Nel 2022 è stato tipizzato anche un ceppo appartenente alla specie *bongori*. Inizialmente considerata come sottospecie V della specie enterica ha ottenuto lo status di specie nel 2005 e comprende 22 sierotipi.

La *Salmonella bongori* è stata isolata per la prima volta nel 1966 da una lucertola nella città di Bongor, in Ciad, da qui il nome che la caratterizza. È tipicamente considerato un patogeno degli animali a sangue freddo ed è più frequentemente associato ai rettili, nello specifico è classicamente considerata la *Salmonella* delle lucertole. Tuttavia, non può essere considerato come patogeno ospite-specifico in virtù del fatto che si sono riscontrati casi anche nel cane e nei volatili così come comprovate risultano le infezioni nell'uomo.

La maggior parte di questi casi riguarda bambini di età inferiore a 3 anni, che sono più inclini al contatto orale con escrementi di animali. I sintomi sono caratterizzati da diarrea con febbre ed enterite acuta. Il ceppo marchigiano è stato isolato da urine di un anziano di 82 anni residente ad Ancona e si è rivelato resistente a numerosi antibiotici (ampicillina, sulfisossazolo, tetraciclina, pefloxacina, trimetoprim) nonché produttore di beta lattamasi a spettro esteso (ESBL) e quindi resistente alla cefalosporina di terza generazione, cefotaxime.

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

Tabella 5: Distribuzione degli isolamenti umani per classe di età				
Età (in anni)	N. 2022	% 2022	N. 2021	% 2021
< 1	6	1,9	3	1,9
1 - 5	76	23,9	40	25,2
6 - 14	95	29,9	42	26,4
15 - 64	68	21,4	29	18,2
> 64	73	23	45	28,3
Non noto	-	-	-	-
Totale	318	100	159	100

Nel 2022 la numerosità di tutte le fasce d'età considerate ha subito un notevole incremento a seguito del considerevole aumento di ceppi registrati rispetto al 2021. Anche quest'anno l'incidenza di casi nella classe di età inferiore a un anno è la più bassa. Considerevole invece il numero di casi nelle classi 1-5 e 6-14 riconducibile al fatto che, per quanto riguarda il focolaio da VMST precedentemente descritto quasi la metà dei casi (24 su 64 totali) ha coinvolto bambini di età compresa tra i 5 e i 14 anni mentre per quanto riguarda l'aumento di casi di *S. Enteritidis* più della metà (54 su 88 totali) ha coinvolto bambini e ragazzi tra 1 e 16 anni.

Tabella 6: Matrici di isolamento				
Matrice	N. 2022	% 2022	N. 2021	% 2021
Feci	299	94	149	93,7

Sangue	12	3,8	6	3,8
Urine	4	1,3	1	0,6
Feci e sangue	2	0,6	2	1,3
Liquido da drenaggio	1	0,3	-	-
Feci e urine	-	-	1	0,6
Totale	318	100	159	100

Come indicato nella Tabella 6, la quasi totalità dei ceppi di *Salmonella* è stata isolata da feci, ad eccezione di 19 campioni isolati da diversa matrice.

Per quanto riguarda i 12 ceppi isolati da sangue, sono riconducibili rispettivamente a *S. Typhi* (n=5), a *S. Enteritidis* (n=6) e a *S. Infantis* (n=1).

I 4 ceppi isolati da urinocoltura sono riconducibili a Variante monofasica di *S. Typhimurium*, a *S. Infantis* e a *S. subsp. salamae* ser. 41:z:1,5 e a *Salmonella bongori* ser. 60:z₄₁:-. I ceppi isolati contemporaneamente da feci e da sangue sono riconducibili a *S. Enteritidis* e a *S. Durham* mentre quello isolato a seguito di colturale da drenaggio a *S. Typhimurium*.

Per quanto riguarda le percentuali di ospedalizzazione e non (Tabella 7), in 34 casi l'informazione relativa al ricovero o meno non è stata riportata sulla scheda di notifica. Ad ogni modo con i dati disponibili è possibile affermare che il numero degli ospedalizzati rappresenta la metà del totale dei casi per cui tale informazione è disponibile.

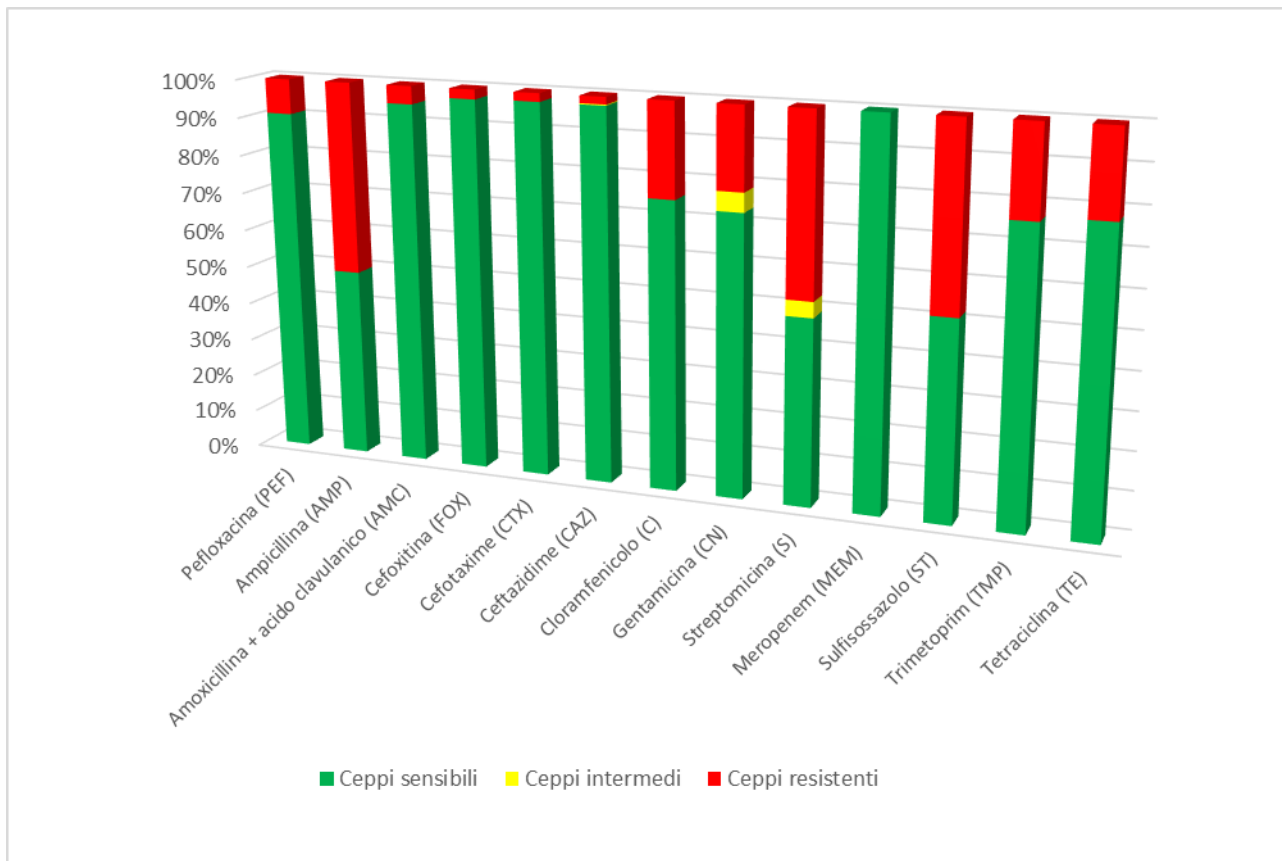
Tabella 7: Ospedalizzazione				
Ospedalizzazione	N.2022	% 2022	N.2021	% 2021
Sì	145	45,6	67	42,1
No	139	43,7	83	52,2
Non noto	34	10,7	9	5,7
Totale	318	100	159	100

1.2 Antibiotico-resistenza nei ceppi di *Salmonella* di origine umana

Tutti i ceppi di *Salmonella* di origine umana pervenuti al CRRPE (Tabella 8 e Grafico 2) sono stati saggiati per valutare la sensibilità agli antibiotici secondo le linee guida del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) (*Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing, 32th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2022*).

Tabella 8 e Grafico 2: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=318)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	90,9	-	9,1
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	49,7	-	50,3
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	95,3	-	4,7
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	97,5	-	2,5
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	97,8	-	2,2
Ceftazidime (CAZ)	97,8	0,3	1,9
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	75,5	-	24,5
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	73,6	5	21,4
Streptomycin (S)	48,7	4,1	46,9
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	-
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	52,2	-	47,8
Trimetoprim (TMP)	76,7	-	23,3
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	78	-	22



Secondo i dati del report congiunto EFSA-ECDC sull'antibiotico-resistenza dei batteri zoonotici e indicatori nell'uomo, animali e alimenti, relativo al periodo 2020-2021 nei 28 Stati Membri e pubblicato a marzo 2023 [4], la salmonellosi si conferma un'infezione in gran parte resistente agli antibiotici comunemente usati nell'uomo e negli animali. Anche per questo biennio, si sono osservati livelli ancora troppo elevati di resistenza all'ampicillina, ai sulfonamidi e alle tetracicline in ceppi di *Salmonella* spp. isolati da uomo seppur nel periodo 2013-2021 si sia verificato un calo della resistenza all'ampicillina e alle tetracicline negli isolati clinici in 10 Paesi europei.

Dalla tabella e dal grafico 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 descritto rappresenta, anche nel 2022, il primo sierotipo isolato da fonte umana.

Il trend della regione Marche, come è possibile osservare, si allinea perfettamente ai dati europei e nazionali. Al contrario, la resistenza alle cefalosporine di terza generazione cefotaxime e ceftazidime, sempre a livello europeo, è risultata bassa negli isolati di origine umana. Anche in questo caso la situazione della regione Marche è sovrapponibile a quella europea e nazionale. I sierotipi che a livello regionale hanno presentato resistenza alle cefalosporine di terza generazione sono stati VMST (n=3), *S. Typhimurium* var. Copenhagen (n=1), *S. Enteritidis* (n=1), *S. Havana* (n=1) e *Salmonella* specie *bongori* ser. 60:z41:- (n=1).

Moderati livelli di resistenza ai (fluoro)/chinoloni sono stati osservati nel 2020-2021 in EU nei ceppi di *Salmonella* di origine clinica, tuttavia, per alcuni sierotipi si sono registrate situazioni peculiari come per la *S. Kentucky* e per la *S. Infantis* per i quali i livelli di resistenza sono estremamente alti. Nella nostra regione in 29 ceppi su 318 è stata registrata la resistenza al fluorochinolone testato ossia alla Pefloxacin. I sierotipi

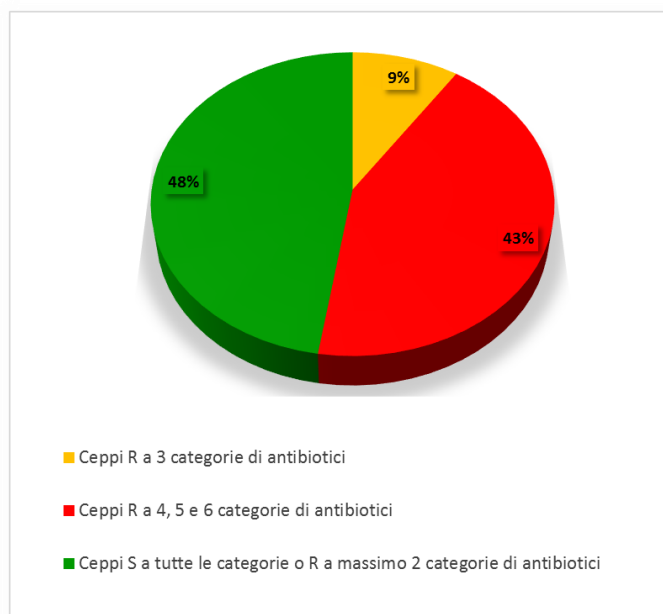
caratterizzati da tale resistenza sono stati *S. Derby* (n=1), *S. Enteritidis* (n=4), *S. Goldcoast* (n=1), *S. Havana* (n=1), *S. Infantis* (n=7), VMST (n=8), *S. Typhi* (n=5), *S. Typhimurium* (n=1), *Salmonella bongori* (n=1).

Sempre a livello europeo, la resistenza combinata ai fluorichinoloni e alle cefalosporine è risultata essere molto bassa. Nei ceppi marchigiani solo in due casi è stato riscontrato ciò: nel sierotipo Havana (resistente contemporaneamente a cefotaxime, ceftazidime e pefloxacina) e nella *Salmonella* specie *bongori* ser. 60:z41:- (resistente al cefotaxime e alla pefloxacina).

Per quanto riguarda la resistenza multipla a più antibiotici, la percentuale in Europa tra i ceppi di *Salmonella* clinici è stata elevata (25,4%) e maggiormente osservata nel sierotipo Kentucky (76,6%) e VMST (74,2%).

Per quanto riguarda le Enterobatteriacee, si considera multi-resistente (MDR multidrug-resistant) sulla base della definizione pubblicata dall'ECDC nel 2011 [5], un batterio resistente a tre o più categorie di antibiotici tra le 17 previste per la terapia dei patogeni appartenenti a tale famiglia batterica. Il grafico che segue è rappresentativo del totale dei ceppi di *Salmonella* spp. tipizzati nel 2022 suddivisi per il numero di classi antibiotiche a cui sono risultati resistenti su un totale di 9 categorie antibiotiche testate. Come si può osservare nel Grafico 3, la percentuale dei ceppi che rientrano nella definizione di multi-resistenti è pari al 48% del totale.

Grafico 3: Percentuali di ceppi MDR su un totale di 9 classi antibiotiche testate (n=318)



1.3 *Campylobacter* di origine umana

Per quanto riguarda gli isolati di *Campylobacter* di origine umana, nel 2022 sono pervenuti al CRRPE un totale di 70 ceppi (Tabella 9).

Riguardo la loro distribuzione per classi di età, è possibile notare come anche per il 2022, così come accaduto nel 2021, la fascia di età maggiormente colpita sia la classe 15-64 (Tabella 10).

La matrice di isolamento ha riguardato in 68 casi il campione feci e in 2 casi la matrice sangue (rispettivamente una positività per *C. fetus* e una per *C. jejuni*) mentre l'ospedalizzazione si è resa necessaria nel 44,3 % dei casi (Tabelle 11 e 12).

Per quanto riguarda la positività per *C. fetus* si tratta della seconda riscontrata dopo la prima del precedente anno. Generalmente il contagio da *C. fetus* si associa, come appunto in questo caso, a infezioni extraintestinali e sistemiche mentre la malattia intestinale di solito è associata al *C. jejuni* e al *C. coli*. Tuttavia, la setticemia da *C. jejuni* (come nel secondo caso marchigiano isolato da emocoltura) è diagnosticata sempre più spesso e può verificarsi senza segni o sintomi gastrointestinali. Meno frequentemente, si osserva un'enterite in associazione all'isolamento di *C. lari*, *C. fetus* e di altre specie di *Campylobacter*.

Il *C. fetus* possiede una proteina dello strato S a elevato peso molecolare che fornisce un'elevata resistenza al killing sierico-mediato e alla fagocitosi ed è quindi ritenuta responsabile della sua tendenza alla batteriemia. Il *C. jejuni* e il *C. coli* sono particolarmente sensibili al killing sierico-mediato, ma esistono varianti con maggiore resistenza. È stato ipotizzato che queste varianti resistenti al killing sierico-mediato possono essere maggiormente capaci di disseminazione sistemica.

Il *C. fetus* colpisce principalmente le persone a più alto rischio come gli anziani e gli immunodepressi e quelle con esposizione professionale ad animali infetti specialmente bovini e ovini. È responsabile di infezioni perinatali severe. Le infezioni materne da *C. fetus*, che possono essere asintomatiche, possono risultare in aborto, natimortalità, parto prematuro o infezione neonatale con sepsi e meningite. L'infezione da *Campylobacter fetus* deve essere quindi sospettata in particolare nei neonati pretermine, nei pazienti con malattia febbrile aspecifica, negli immunocompromessi o nelle persone che potrebbero essere state esposte in ambito lavorativo a ruminanti [6]. Nel caso specifico del ceppo marchigiano si tratta di un isolato da emocoltura eseguita su un neonato pretermine.

Laboratorio	<i>Campylobacter jejuni</i>	<i>Campylobacter coli</i>	<i>Campylobacter fetus</i>	TOT
AOU Ospedali Riuniti Ancona	11	3	1	15
INRCA Osimo	3	-	-	3
AV 1 sede di Urbino	7	1	-	7
AV 2 sede di Senigallia	15	1	-	15
AV 2 sede di Jesi	12	1	-	13
AV 3 sede di Macerata	5	-	-	5
AV 4 sede di Fermo	4	-	-	4
AV 5 sedi di Ascoli Piceno e San Benedetto del Tronto	4	1	-	5
Laboratorio analisi cliniche Salus-Villalba (Macerata)	1	-	-	1
Totale	62	7	1	70

Età (in anni)	N. 2022	% 2022	N. 2021	% 2021
≤ 1	5	7,1	1	2,2
2 - 5	10	14,3	6	13,3
6 - 14	16	22,9	8	17,8
15 - 64	27	38,6	23	51,1
> 64	12	17,1	7	15,6
Non noto	-	-	-	-
Totale	70	100	45	100

Matrice	N.	% 2022
Feci	68	97,1
Sangue	2	2,9

Totale	70	100
Tabella 12: Ospedalizzazione		
Ospedalizzazione	N.	% 2022
Sì	31	44,3
No	36	51,4
Non noto	3	4,3
Totale	70	100

1.4 Altri Enteropatogeni di origine umana

Aeromonas hydrophila

I microrganismi appartenenti al genere *Aeromonas*, famiglia *Aeromonadaceae*, sono bastoncelli motili e non motili, non sporigeni, gram-negativi, ossidasi positivi, facoltativi anaerobi. Hanno molte caratteristiche biochimiche in comune con quelli della famiglia delle *Enterobacteriaceae*, differenziandosi primariamente per la positività alla citocromossidasi; alcune specie sono glucuronidasi positive. La tassonomia del genere è in continua evoluzione per quanto riguarda il rilievo delle caratteristiche fenotipiche e delle proprietà genetiche. Finora è stata accertata l'esistenza di 18 gruppi di ibridizzazione non tutti distinguibili su base biochimica. La classificazione tradizionale riporta la distinzione tra *Aeromonas salmonicida*, specie psicofila non motile e patogena dei pesci, e *A. hydrophila*, *A. sobria*, *A. caviae*, *A. veronii* e *A. schubertii*, specie mesofile. Alcuni genotipi sono considerati potenziali responsabili di patologie (infezioni sistemiche, gastroenteriche e cutanee) nell'uomo e negli anni '80 l'Organizzazione Mondiale della Sanità ha inserito *Aeromonas* nell'elenco degli agenti enteropatogeni emergenti.

Rientra tra i patogeni sottoposti a sorveglianza dalla rete Enter-Net Italia coordinata dal Dipartimento di Malattie Infettive dell'Istituto Superiore di Sanità.

Sebbene la patogenesi delle infezioni da *Aeromonas* rimanga tuttora incerta, le specie mesofile possiedono numerosi fattori di virulenza che comprendono meccanismi di adesione e produzione di numerose tossine. L'espressione di fattori di virulenza, in alcuni casi, sembra influenzata dalle condizioni ambientali e stagionali. Il microrganismo è ubiquitario ed autoctono in tutti gli ambienti acquatici.

Aeromonas hydrophila è patogeno per l'uomo, per gli anfibi e per i pesci. Nell'uomo può causare gastroenteriti specialmente nei bambini o in persone immunocompromesse. Sono classificati due tipi di gastroenteriti: la prima causa sintomi simili al colera; l'altra causa dissenteria ematica. E' responsabile di infiammazioni delle cellule epiteliali e in rari casi può provocare fascite necrotizzante.

La sua presenza viene associata allo sviluppo di fenomeni di produzione di biofilm dove viene rilevato con una relativa frequenza. Nelle acque in rete, l'aumento delle sue densità generalmente è messo in relazione ad una diminuzione della concentrazione di cloro residuo libero, sebbene le sue più alte densità in acque clorate siano rilevate soprattutto nel periodo estivo [7].

Il ceppo di *A. hydrophila* marchigiano è stato isolato presso il laboratorio analisi Salus-Villalba di Macerata da un anziano di 86 anni con intensa sintomatologia gastroenterica e confermato per specie tramite MALDI-TOF presso l'IZSUM.

Klebsiella pneumoniae

K. pneumoniae è un patogeno opportunistico che normalmente colonizza l'apparato gastrointestinale umano, la cute e il tratto respiratorio superiore. La maggior parte delle infezioni causate da *K. pneumoniae* sono ospedaliere e includono principalmente infezioni dell'apparato respiratorio e batteriemie associate a un'alta mortalità. Nel tempo, *K. pneumoniae* ha sviluppato resistenza a diverse classi di antibiotici, limitando così le opzioni terapeutiche disponibili. La produzione di beta-lattamasi di classe A rende il batterio intrinsecamente resistente alle penicilline e alle cefalosporine a spettro ristretto. Negli ultimi anni la produzione di ESBL capaci di rendere inefficaci i beta-lattamici ad ampio spettro, incluse le cefalosporine di terza generazione, ha aumentato il ricorso ai carbapenemi e quindi favorito la rapida diffusione delle resistenze a quest'ultima classe di antibiotici. La resistenza ai carbapenemi rappresenta oggi un rilevante problema di sanità pubblica e spesso insorge in ceppi già resistenti ad altre classi di antibiotici. Negli ultimi anni, per il trattamento delle infezioni sostenute da *K. pneumoniae* resistente ai carbapenemi, sono stati introdotti nella pratica clinica nuovi antibiotici ad ampio spettro di attività quali il cefiderocol e le combinazioni β -lattamico/inibitore delle β -lattamasi quali il ceftazidime/avibactam, imipenem/relebactam e meropenem/vaborbactam, sebbene per queste nuove molecole siano stati già isolati ceppi resistenti e descritti diversi tipi di meccanismi di resistenza. Dopo un leggero aumento nel 2019 e 2020 della percentuale di isolati di *K. pneumoniae* resistenti ai carbapenemi (imipenem, meropenem), nel 2021 si è osservata una diminuzione (26,7%), mentre per le cefalosporine di terza generazione (cefotaxime, ceftazidime, ceftriaxone) dopo un lieve aumento nel 2019 si osserva un lieve calo nell'ultimo biennio con il valore di 53,3% nel 2021. Per gli aminoglicosidi (gentamicina, amikacina) il dato di resistenza per il 2021 rimane sostanzialmente invariato rispetto all'anno precedente e si osserva complessivamente un trend in diminuzione (dal 42,4% nel 2015 al 36,0% nel 2021). In linea con quanto osservato l'anno precedente si riscontra una diminuzione della resistenza ai fluorochinoloni (ciprofloxacina, levofloxacina) che nel 2021 si è attestata al 50,1% [8].

I cinque ceppi marchigiani sono riconducibili a infezioni nosocomiali dal momento che in tutti i casi, così come riportato dalle schede per la raccolta dati sui casi di malattia invasiva da CRE predisposte dal laboratorio ospedaliero, viene riportata la degenza in ospedale al momento dell'insorgenza dei sintomi.

I cinque ceppi marchigiani sono stati isolati da emocoltura di soggetti anziani, 3 donne rispettivamente di 81, 87 e 76 anni e 2 uomini di 68 e 87 anni, 4 ricoverati presso il reparto di Medicina interna e 1 presso il reparto di Nefrologia.

Sottoposti ad antibiogramma, quattro ceppi sono risultati resistenti a 11 su 14 antibiotici testati e nello specifico ai beta-lattamici (ampicillina e amoxicillina+acido clavulanico), cefalosporine (cefotaxime e ceftazidime), cefamicine (cefotaxina), fenicoli (cloramfenicolo), carbapenemi (meropenem), fluorochinoloni (pefloxacina), inibitori pathway folato (sulfisossazolo, trimetoprim e trimetoprim+sulfametossazolo).

Le due classi di antibiotici nei confronti delle quali i ceppi sono risultati sensibili sono state: aminoglicosidi (gentamicina e streptomina) e tetracicline.

Un ceppo è risultato resistente a 13 su 14 antibiotici e perciò sensibile solo nei confronti della gentamicina.

Yersinia enterocolitica

Yersinia enterocolitica è un enteropatogeno per l'uomo e gli animali, dotato di spiccata attitudine invasiva, che si trasmette per ingestione di acqua e alimenti contaminati. I sintomi sono rappresentati da enterocolite acuta, con diarrea acquosa ed emorragica, che spesso evolve, nei bambini oltre i 5 anni e negli adulti, in un quadro clinico di pseudoappendicite con segni di ileite terminale e linfadenite mesenterica. La diffusione setticemica è rara ma descritta sia in ospiti immunocompetenti, ma con elevata sideremia, che in immunodepressi. Accanto alle 3 specie "storiche" - *Y. pestis*, *Y. pseudotuberculosis*, *Y. enterocolitica* - sono oggi descritte altre 8 specie che evidenziano profili biochimico-enzimatici tali da discostarsi dalla specie enterocolitica e proporsi, prima come ceppi "enterocolitica-like", poi come specie a se stanti: *Y. frederiksenii*, *Y. intermedia*, *Y. kristensenii*, *Y. mollaretii*, *Y. bercovieri*, *Y. aldovae*, *Y. rhodei*, *Y. ruckeri*. Nell'ambito di *Y. enterocolitica* "sensu strictu" permangono tuttavia condizioni di variabilità fenotipica tali da imporre l'individuazione di 5 biotipi (1A, 1B, 2, 3, 4, 5); più di recente, a conferma del fatto che la situazione tassonomica è ben lungi dall'essere cristallizzata, è stato proposto l'inserimento del nuovo biotipo 1B che si discosta dall'1A per la non utilizzazione della salicina e la mancanza dell'attività pirazimidasiaca, biotipo in cui confluiscono ceppi isolati prevalentemente negli USA. Nell'ambito dei biotipi sono individuabili attualmente circa 60 sierotipi, con riferimento agli antigeni O, e svariati fagotipi. Ceppi patogeni, isolati cioè nel corso di manifestazioni gastroenteriche o loro complicanze, sono ascrivibili a tutti i biotipi, con l'eccezione dell'1A che comprende stipiti cosiddetti "ambientali". La circolazione dei sierotipi patogeni appare ben delineata: in Europa prevalgono i sierotipi O:3 e O:9, negli USA O:8, O:3 e O:5,27, in Giappone O:5,27. Le basi genetiche della patogenicità di *Y. enterocolitica* sono relative alla scoperta di un plasmidio *pYV* e, successivamente, allo studio di geni a localizzazione cromosomica denominati *inv*, *ail* e *yst*. Il plasmidio *pYV* (plasmidio di virulenza di *Y. enterocolitica*), presente solo nei ceppi virulenti, codifica per l'espressione di numerose proteine (da 16 a 20), localizzate sulla membrana esterna della parete (34, 44) come ad esempio *YadA*, proteina della membrana esterna, espressa a 37°C ma non a 25°C, di natura fibrillare, che ricopre la superficie batterica e media l'adesione del patogeno alle cellule della mucosa intestinale, specialmente a livello della regione ileo-ciecale, induce un incremento dell'idrofobicità di superficie con conseguente aumento della resistenza alla fagocitosi, conferisce attitudine autoagglutinante ed inibisce l'attivazione del complemento. Inoltre protegge il microrganismo eventualmente fagocitato dai processi litici ossigeno-dipendenti con la conseguenza che macrofagi e neutrofilii divengono essi stessi veicoli di disseminazione. Per quanto riguarda i geni cromosomici *ail* e *inv* è emerso che i ceppi "ambientali" o comunque non virulenti non posseggono una sequenza di basi omologa al gene *ail* ed il gene *inv*, pur presente. Entrambi i geni codificano per l'espressione di proteine di membrana – chiamate anche "proteine di ingresso" che coadiuvano l'adesione alla mucosa e ne condizionano l'invasione. L'ingresso nelle cellule mucosali, possibile solo nei ceppi *ail+* e *inv+*, consente il raggiungimento del sito di elezione del microrganismo rappresentato dalle cellule M delle placche di Peyer: come altri patogeni enteroinvasivi, salmonelle, shigelle e campilobatteri, viene trasportato dalle cellule M nella lamina propria della sottomucosa, ove si moltiplica e da dove, per via linfo-ematogena, può disseminare a tutto l'organismo. Quanto al gene cromosomico *yst*, infine, esso codifica per l'elaborazione di una enterotossina termolabile, denominata *Yst*. Essa agisce stimolando la

produzione di guanylato-ciclastasi nelle cellule epiteliali intestinali e, nella sua conformazione molecolare, pare molto simile alla tossina termostabile degli stipiti enterotossigeni di *E. coli* [9].

Un delle due positività marchigiane per *Y. enterocolitica* è relativa a un ceppo isolato da feci di una ragazza di 13 anni residente a San Benedetto del Tronto e ricoverata presso il reparto di pediatria. Si tratta di un ceppo *ail+*, biotipo 4, sierogruppo O:3. Il profilo di suscettibilità antibiotica ha rilevato resistenza da parte del ceppo agli antibiotici pefloxacina, sulfisossazolo, cloramfenicolo, streptomina e sensibilità intermedia nei confronti dell'amoxicillina+acido clavulanico.

La seconda positività è stata confermata per *Y. enterocolitica* *ail+* in Real Time PCR da brodocoltura a partire dal campione di feci di un uomo di 62 anni residente a Fermo e ricoverato presso il reparto di Medicina interna. Non è stato possibile isolare il ceppo batterico e quindi procedere a biotipizzazione e sirotipizzazione.

Escherichia coli verocitotossici (STEC/VTEC) ed Escherichia coli enteroaggregativi (EAEC)

L'infezione da *Escherichia coli* produttore di verocitotossina (VETC) è considerata una zoonosi poiché il tratto gastro-intestinale dei ruminanti, in particolare dei bovini e bufalini, costituisce il serbatoio naturale di questi batteri. Le verocitotossine vengono indicate con le sigle vtx1 e vtx2 ed esistono sotto forma di 10 varianti. Le più importanti nell'ambito veterinario-alimentare sono le tre varianti del gene vtx1 (vtx1a, vtx1c and vtx1d) e le tre varianti del gene vtx2 maggiormente associate alla SEU (vtx2a, vtx2c, vtx2d), complicanza quest'ultima che interessa principalmente i bambini con conseguente compromissione della funzionalità renale a causa dello spiccato tropismo di vtx2 per le cellule renali. 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 periodo di incubazione dell'infezione da VTEC è compreso tra 1 e 5 giorni. Esistono numerosi sierogruppi VTEC dei quali il più conosciuto e diffuso è *E. coli* O157. Nel nostro Paese sono molto frequenti anche i sierogruppi O26, O111 e O145. L'Istituto Superiore di Sanità coordina dal 1988 un sistema di sorveglianza delle infezioni da VTEC e la rete italiana del sistema di sorveglianza europeo Enter-Net, alla quale fanno capo i laboratori di riferimento presenti sul territorio nazionale [10].

I tre ceppi marchigiani sono stati isolati da feci di bambini di 2, 3 e 12 anni di età rispettivamente residenti a Fano, Montepandone (AP) e Ascoli Piceno.

Il primo e il secondo ceppo (residenza pazienti Fano e Montepandone) sono risultati O:26, vtx2, eae positivi e vtx1 negativi.

Il terzo ceppo invece è risultato vtx1 positivo e vtx2, eae e O:104 negativo. L'assenza del gene eae permette di escludere l'appartenenza del ceppo a uno dei sierogruppi top five (O:26, O:103; O:111, O:145, O:157).

L'Escherichia coli enteroaggregativo (EAEC), quando possiede determinati di virulenza specifici, causa diarrea acquosa acuta o persistente (con o senza muco) nei bambini, prevalentemente nei paesi sottosviluppati, ed è associato alla diarrea del viaggiatore nei bambini e negli adulti di età media e alta paesi industrializzati. La variabilità genetica dell'EAEC infatti è tale da far sì che non tutti i ceppi siano patogeni. I fattori di virulenza EAEC descritti fino ad oggi sono codificati sul grande plasmide di virulenza (pAA2) che codifica, tra gli altri determinanti di virulenza, il gene aggR che è un regolatore trascrizionale che porta all'espressione di diversi determinanti di virulenza sia plasmidici che cromosomici. In aggiunta a questo, il gene cromosomico aaiC, viene frequentemente utilizzato come marker per la diagnosi di EAEC. E' codificato su un'isola genomica che codifica per il un sistema VI di secrezione che rappresenta un'arma batterica versatile in grado di fornire effettori in classi distinte di cellule bersaglio, svolgendo ruoli chiave nella competizione interbatterica e nelle interazioni batteriche con le cellule eucariotiche [11].

Il ceppo marchigiano è stato rilevato da feci di una anziana di 87 anni residente a Campofilone (FM) ed è risultato positivo per aggR e negativo per aaiC.

2. Zoonosi a trasmissione alimentare: isolati di origine non umana

La quasi totalità di isolati di origine non umana è rappresentata da ceppi di *Salmonella* spp. (Tabella13).

Tabella 13: Numero di isolati di origine non umana distinti per struttura			
Strutture	<i>Salmonella</i>	<i>Campylobacter</i>	Totale
IZSUM	393	97	490
ARPAM			17
➤ Dipartimento Pesaro	17	-	
LABORATORI PRIVATI			471
➤ Eco Control (Fermo)	317	-	
➤ Carnj soc. coop. agricola (Cingoli, MC)	127	-	
➤ Intertek (Fermo)	18	-	
➤ Centro Assistenza Ecologica (Ancona)	9	-	
Totale	881	97	978

Salmonella:

Nel corso dell'anno 2022, il numero totale dei ceppi di *Salmonella* di origine non umana è considerevolmente aumentato (triplicato) rispetto all'anno precedente (284 isolati nel 2021). Tale significativo aumento è conseguente all'epidemia da *S. Enteritidis* che ha interessato a livello nazionale il comparto avicolo dei polli da carne e frutto quindi di campionamenti aggiuntivi che sono stati integrati a quelli già previsti dai piani di controllo ufficiale e di autocontrollo.

Campylobacter:

Gli isolati di *Campylobacter* relativi alle analisi condotte in ambito di controllo ufficiale e di autocontrollo derivano da campioni di pelle del collo di pollo nell'ambito della valutazione della presenza di *Campylobacter* come indicatore di igiene di processo sulle carcasse di pollo e da campioni di latte crudo.

Nello specifico, nel corso del 2022, sono state identificate 97 positività per *Campylobacter* su un totale di 235 campioni analizzati. I dettagli sono riportati nel paragrafo 2.7 *Campylobacter* di origine non umana.

2.1 *Salmonelle* di origine non umana

I ceppi di *Salmonella* di origine non umana sono suddivisi per origine alimentare (alimentazione umana), animale (feci, organo, tampone), ambientale veterinaria (polvere, soprascarpe, tampone da superficie), ambientale non veterinaria (tamponi da superficie) e ambientale fluviale (acque superficiali, di sorgente e di pozzo). Rispetto al 2021, nel 2022 si registra un aumento degli isolati di *Salmonella* da matrice alimentare dovuto al maggior numero di campioni effettuati nell'ambito delle analisi relative ai controlli ufficiali del Piano Nazionale Alimenti e a quelli in autocontrollo, risultati non conformi e un aumento degli isolati da matrice animale.

Per quanto riguarda le matrici ambientale veterinaria e ambientale fluviale, i dati del 2022 indicano un aumento considerevole dei ceppi di origine ambientale veterinario riconducibile ai campionamenti aggiuntivi eseguiti nel corso dell'epidemia da *S. Enteritidis* nel settore avicolo e una leggera diminuzione dei ceppi di origine ambientale fluviale.

Tabella 14: Isolati di <i>Salmonella</i> origine non umana distinti per origine				
Origine	N. 2022	% 2022	N. 2021	% 2021
Alimentare (alimentazione umana)	196	22,2	89	31,3
Alimentare (alimentazione animale: mangime)	-	-	2	0,7
Animale	114	12,9	24	8,5
Ambientale veterinario	530	60,2	148	52,1
Ambientale non veterinario	24	2,7	-	-
Ambientale fluviale	17	1,9	21	7,4
Totale	881	100	284	100

Grafico 4: Distribuzione degli isolati di *Salmonella* di origine non umana per sierotipo

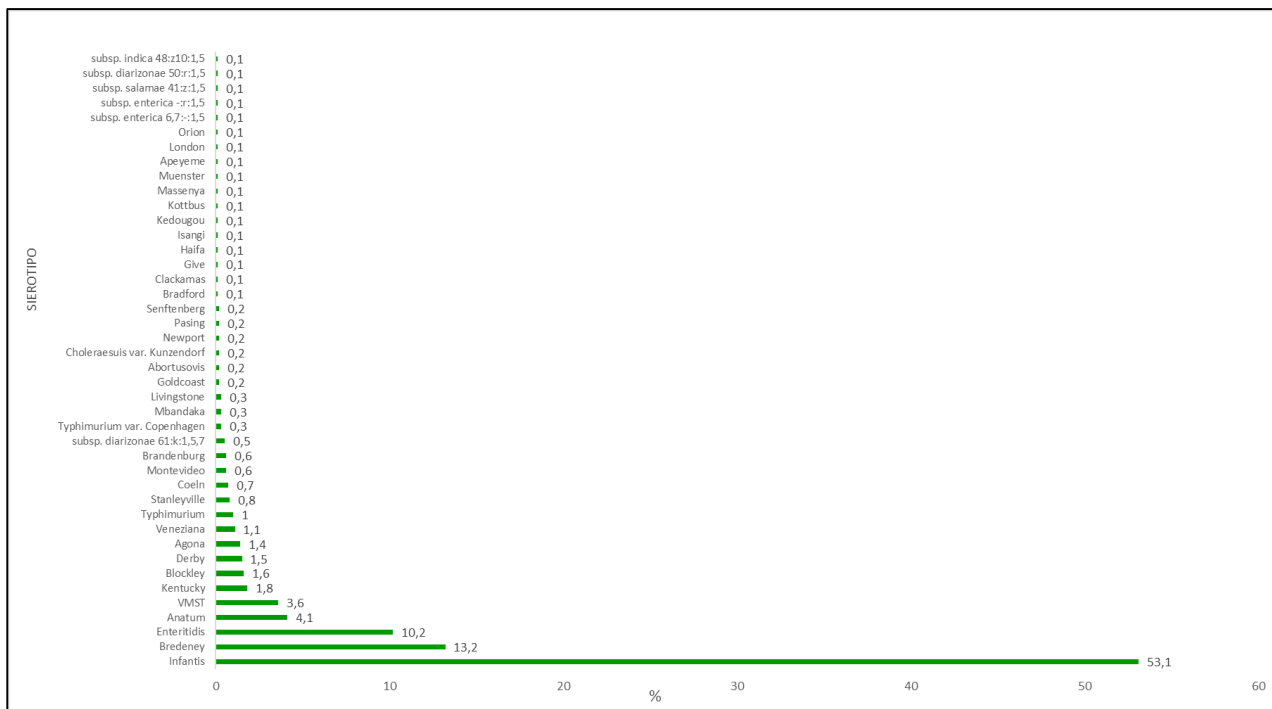
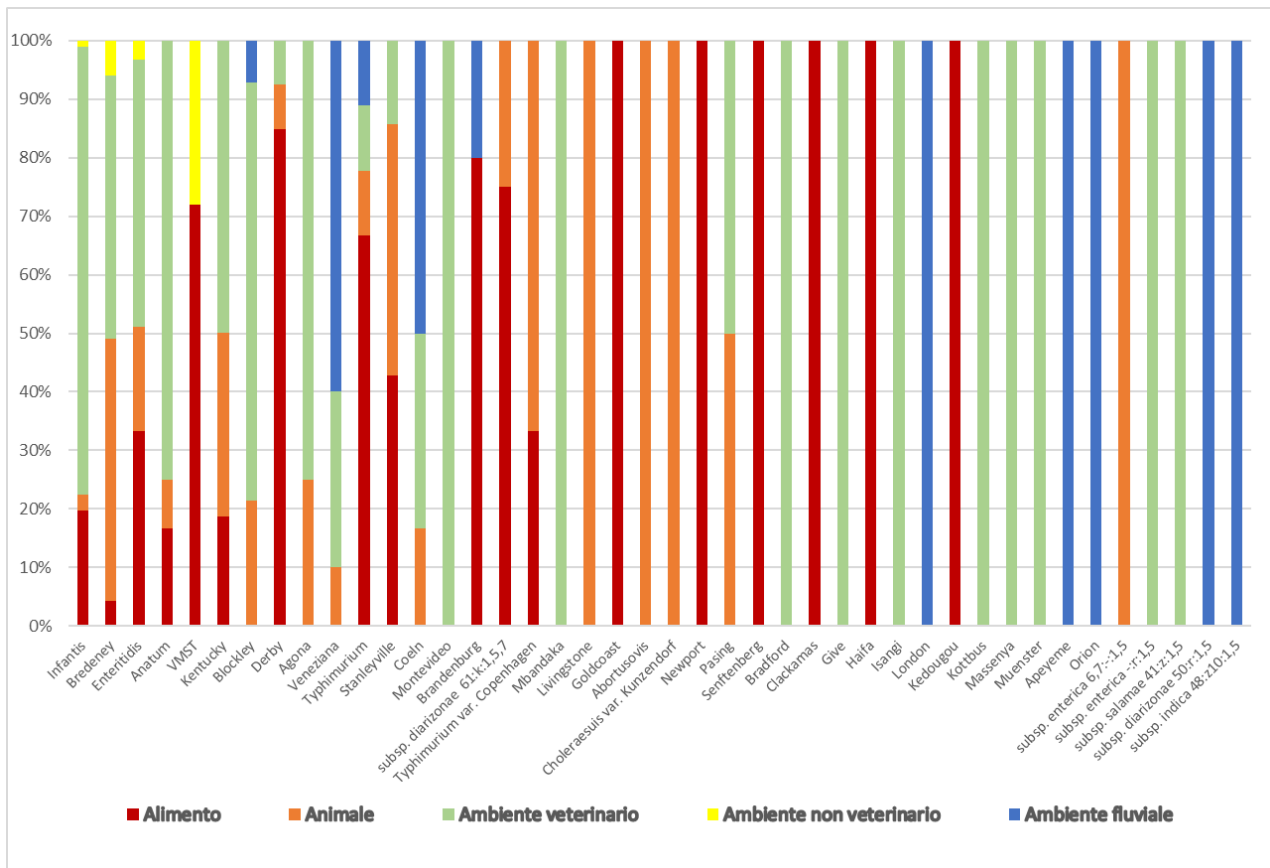


Tabella 15: Distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* di origine non umana per origine

Sierotipo	Alimento	Animale	Ambiente veterinario	Ambiente non veterinario	Ambiente fluviale	N°	%
Infantis	92	13	358	5	-	468	53,1
Bredeney	5	52	52	7	-	116	13,2
Enteritidis	30	16	41	3	-	90	10,2
Anatum	6	3	27	-	-	36	4,1
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	23	-	-	9	-	32	3,6
Kentucky	3	5	8	-	-	16	1,8
Blockley	-	3	10	-	1	14	1,6
Derby	11	1	1	-	-	13	1,5
Agona	-	3	9	-	-	12	1,4
Veneziana	-	1	3	-	6	10	1,1
Typhimurium	6	1	1	-	1	9	1
Stanleyville	3	3	1	-	-	7	0,8
Coeln	-	1	2	-	3	6	0,7
Montevideo	-	-	5	-	-	5	0,6
Brandenburg	4	-	-	-	1	5	0,6

subsp. <i>diarizonae</i> ser. 61:k:1,5,7	3	1	-	-	-	4	0,5
Typhimurium var. Copenhagen	1	2	-	-	-	3	0,3
Mbandaka	-	-	3	-	-	3	0,3
Livingstone	-	3	-	-	-	3	0,3
Goldcoast	2	-	-	-	-	2	0,2
Abortusovis	-	2	-	-	-	2	0,2
Choleraesuis var. Kunzendorf	-	2	-	-	-	2	0,2
Newport	2	-	-	-	-	2	0,2
Pasing	-	1	1	-	-	2	0,2
Senftenberg	2	-	-	-	-	2	0,2
Bradford	-	-	1	-	-	1	0,1
Clackamas	1	-	-	-	-	1	0,1
Give	-	-	1	-	-	1	0,1
Haifa	1	-	-	-	-	1	0,1
Isangi	-	-	1	-	-	1	0,1
London	-	-	-	-	1	1	0,1
Kedougou	1	-	-	-	-	1	0,1
Kottbus	-	-	1	-	-	1	0,1
Massenya	-	-	1	-	-	1	0,1
Muenster	-	-	1	-	-	1	0,1
Apeyeme	-	-	-	-	1	1	0,1
Orion	-	-	-	-	1	1	0,1
subsp. <i>enterica</i> ser. 6,7:-:1,5	-	1	-	-	-	1	0,1
subsp. <i>enterica</i> ser. -:r:1,5	-	-	1	-	-	1	0,1
subsp. <i>salamae</i> ser. 41:z:1,5	-	-	1	-	-	1	0,1
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 50:r:1,5	-	-	-	-	1	1	0,1
subsp. <i>indica</i> ser. 48:z ₁₀ :1,5	-	-	-	-	1	1	0,1
Totale	196	114	530	24	17	881	100

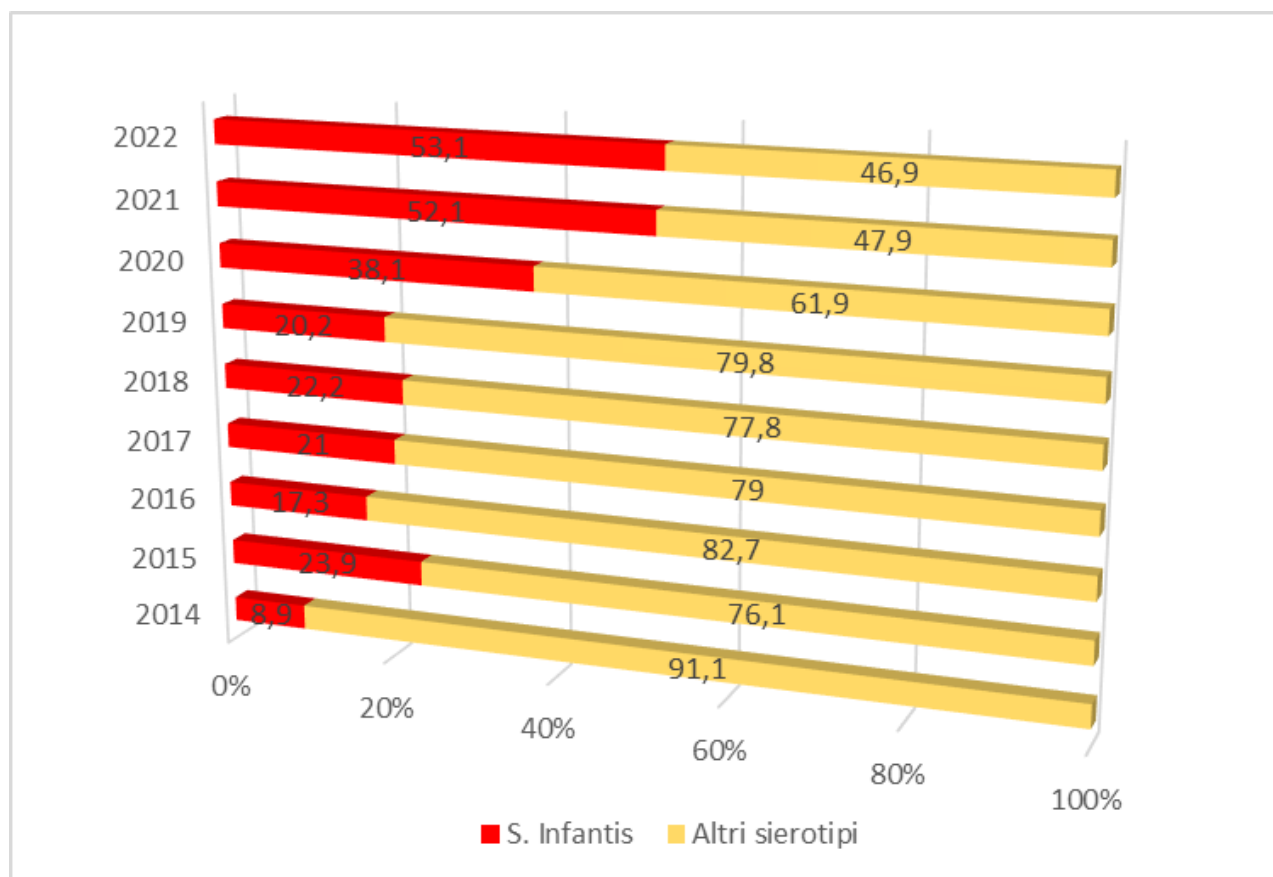
Grafico 5: Distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* di origine non umana per origine



Anche nel 2022 così come nel 2021, è presente al primo posto tra i sierotipi di *Salmonella* maggiormente tipizzati, la *Salmonella* Infantis (Tabella15 e Grafico 5).

Per quanto riguarda questo sierotipo, le frequenze sono progressivamente aumentate a partire dal 2014 (Grafico 6) raggiungendo il picco più alto appunto quest'anno con un totale di 468 isolati. L'aumento esponenziale di *S. Infantis* è riconducibile anche al numero aggiuntivo di campionamenti eseguiti durante il focolaio da *S. Enteritidis* che ha interessato il settore avicolo (broiler).

Grafico 6: Frequenza di *S. Infantis* rispetto al totale dei sierotipi per anno



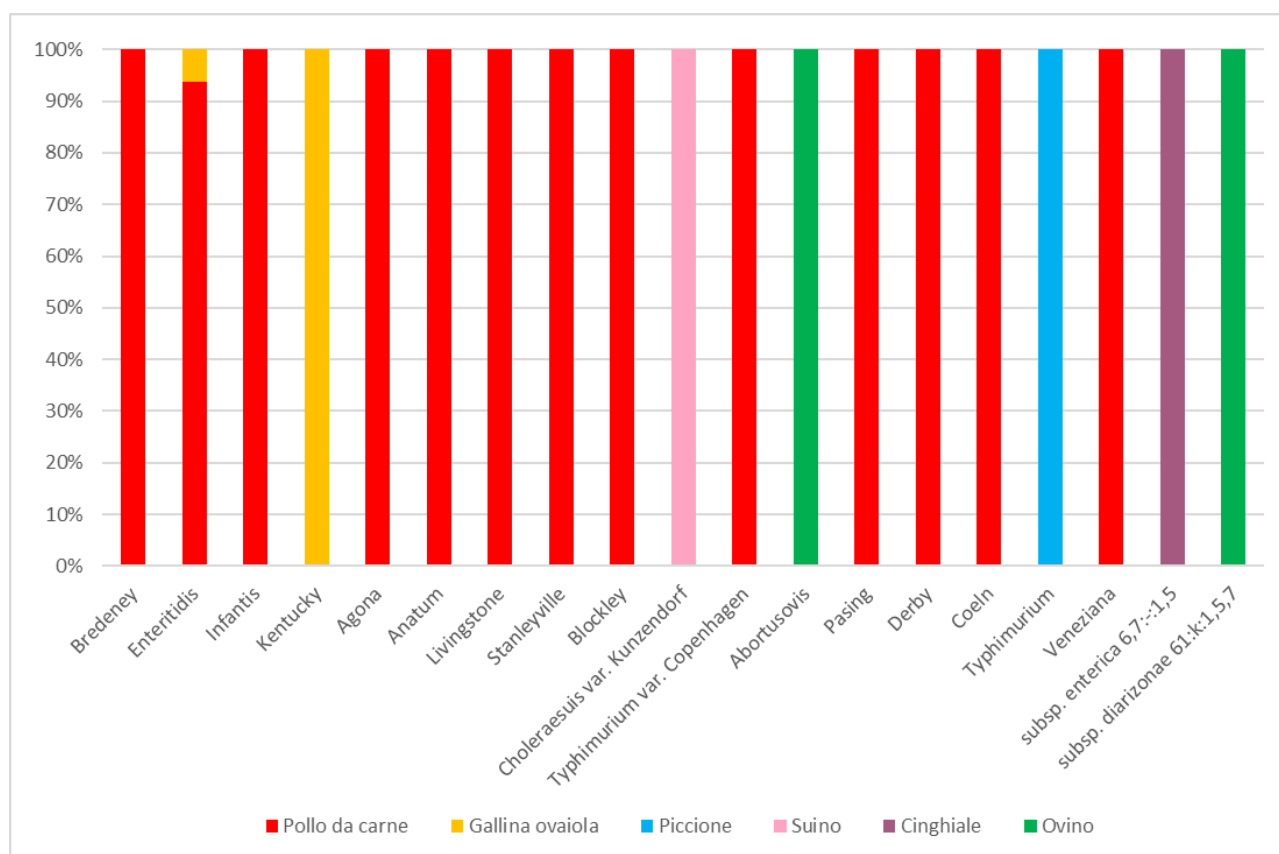
2.1.1 *Salmonelle* isolate da matrice animale

Nella tabella 16 e nel grafico 7 è riportata la distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* isolati da campioni di origine animale (feci, organo, uova embrionate) suddivisi per specie di origine.

Sierotipo	Pollo da carne	Gallina ovatola	Piccione	Suino	Cinghiale	Ovino	N.	%
Bredeney	52	-	-	-	-	-	52	45,6
Enteritidis	15	1	-	-	-	-	16	14
Infantis	13	-	-	-	-	-	13	11,4
Kentucky	-	5	-	-	-	-	5	4,4
Agona	3	-	-	-	-	-	3	2,6
Anatum	3	-	-	-	-	-	3	2,6
Livingstone	3	-	-	-	-	-	3	2,6
Stanleyville	3	-	-	-	-	-	3	2,6
Blockley	3	-	-	-	-	-	3	2,6

Choleraesuis var. Kunzendorf	-	-	-	2	-	-	2	1,8
Typhimurium var. Copenhagen	2	-	-	-	-	-	2	1,8
Abortusovis	-	-	-	-	-	2	2	1,8
Pasing	1	-	-	-	-	-	1	0,9
Derby	1	-	-	-	-	-	1	0,9
Coeln	1	-	-	-	-	-	1	0,9
Typhimurium	-	-	1	-	-	-	1	0,9
Veneziana	1	-	-	-	-	-	1	0,9
subsp. <i>enterica</i> ser. 6,7:-:1,5	-	-	-	-	1	-	1	0,9
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 61:k:1,5,7	-	-	-	-	-	1	1	0,9
Totale	101	6	1	2	1	3	114	100

Grafico 7: Distribuzione dei sierotipi per specie animale di origine



Nessuna anomalia per quanto riguarda le associazioni sierotipo-specie di origine di isolamento riscontrate ma solo conferme del particolare adattamento di alcuni sierotipi per determinate specie animali come *S. Kentucky* per la gallina ovaioia, *S. Infantis* per il pollo da carne e *subsp. diarizonae* ser. 61:k:1,5,7 per l'ovino nonché della specie-specificità, per quest'ultimo, della *S. Abortusovis*.

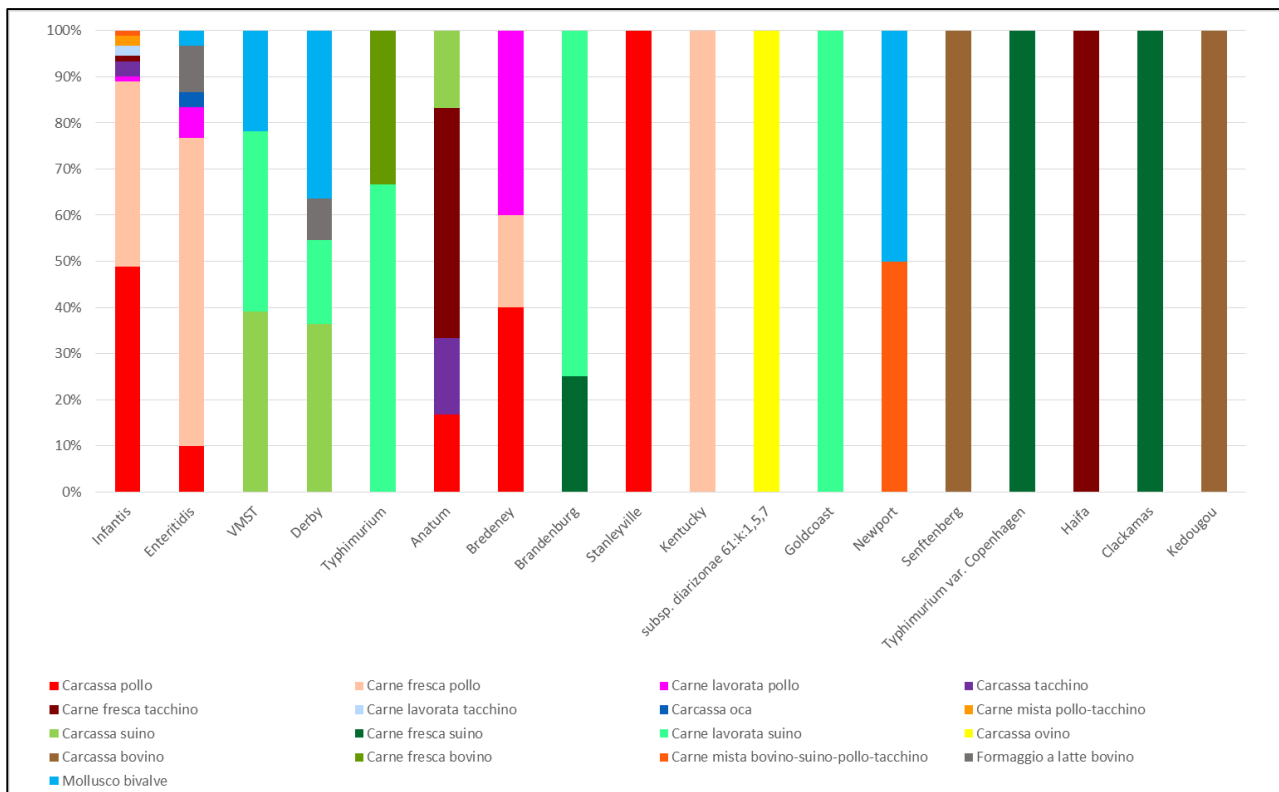
Per quanto riguarda il sierotipo Bredeney come detto precedentemente, si associa generalmente alla specie suina tuttavia anche quest'anno il suo isolamento nel pollo da carne conferma definitivamente il suo ingresso anche nella filiera avicola.

2.1.2 *Salmonelle* isolate da matrice alimentare

Nella tabella 17 e nel grafico 8 è mostrata la distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* isolati da matrice alimentare.

Tabella 17: Distribuzione dei sierotipi di <i>Salmonella</i> isolati da matrice alimentare																			
Sierotipo	carcassa pollo	carne fresca pollo	carne lavorata pollo	carcassa tacchino	carne fresca tacchino	carne lavorata tacchino	carcassa oca	carne mista pollo-tacchino	carcassa suino	carne fresca suino	carne lavorata suino	carcassa ovino	carcassa bovino	carne fresca bovino	carne mista bovino-suino-pollo-tacchino	formaggio a latte bovino	mollusco bivalve	N.	%
Infantis	45	37	1	3	1	2	-	2	-	-	-	-	-	-	1	-	-	92	46,9
Enteritidis	3	20	2	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	3	1	30	15,4
VMST	-	-	-	-	-	-	-	-	9	-	9	-	-	-	-	-	5	23	11,8
Derby	-	-	-	-	-	-	-	-	4	-	2	-	-	-	-	1	4	11	5,6
Typhimurium	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	2	-	-	-	6	3,1
Anatum	1	-	-	1	3	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	6	3,1
Bredeney	2	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	2,6
Brandenburg	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	3	-	-	-	-	-	-	4	2
Stanleyville	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	1,5
Kentucky	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	1,5
<i>subsp. diarizonae</i> ser. 61:k:1,5,7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	3	1,5
Goldcoast	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	2	1
Senftenberg	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	2	1
Newport	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	-	2	1
Typhimurium var. Copenhagen	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0,5
Haifa	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0,5
Clackamas	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0,5
Kedougou	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	0,5
Totale	54	61	5	4	5	2	1	2	14	3	20	3	3	2	2	4	11	196	100

Grafico 8: Distribuzione dei sierotipi per matrice alimentare



Rispetto al 2021 [1], nel 2022 il numero di stipiti isolati da matrici alimentari è notevolmente aumentato passando da 89 a 196. Il pollo e il suino risultano essere le matrici alimentari da cui deriva il maggior numero di isolati; i sierotipi maggiormente diffusi sono la *S. Infantis*, la *S. Enteritidis* e la Variante monofasica di *Salmonella Typhimurium*. Il primo e l'ultimo rappresentano i sierotipi peculiari rispettivamente nel pollo e nel suino. Il sierotipo Enteritidis compare al secondo posto tra i sierotipi maggiormente individuati come conseguenza dell'epidemia in produzione primaria.

2.1.3 *Salmonelle* isolate da matrice ambientale veterinaria

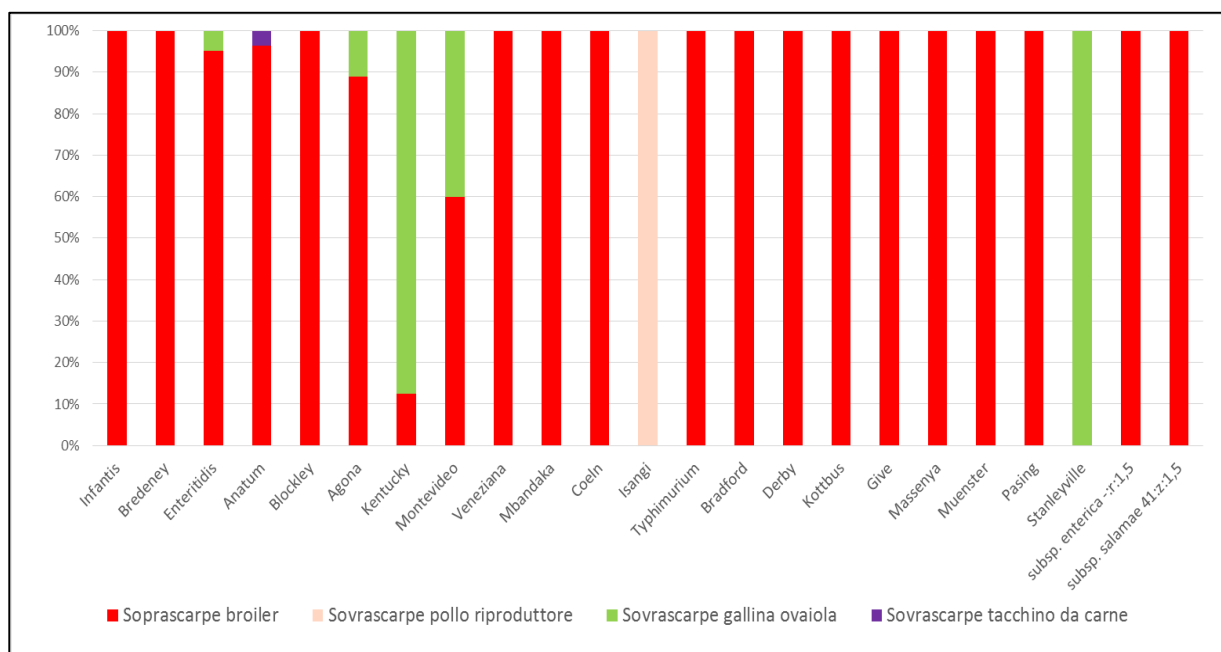
Le *Salmonelle* isolate da matrici ambientali sono rappresentate nella tabella 18 e nel grafico 9 suddivise per sierotipo e fonte di isolamento.

Tabella 18: Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale

Sierotipo	Soprascarpe broiler	Sovrascarpe pollo riproduttore	Sovrascarpe gallina ovaioia	Sovrascarpe tacchino da carne	N.	%
Infantis	358	-	-	-	358	67,5
Bredeney	52	-	-	-	52	9,8
Enteritidis	39	-	2	-	41	7,6

Anatum	26	-	-	1	27	5,1
Blockley	10	-	-	-	10	1,9
Agona	8	-	1	-	9	1,7
Kentucky	1	-	7	-	8	1,5
Montevideo	3	-	2	-	5	0,9
Veneziana	3	-	-	-	3	0,6
Mbandaka	3	-	-	-	3	0,6
Coeln	2	-	-	-	2	0,4
Isangi	-	1	-	-	1	0,2
Typhimurium	1	-	-	-	1	0,2
Bradford	1	-	-	-	1	0,2
Derby	1	-	-	-	1	0,2
Kottbus	1	-	-	-	1	0,2
Give	1	-	-	-	1	0,2
Massenya	1	-	-	-	1	0,2
Muenster	1	-	-	-	1	0,2
Pasing	1	-	-	-	1	0,2
Stanleyville	-	-	1	-	1	0,2
subsp. <i>enterica</i> ser. -:r:1,5	1	-	-	-	1	0,2
subsp. <i>salamae</i> ser. 41:z:1,5	1	-	-	-	1	0,2
Totale	516	1	12	1	530	100

Grafico 9: Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale veterinaria



Al primo posto in frequenza compare la *S. Infantis* con 358 ceppi a fronte dei 106 del 2021 seguita da *S. Bredeney* e *S. Enteritidis* rispettivamente con 52 e 40 ceppi nel 2022. Il consistente aumento di positività è,

come già detto in precedenza, la conseguenza di un intensificato piano di campionamenti nell'ambito del Piano Nazionale Controllo Salmonellosi negli avicoli a seguito del focolaio da *S. Enteritidis* verificatosi in produzione primaria le cui origini sono da ricollegare alla contaminazione di un incubatoio in Emilia Romagna.

2.1.4 *Salmonelle* isolate da matrice ambientale non veterinaria

Sierotipo	Tampone ambientale	%
Var. monof. <i>Salmonella</i> Typhimurium	9	37,5
Bredeney	7	29,2
Infantis	5	20,8
Enteritidis	3	12,5
Totale	24	100

Per quanto riguarda i ceppi di *Salmonella* isolati da campioni ambientali eseguiti in contesti non veterinari, questi sono relativi a campionamenti su superfici eseguiti nel contesto di indagini in caso di tossinfezioni alimentari e di controllo al mattatoio.

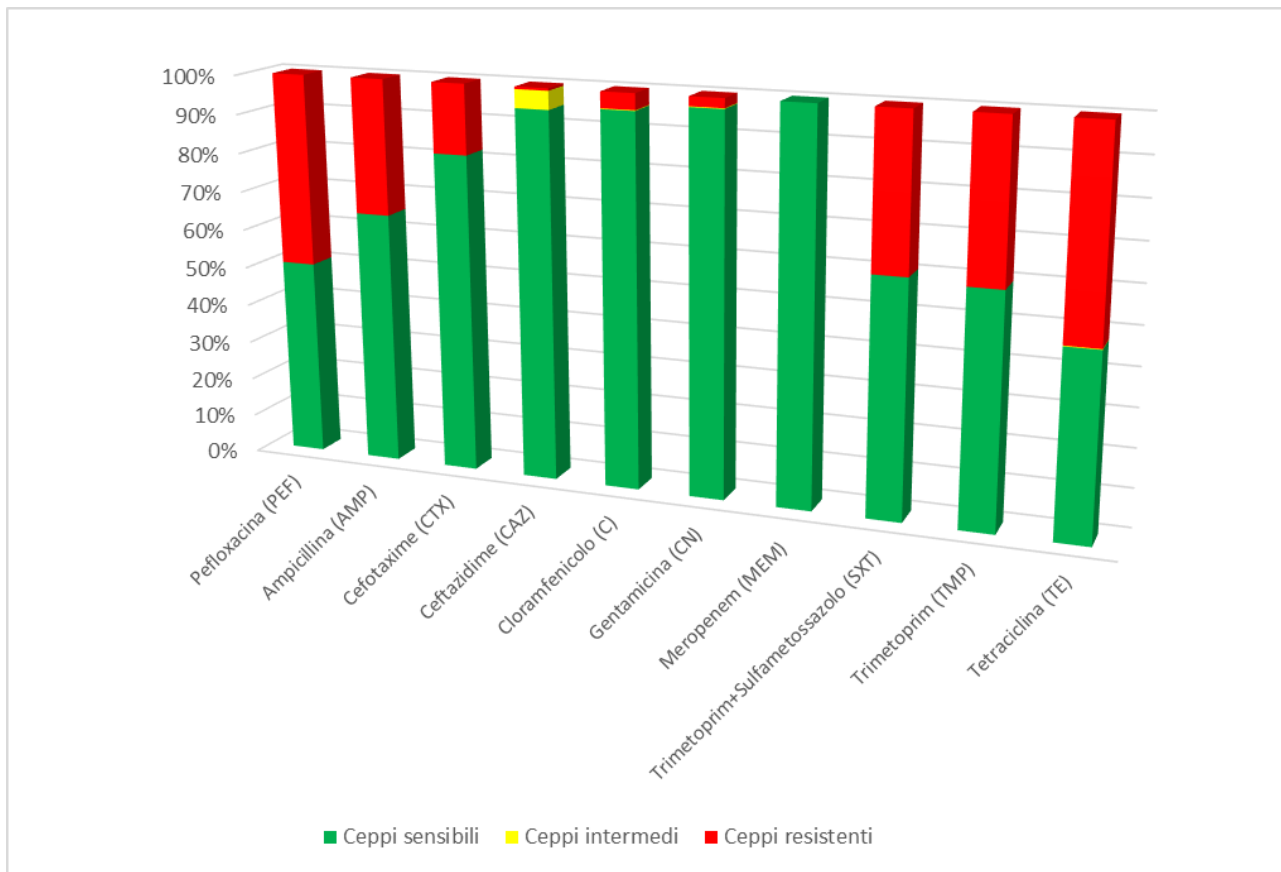
2.2 Antibiotico-resistenza nei ceppi di *Salmonella* di origine veterinaria (alimentare, ambiente veterinario, animale)

Visto il considerevole numero di *Salmonelle* isolate solo in ambiente veterinario nell'ambito della produzione primaria avicola (sovrascarpe per un totale di 530 ceppi) registrato nel 2022, si è deciso di sottoporre al saggio di sensibilità agli antibiotici secondo le linee guida del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) (*Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing, 32th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2022*) solo alcuni ceppi selezionati secondo il seguente criterio: per ogni allevamento risultato positivo è stato sottoposto ad antibiogramma un ceppo di *Salmonella* per ciascun capannone campionato e per ciascun sierotipo identificato in modo da garantire la rappresentatività circa la circolazione dei sierotipi e delle relative resistenze per ciascun allevamento considerato.

In totale sono stati testati per l'antibiotico-resistenza 508 ceppi su 881 totali dei quali 258 provenienti dalla produzione primaria e 250 isolati da matrice alimentare e animale.

Tabella 19 e Grafico 10: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=508 ceppi)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	54,3	-	45,7
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	65,2	-	34,8
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	82,1	-	17,9
Ceftazidime (CAZ)	94,7	4,7	0,6
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	95,7	0,2	4,1
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	97,4	0,2	2,4
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	-
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Trimetoprim - sulfametossazolo (SXT)	60,6	-	39,4
Trimetoprim (TMP)	59,6	-	40,4
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	47,6	0,2	52,2



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 Pefloxacina.

Secondo il report EFSA-ECDC sulla resistenza antibiotica in ceppi di origine umana, animale e alimentare nel periodo 2020-2021 e pubblicato a marzo 2023 [5], i livelli di resistenza ad ampicillina, sulfonamidi e tetracicline vanno da moderati a molto alti nei ceppi di *Salmonella* isolati da campioni di origine animale e osservando i dati dei ceppi marchigiani la situazione relativamente a questi antibiotici è totalmente sovrapponibile.

Allo stesso tempo secondo i dati EFSA/ECDC, la resistenza a (fluoro)/chinoloni è stata osservata a livelli molto alti/alti nei ceppi di *Salmonella* spp. isolati da polli da carne, tacchini da ingrasso e carcasse/carne di pollame nel 2020 dato anche questo che trova riscontro sia nella percentuale di resistenza alla pefloxacina dei ceppi di origine veterinaria/alimentare marchigiani (45,7%) sia nella tipologia di matrice di origine di tali ceppi resistenti (l'86,6% dei ceppi marchigiani risultati resistenti proviene da campioni isolati da broiler e tacchini).

A livello europeo, la resistenza alle cefalosporine di terza generazione è stata rilevata a bassi livelli nei ceppi di origine animale nel 2020-2021, con poche eccezioni. Nei ceppi marchigiani la resistenza al cefotaxime e al ceftazidime rappresentano rispettivamente il 17,9% e lo 0,6% del totale delle resistenze.

La resistenza combinata ai fluorochinoloni e alle cefalosporine a livello europeo è risultata molto bassa negli isolati di origine animale ma peculiare in alcuni sierotipi di *Salmonella*, come *S. Kentucky* e *S. Infantis*. Negli isolati marchigiani la resistenza combinata a pefloxacina e cefotaxime ha riguardato il 15,9% dei ceppi (81 su 508 totali) appartenenti quasi totalmente al sierotipo *Infantis* (80 *S. Infantis* + 1 *S. Blockley*).

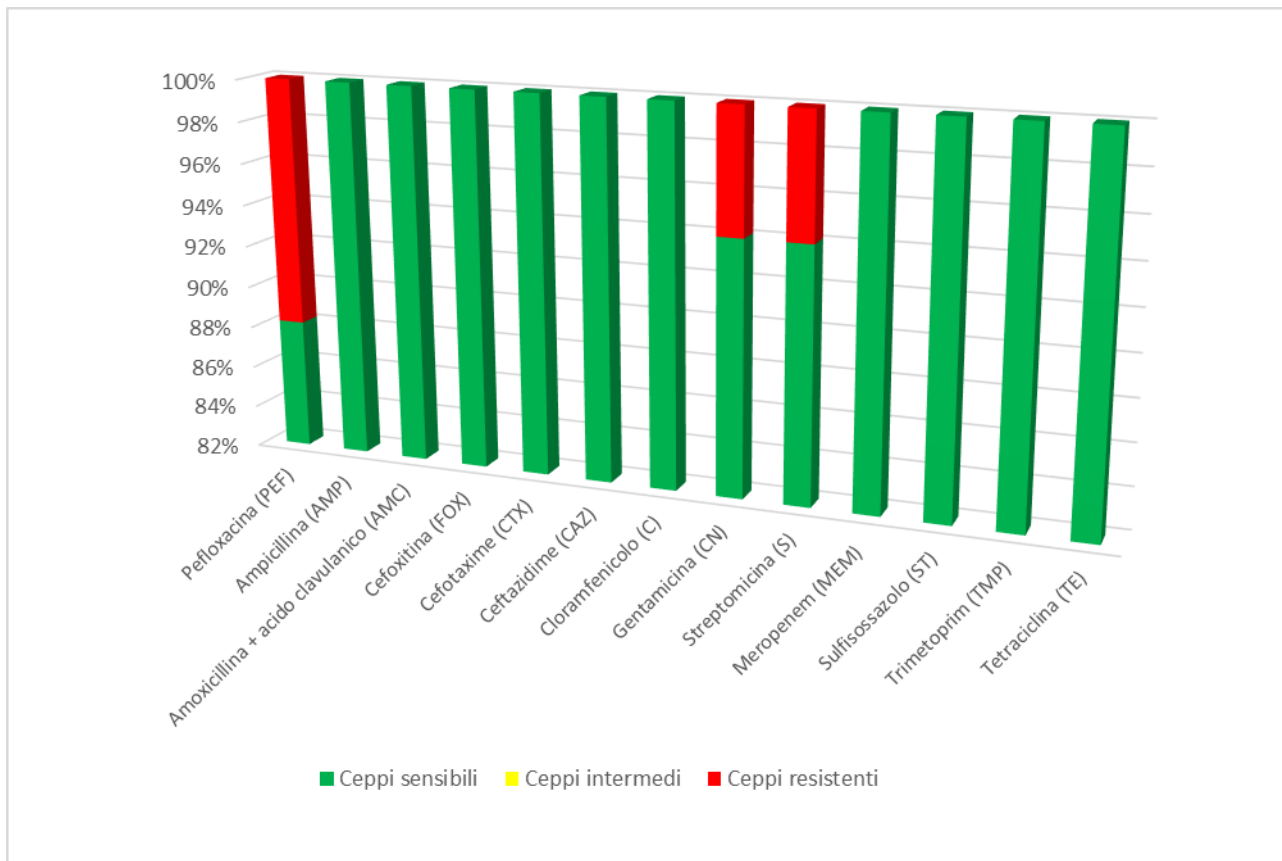
Anche nel 2022 non si è registrata alcuna resistenza ai carbapenemi nei ceppi di origine animale in linea con quanto riportato nel report EFSA-ECDC.

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

Tutti i ceppi di *Salmonella* isolati da acqua pervenuti al Centro sono stati saggiati per valutare la sensibilità agli antibiotici secondo le linee guida del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) (*Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing, 32th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2022*).

Tabella 20 e Grafico 11: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=17)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	88,2	-	11,8
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	100	-	-
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	100	-	-
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	100	-	-
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	100	-	-
Ceftazidime (CAZ)	100	-	-
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	100	-	-
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	94,1	-	5,9
Streptomina (S)	94,1	-	5,9
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	-
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	100	-	-
Trimetoprim (TMP)	100	-	-
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	100	-	-



Come si può osservare dalla tabella e dal grafico precedenti (Tabella 20 e Grafico 11), solamente le percentuali di resistenza nei ceppi di origine ambientale sono molto ridotte poiché in campo ambientale la pressione selettiva esercitata dall'utilizzo delle molecole antibiotiche è minore rispetto a quella che si ha in campo zootecnico e sanitario tuttavia la persistenza di ceppi batterici resistenti all'interno delle realtà produttive di carattere intensivo come illustrato precedentemente, rappresenta un concreto rischio di diffusione e dispersione dei geni di resistenza attraverso l'immissione di acque reflue da produzione zootecnica, non adeguatamente sanificate, nei corsi d'acqua. La diffusione di geni di resistenza agli antibiotici nell'ambiente può causare 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.

2.4 *Campylobacter* di origine non umana

Novantasette sono i ceppi di *Campylobacter* spp. isolati nel corso del 2022 nell'ambito delle analisi condotte per la valutazione del criterio di igiene di processo nelle carcasse di pollo stabilito dal Regolamento (UE) 2005/2073 e s.m.i.

La relazione di sintesi dell'Unione europea su tendenze e fonti di zoonosi, agenti zoonotici e focolai di tossinfezione alimentare [12] pubblicata nel 2015 dall'Autorità europea per la sicurezza alimentare (EFSA) dal Centro europeo per la prevenzione e il controllo delle malattie (CEPCM) ha stabilito che la campilobatteriosi umana rappresenta la zoonosi di origine alimentare più diffusa nell'Unione, con 230000 casi circa segnalati annualmente.

Nel 2010 l'EFSA aveva pubblicato l'analisi dell'indagine di riferimento sulla prevalenza di *Campylobacter* nelle partite e nelle carcasse di polli da carne [13] 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 concludendo 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 pollo [14], si stabiliva che la manipolazione, la preparazione e il consumo di carne di polli da carne fossero all'origine del 20-30 % dei casi di campilobatteriosi nell'uomo.

La principale conclusione dell'analisi è stata appunto la predisposizione di un criterio di igiene di processo per il *Campylobacter* nelle carcasse di polli da carne con l'obiettivo di tenere sotto controllo la contaminazione delle carcasse durante il processo di macellazione. Contemporaneamente sono state previste misure di controllo anche a livello di aziendale. L'EFSA ritiene che sarebbe possibile ridurre di oltre il 50 % il rischio per la salute pubblica derivante dal consumo di carne di pollo se le carcasse rispettassero un limite di 1000 cfu/g. Nella Tabella 21 vengono riportati gli isolati di *Campylobacter* risultanti dalle analisi condotte in ambito di controllo ufficiale e di autocontrollo per la valutazione del criterio di igiene di processo nelle carcasse di pollo su campioni di pelle del collo analizzati presso il laboratorio di Sicurezza Alimentare delle sedi di Tolentino e di Fermo.

Tabella 21: Distribuzione degli isolati di <i>Campylobacter</i> di origine veterinaria			
Pelle del collo	TOT. Campioni di pelle analizzati nel 2022	Positività (n> 1000 UFC/g)	Percentuale positività
Lab. Controllo alimenti Tolentino e Fermo	235	97	41,3%

Ringraziamenti:

Si ringraziano i Laboratori Ospedalieri e Privati (di analisi cliniche umane e di analisi alimentari) nonché tutte le sezioni territoriali marchigiane dell'ISUM per aver contribuito alle reti di sorveglianza Enter-Net ed Enter-Vet tramite l'invio dei ceppi batterici.

CRRPE Tolentino

Bibliografia

1. Dati relativi agli isolamenti di batteri enteropatogeni effettuati da casi clinici umani, da campioni di origine animale, alimentare e ambientale nell'anno 2021 nella Regione Marche. Napoleoni M., Staffolani M., Silenzi V., Blasi G., Rocchegiani E.. Sanità Pubblica Veterinaria: Numero 131, Aprile 2022 [<http://www.spvet.it/>] ISSN 1592-1581.
2. Dati relativi agli isolamenti di batteri enteropatogeni effettuati da casi clinici umani, da campioni di origine animale, alimentare e ambientale nell'anno 2020 nella Regione Marche. Napoleoni M., Silenzi V., Staffolani M., Guidi F., Blasi G., Fisichella S., Rocchegiani E.. Sanità Pubblica Veterinaria: Numero 125, Aprile 2021 [<http://www.spvet.it/>] ISSN 1592-1581
3. 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. Napoleoni M., Medici L., Staffolani M., Fisichella S.. Sanità Pubblica Veterinaria: Numero 118, Febbraio 2020 [<http://www.spvet.it/>] ISSN 1592-1581.
4. EFSA (European Food Safety Authority) and ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), 2023. The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2020/2021. EFSA Journal 2023;21(3):7867, 232 pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.7867>
5. Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. Magiorakos AP, Srinivasan A, Carey RB, Carmeli Y, Falagas ME, Giske CG, et al. Clin Microbiol Infect. 2012;18(3):268–281.
6. Campylobacter fetus Infections in Humans: Exposure and Disease. Jaap A. Wagenaar, Marcel A. P. van Bergen, Martin J. Blaser, Robert V. Tauxe, Diane G. Newell, Jos P. M. van Putten. Clinical Infectious Diseases, Volume 58, Issue 11, 1 June 2014, Pages 1579–1586, <https://doi.org/10.1093/cid/ciu085>
7. Rapporti ISTISAN 05, Istituto Superiore di Sanità
8. AR-ISS: sorveglianza nazionale dell'Antibiotico-Resistenza. Dati 2021. Simone Iacchini, Patrizio Pezzotti, Alessandra Caramia, Maria Del Grosso, Romina Camilli, Giulia Errico, Maria Giufrè, Annalisa Pantosti, Francesco Maraglino, Anna Teresa Palamara, Fortunato "Paolo" D'Ancona*, Monica Monaco e il gruppo di lavoro AR-ISS. Rapporti ISS Sorveglianza RIS-1/2022.
9. Su alcuni aspetti della patogenicità di Yersinia enterocolitica. Fabrizio Cattabiani. Ann. Fac. Medic. Vet. di Parma (Vol. XXII, 2002) - pag. 313 - pag. 321
10. <https://www.epicentro.iss.it/seu/vtec>
11. Modulation of AggR levels reveals features of virulence regulation in enteroaggregative E. coli. A. Prieto, M.l Bernabeu, J. F. Sánchez-Herrero, A. Pérez-Bosque, L. Miró, C. Bäuerl, C. Collado, M. Hüttner,

12. EFSA (European Food Safety Authority) and ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), 2016. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2015. *EFSA Journal* 2016; 14(12):4634,231 pp.
13. Analysis of the baseline survey on the prevalence of *Campylobacter* in broiler batches and of *Campylobacter* and *Salmonella* on broiler carcasses in the EU, 2008, Part A: *Campylobacter* and *Salmonella* prevalence estimates. *EFSA Journal* 2010; 8(03):1503. [100 pp.].
14. EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ); Scientific Opinion on Quantification of the risk posed by broiler meat to human campylobacteriosis in the EU. *EFSA Journal* 2010; 8(1):1437. [89 pp.].

	Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche, Via G. Salvemini 1. 06126, Perugia - Italy	
Centralino Istituto	Tel. +39 075 3431 - Fax. +39 075 35047	
Rivista SPVet.it ISSN 1592-1581	Tel. +39 075 343207 e-mail: redazione-spvet@izsum.it; http://spvet.it ; https://indice.spvet.it	
U. R. P.	Tel. +39 075 343223; Fax: +39 075 343289 e-mail: URP@izsum.it	



Dati relativi agli isolamenti di batteri enteropatogeni effettuati da casi clinici umani, da animali, da alimenti e da ambiente nell'anno 2022 nella Regione Marche by Napoleoni et al., 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>.