



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 2021 nella Regione Marche.

Data on isolates of enteric bacteria from human clinical cases, animals, food and environment samples in the year 2021 in Marche Region (Italy)

Napoleoni M.*, Staffolani M., Silenzi V., Blasi G., Rocchegiani E.

* 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 2021 in Marche Region.

A total of 159 *Salmonella* and 45 *Campylobacter* 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 284 *Salmonella* and 26 *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 2020 nella Regione Marche.

Un totale di 159 ceppi di *Salmonella* e 45 ceppi di *Campylobacter* 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 284 ceppi di *Salmonella* e 26 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 01/01/2020 al 31/12/2021

INDICE

INTRODUZIONE **3**

1. ZONOSI A TRASMISSIONE ALIMENTARE: ISOLATI DI ORIGINE UMANA **4**

1.1 *SALMONELLE* DI ORIGINE UMANA 5

1.2 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI *SALMONELLA* DI ORIGINE UMANA 10

1.3 *CAMPYLOBACTER* DI ORIGINE UMANA 13

2. ZONOSI A TRASMISSIONE ALIMENTARE: ISOLATI DI ORIGINE NON UMANA **15**

2.1 *SALMONELLE* DI ORIGINE NON UMANA 16

2.1.1 *SALMONELLE* ISOLATE DA MATRICE ANIMALE 19

2.1.2 *SALMONELLE* ISOLATE DA MATRICE ALIMENTARE 21

2.1.3 *SALMONELLE* ISOLATE DA MATRICE AMBIENTALE 22

2.2 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI *SALMONELLA* DI ORIGINE VETERINARIA (ALIMENTARE, AMBIENTE
VETERINARIO, ANIMALE) 25

2.3 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI *SALMONELLA* DI ORIGINE AMBIENTALE (ACQUA SUPERFICIALE FIUME,
ACQUA SUPERFICIALE LAGO, ACQUA SORGENTE) 27

2.4 *CAMPYLOBACTER* DI ORIGINE NON UMANA 29

3. Bibliografia **30**

Introduzione

Nel corso del **2021** i Laboratori periferici che collaborano con il Centro di Riferimento Regionale Patogeni Enterici (CRRPE) di Tolentino e le sezioni marchigiane dell'IZSUM hanno notificato **517** stipiti batterici di cui **443** appartenenti al genere *Salmonella* e **71** al genere *Campylobacter* (Tab.1). Il numero totale di ceppi di *Salmonella* e *Campylobacter* registrati nel 2021 è di molto inferiore rispetto a quello del 2020 (Tab. 2) tuttavia questa differenza è riconducibile all'episodio tossinfettivo da *S. Enteritidis* del 2020 che ha coinvolto 85 persone e che ha comportato la notifica di 64 ceppi di *Salmonella* di origine clinica (risultanti dalle coproculture di coloro che hanno eseguito l'accertamento diagnostico) e 65 ceppi di origine veterinaria e alimentare (risultanti dai campionamenti eseguiti presso l'allevamento coinvolto e dagli alimenti prelevati).

Tabella 1: Stipiti isolati nel 2021 suddivisi per origine

Stipiti	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	TOTALE
Origine umana	159	45	204
Origine veterinaria	172	26	198
Origine alimentare (alimentazione umana)	89	-	89
Origine alimentare (alimentazione animale)	2	-	2
Origine ambientale (acqua)	21	-	21
Totale	443	71	514

Tabella 2: Stipiti di *Salmonella* spp. e *Campylobacter* spp. isolati nel 2021 e nel 2020

Stipiti	N. 2021	%2021	N. 2020	%2020
<i>Salmonella</i> spp.	443	94,4	678	90
<i>Campylobacter</i> spp.	71	5,86	75	10
Totale	514	100	753	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: Numero di isolamenti distinti per struttura per l'anno 2021			
Laboratorio	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	TOT
AO Ospedali Riuniti Marche Nord sedi di Pesaro e Fano	18	0	18
AV 1 sede di Urbino	16	12	28
AV 2 sede di Senigallia	7	8	15
AV 2 sede di Jesi	19	-	19
AV 2 sede di Fabriano	1	-	1
AOU Ospedali Riuniti Ancona	20	9	30
INRCA Ancona	1	-	1
INRCA Osimo	2	4	6
AV 3 sedi di Civitanova Marche e Macerata	17	4	22
AV 3 sedi di Camerino e San Severino Marche	2	-	2
AV 4 sede di Fermo	17	5	23
AV 5 sedi di Ascoli Piceno e San Benedetto del Tronto	21	1	22
Laboratorio analisi cliniche Clinica Villa Pini (Civitanova Marche)	1	-	1
Laboratorio analisi cliniche Salus-Villalba (Macerata)*	8	1	9
Laboratorio analisi cliniche Biemme (Castelraimondo)*	3	-	3
Laboratorio analisi cliniche Delta (Porto Recanati)*	-	1	1
Laboratorio analisi cliniche CLINICALab (Civitanova Marche)	4	-	4
Qualis Lab - Serroni (Fermo)	1	-	1
Qualis Lab - Ormodiagnostica (Grottammare)	1	-	1
Totale	159	45	207

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

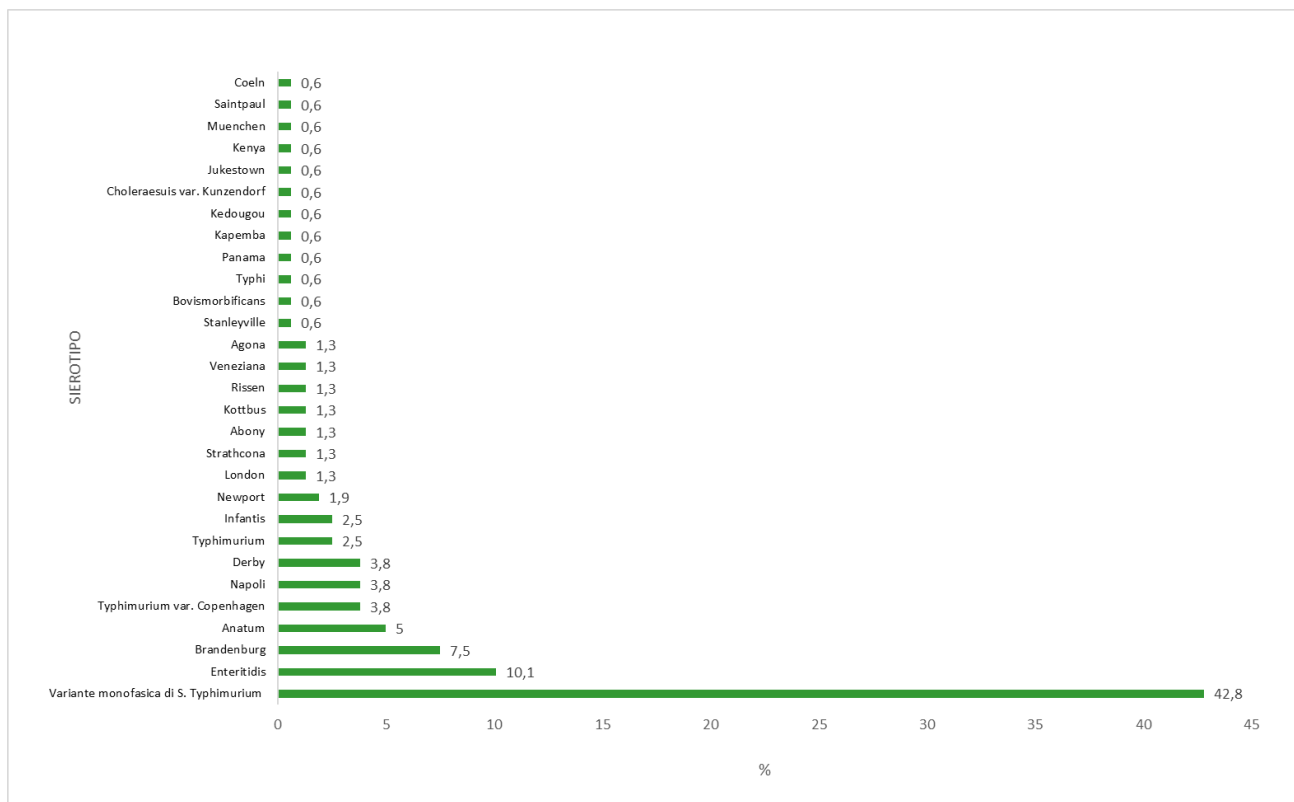
1.1 *Salmonelle* di origine umana

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 2021 e 2020. Il totale indicato è relativo agli isolati risultanti dalle prime coproculture eseguite. Eventuali positività riscontrate in caso di successivi controlli eseguiti dallo stesso paziente (nel 2021 sono stati 18 i ceppi risultanti da secondi e terzi controlli) non sono state conteggiate in questa tabella.

Tabella 4 e Grafico 1

Sierotipo	N.	% 2021	% 2020
Variante monofasica di <i>S.</i> Typhimurium (VMST)	68	42,8	36
Enteritidis	16	10,1	32,4
Brandenburg	12	7,5	2,5
Anatum	8	5	-
Typhimurium var. Copenhagen	6	3,8	-
Napoli	6	3,8	2
Derby	6	3,8	1,6
Typhimurium	4	2,5	8,9
Infantis	4	2,5	2
Newport	3	1,9	-
London	2	1,3	2,5
Strathcona	2	1,3	1,2
Abony	2	1,3	0,4
Kottbus	2	1,3	0,4
Rissen	2	1,3	-
Veneziana	2	1,3	-
Agona	2	1,3	-
Stanleyville	1	0,6	2,5
Bovismorbificans	1	0,6	1,2
Typhi	1	0,6	0,4
Panama	1	0,6	0,4
Kapemba	1	0,6	0,4

Kedougou	1	0,6	0,4
Choleraesuis var. Kunzendorf	1	0,6	-
Jukestown	1	0,6	-
Kenya	1	0,6	-
Muenchen	1	0,6	-
Saintpaul	1	0,6	-
Coeln	1	0,6	-
Bredeney	-	-	0,8
Chester	-	-	0,8
Braenderup	-	-	0,8
Give	-	-	0,4
Litchfield	-	-	0,4
Senftenberg	-	-	0,4
Birkenhead	-	-	0,4
subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 50:i:z	-	-	0,4
subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 50:z:z ₅₂	-	-	0,4
Totale	159	100	100



Per il 2021 il trend relativo al numero di isolamenti di *Salmonella* spp. nella regione Marche è tornato ai livelli degli anni passati dopo il notevole aumento che si era registrato nel 2020 legato al focolaio da *S. Enteritidis* che aveva coinvolto 86 persone. [1]. Si era passati infatti da 100 ceppi tipizzati nel 2016, 135 nel 2017, 142 nel 2018, 163 nel 2019 a un totale di 246 nel 2020.

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. Enteritidis* seguito da *S. Brandenburg*. Quest'ultimo sierotipo si è reso responsabile di un evento tossinfettivo che si è verificato a luglio del 2021 e che ha visto coinvolti 7 bambini e 1 adulto durante una festa di compleanno. Dall'indagine epidemiologica è risultato che tutti i soggetti coinvolti avevano consumato lo stesso alimento, un panino al prosciutto cotto ed in seguito avevano manifestato sintomatologia gastroenterica. Dall'analisi microbiologica della porzione rimanente di prosciutto cotto utilizzata per confezionare i panini è stata isolata la *Salmonella* successivamente tipizzata come *S. Brandenburg*. Le analisi di comparazione genomica tramite cgMLST eseguite grazie al supporto fornito al Centro dal Dipartimento di Malattie Infettive dell'Istituto Superiore di Sanità, hanno permesso di stabilire l'omologia dei ceppi clinici con quello isolato dal prosciutto identificando in quest'ultimo, alimento generalmente non considerato, appunto per la caratteristica procedura di lavorazione, come potenziale veicolo di *Salmonella*, la fonte d'infezione responsabile dei casi clinici.

Rappresentano un aspetto degno di nota i sei 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. Anche quest'anno così come era accaduto già nel 2020 e nel 2019 [1] [2], sono stati tipizzati ceppi di *S. Strathcona*; per questo sierotipo il CRRPE ha ricevuto intorno al mese di ottobre del 2020 una comunicazione da parte del coordinamento Enter-Net dell'ISS che informava dell'allerta lanciata dall'ECDC relativa ad un focolaio in un Paese della comunità europea e di un aumento di circolazione di tale sierotipo anche in Italia con 43 isolati a livello nazionale per il 2019 (negli anni precedenti il numero variava da 1 a 9 isolati massimo) e con già 13 isolati per il 2020. Per questo sierotipo l'andamento nella regione Marche si allinea al trend nazionale considerando che dal 2008 al 2018 non è stato mai registrato alcun caso. Nel 2019 le aree geografiche interessate sono state l'AV 5 nello specifico il territorio dell'ascolano mentre nel 2020 l'AV 4 con il territorio del fermano. I due isolati relativi al 2021 sono stati registrati invece in AV3.

Anche nel 2021 così come nel 2020 e nel 2019 si è registrato un caso di *S. Bovismorbificans* isolata da coprocultura di un neonato di 3 mesi residente in AV2. Nel 2019 l'isolamento era avvenuto a partire da coprocultura di un soggetto straniero di 52 anni in AV4 mentre nel 2020 da tre soggetti di nazionalità italiana, due bambini e un uomo in AV5.

In generale nella regione Marche dal 2002 (anno di istituzione del CRRPE) sono stati registrati isolamenti di *S. Bovismorbificans* 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.

Sicuramente degno di nota è il ceppo relativo a *S. Choleraesuis* var. Kunzendorf isolato da emocoltura di un donna di 63 anni residente a Civitanova Marche ma eseguita presso AOU Ospedali Riuniti di Ancona.

Si tratta del secondo caso verificatosi nella regione Marche dal 2002 (anno di fondazione del CRRPE) dopo quello del 2018, il cui ceppo venne isolato da sangue di un anziano di 80 anni ricoverato presso il reparto di pneumologia dell'Ospedale di Macerata. Il sierotipo *Choleraesuis* così come il sierotipo Dublin e i sierotipi appartenenti alla subspecie *Arizonae* sono principalmente specie-specifici (infettano rispettivamente suino, bovino e rettili in generale) ma occasionalmente possono infettare l'uomo causando manifestazioni proteiformi, inclusa gastroenterite acuta, batteriemia e infezioni extraintestinali che coinvolgono molti organi. Nello specifico il sierotipo *Choleraesuis* è un patogeno adattato dall'ospite che provoca paratifo suino ma è anche altamente patogeno per gli esseri umani causando setticemia con scarso coinvolgimento del tratto intestinale.

Il reservoir di tale sierotipo nei suini desta preoccupazione, non solo a causa del potenziale patogeno nei maiali giovani ma anche a causa delle sue implicazioni per la salute umana.

Dato sicuramente da considerare è rappresentato dal ceppo di *Salmonella* Typhi isolato da emocoltura di un ragazzo di 33 anni di nazionalità straniera. *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.

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. 2021	% 2021	N. 2020	% 2020
< 1	3	1,9	2	0,8
1 - 5	40	25,2	39	15,8
6 - 14	42	26,4	53	21,5
15 - 64	29	18,2	93	37,7
> 64	45	28,3	60	24,3
Non noto	-	-	-	-
Totale	159	100	247	100

Anche quest'anno l'incidenza di casi nella classe di età inferiore a un anno è molto bassa. Considerevole invece il numero di casi nella classe 1-5 e sovrapponibile ai numeri registrati nelle classi 6-14 e > 64. La fascia di età 15-64 quest'anno è la meno rappresentata nonostante l'ampio range temporale che la caratterizza.

Tabella 6: Matrici di isolamento				
Matrice	N. 2021	% 2021	N. 2020	% 2020
Feci	149	93,7	232	94
Sangue	6	3,8	8	3,2
Urine	1	0,6	3	1,2
Feci e sangue	2	1,3	2	0,8
Feci e urine	1	0,6	-	-
Tampone rettale	-	-	1	0,4
Liquido intra addominale	-	-	1	0,4
Totale	159	100	247	100

Come indicato nella Tabella 6, la quasi totalità dei ceppi di *Salmonella* è stata isolata da feci, ad eccezione di 10 campioni isolati da diversa matrice.

Per quanto riguarda i 6 ceppi isolati da sangue, sono riconducibili rispettivamente a Variante monofasica di *Salmonella* Typhimurium, a *S. Typhi*, a *S. Napoli*, a *S. Enteritidis*, a *S. Choleraesuis* var. Kunzendorf e a *S. Stanleyville*.

L'unico ceppo isolato da urinocoltura è riconducibile a *S. Veneziana*; i ceppi isolati contemporaneamente da feci e da sangue sono riconducibili a *S. Enteritidis* e a *S. Panama* mentre quello isolato sia da feci che da urine a *S. Newport*.

Per quanto riguarda le percentuali di ospedalizzazione e non (Tabella 7), in 9 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 comunque una percentuale notevole sul totale.

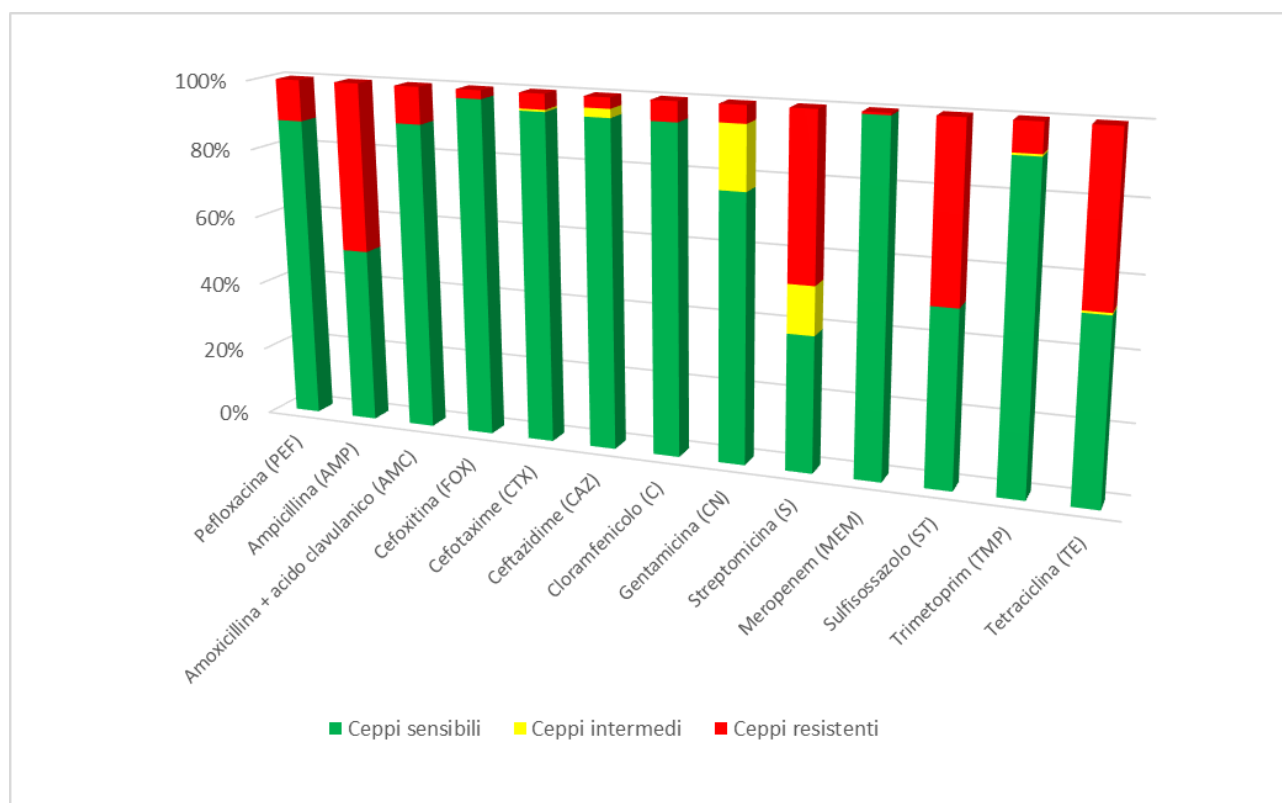
Tabella 7: Ospedalizzazione				
Ospedalizzazione	N.2021	% 2021	N.2020	% 2020
Sì	67	42.1	66	26,7
No	83	52.2	166	67,2
Non noto	9	5.7	15	6,1
Totale	159	100	247	100

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

Tutti i ceppi di *Salmonella* di origine umana pervenuti al CRRPE (Tabella 8) 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, 31th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2021*).

Tabella 8 e Grafico 2: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=159)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	88,1	-	11,9
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	50,9	-	49,1
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	89,3	-	10,7
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	97,5	-	2,5
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	95	0,6	4,4
Ceftazidime (CAZ)	94,4	2,5	3,1
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	94,3	-	5,7
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	76,8	18,2	5
Streptomicina (S)	39	13,8	47,2
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	99,4	-	0,6
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	50,3	-	49,7
Trimetoprim (TMP)	91,2	0,6	8,2
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	52,2	0,6	47,2



Secondo i dati del report congiunto EFSA-ECDC sull'antibiotico-resistenza dei batteri zoonotici e indicatori nell'uomo, animali e alimenti, relativo al periodo 2018-2019 nei 28 Stati Membri e pubblicato ad aprile 2021 [3], la salmonellosi si conferma un'infezione in gran parte resistente agli antibiotici comunemente usati nell'uomo e negli animali.

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 2021, il primo sierotipo isolato da fonte umana.

A livello europeo la resistenza della *Salmonella* ad Ampicillina, Sulfamidici e Tetracicline è risultata elevata (>20%), nello specifico in Italia tali resistenze hanno riguardato il 68-72% degli isolati clinici totali. Ciò ha comportato l'inefficacia terapeutica a seguito dell'utilizzo di questi antibiotici in circa un caso su tre di infezione [3]. Il trend della regione Marche, come è possibile osservare, si allinea perfettamente ai dati europei e nazionali.

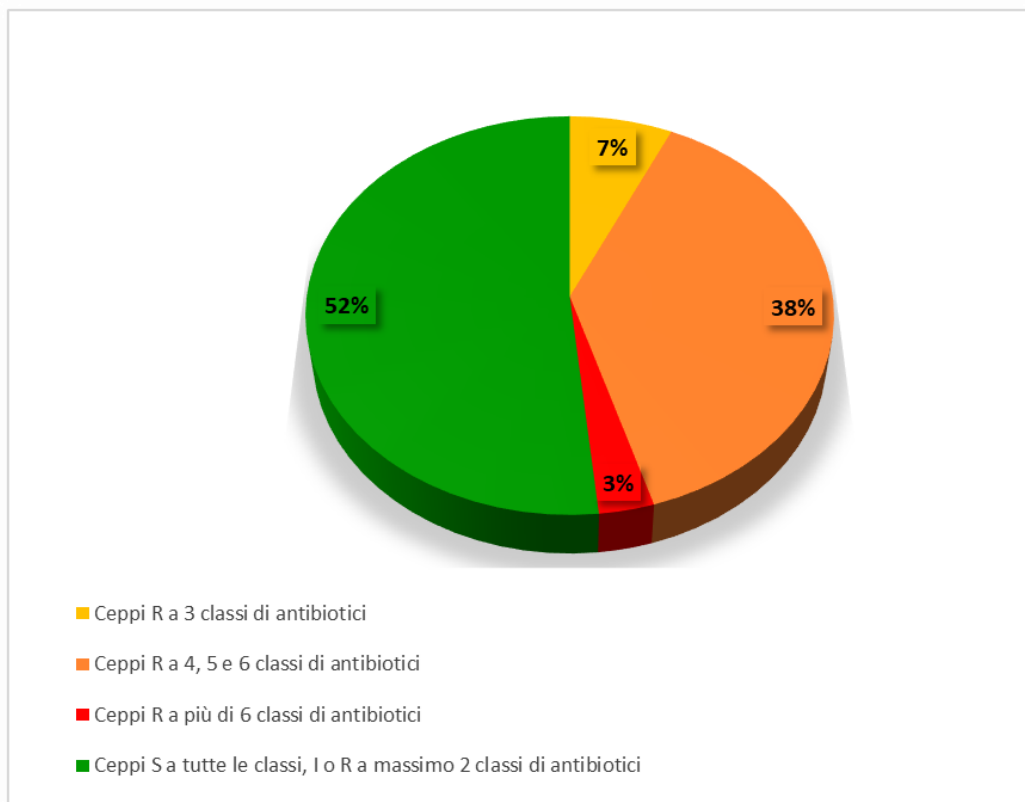
Al contrario la resistenza alle cefalosporine di terza generazione Cefotaxime e Ceftazidime, sempre a livello europeo, è risultata bassa (<10%). In Italia ha riguardato meno del 2% degli isolati umani e meno del 5% degli isolati di origine animale [3]. Anche in questo caso la situazione della regione Marche è sovrapponibile a quella europea e nazionale. I sierotipi che a livello regionale hanno presentato resistenza alle cefalosporine di terza generazione sono stati *S. Infantis*, VMST, *S. Typhi* e *S. Enteritidis*.

Per quanto riguarda l'aspetto della multiresistenza, a livello europeo il 25% degli isolati di origine umana è risultato tale, con picchi del 74% negli isolati di Variante monofasica di *S. Typhimurium*.

Per quanto riguarda le Enterobatteriacee, si considera multi-resistente (MDR multidrug-resistant) sulla base della definizione pubblicata dall'ECDC nel 2011 [4], 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 2021 suddivisi per il numero di classi antibiotiche a cui sono risultati resistenti su un totale di 9 categorie antibiotiche testate. Come si può osservare, 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



1.3 *Campylobacter* di origine umana

Per quanto riguarda gli isolamenti di *Campylobacter* di origine umana, nel 2021 sono pervenuti al CRRPE un totale di 45 ceppi (Tabella 9).

Riguardo la loro distribuzione per classi di età, è possibile notare come per il 2021 a differenza del 2020 si sia verificata una diminuzione dei casi tra le classi 6-14 e >64 (Tabella 10).

La matrice di isolamento ha riguardato in 44 casi il campione feci e in un solo caso la matrice sangue mentre l'ospedalizzazione si è resa necessaria nel 33,3 % dei casi (Tabelle 11 e 12).

Tabella 9: Distribuzione degli isolati di <i>Campylobacter</i> per laboratorio di origine e per specie						
Laboratorio	<i>Campylobacter</i> jejuni	<i>Campylobacter</i> coli	<i>Campylobacter</i> fetus	<i>Campylobacter</i> jejuni/coli	<i>Campylobacter</i> spp.	TOT
AOU Ospedali Riuniti Ancona	7	1	1	-	-	9
INRCA Osimo	3	1	-	-	-	4
AV 1 sede di Urbino	8	3	-	-	1	12
AV 2 sede di Senigallia	7	1	-	-	-	8
AV 3 sede di Macerata	4	-	-	-	-	4
AV 4 sede di Fermo	4	-	-	1	-	5
AV 5 sedi di Ascoli Piceno e San Benedetto del Tronto	1	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Salus-Villalba (Macerata)	-	1	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Delta (Porto Recanati)	1	-	-	-	-	1
Totale	35	8	1	1	1	45

Da sottolineare l'isolamento di un *Campylobacter fetus*, specie molto meno rara come causa di infezione umana rispetto al *Campylobacter jejuni* e al *Campylobacter coli*. Colpisce principalmente le persone a più alto rischio come gli anziani e gli immunodepressi e quelle con esposizione professionale ad animali infetti e può provocare sindromi intestinali e occasionalmente infezioni sistemiche. In questo caso l'isolamento si è avuto da emocoltura. I serbatoi di *Campylobacter fetus* sono riconducibili a bovini e ovini e i prodotti che da essi derivano rappresentano fonti di infezione per l'uomo. Il *Campylobacter fetus* è raramente isolato da alimenti e questa evidenza potrebbe essere dettata dalla mancanza di metodiche di isolamento microbiologico adatte per il suo rilevamento. Si pensa che la popolazione sia regolarmente esposta a *C. fetus* attraverso alimenti di origine animale, alimenti contaminati in modo crociato e forse altre vie non ancora identificate. L'infezione da *Campylobacter fetus* deve essere sospettata in particolare nei pazienti con malattia febbrile aspecifica immunocompromessi o che potrebbero essere stati esposti in ambito lavorativo a ruminanti [5].

Tabella 10: Distribuzione degli isolamenti umani per classe d'età				
Età (in anni)	N. 2022	% 2022	N. 2020	% 2020
≤ 1	1	2,2	3	4,8
2 - 5	6	13,3	6	9,7
6 - 14	8	17,8	18	29
15 - 64	23	51,1	18	29
> 64	7	15,6	17	27,5
Non noto	-	-	-	-
Totale	45	100	62	100

Tabella 11: Matrici di isolamento		
Matrice	N.	% 2021
Feci	44	97,8
Sangue	1	2,2
Totale	45	100

Tabella 12: Ospedalizzazione		
Ospedalizzazione	N.	% 2021
Sì	15	33,3
No	30	66,7
Non noto	-	-
Totale	45	100

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	114	26	140
ARPAM			21
➤ Dipartimento Pesaro	20	-	
➤ Dipartimento Macerata	1	-	
LABORATORI PRIVATI			149
➤ Eco Control (Fermo)	101	-	
➤ Carnj soc. coop. agricola (Cingoli, MC)	43	-	
➤ Intertek (Fermo)	2	-	
➤ UNICAM (Camerino, MC)	3	-	
Totale	284	26	310

Salmonella:

Nel corso dell'anno 2021, il numero totale dei ceppi di *Salmonella* di origine non umana è considerevolmente diminuito rispetto all'anno precedente (431 isolati nel 2020). Tale diminuzione ha riguardato i ceppi batterici isolati da campioni analizzati presso l'IZSUM e prelevati sia in ambito ufficiale che di autocontrollo (205 nel 2020), i ceppi ottenuti dai campionamenti eseguiti in autocontrollo nell'ambito del piano nazionale delle salmonellosi negli avicoli da parte del laboratorio Eco Control (159 nel 2020) e quelli inviati dal laboratorio Intertek (21 nel 2020). Nel 2021 torna come laboratorio partecipante all'invio dei ceppi batterici nell'ambito della rete Enter-Vet, il laboratorio Carnj soc. coop. agricola con 43 isolati.

E' aumentato anche il numero dei ceppi di *Salmonella* inviati dall'ARPAM (10 nel 2020).

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 analizzati presso il laboratorio di Sicurezza Alimentare della sezione di Tolentino nell'ambito della valutazione della presenza di *Campylobacter* come indicatore di igiene di processo sulle carcasse di pollo.

Nello specifico, nel corso del 2021, sono state identificate 26 positività per *Campylobacter* su un totale di 77 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 generalmente suddivisi per origine alimentare (alimentazione umana), animale (feci, organo), ambientale veterinaria (polvere, soprascarpe, tampone da superficie) e ambientale fluviale (acque superficiali, di sorgente e di pozzo). Per il 2021 si è aggiunta anche la categoria "origine alimentare - alimentazione animale: mangime" (Tabella14). Rispetto al 2020, nel 2021 si registra una diminuzione degli isolati di *Salmonella* da matrice alimentare dovuto al minor numero di campioni effettuati nell'ambito delle analisi relative ai controlli ufficiali del Piano Nazionale Alimenti e a quelli in autocontrollo, risultati non conformi.

Per quanto riguarda le matrici animale, ambientale veterinaria e ambientale fluviale, i dati del 2021 indicano un aumento dei ceppi di origine ambientale fluviale e una diminuzione dei ceppi di origine ambientale veterinario, diminuzione riconducibile al minor numero di campioni risultati non conformi nell'ambito delle analisi relative ai controlli ufficiali del Piano Nazionale Salmonellosi negli avicoli e a quelli condotti in autocontrollo.

Tabella 14: Isolati di <i>Salmonella</i> origine non umana distinti per origine				
Origine	N. 2021	% 2021	N. 2020	% 2020
Alimentare (alimentazione umana)	89	31,3	184	42,7
Alimentare (alimentazione animale: mangime)	2	0,7	-	-
Animale	24	8,5	18	4,2
Ambientale veterinario	148	52,1	202	46,9
Ambientale fluviale	21	7,4	10	2,3
Totale	284	100	431	100

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

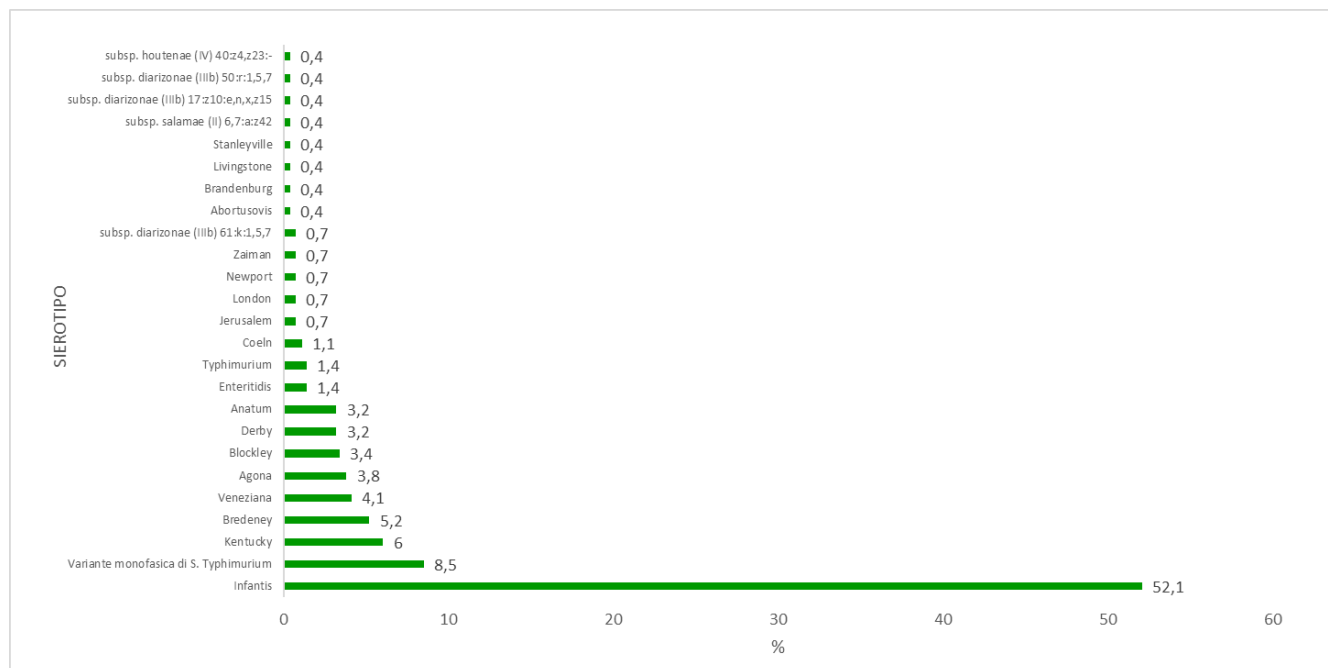
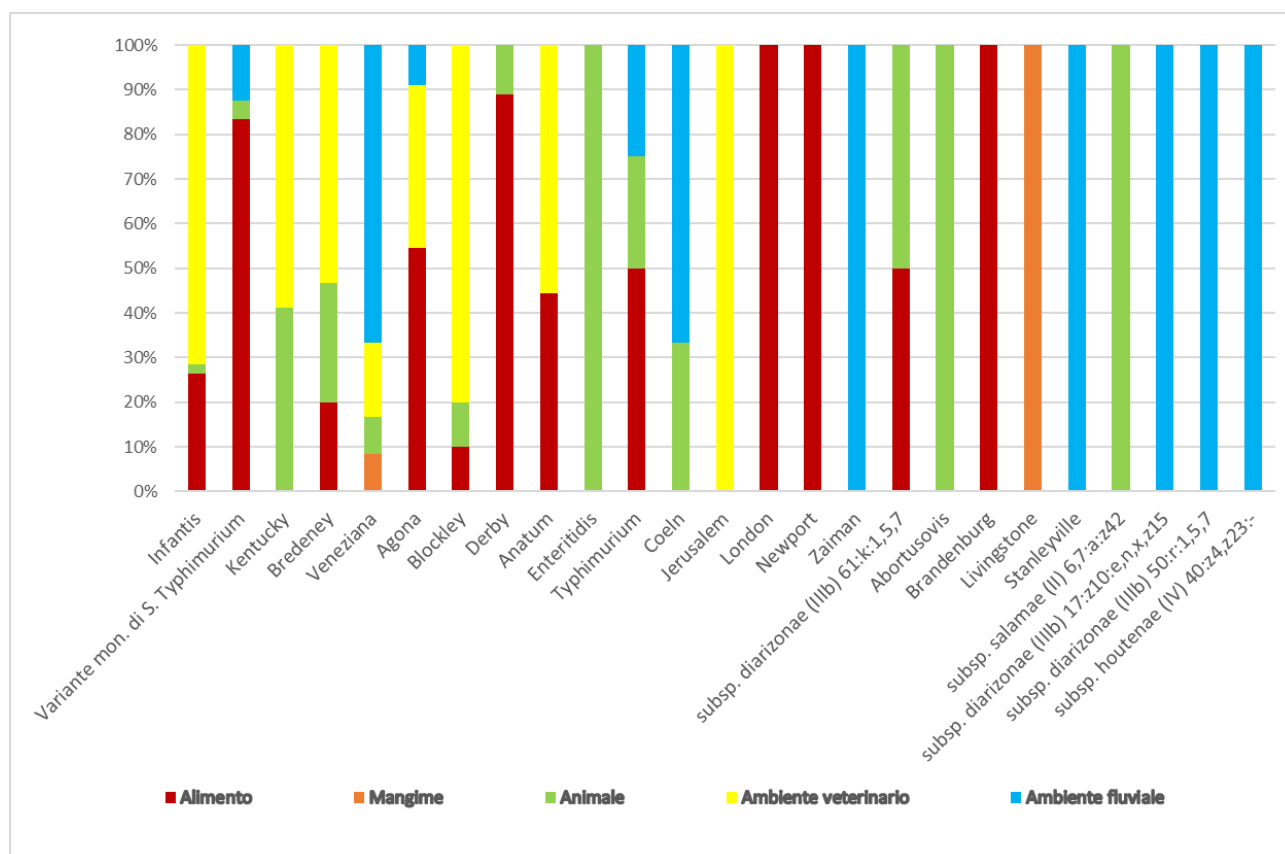


Tabella 15: Distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* di origine non umana per origine

Sierotipo	Alimento	Mangime	Animale	Ambiente veterinario	Ambiente fluviale	N°	%
Infantis	39	-	3	106	-	148	52,1
Variante monofasica di S. Typhimurium (VMST)	20	-	1	-	3	24	8,5
Kentucky	-	-	7	10	-	17	6
Bredeney	3	-	4	8	-	15	5,2
Veneziana	-	1	1	2	8	12	4,1
Agona	6	-	-	4	1	11	3,8
Blockley	1	-	1	8	-	10	3,4
Derby	8	-	1	-	-	9	3,2
Anatum	4	-	-	5	-	9	3,2
Enteritidis	-	-	4	-	-	4	1,4
Typhimurium	2	-	1	-	1	4	1,4
Coeln	-	-	1	-	2	3	1,1
Jerusalem	-	-	-	2	-	2	0,7
London	2	-	-	-	-	2	0,7
Newport	2	-	-	-	-	2	0,7
Zaiman	-	-	-	-	2	2	0,7

subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 61:k:1,5,7	1	-	1	-	-	2	0,7
Abortusovis	-	-	1	-	-	1	0,4
Brandenburg	1	-	-	-	-	1	0,4
Livingstone	-	1	-	-	-	1	0,4
Stanleyville	-	-	-	-	1	1	0,4
subsp. <i>salamae</i> (II) 6,7:a:z ₄₂	-	-	1	-	-	1	0,4
subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 17:z10:e,n,x,z ₁₅	-	-	-	-	1	1	0,4
subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 50:r:1,5,7	-	-	-	-	1	1	0,4
subsp. <i>houtenae</i> (IV) 40:z4,z ₂₃ :-	-	-	-	-	1	1	0,4
Totale	89	2	27	145	21	284	100

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

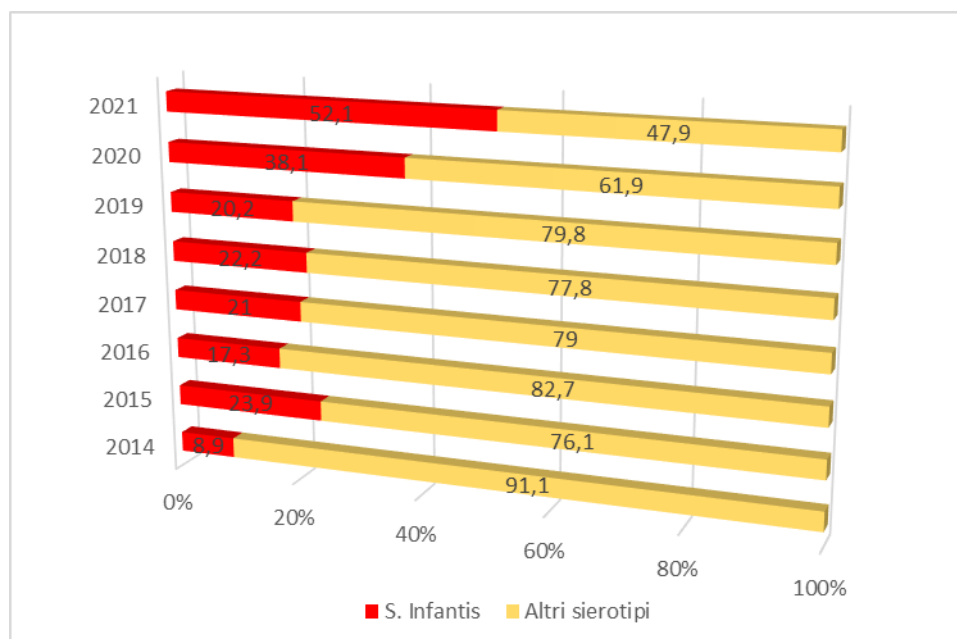


Anche nel 2021 così come nel 2020, è presente al primo posto tra i sierotipi di *Salmonella* maggiormente tipizzati, la *Salmonella* Infantis (Tabella 15 e Grafico 4).

Per quanto riguarda *S. Infantis*, le frequenze di tale sierotipo sono progressivamente aumentate a partire dal 2014 (Grafico 6) raggiungendo un picco esponenziale nel 2020 con ben 164 ceppi a fronte dei 62 del 2019 [1]. Anche quest'anno così come era stato nel 2020, più del 50% dei ceppi di *S. Infantis* (91 su 148) 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, soprascarpe, feci e polvere campionati, questi ultimi, presso allevamenti di polli da ingrasso.

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



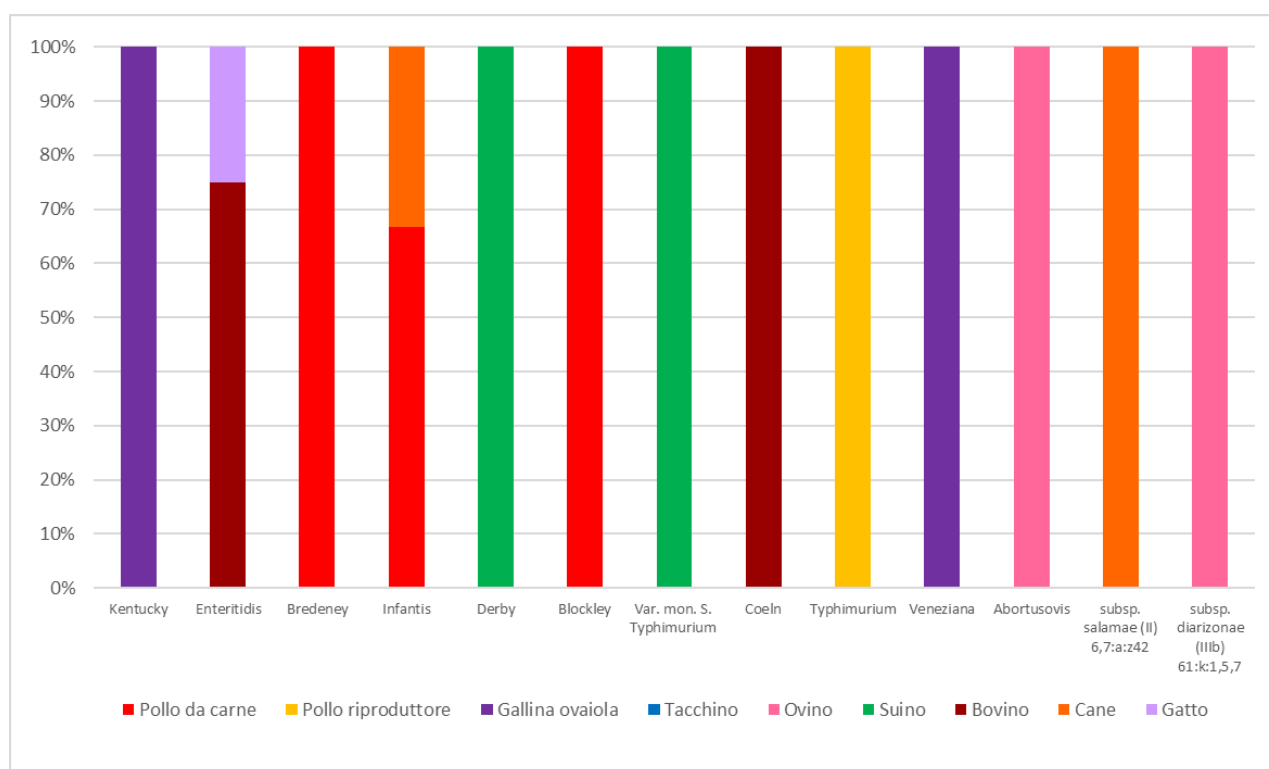
2.1.1 *Salmonelle* isolate da matrice animale

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.

Tabella 16: Distribuzione dei sierotipi per specie animale di origine										
Sierotipo	Pollo da carne	Pollo riproduttore	Gallina ovaioia	Ovino	Suino	Bovino	Cane	Gatto	N.	%
Kentucky	-	-	7	-	-	-	-	-	7	25,9
Enteritidis	-	-	-	-	-	3	-	1	4	14,8
Bredeney	4	-	-	-	-	-	-	-	4	14,8
Infantis	2	-	-	-	-	-	1	-	3	11,1
Derby	-	-	-	-	1	-	-	-	1	3,7
Blockley	1	-	-	-	-	-	-	-	1	3,7
Var. mon. <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	-	-	-	-	1	-	-	-	1	3,7
Coeln	-	-	-	-	-	1	-	-	1	3,7

Typhimurium	-	1	-	-	-	-	-	-	1	3,7
Veneziana	-	-	1	-	-	-	-	-	1	3,7
Abortusovis	-	-	-	1	-	-	-	-	1	3,7
subsp. <i>salamae</i> (II) 6,7:a:z ₄₂	-	-	-	-	-	-	1	-	1	3,7
subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 61:k:1,5,7	-	-	-	1	-	-	-	-	1	3,7
Totale	7	1	8	2	2	4	2	1	27	100

Grafico 7: Distribuzione dei sierotipi per specie animale di origine



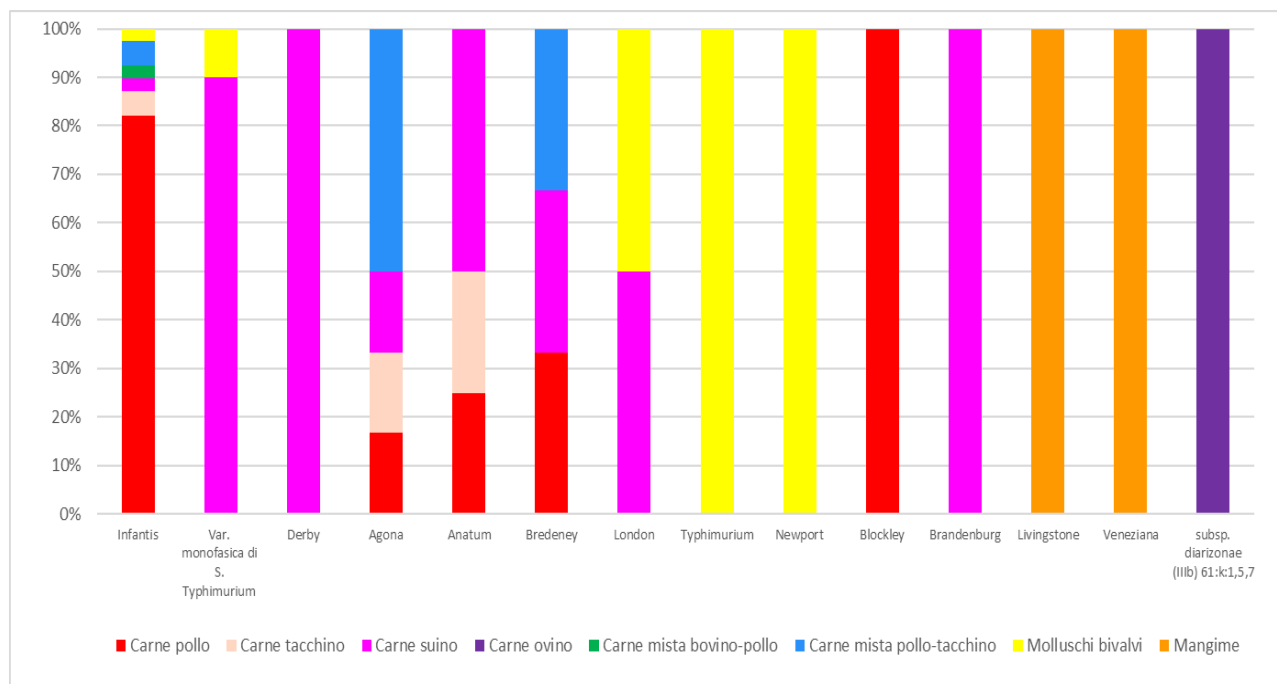
Nessuna anomalia per quanto riguarda le associazioni sierotipo-specie di origine di isolamento riscontrate ma solo conferme del particolare adattamento di alcuni sierotipi per determinate specie animali come *S. Kentucky* per la gallina ovaioia, *S. Infantis* per il pollo da carne e subsp. *diarizonae*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

Sierotipo	carne pollo	carne tacchino	carne suino	carne ovino	carne mista bovino-pollo	carne mista pollo-tacchino	molluschi bivalvi	mangime	N.	%
Infantis	32	2	1	-	1	2	1	-	39	42,9
Var. mon. <i>S.</i> Typhimurium (VMST)	-	-	18	-	-	-	2	-	20	22
Derby	-	-	8	-	-	-	-	-	8	8,8
Agona	1	1	1	-	-	3	-	-	6	6,6
Anatum	1	1	2	-	-	-	-	-	4	4,4
Bredeney	1	-	1	-	-	1	-	-	3	3,3
London	-	-	1	-	-	-	1	-	2	2,2
Typhimurium	-	-	-	-	-	-	2	-	2	2,2
Newport	-	-	-	-	-	-	2	-	2	2,2
Blockley	1	-	-	-	-	-	-	-	1	1,1
Brandenburg	-	-	1	-	-	-	-	-	1	1,1
Livingstone	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1,1
Veneziana	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1,1
subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 61:k:1,5,7	-	-	-	1	-	-	-	-	1	1,1
Totale	36	4	33	1	1	6	8	2	91	100

Grafico 8: Distribuzione dei sierotipi per matrice alimentare

Rispetto al 2020 [1], nel 2021 il numero di stipiti isolati da matrici alimentari è notevolmente diminuito passando da 184 a 89. La carne di pollo e di suino (i ceppi relativi alla matrice carne di suino includono anche quelli derivati da spugne eseguite su carcassa di suino) risultano essere le matrici alimentari da cui deriva il maggior numero di isolati; i sierotipi maggiormente diffusi sono la *S. Infantis* e la *S. Variante monofasica di Salmonella Typhimurium* che rappresentano i sierotipi peculiari rispettivamente nel pollo e nel suino.

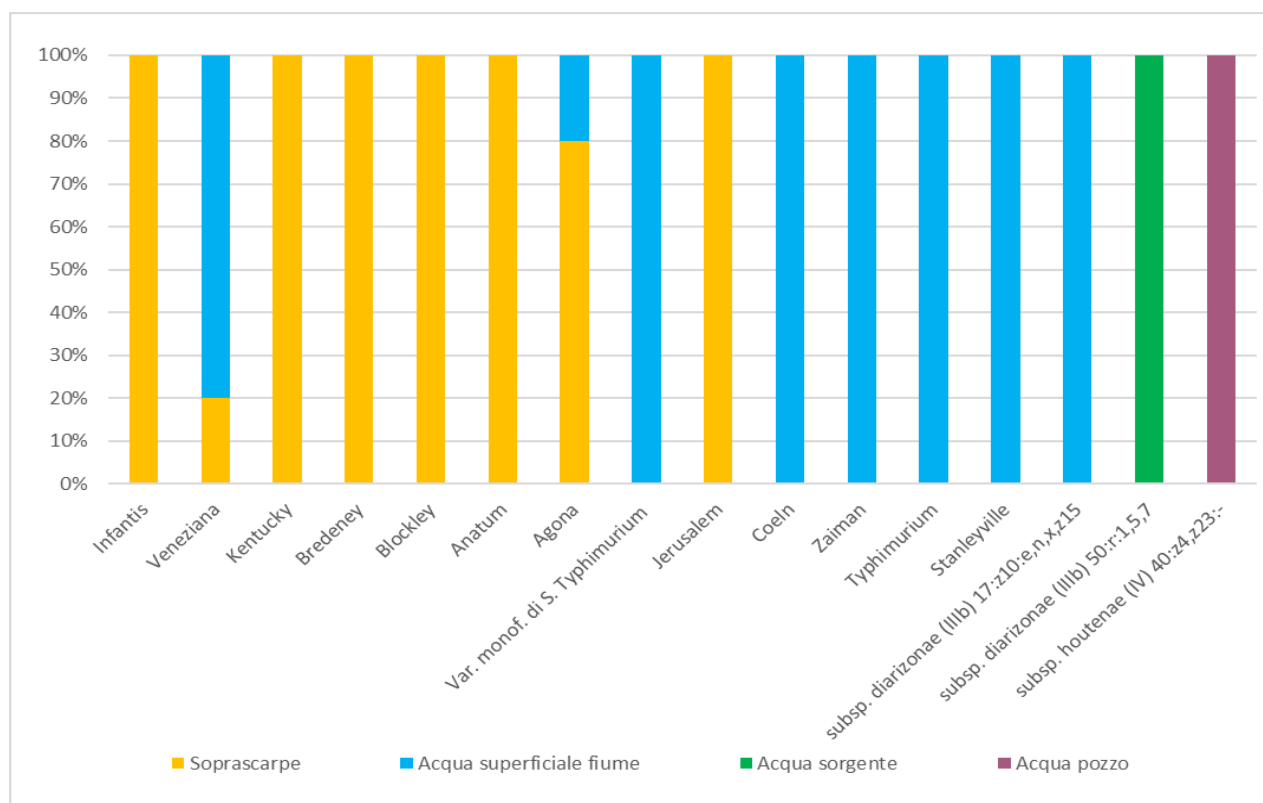
2.1.3 *Salmonelle* isolate da matrice ambientale

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	acqua superficiale di fiume	acqua di sorgente	acqua di pozzo	N.	%
Infantis	106	-	-	-	106	64,2
Veneziana	2	8	-	-	10	6,1
Kentucky	10	-	-	-	10	6,1
Bredeney	8	-	-	-	8	4,8

Blockley	8	-	-	-	8	4,8
Anatum	5	-	-	-	5	3
Agona	4	1	-	-	4	2,4
Var. mon. <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	-	3	-	-	3	1,8
Jerusalem	2				2	1,2
Coeln	-	2	-	-	2	1,2
Zaiman	-	2	-	-	2	1,2
Typhimurium	-	1	-	-	1	0,6
Stanleyville	-	1	-	-	1	0,6
subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 17:z10:e,n,x,z15	-	1	-	-	1	0,6
subsp. <i>diarizonae</i> (IIIb) 50:r:1,5,7	-	-	1	-	1	0,6
subsp. <i>houtenae</i> (IV) 40:z4,z23:-	-	-	-	1	1	0,6
Totale	145	19	1	1	166	100

Grafico 9: Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale



Al primo posto in frequenza compare la *S. Infantis* con 106 ceppi seguita da *S. Veneziana* e *S. Kentucky* rispettivamente con 10 ceppi; tutti i ceppi di *S. Infantis* sono stati isolati in allevamenti avicoli a conferma dell'adattamento di tale sierotipo a questa tipologia di habitat. Rispetto allo scorso anno, i ceppi di *S. Bredeney*

sono notevolmente diminuiti (48 nel 2020) tuttavia anche quest'anno il loro isolamento a partire da campioni prelevati dalla produzione primaria avicola, conferma definitivamente l'ingresso di tale sierotipo nella filiera avicola. Seguono i 9 ceppi di *S. Blockley*, sierotipo notoriamente associato all'ambiente avicolo ed infatti isolato a partire da campioni di soprascarpe eseguiti in allevamento.

Da segnalare le due positività per *S. Jerusalem* isolata in entrambi i casi da campioni di soprascarpe prelevati presso allevamenti biologici di polli da carne il cui riscontro è stato oggetto di collaborazione con l'Università di Zurigo, Facoltà di Vetsuisse, Dipartimento di patologie aviare e del coniglio [6].

Nel 2019 il Centro di Riferimento Nazionale Svizzero per i batteri Enteropatogeni aveva già identificato il raro sierotipo *S. Jerusalem* da campioni di mangime di soia biologica mentre nel luglio 2020, il sistema di allerta rapido dell'Unione europea per alimenti e mangimi aveva pubblicato una notifica del rilevamento di *S. Jerusalem* in partite di pannello di soia prodotte in Italia. Nel corso del 2020 venivano segnalate sette positività per *S. Jerusalem* registrate presso sette differenti allevamenti di pollame in sei cantoni della Svizzera, fornendo ulteriori prove a supporto di un possibile focolaio. Tramite sequenziamento dell'intero genoma (Whole Genome Sequencing, WGS), i ceppi di *S. Jerusalem* isolati da mangime e animali in Svizzera sono stati comparati con i due sopracitati ceppi isolati da soprascarpe prelevati presso allevamenti biologici di polli da carne nella nostra regione permettendo di stabilirne l'appartenenza allo stesso sequence type ST1028 e una correlazione molto stretta dal punto di vista filogenetico. Questo focolaio ha confermato il rischio di diffusione di *Salmonella* attraverso i mangimi e ha sottolineato la necessità di applicare sempre un processo di trattamento termico per gli stessi anche nella produzione di mangime biologico per il quale a volte è previsto solo un trattamento a base di acidi organici.

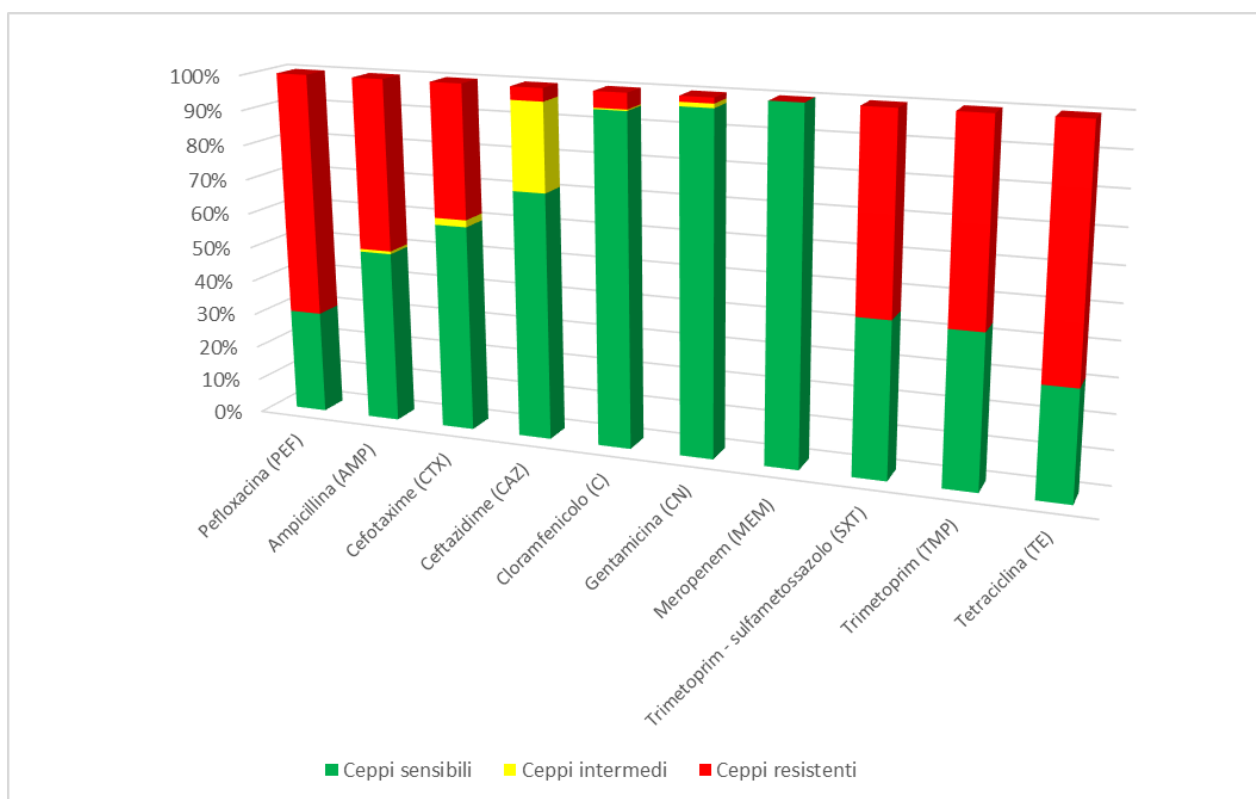
2.2 Antibiotico-resistenza nei ceppi di *Salmonella* di origine veterinaria (alimentare, ambiente veterinario, animale)

Visto il considerevole numero di *Salmonelle* isolate solo in ambiente veterinario nell'ambito della produzione primaria avicola (feci e sovrascarpe per un totale di 157 ceppi) registrato nel 2021, 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, 31th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2021*) solo alcuni di tali 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 tipologia di 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 245 ceppi dei quali 143 provenienti dalla produzione primaria e 102 isolati da matrice alimentare e animale.

Tabella 19 e Grafico 10: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=245)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	29,8	-	70,2
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	49,8	0,8	49,4
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	59,6	2	38,4
Ceftazidime (CAZ)	71	25,3	3,7
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	95,1	0,4	4,5
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	97,2	1,2	1,6
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	-
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Trimetoprim - sulfametossazolo (SXT)	44,5		55,5
Trimetoprim (TMP)	43,7		56,3
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	31,4		68,6



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 Pefloxacin.

Secondo il report EFSA-ECDC in Italia [3], in ambito veterinario, per quanto riguarda l'ambiente avicolo e nello specifico il pollo da carne (broiler), i ceppi di *Salmonella* isolati presentano elevata resistenza ai Sulfonamidi, Tetracicline, Cefalosporine di terza generazione (24%) e Fluorochinoloni.

Altrettanto critica è la situazione negli allevamenti di tacchini a partire dai quali si isolano ceppi di *Salmonella* che presentano oltre alle resistenze sopra descritte, livelli di resistenza all'Ampicillina ancora più alti di quelli riscontrati nei confronti dei Sulfonamidi.

In riferimento ai dati della regione Marche, la maggior parte delle resistenze a queste classi di antibiotici è stata riscontrata nei ceppi isolati dall'ambiente avicolo e nello specifico dagli allevamenti di broiler.

Per quanto riguarda le Cefalosporine e i Fluorochinoloni, il numero elevato di resistenze relative rispettivamente al Cefotaxime (CTX) e alla Pefloxacin (PEF), è riconducibile al considerevole numero di ceppi di *Salmonella* Infantis ESBL isolati a partire da matrice animale e alimentare di origine avicola.

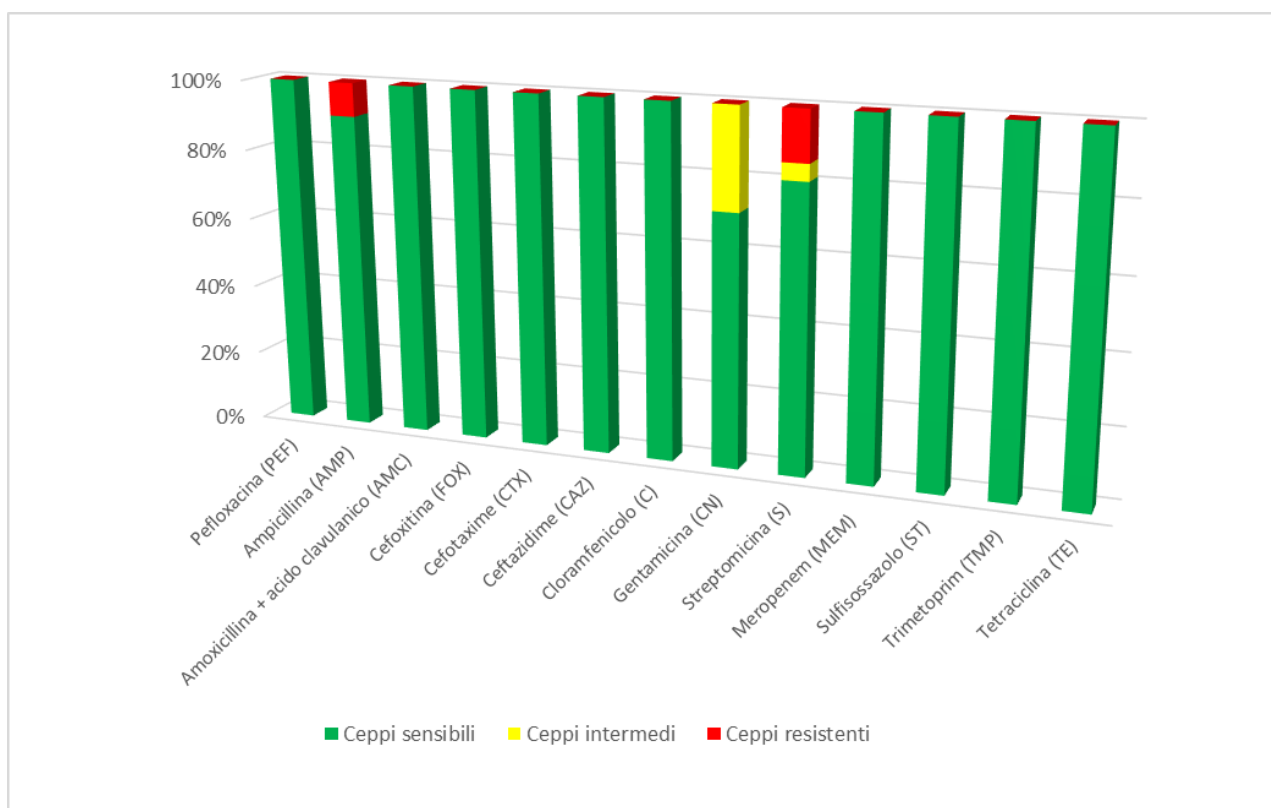
Anche nel 2021 non si è registrata alcuna resistenza ai Carbapenemi nei ceppi di origine animale in linea con quanto riportato nel report EFSA-ECDC.

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

Tutti i ceppi di *Salmonella* di origine acquatica 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*, 31th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2021).

Tabella 20 e Grafico 11: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=21)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacin (PEF)	100	-	-
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	90,5	-	9,5
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	100	-	-
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	100	-	-
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	100	-	-
Ceftazidime (CAZ)	100	-	-
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	100	-	-
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	71,4	28,6	-
Streptomycin (S)	81	4,7	14,3
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 il 23,8% del totale dei ceppi è risultato resistente 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 come illustrato precedentemente, 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 sanificate, nei corsi d'acqua. La diffusione di geni di resistenza agli antibiotici in 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

Tredici i ceppi di *Campylobacter* spp. isolati nel corso del 2021 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 [5] 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 [6] 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 polli da carne [7], 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 del 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 polli da carne 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 di pollo analizzati presso il laboratorio di Sicurezza Alimentare della sezione di Tolentino.

Tabella 21: Distribuzione degli isolati di <i>Campylobacter</i> di origine veterinaria			
Pelle del collo	TOT. Campioni di pelle analizzati nel 2021	Positività	Percentuale positività
Lab. Controllo alimenti Tolentino	71	26	36,6%

Ringraziamenti:

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

CRRPE Tolentino

3. 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., Silenzi V., Staffolani M., Blasi G., Fisichella S., Rocchegiani E.. Sanità Pubblica Veterinaria: Numero 125, Aprile 2021 [<http://www.spvet.it/>] ISSN 1592-1581.
2. 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.
3. EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control), 2021. The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2018/2019. EFSA Journal 2021;19(4):6490, 179 pp.<https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6490>ISSN:1831-4732
4. 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.
5. 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>
6. Feedborne Salmonella enterica serovar Jerusalem outbreak in different organic poultry flocks in Switzerland and Italy linked to soya expeller. Jule Anna Horlbog, Roger Stephan, Marc J. A. Stevens, Gudrun Overesch, Sonja Kittl, Maira Napoleoni, Valentina Silenzi, Magdalena Nüesch-Inderbinen and Sarah Albin. Microorganisms 2021, 9, 1367. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9071367>
7. 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.
8. 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.].
9. 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 2021 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>.