



Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche "Togo Rosati"

Centro di Riferimento Regionale Patogeni Enterici (CRRPE) - Regione Marche

Dati relativi a batteri zoonotici isolati da casi clinici umani, da campioni di origine animale, alimentare e ambientale nell'anno 2023 nella Regione Marche

Data on zoonotic bacteria isolated from human clinical cases, animal, food and environmental samples in the year 2023 in Marche Region

Napoleoni M., Staffolani M., Silenzi V., Beneitez E.E., 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 zoonotic bacteria strains isolated from human, animal, food and environmental origin in the year 2023 in Marche Region.

A total of 281 *Salmonella* spp., 135 *Campylobacter* spp., 6 *Listeria monocytogenes*, 1 *Shigella sonnei*, 1 *Yersinia enterocolitica*, 4 *Escherichia coli* STEC, 5 *Escherichia coli* EAEC, 10 *Escherichia coli* EPEC, 1 *Escherichia coli* ETEC, 1 *Cronobacter sakazakii*, 6 *Aeromonas* spp., 4 *Bacillus cereus*, 1 *Clostridium perfringens* and 3 *Klebsiella pneumoniae*, isolated from cases of human infection, have been sent to CRRPE of Marche region of IZSUM in relation to the Enter-Net surveillance network. At the same time, a total of 1841 *Salmonella* spp. strains and 49 *Campylobacter* spp. strains isolated from non-human cases have been analyzed at CRRPE of Marche region. 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 and on a set of human origin *Campylobacter* strains.

Riassunto. Questo report illustra i dati relativi agli stipiti di batteri zoonotici isolati da origine umana, animale, alimentare e ambientale nell'anno 2023 nella Regione Marche.

Un totale di 281 ceppi di *Salmonella* spp., 135 ceppi di *Campylobacter* spp., 6 ceppi di *Listeria monocytogenes*, 1 ceppo di *Shigella sonnei*, 1 ceppo di *Yersinia enterocolitica*, 4 ceppi di *Escherichia coli* STEC, 5 ceppi di *Escherichia coli* EAEC, 10 ceppi di *Escherichia coli* EPEC, 1 ceppo di *Escherichia coli* ETEC, 1 ceppo di *Cronobacter sakazakii*, 6 ceppi di *Aeromonas* spp., 4 ceppi di *Bacillus cereus*, 1 ceppo di *Clostridium perfringens* e 3 ceppi di *Klebsiella pneumoniae*, isolati da casi di infezione umana, sono pervenuti al CRRPE Marche dell'IZSUM nell'ambito della rete di sorveglianza Enter-Net. Contemporaneamente, in ambito non umano sono stati analizzati presso il CRRPE Marche un totale di 1841 ceppi di *Salmonella* e 49 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 e su una selezione di ceppi di *Campylobacter* di origine umana.

INDICE

INTRODUZIONE	3
1. ZOONOSI A TRASMISSIONE ALIMENTARE: ISOLATI DI ORIGINE UMANA	4
1.1 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE UMANA	7
1.2 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE UMANA	14
1.3 ALLERTE EUROPEE PER <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE CLINICA	17
1.4 CEPPI DI ORIGINE UMANA APPARTENENTI AD ALTRE SPECIE	18
1.5 CEPPI DI <i>CAMPYLOBACTER</i> DI ORIGINE UMANA	22
1.6 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>CAMPYLOBACTER</i> DI ORIGINE UMANA	24
2. ZOONOSI A TRASMISSIONE ALIMENTARE: ISOLATI DI ORIGINE NON UMANA	25
2.1 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE NON UMANA	26
2.1.1 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE ANIMALE	31
2.1.2 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE ALIMENTARE	33
2.1.3 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE AMBIENTALE (VETERINARIA)	35
2.1.4 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE AMBIENTALE (NON VETERINARIA)	37
2.1.5 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE AMBIENTALE (FLUVIALE)	38
2.2 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE VETERINARIA (ALIMENTARE, AMBIENTE VETERINARIO, ANIMALE)	39
2.3 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE AMBIENTALE (ACQUA DI SUPERFICIE)	41
2.4 ALLERTE EUROPEE PER <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE NON CLINICA	43
2.5 CEPPI DI <i>CAMPYLOBACTER</i> DI ORIGINE NON UMANA	44

Introduzione

Nel corso del **2023**, i Laboratori periferici che collaborano con il Centro di Riferimento Regionale Patogeni Enterici (CRRPE) regione Marche e le sezioni marchigiane dell'IZSUM hanno conferito **2349** stipiti batterici al CRRPE. La maggior parte sono rappresentati dal genere *Salmonella* (n=**2122**) e, a seguire, dal genere *Campylobacter* (n=**184**) (Tab.1 e Tab. 2).

Tabella 1: Stipiti isolati nel 2023 nella regione Marche suddivisi per origine

Stipiti	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Listera monocytogenes</i>	<i>Shigella sonnei</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>	<i>Escherichia coli</i> STEC	<i>Escherichia coli</i> EAEC	<i>Escherichia coli</i> EPEC	<i>Escherichia coli</i> ETEC	<i>Cronobacter sakazakii</i>	<i>Aeromonas</i> spp.	<i>Bacillus cereus</i>	<i>Clostridium perfringens</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	TOTALE
Origine umana	281	135	6	1	1	4	5	10	1	1	6	4	1	3	459
Origine veterinaria	50	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	50
Origine alimentare (alimentazione umana)	97	49	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	146
Origine alimentare (alimentazione animale)	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Origine ambientale (veterinaria)	1663	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1663
Origine ambientale (non veterinaria)	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	8
Origine ambientale (acqua)	22	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	22
Totale	2122	184	6	1	1	4	5	10	1	1	6	4	1	3	2349

Tabella 2: Stipiti di *Salmonella* spp. e di *Campylobacter* spp. isolati nel 2023 e nel 2022 nella regione Marche

Stipiti	N. 2023	%2023	N. 2022	%2022
<i>Salmonella</i> spp.	2122	92	1199	87,8
<i>Campylobacter</i> spp.	184	8	167	12,2
Totale	2306	100	1366	100

1. Zoonosi a trasmissione alimentare: isolati di origine umana

Dalla Tabella 3, relativamente alla partecipazione alla rete di sorveglianza Enter-Net (*Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Yersinia* spp., *Shigella* spp., *Vibrio* spp. e *Aeromonas* spp.), si evince come tutte le Strutture Ospedaliere della Regione e un numero significativo di laboratori privati partecipino alla rete di sorveglianza Enter-Net inviando i ceppi di *Salmonella* spp.. Relativamente alla sorveglianza del *Campylobacter* la situazione appare più eterogenea: per quanto riguarda i laboratori ospedalieri, solo 6 procedono all'isolamento colturale del *Campylobacter*, i restanti 10 procedono alla diagnosi mediante test rapidi (9 laboratori con test immunocromatografico e 1 laboratorio con test molecolare). Per quanto riguarda i laboratori privati partecipanti, per il 2023 solamente due hanno inviato isolati batterici di *Campylobacter* spp.. Difficile da stabilire se questo dato sia dovuto alla reale negatività dei campioni testati per *Campylobacter* o alla non ricerca di questo patogeno a seguito di richiesta di coprocultura.

Per quanto riguarda gli altri patogeni attenzionati dalla rete Enter-Net, la loro ricerca e conseguente isolamento, non essendo inclusa nella richiesta dell'esame "coprocultura" (che prevede la ricerca obbligatoria e contemporanea di *Salmonella*, *Shigella* e *Campylobacter*) ma specificata in relazione al quadro clinico o al contesto epidemiologico, risulta essere molto meno frequente.

Tabella 3: isolati di origine umana rete sorveglianza Enter-Net

Laboratorio	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Shigella</i> <i>sonnei</i>	<i>Yersinia</i> <i>enterocolitica</i>	<i>Aeromonas</i> spp.	TOTALE
AST PU Presidio di Pesaro e Fano	13	2	-	-	-	15
AST PU Presidio di Urbino	13	9	-	-	-	22
AST AN Presidio di Senigallia	27	31	-	-	-	58
AST AN Presidio di Jesi	15	4	-	-	-	19
AST AN Presidio di Fabriano	1	-	-	-	-	1
AOU Ospedali Riuniti Ancona	47	14	1	1	-	63
INRCA Ancona e Osimo	8	1	-	-	-	9
AST MC Presidio di Macerata	42	7	-	-	-	56
AST MC Presidio di Civitanova M.		-	-	-	-	
AST MC Presidio di S. Severino M.		6	-	-	-	
AST MC Presidio di Camerino		1	-	-	-	
AST FM Presidio di Fermo	27	19	-	-	1	47
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	41	24	-	-	5	70
Laboratorio analisi cliniche Gamma (Fano, PU)	4	-	-	-	-	4
Laboratorio analisi cliniche BioLab (Montecchio di Vallefoglia, PU)	2	-	-	-	-	2
Laboratorio analisi cliniche Selemar (Urbino)	1	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Scorcelletti (Senigallia, AN)	3	-	-	-	-	3
Laboratorio analisi cliniche del Piano (Ancona)	20	16	-	-	-	36
Laboratorio analisi cliniche AB Ancona	1	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche BIOS (Castelfidardo, AN)	5	-	-	-	-	5
Laboratorio analisi cliniche MZ (Fabriano, AN)	1	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Clinica Villa Pini (Civitanova Marche, MC)	3	1	-	-	-	4
Laboratorio analisi cliniche Salus-Villalba (Macerata)	2	-	-	-	-	2
Laboratorio analisi cliniche Biemme (Castelraimondo, MC)	2	-	-	-	-	2
Laboratorio analisi cliniche Delta (Porto Recanati, MC)	1	-	-	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Qualis Lab-Ormodiagnostica (Grottammare, AP)	2	-	-	-	-	2
Totale	281	135	1	1	6	424

Tabella 4: altri isolati di origine umana

Laboratorio	<i>Listeria monocytogenes</i>	<i>Escherichia coli</i> STEC	<i>Escherichia coli</i> EAEC	<i>Escherichia coli</i> EPEC	<i>Escherichia coli</i> ETEC	<i>Cronobacter sakazakii</i>	<i>Bacillus cereus</i>	<i>Clostridium perfringens</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	TOTALE
AOU Ospedali Riuniti Ancona	3	2	-	2	1	-	-	-	-	8
INRCA Ancona e Osimo	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1
AST FM Presidio di Fermo	1	2	5	8	-	-	-	-	3	19
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	1	-	-	-	-	-	4	1	-	6
Laboratorio analisi cliniche Delta (Porto Recanati, MC)	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
Totale	6	4	5	10	1	1	4	1	3	35

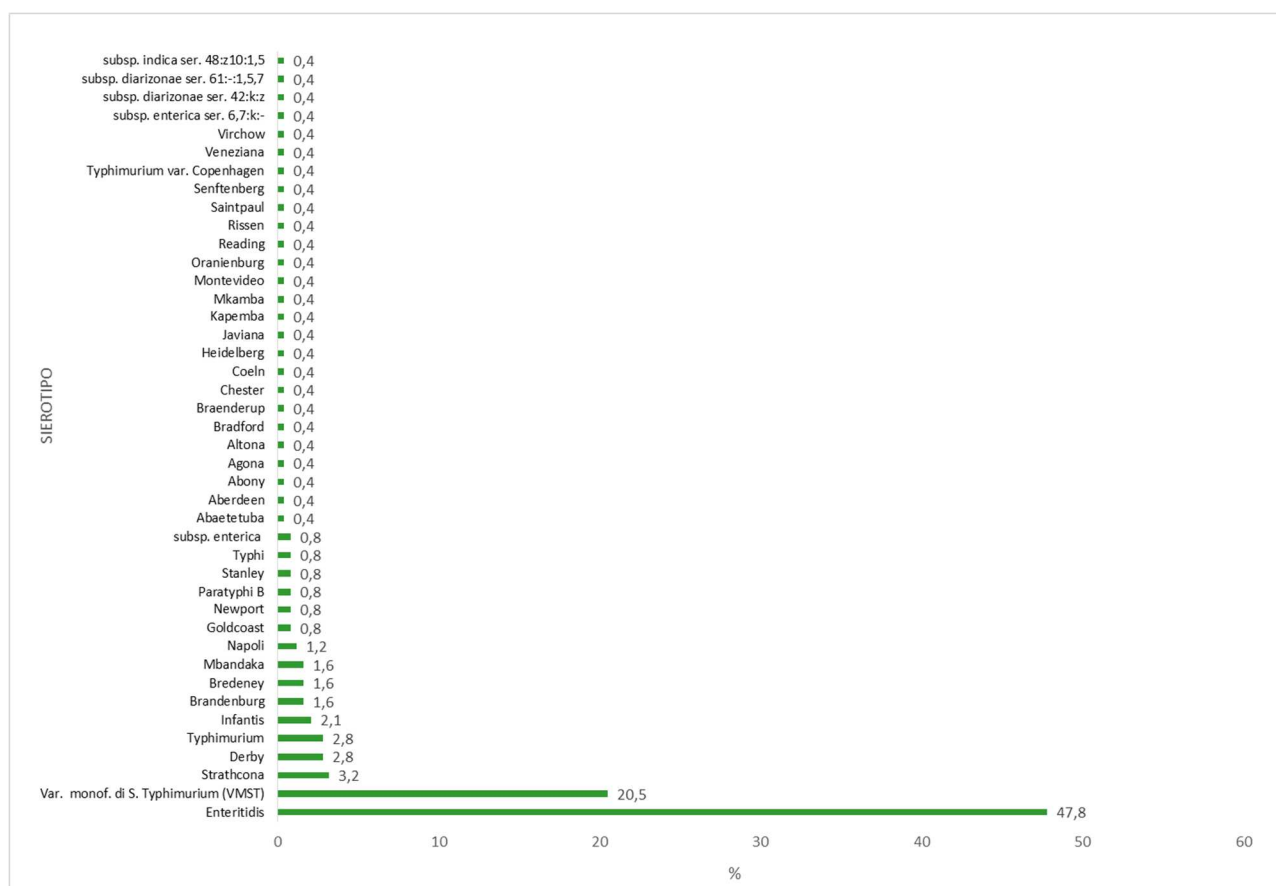
1.1 Ceppi di *Salmonella* di origine umana

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 2023 e 2022. In questa tabella, il totale indicato, relativo al 2023, è rappresentativo dei ceppi isolati a seguito di prima coprocultura. Le positività riscontrate in caso di successivi controlli eseguiti dallo stesso paziente (nel 2023 sono stati 31 i ceppi risultanti da secondi e terzi controlli su un totale di 281 ceppi di *Salmonella* spp. sierotipizzati nel corso del 2023) non sono state conteggiate in questa tabella.

Tabella 4 e Grafico 1

Specie <i>enterica</i>	N. 2023	% 2023	% 2022
Sierotipo			
Enteritidis	119	47,8	28,6
Variante monofasica di <i>S.</i> Typhimurium (VMST)	51	20,5	47,5
Strathcona	8	3,2	0,3
Derby	7	2,8	1,6
Typhimurium	7	2,8	1,9
Infantis	5	2,1	2,8
Brandenburg	4	1,6	2,2
Bredeney	4	1,6	-
Mbandaka	4	1,6	0,3
Napoli	3	1,2	0,9
Goldcoast	2	0,8	0,6
Newport	2	0,8	0,3
Paratyphi B	2	0,8	-
Stanley	2	0,8	-
Typhi	2	0,8	1,6
subsp. <i>enterica</i>	2	0,8	-
Abaetetuba	1	0,4	-
Aberdeen	1	0,4	-
Abony	1	0,4	-

Agona	1	0,4	0,9
Altona	1	0,4	-
Bradford	1	0,4	-
Braenderup	1	0,4	0,3
Chester	1	0,4	0,3
Coeln	1	0,4	0,9
Heidelberg	1	0,4	-
Javiana	1	0,4	-
Kapemba	1	0,4	-
Mkamba	1	0,4	-
Montevideo	1	0,4	-
Oranienburg	1	0,4	-
Reading	1	0,4	-
Rissen	1	0,4	1,3
Saintpaul	1	0,4	0,3
Senftenberg	1	0,4	-
Typhimurium var. Copenhagen	1	0,4	1,3
Veneziana	1	0,4	0,3
Virchow	1	0,4	-
subsp. <i>enterica</i> ser. 6,7:k:-	1	0,4	-
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 42:k:z	1	0,4	-
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 61:-:1,5,7	1	0,4	-
subsp. <i>indica</i> ser. 48:z ₁₀ :1,5	1	0,4	-
Altri sierotipi	15	-	5,8
Totale	250	100	100



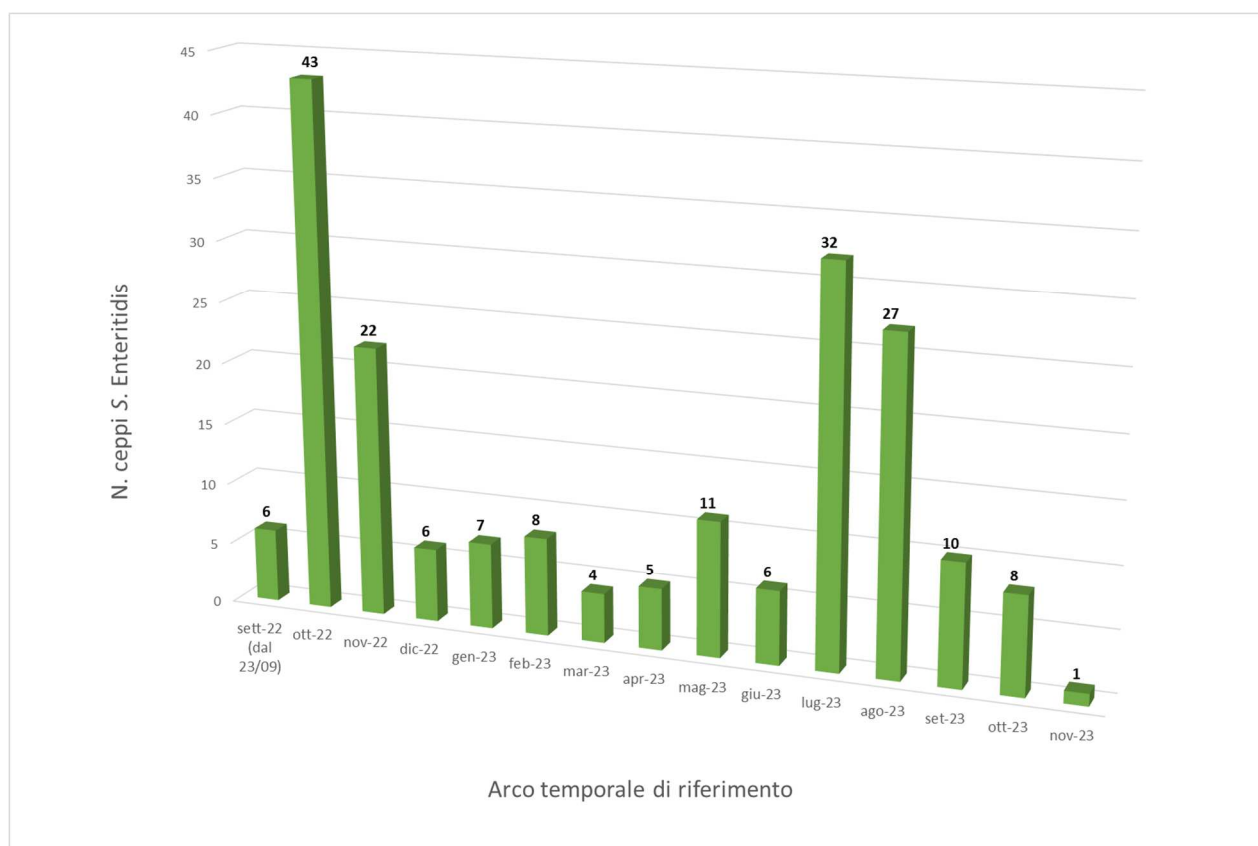
Nel 2023, i primi due sierotipi di *Salmonella* maggiormente riscontrati nella regione Marche sono invertiti rispetto al 2022 (VMST 47,5% e *S. Enteritidis* 28,6%) [1].

Il considerevole aumento di ceppi di origine clinica riferibili a *S. Enteritidis* è da ricondurre a un episodio tossinfettivo che ha coinvolto la popolazione marchigiana su larga scala.

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 Centro di Riferimento Regionale Patogeni Enterici (CRRPE) con sede a Tolentino dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche "Togo Rosati", coordinatore della rete a livello regionale, 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).

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 è indicato nel grafico seguente (Grafico 2).



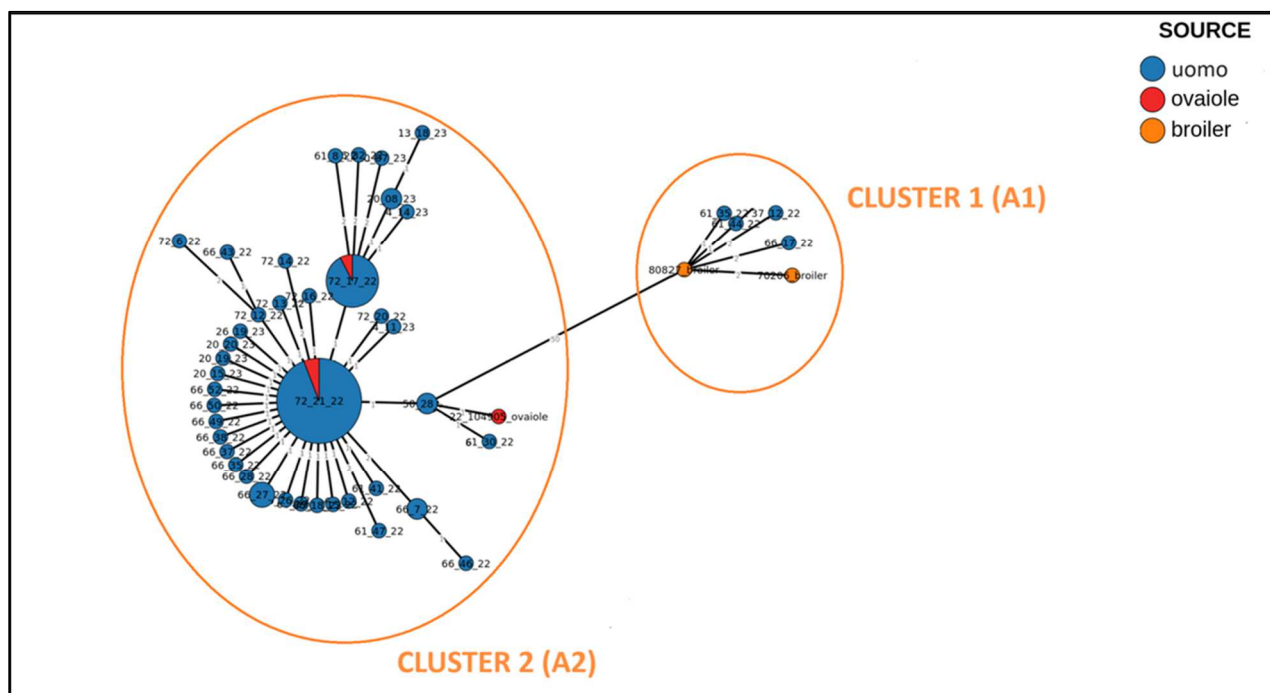
Dalle indagini epidemiologiche condotte dal personale degli Uffici di Igiene e Sanità Pubblica delle varie AST coinvolte per appartenenza territoriale dei casi, è stato possibile concentrare l'attenzione inizialmente sul tiramisù come alimento sospetto e da questo, sulle uova.

Molte delle persone coinvolte infatti hanno riferito il consumo di dolci, pasta e preparati a base di uova. Campioni (feci e sovrascarpe) prelevati presso due allevamenti di galline ovaiole (AST Ancona) e tamponi ambientali eseguiti presso diversi esercizi commerciali individuati a seguito di indagine epidemiologica (pastificio, agriturismo, gelateria/pasticceria, macelleria) (AST Ancona) sono risultati positivi per *S. Enteritidis*. Le analisi genomiche mediante core genome *Multi Locus Sequence Type* (cgMLST) sui ceppi di natura clinica e su quelli isolati rispettivamente da allevamenti di galline ovaiole e da tamponi ambientali hanno consentito di individuare due clusters epidemici contemporanei e distinti (Grafico 3) che condividono lo stesso profilo MLVA (3-10-5-4-1), precedentemente individuato:

- CLUSTER 1 (A1): i ceppi clinici hanno *matching* con il clone di *S. Enteritidis* responsabile dell'epidemia broiler verificatasi nel 2022. Tra i ceppi clinici sequenziati e riferibili a questo cluster (n=5), il più recente in termini di data esecuzione coprocultura è riferibile al 13/10/2022, evidenza questa in linea con la data dell'ultima positività per *S. Enteritidis* in produzione primaria nella regione Marche, riferibile al 17/10/2022
- CLUSTER 2 (A2): i ceppi clinici (n=86) hanno *matching* con i ceppi di *S. Enteritidis* isolati presso due allevamenti dell'AST Ancona (date prelievo 27/10/2022 e 19/04/2023), con i ceppi isolati presso gli esercizi commerciali (pastificio, agriturismo, gelateria/pasticceria, macelleria) dell'AST Ancona. Rientra nel cluster anche un ceppo di *S. Enteritidis* isolato da un allevamento di ovaiole dell'AST

Fermo il 23/06/2022. Tra i ceppi clinici sequenziati (n=86 riferibili a soggetti residenti delle province di Pesaro-Urbino, Ancona, Macerata e Ascoli Piceno) e riconducibili a questo cluster, il più recente in termini di data esecuzione coprocoltura è riferibile al 24/04/2023

Grafico 3: *Cluster analysis* degli isolati di *S. Enteritidis* identificati con colori diversi a seconda dell'origine. I numeri riportati sui bracci indicano le differenze alleliche tra i ceppi batterici



I restanti ceppi di SE non includibili nel CLUSTER 1 (A1) (clone epidemia broiler) (N=5) e nel CLUSTER 2 (A2) (clone da ovaiole) (N=86), sono in totale 118. Di questi:

- 22 sono stati sequenziati ed è tuttora in corso la *cluster analysis*
- 74 non sono stati ancora sequenziati

Rappresentano un dato interessante gli 8 isolati di *S. Strathcona*, sierotipo per il quale nel 2023 è stata diramata un'allerta da parte di un Paese Membro. Il sospetto come fonte di contagio alimentare è ricaduto sui pomodori datterino di origine italiana in virtù del fatto che alcuni dei casi coinvolti fossero da poco rientrati da un viaggio in Italia e di una precedente tossinfezione da *S. Strathcona* verificatasi nel 2011 in Danimarca [2] in occasione della quale tale alimento fu indicato come potenzialmente responsabile, anche se esclusivamente su base epidemiologica. Nelle indagini epidemiologiche degli 8 casi marchigiani, solo uno ha riferito il consumo di pomodori datterini. Contemporaneamente agli isolati clinici, nello stesso arco temporale (agosto - novembre) nella nostra regione tale sierotipo è stato isolato da un campione di vongole analizzate nel contesto della sorveglianza delle acque per la molluschicoltura. I ceppi clinici e il ceppo da vongole sono stati sottoposti a sequenziamento per valutarne l'omologia, anche nei confronti delle sequenze cliniche europee. La *cluster analysis* sta tuttavia riscontrando delle criticità legate al fatto che il

sierotipo Strathcona risulta estremamente conservato in termini di variabilità genetica, ne consegue che tutti i ceppi di *Salmonella* riferibili a tale sierotipo risultino, al sequenziamento, clonali tra di loro a prescindere dalla condivisione di una fonte di origine comune. Date queste caratteristiche intrinseche del sierotipo, le analisi per la definizione di cluster, a seguito della condivisione delle sequenze dei ceppi di Strathcona italiani, inviati dai singoli Centri di Riferimento Regionali al Coordinamento Enter-Net, con l'ECDC e gli altri Stati Membri partecipanti all'investigazione dell'outbreak europeo, sono tuttora in corso.

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. 2023	% 2023	N. 2022	% 2022
< 1	8	3,2	6	1,9
1 - 5	56	22,4	76	23,9
6 - 14	46	18,4	95	29,9
15 - 64	73	29,2	68	21,4
> 64	67	26,8	73	23
Non noto	-	-	-	-
Totale	250	100	318	100

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 *S. Enteritidis* CLUSTER 2 (A2), precedentemente descritto, più della metà dei casi (55 su 86 totali) ha coinvolto bambini di età compresa tra i 5 e i 14 anni.

Tabella 6: Matrici di isolamento				
Matrice	N. 2023	% 2023	N. 2022	% 2022
Feci	226	90,4	299	94
Sangue	15	6	12	3,8
Urine	5	2	4	1,3
Liquido da drenaggio (ascesso splenico)	1	0,4	1	0,3
Bile	1	0,4	-	-
Bronco aspirato	1	0,4	-	-
Tampone ferita	1	0,4	-	-
Feci e sangue	-	-	2	0,6
Totale	250	100	318	100

Come indicato nella Tabella 6, la quasi totalità dei ceppi di *Salmonella* è stata isolata da feci, ad eccezione di 24 campioni isolati da diversa matrice.

Per quanto riguarda i 15 ceppi isolati da sangue, sono riconducibili rispettivamente a *S. Enteritidis* (n=6), a VMST (n=2), a *S. Typhimurium* (n=2), a *S. Strathcona* (n=2), a *S. Typhi* (n=1), a *S. Newport* (n=1), a *S. Chester* (n=1).

I 5 ceppi isolati da urinocoltura sono riconducibili a *S. Braenderup*, *S. Enteritidis*, *S. Infantis*, *S. Strathcona* e a *Salmonella enterica* subspecie *enterica*. I ceppi isolati da liquido da drenaggio di ascesso splenico, da bile, da bronco aspirato e da tampone ferita sono riconducibili rispettivamente a *S. Enteritidis*, alla subspecie *diarizonae* ser. 42:k:z, a *S. Paratyphi B* e alla subspecie *diarizonae* ser. 61:-:1,5,7.

Per quanto riguarda le percentuali di ospedalizzazione e non (Tabella 7), in 26 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 meno della metà del totale dei casi per cui tale informazione è disponibile, a differenza di quanto verificatosi nel 2022.

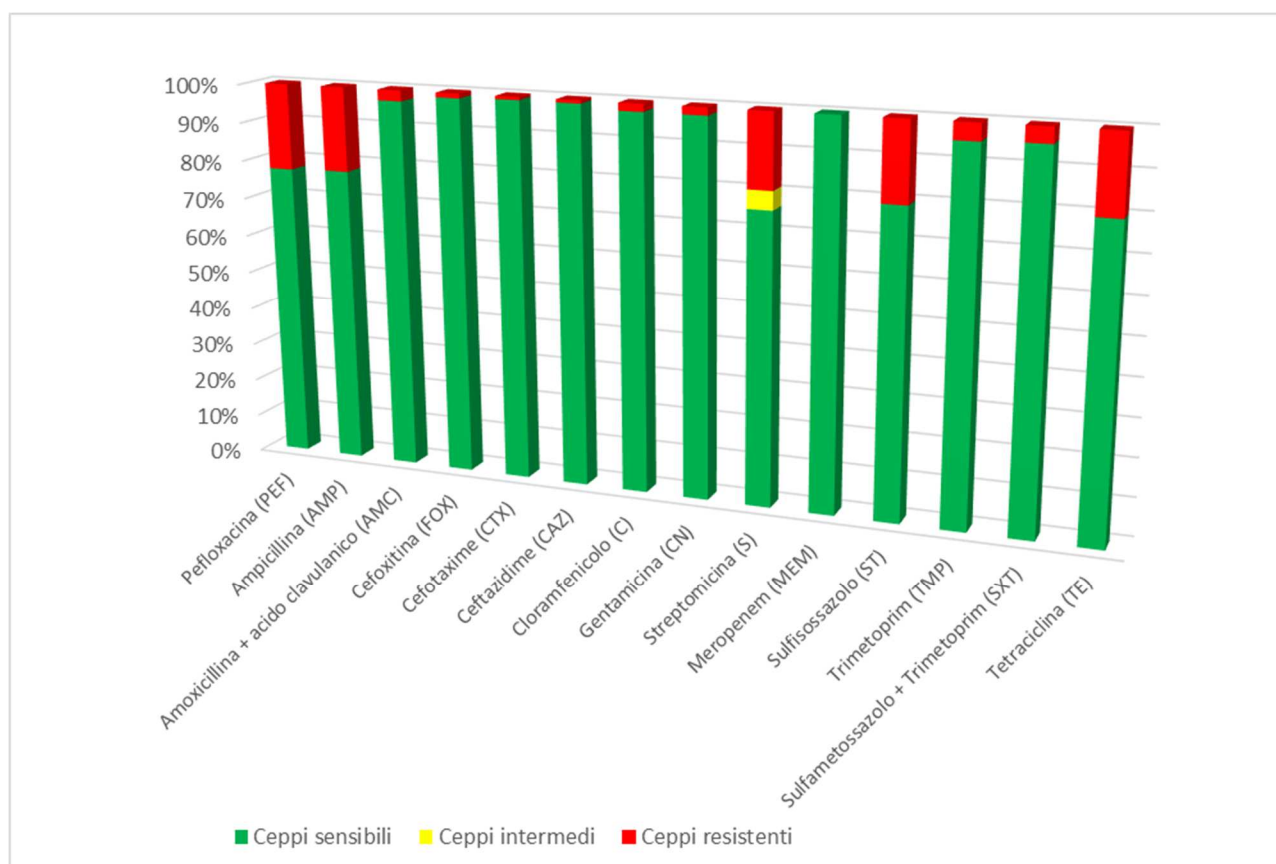
Tabella 7: Ospedalizzazione				
Ospedalizzazione	N.2023	%2023	N.2022	% 2022
Sì	90	36	145	45,6
No	134	53,6	139	43,7
Non noto	26	10,4	34	10,7
Totale	250	100	318	100

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 4) 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, 33th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2023*).

Tabella 8 e Grafico 4: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n ceppi=250)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	77,6	-	22,4
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	78	-	22
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	97,2	-	2,8
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	98,8	-	1,2
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	99,2	-	0,8
Ceftazidime (CAZ)	99,2	-	0,8
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	98	-	2
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	98	-	2
Streptomicina (S)	76	4,8	19,2
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	79,6	-	20,4
Trimetoprim (TMP)	95,6	-	4,4
Sulfametossazolo + Trimetoprim (SXT)	96	-	4
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	80	-	20



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 [3], 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 8 e dal grafico 4 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, per il 2023, il secondo sierotipo isolato da fonte umana nella regione Marche dopo la *S. Enteritidis* (sierotipo responsabile per il 2023 di un focolaio multi-cluster). All'elevato numero di ceppi di *S. Enteritidis* tipizzati per il 2023 si collega l'aumento di incidenza della resistenza per la Pefloxacin, antibiotico che per tale sierotipo è risultato nella maggior parte dei casi, resistente.

Ad eccezione di questa ultima resistenza riferibile al focolaio multi-cluster, il trend della regione Marche, come è possibile osservare, si allinea perfettamente ai dati europei e nazionali.

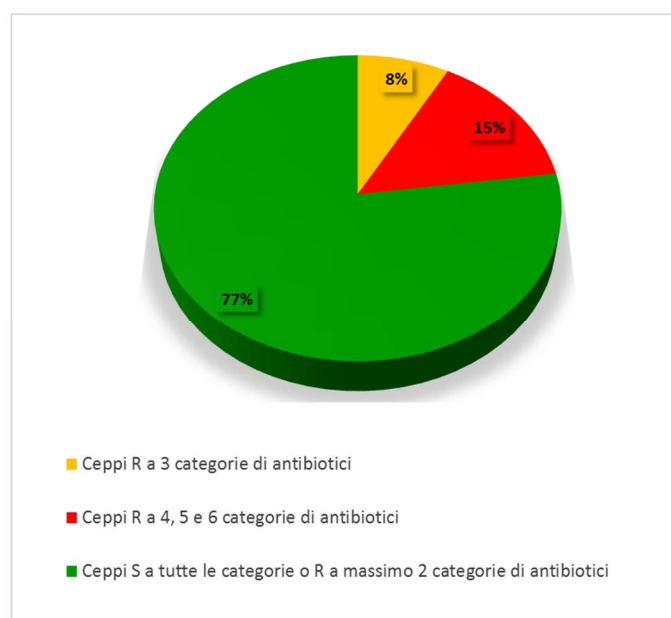
Al contrario, la resistenza alle cefalosporine di terza generazione cefotaxime e ceftazidime, sempre a livello europeo, è risultata bassa negli isolati di origine umana. Anche in questo caso la situazione della regione Marche è sovrapponibile a quella europea e nazionale. L'unico sierotipo che a livello regionale ha presentato resistenza alle cefalosporine di terza generazione è stato la *S. Infantis* (n=1).

Continua ad essere totale, così come a livello europeo, la sensibilità nei confronti dei carbapenemi, classe di antibiotici di ultima istanza per cui qualsiasi dato che evidenziasse resistenza nei loro confronti da parte dei batteri zoonotici, rappresenterebbe motivo di forte preoccupazione.

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 [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 2023 suddivisi per il numero di classi antibiotiche a cui sono risultati resistenti su un totale di 9 categorie antibiotiche testate.

Grafico 5: Percentuali di ceppi MDR su un totale di 9 classi antibiotiche testate (n=250)



Come si può osservare nel Grafico 5, la percentuale dei ceppi che rientrano nella definizione di multi-resistenti è pari al 23% del totale a differenza di quanto ottenuto nel 2022 (52%) [1]. Il considerevole calo di ceppi MDR è tuttavia riconducibile al consistente numero di ceppi di *S. Enteritidis* per il 2023 (119 ceppi di *S. Enteritidis* su 250 ceppi di *Salmonella* totali) riferibili al focolaio multi-cluster che ha interessato la regione Marche. Tutti i ceppi di *S. Enteritidis* sono risultati pan-suscettibili (66,4%) o resistenti alla sola classe dei fluorochinoloni (Pefloxacina) (33,6%).

1.3 Allerte Europee per *Salmonella* di origine clinica

Il Centro di Riferimento Regionale Patogeni Enterici, regione Marche riceve dal Coordinamento Enter-Net dell'ISS le allerte europee diramate dai vari Paesi Membri, al fine di fornire prontamente risposte in merito alla circolazione nella propria regione di competenza, dei sierotipi oggetto delle allerte ricevute.

Nel 2023 le allerte ricevute hanno riguardato:

- Allerta relativa a *Salmonella enterica* subspecie *enterica* sequence type 74 nel periodo dicembre 2022- marzo 2023.

Potrebbe trattarsi di un nuovo sierotipo, molto simile a *S. Enteritidis* (1,9,12:g,m:-) e *S. Dublin* (1,9,12[Vi]:g,p:-) dal momento che al test di agglutinazione classica mostra la seguente formula antigenica: 1,9,12:g,p,m:- con una debole agglutinazione per H:m.

Nella regione Marche, non si sono registrati casi riferibili a questa allerta.

- Allerta relativa a *S. Enteritidis* (Sequence Type 11) nel periodo agosto - settembre 2023

Si è trattato di un focolaio europeo correlato al consumo di prodotti avicoli (kebab, hamburger) composto da 3 sottocluster: 2 sottocluster danesi e 1 austriaco. Due i casi clinici italiani con sequenza genomica che ha mostrato correlazione con quella riferibile ad uno dei due sottocluster danesi.

Le autorità sanitarie di Austria, Danimarca e Italia a seguito di queste positività hanno messo sotto indagine 10 prodotti a base di carne di pollo, sei dei quali risultati positivi per SE ST11 e collegati a sette produttori in Polonia e uno in Austria.

Nessuno dei ceppi di *S. Enteritidis* marchigiani sequenziati ha mostrato correlazione genomica con le sequenze relative ai tre sottoclusters europei di *S. Enteritidis* ST11.

- Allerta relativa a *S. Stratchona* nel periodo agosto - novembre 2023

Le positività riscontrate nella regione Marche e le successive analisi di caratterizzazione, sono state precedentemente discusse al paragrafo 1.1 1.1 Ceppi di *Salmonella* di origine umana.

1.4 Ceppi di origine umana appartenenti ad altre specie

Di seguito vengono riportati i dettagli di alcuni dei patogeni di origine clinica isolati nel corso del 2023 (Tabella 4: altri isolati di origine umana) presso i laboratori ospedalieri marchigiani e inviati al CRRPE per ulteriori analisi di caratterizzazione.

Listeria monocytogenes

Listeria monocytogenes (*Lm*) è un bacillo Gram positivo ubiquitario e in grado di moltiplicarsi e/o sopravvivere in condizioni di stress quali l'ambiente refrigerato, l'acidità e l'elevata salinità [5]. La listeriosi umana si manifesta in due forme cliniche, la forma gastro intestinale, più frequente in soggetti immunocompetenti e la forma invasiva, che colpisce soprattutto soggetti appartenenti alle categorie a rischio, quali gli immunocompromessi, gli anziani e i bambini nei quali l'infezione provoca setticemia e meningite; anche nelle donne in gravidanza la listeriosi può manifestarsi in maniera severa, provocando aborto e natimortalità [6].

Rispetto ad altre zoonosi alimentari, la listeriosi, pur avendo una bassa prevalenza, presenta tassi di ospedalizzazione (48%) e di mortalità (10%) piuttosto elevati assumendo una particolare rilevanza sanitaria [7]. La specie *Lm* presenta una grande eterogeneità genetica; al suo interno i ceppi possono essere raggruppati in 5 diversi sierogruppi, ulteriormente suddivisi su base fenotipica in 13 sierotipi, ed in numerosi MLST Sequence Type (ST) e Clonal Complex (CCs). Definire l'appartenenza degli isolati di *Lm* ad un determinato sierogruppo o, utilizzando tecniche diagnostiche con maggior potere discriminante, ad un ST o a un CC (MLST), consente di individuare quelli più spesso associati a casi di listeriosi nell'uomo o più frequentemente isolati da specifiche categorie di alimenti, ottenendo informazioni importanti da un punto di vista epidemiologico e di *source attribution*. Dei 13 diversi sierotipi di *Lm* conosciuti, i sierotipi 1/2a (sierogruppo IIa), 1/2b (sierogruppo IIb) e il 4b (sierogruppo IVb) provocano circa il 95% dei casi di listeriosi, mentre i sierotipi 1/2a, 1/2b e 1/2c (sierogruppo IIc), sono quelli più frequentemente isolati dagli alimenti. Il sierotipo 4b è quello che presenta la più forte associazione epidemiologica con casi di listeriosi umana ed è più spesso coinvolto in focolai epidemici [8–10]. Recentemente, è stato riportato che all'interno dell'intera specie, il CC1, il CC2, il CC4 e il CC6, tutti appartenenti al sierotipo 4b, sono quelli significativamente più comuni tra gli isolati clinici rispetto a quanto ci si possa aspettare dalla loro prevalenza negli alimenti e sono pertanto definiti iper-virulenti [5]. Al contrario il CC9 e il CC121, fortemente associati agli alimenti, sono definiti ipo-virulenti in quanto infettano principalmente individui altamente immunocompromessi [5].

Per quanto riguarda la sorveglianza di *L. monocytogenes*, è stata sviluppata dall'Istituto Superiore di Sanità la piattaforma IRIDA ARIES, destinata a raccogliere i dati di caratterizzazione genomica dei ceppi di *L. monocytogenes* di origine umana isolati in Italia. Rappresenta un importante strumento per rafforzare la sorveglianza genomica nazionale della listeriosi, consentendo di condurre analisi di comparazione

genomica degli isolati, in linea con il documento tecnico dell'ECDC "EU protocol for the use of WGS and exposure data for the surveillance of listeriosis in EU/EEA".

Di seguito vengono illustrati i dettagli dei 6 ceppi di *Lm* isolati nel corso del 2023 nella regione Marche sottoposti a Multiplex PCR per la determinazione del sierogruppo e a ulteriore caratterizzazione effettuata presso il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes* dell'IZSAM ossia Multi Locus Sequence Typing (MLST) in silico per la definizione del Sequence Type (ST) e del Clonal Complex (CC).

Tabella 9: isolati di *Lm* di origine umana, sierogruppo, Sequence Type (ST) e Clonal Complex (CC)

Laboratorio	II a ST8 CC8	II a ST155 CC155	IV b ST1 CC1	IV b ST2 CC2	TOTALE
AOU Ospedali Riuniti Ancona	2	-	1	-	3
INRCA Ancona e Osimo	-	-	1	-	1
AST FM Presidio di Fermo	-	1	-	-	1
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	-	-	-	1	1
Totale	2	1	2	1	6

Clostridium perfringens

Clostridium perfringens è un batterio gram-positivo, a forma di bastoncello, anaerobio, solfito-riduttore e sporigeno, appartenente al genere *Clostridium*; è ubiquitario in natura e può essere trovato come un normale componente di vegetali in decomposizione, nel sedimento marino, nel tratto intestinale degli esseri umani e di altri vertebrati, negli insetti, nell'acqua e nel suolo. I ceppi di *Clostridium perfringens* produttori di enterotossine, sono classificati all'interno di 5 tossinotipi (A, B, C, D ed E) sulla base della produzione delle quattro maggiori tossine (alpha (α), beta (β), epsilon (ϵ), iota (ι)) e di due ulteriori tossine (enterotossina e beta 2 (β_2)). L' α -tossina (CPA) è conservata in tutti i ceppi di *C. perfringens* e il gene che la codifica è di natura cromosomica. Le altre tre tossine, beta (β), epsilon (ϵ) e iota (ι) al contrario sono codificate a partire da geni di natura plasmidica che sono rispettivamente il *cpb* gene per la beta (prodotta dai tossinotipi B e C), l'*etx* gene per la epsilon (prodotta dai tossinotipi B e D) e i geni *iap* and *ibp* per la iota (prodotta dal tossinotipo E). L'enterotossina è anch'essa conservata in tutti i tipi di *C. perfringens* mentre la beta 2 è prodotta dai tossinotipi A e C.

Tra i cinque tossinotipi di *C. perfringens*, il tipo A rappresenta quello maggiormente patogeno per l'uomo e quello ad oggi correlato alla trasmissione all'uomo per via alimentare [11]. Rarissimi sono i casi fatali da enterite clostridiale necrotizzante in cui si sa essere coinvolto il tossinotipo C produttore di β -tossina, potenzialmente ulcerante.

Di seguito vengono riportati i dettagli del ceppo di *C. perfringens* isolato nel corso del 2023 nella regione Marche. Si tratta di un ceppo isolato da emocoltura da una donna di 67 anni residente ad Arquata del Tronto. Confermato in Maldi-Tof e sottoposto a Multiplex PCR per la determinazione del tossinotipo, è risultato positivo per il tossinotipo A e produttore di β_2 tossina.

Tabella 10: isolato di <i>C. perfringens</i> di origine umana, tossinotipo e tossina	
Laboratorio	Tossinotipo A Produttore di β_2 tossina
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	1

Bacillus cereus

Bacillus cereus è un batterio gram-positivo diffuso nell'ambiente, soprattutto nel suolo e nella polvere. Produce due tipi di tossine, una stabile al calore (detta emetica o cereulide), responsabile della sindrome emetica (nausea, vomito, crampi addominali) che compare dopo 1-6 ore dall'ingestione del cibo contaminato con la tossina preformata, e un a labile al calore (detta diarroica) responsabile appunto della forma diarroica (crampi addominali e diarrea) che compare dopo 8-16 ore dall'ingestione di cibo contaminato dal batterio che, raggiunto il tenue dell'ospite, darà produzione alla tossina. Si tratta di un batterio sporigeno; quando le condizioni ambientali sono avverse è in grado di passare dalla forma "vegetativa" allo stato di "spora" che gli garantisce la sopravvivenza per lunghi periodi.

La trasmissione avviene tramite alimenti contaminati. In particolare, sono associati a casi di tossinfezione da *B. cereus* quegli alimenti che dopo la cottura sono tenuti a lungo a temperatura ambiente o non vengono rapidamente ed efficacemente raffreddati. Questo perché il *Bacillus cereus* è in grado di sopravvivere in stato di spora durante il trattamento termico dell'alimento e poi convertire nella forma vegetativa (in grado di produrre tossine) quando le condizioni divengono nuovamente favorevoli alla sua sopravvivenza [12].

Di seguito vengono riportati i dettagli dei ceppi di *Bacillus cereus* isolati nel corso del 2023 nella regione Marche confermati in Maldi-Tof e sottoposti a PCR per la ricerca dei geni codificanti per la tossina emetica (cereulide).

Tabella 11: isolati di *B. cereus* di origine umana

Laboratorio	Matrice isolamento	Positività per cereulide
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	Sangue (n=2)	0
	Feci (n=1)	0
	Pus (n=1)	0
TOTALE	4	0

1.5 Ceppi di *Campylobacter* di origine umana

Per quanto riguarda le positività per *Campylobacter* di origine umana, nel 2023 sono state confermate dal CRRPE un totale di 135 positività, due delle quali riferibili a secondi controlli eseguiti dagli stessi pazienti per cui il numero effettivo di positività per *Campylobacter* è pari a 133 (Tabella 12). Si precisa che nella regione Marche, su 16 laboratori ospedalieri, solo 6 procedono a isolamento colturale dei ceppi di *Campylobacter* spp.. Ne consegue che i restanti laboratori inviano al CRRPE direttamente il campione di feci analizzato tramite metodo immunocromatografico (9 laboratori ospedalieri) o molecolare (FilmArray) (1 laboratorio). Il CRRPE procede poi alla semina dei campioni di feci e all'eventuale isolamento del ceppo batterico che tuttavia non sempre risulta possibile. In questo caso si procede alla rilevazione del DNA batterico direttamente dal campione di origine.

Riguardo la distribuzione delle positività per classi di età, è possibile notare come anche per il 2023, così come accaduto nel 2022 [1], la fascia di età maggiormente colpita sia stata la classe 15-64 (Tabella 13).

La matrice di isolamento ha riguardato nella totalità dei casi il campione feci (Tabella 14) mentre l'ospedalizzazione si è resa necessaria nel 35,1 % dei casi (Tabella 15).

Tabella 12: isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana

Laboratorio	<i>Campylobacter jejuni</i>	<i>Campylobacter coli</i>	<i>Campylobacter spp.</i>	TOT
AST PU Presidio di Pesaro e Fano	1	-	-	1
AST PU Presidio di Urbino	9	1	-	10
AST AN Presidio di Senigallia	27	2	-	29
AST AN Presidio di Jesi	5	-	-	5
AOU Ospedali Riuniti Ancona	14	1	1	16
INRCA Ancona e Osimo	1	1	-	2
AST MC Presidio di Macerata	6	-	2	8
AST MC Presidio di S. Severino M.	4	-	-	4
AST MC Presidio di Camerino	2	-	-	2

AST FM Presidio di Fermo	17	-	-	17
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	21	1	1	23
Laboratorio analisi cliniche del Piano (Ancona)	12	3	-	15
Laboratorio analisi cliniche Clinica Villa Pini (Civitanova Marche, MC)	1	-	-	1
Totale	121	9	4	133

Tabella 13: Distribuzione degli isolamenti umani per classe d'età

Età (in anni)	N. 2023	%2023	N. 2022	% 2022
≤ 1	4	3	5	7,1
2 - 5	12	9	10	14,3
6 -14	18	13,5	16	22,9
15 - 64	67	50,4	27	38,6
> 64	32	24,1	12	17,1
Totale	133	100	70	100

Tabella 14: Matrici di isolamento

Matrice	N.	% 2023
Feci	133	100
Totale	133	100

Tabella 15: Ospedalizzazione

Ospedalizzazione	N.	% 2023
Sì	47	35,1
No	62	47
Non noto	24	17,9
Totale	133	100

1.6 Antibiotico-resistenza nei ceppi di *Campylobacter* di origine umana

Di seguito si riportano gli esiti dell'antibiogramma condotto in MIC dal Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Campylobacter* dell'IZSAM Teramo su una selezione di ceppi di *Campylobacter* di origine clinica (n=41 *C. jejuni* e n=3 *C. coli*) inviati dal CRRPE per ulteriori caratterizzazioni.

Tabella 16: esiti di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n ceppi=44)

Antibiotico	<i>Campylobacter jejuni</i>			<i>Campylobacter coli</i>		
	S	I	R	S	I	R
Ciprofloxacina (CIP)	13	-	28	1	-	2
Eritromicina (ERI)	41	-	-	3	-	-
Gentamicina (CN)	41	-	-	3	-	-
Tetraciclina (TE)	12	-	29	1	-	2
Cloramfenicolo (C)	40	-	1	3	-	-
Ertapenem (ER)	35	2	4	1	-	2
TOTALE CEPPI TESTATI	41			3		

Secondo i dati del report congiunto EFSA-ECDC sull'antibiotico-resistenza dei batteri zoonotici e indicatori isolati nell'uomo, animali e alimenti, relativo al periodo 2020-2021 nei 28 Stati Membri [3], si sono riscontrati livelli da alti a estremamente alti di resistenza dei ceppi di *Campylobacter jejuni* e *coli* di origine umana nei confronti della Ciprofloxacina.

Relativamente all'Eritromicina invece, si sono registrati nel periodo considerato, livelli molto bassi di resistenza in *C. jejuni* e leggermente più alti in *C. coli*.

La resistenza combinata alla Ciprofloxacina e alla Eritromicina, considerati antibiotici di importanza critica per il trattamento della campilobatteriosi, è stata rilevata da rara a bassa in *C. jejuni* e da bassa a moderata in *C. coli*.

Come si può osservare, i dati dei ceppi isolati nella regione Marche sono strettamente in linea con quelli europei.

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

Come è possibile osservare dalla tabella che segue (Tabella 17), relativamente agli isolati di batteri zoonotici di origine non umana, la quasi totalità è rappresentata da ceppi di *Salmonella* spp..

Si specifica che nel presente report non sono riportati gli isolati di origine non umana di *L. monocytogenes* che saranno oggetto di una successiva rendicontazione.

Tabella 17: Numero di isolati di origine non umana distinti per struttura			
Strutture	<i>Salmonella</i>	<i>Campylobacter</i>	Totale
IZSUM	157	49	206
ARPAM			22
➤ Dipartimento Pesaro	22	-	
LABORATORI PRIVATI			1662
➤ Eco Control (Fermo)	1624	-	
➤ Carnj soc. coop. agricola (Cingoli, MC)	26	-	
➤ Intertek (Fermo)	11	-	
➤ Analisi Control (Corridonia, MC)	1	-	
Totale	1841	49	1890

Salmonella:

Nel corso dell'anno 2023, il numero totale dei ceppi di *Salmonella* di origine non umana è più che raddoppiato rispetto all'anno precedente (881 isolati nel 2022) [1]. Tale significativo aumento è conseguenza del considerevole incremento di ceppi di *Salmonella* spp. isolati nel contesto delle attività di autocontrollo di un'azienda avicola presso tutti i propri allevamenti di polli da carne presenti sul territorio nazionale e successivamente consegnati al CRRPE per le analisi di tipizzazione sierologica (317 ceppi nel 2022) [1]. Diminuiscono invece le positività ottenute da campioni analizzati in regime ufficiale in IZSUM a partire da matrice alimentare e animale; 157 nel 2023 a fronte dei 393 nel 2022 [1] molti dei quali però riferibili all'epidemia da *S. Enteritidis* che nel 2022 ha interessato a livello nazionale il comparto avicolo dei polli da carne con conseguenti campionamenti aggiuntivi a quelli già previsti dai piani di controllo ufficiale in allevamento e al mattatoio.

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.

Nello specifico, nel corso del 2023, sono state identificate 48 positività per *Campylobacter* su un totale di 235 campioni analizzati. I dettagli sono riportati nel paragrafo 2.4 *Campylobacter* di origine non umana.

2.1 Ceppi di *Salmonella* di origine non umana

I ceppi di *Salmonella* di origine non umana sono suddivisi per origine alimentare (alimentazione umana e animale), animale (feci, organo, tampone), ambientale veterinaria (polvere, soprascarpe, tampone da superficie), ambientale non veterinaria (tamponi da superficie) e ambientale fluviale (acque superficiali). Rispetto al 2022 [1], nel 2023 si registra un calo degli isolati di *Salmonella* da matrice alimentare dovuto al minor numero di campioni risultati non conformi, effettuati nell'ambito delle analisi relative ai controlli ufficiali del Piano Nazionale Alimenti e a quelli in autocontrollo, e una diminuzione degli isolati da matrice animale.

Per quanto riguarda le matrici ambientale veterinaria e ambientale fluviale, i dati del 2023 indicano un aumento considerevole dei ceppi di origine ambientale veterinario riconducibile all'incremento della attività di sierotipizzazione dei ceppi isolati in autocontrollo, come descritto precedentemente, e un leggero aumento dei ceppi di origine ambientale fluviale.

Tabella 18: Isolati di *Salmonella* origine non umana distinti per origine

Origine	N. 2023	% 2023	N. 2022	% 2022
Alimentare (alimentazione umana)	97	5,3	196	22,2
Alimentare (alimentazione animale: mangime)	1	0,1	-	-
Animale	50	2,7	114	12,9
Ambientale veterinario	1663	90,3	530	60,2
Ambientale non veterinario	8	0,4	24	2,7
Ambientale fluviale	22	1,2	17	1,9
Totale	1841	100	881	100

Grafico 6: Distribuzione degli isolati di *Salmonella* di origine non umana per sierotipo

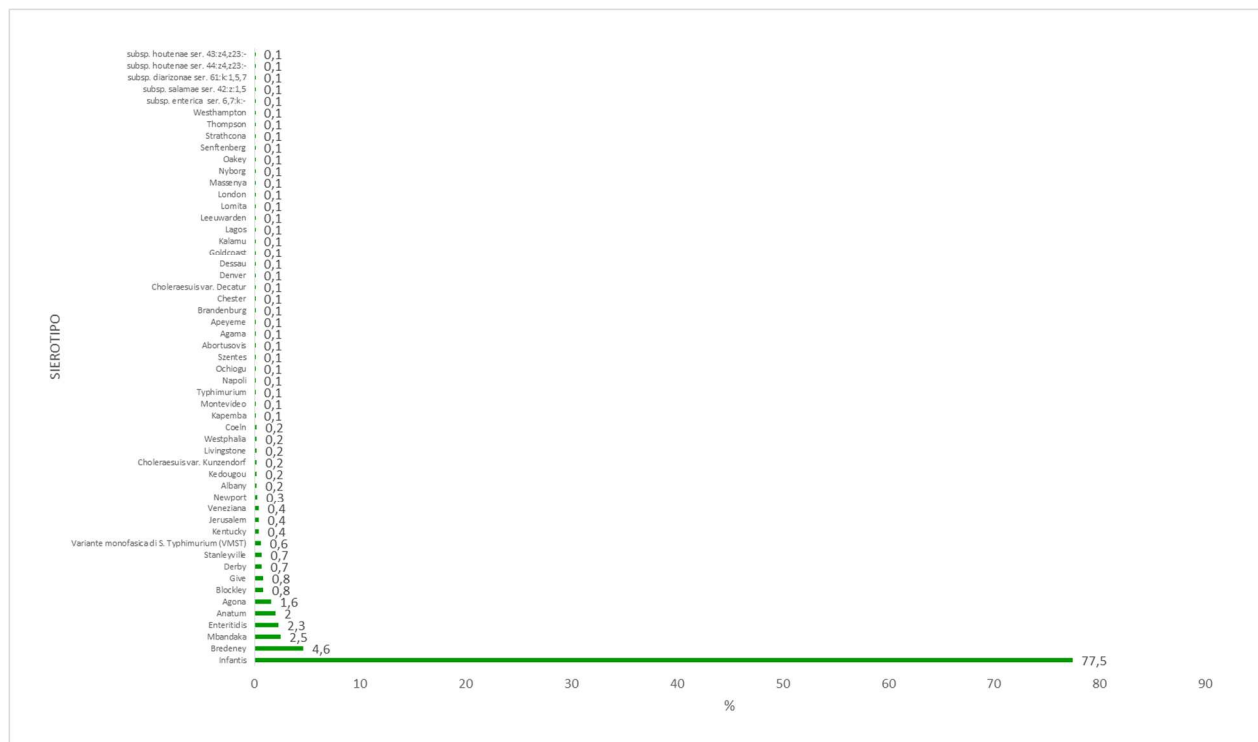
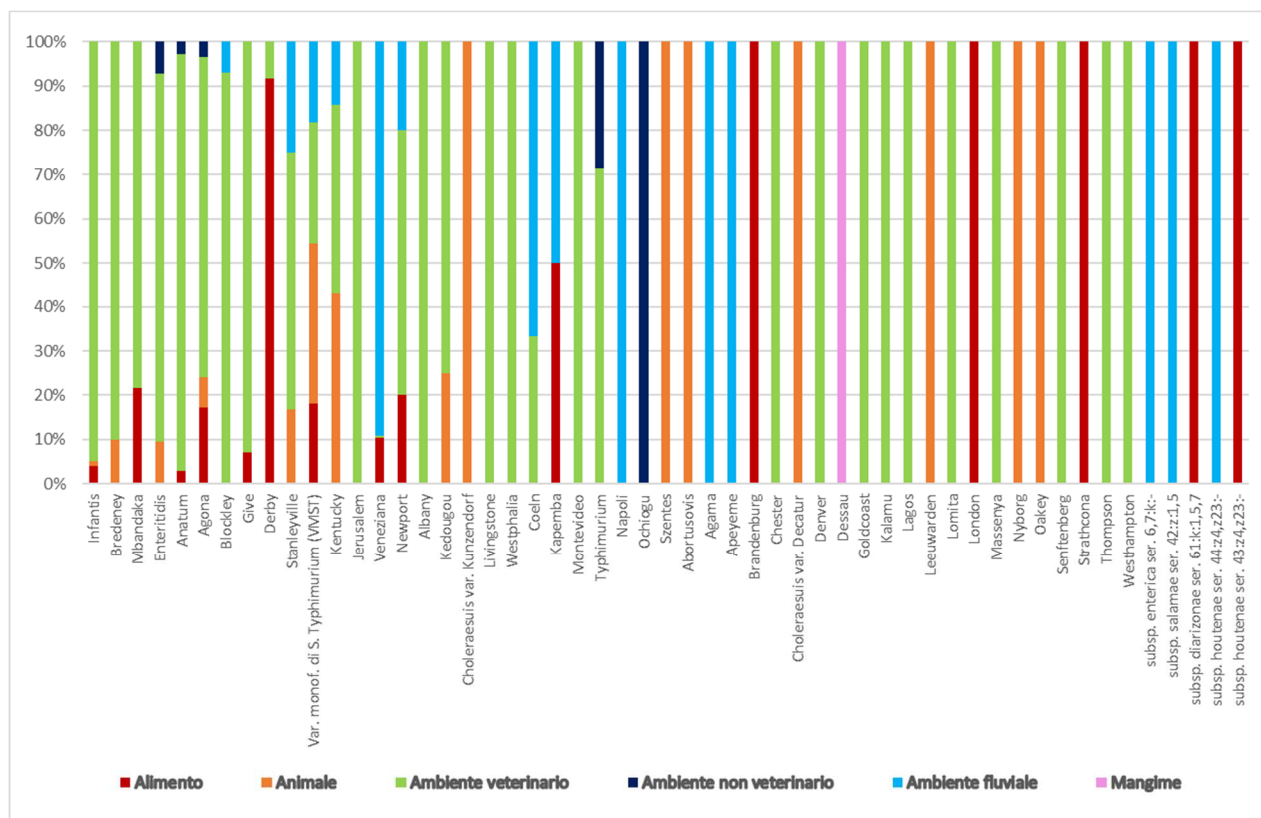


Tabella 19: Distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* di origine non umana per sierotipo e origine

Sierotipo	Alimento	Animale	Ambiente veterinario	Ambiente non veterinario	Ambiente fluviale	Mangime	N°	%
Infantis	57	16	1373	-	-	-	1446	77,5
Bredeney	-	9	81	-	-	-	90	4,6
Mbandaka	11	-	40	-	-	-	51	2,5
Enteritidis	-	4	35	3	-	-	42	2,3
Anatum	1	-	34	1	-	-	36	2
Agona	5	2	21	1	-	-	29	1,6
Blockley	-	-	13	-	1	-	14	0,8
Give	1	-	13	-	-	-	14	0,8
Derby	11	-	1	-	-	-	12	0,7
Stanleyville	-	2	7	-	3	-	12	0,7
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	2	4	3	-	2	-	11	0,6
Kentucky	-	3	3	-	1	-	7	0,4

Jerusalem	-	-	7	-	-	-	7	0,4
Veneziana	2	-	1	-	4	-	7	0,4
Newport	1	-	3	-	1	-	5	0,3
Albany	-	-	4	-	-	-	4	0,2
Kedougou	-	1	3	-	-	-	4	0,2
Choleraesuis var. Kunzendorf	-	3	-	-	-	-	3	0,2
Livingstone	-	-	3	-	-	-	3	0,2
Westphalia	-	-	3	-	-	-	3	0,2
Coeln	-	-	1	-	2	-	3	0,2
Kapemba	1	-	-	-	1	-	2	0,1
Montevideo	-	-	2	-	-	-	2	0,1
Typhimurium	-	-	1	1	-	-	2	0,1
Napoli	-	-	-	-	2	-	2	0,1
Ochiogu	-	-	-	2	-	-	2	0,1
Szentes	-	2	-	-	-	-	2	0,1
Abortusovis	-	1	-	-	-	-	1	0,1
Agama	-	-	-	-	1	-	1	0,1
Apeyeme	-	-	-	-	1	-	1	0,1
Brandenburg	1	-	-	-	-	-	1	0,1
Chester	-	-	1	-	-	-	1	0,1
Choleraesuis var. Decatur	-	1	-	-	-	-	1	0,1
Denver	-	-	1	-	-	-	1	0,1
Dessau	-	-	-	-	-	1	1	0,1
Goldcoast	-	-	1	-	-	-	1	0,1
Kalamu	-	-	1	-	-	-	1	0,1
Lagos	-	-	1	-	-	-	1	0,1
Leeuwarden	-	1	-	-	-	-	1	0,1
Lomita	-	-	1	-	-	-	1	0,1
London	1	-	-	-	-	-	1	0,1
Massenya	-	-	1	-	-	-	1	0,1
Nyborg	-	1	-	-	-	-	1	0,1
Oakey	-	1	-	-	-	-	1	0,1
Senftenberg	-	-	1	-	-	-	1	0,1
Strathcona	1	-	-	-	-	-	1	0,1
Thompson	-	-	1	-	-	-	1	0,1
Westhampton	-	-	1	-	-	-	1	0,1
subsp. <i>enterica</i> ser. 6,7:k:-	-	-	-	-	1	-	1	0,1
subsp. <i>salamae</i> ser. 42:z:1,5	-	-	-	-	1	-	1	0,1
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 61:k:1,5,7	1	-	-	-	-	-	1	0,1
subsp. <i>houtenae</i> ser. 44:Z ₄ ,Z ₂₃ :-	-	-	-	-	1	-	1	0,1
subsp. <i>houtenae</i> ser. 43:Z ₄ ,Z ₂₃ :-	1	-	-	-	-	-	1	0,1
Totale	97	51	1662	8	22	1	1841	100

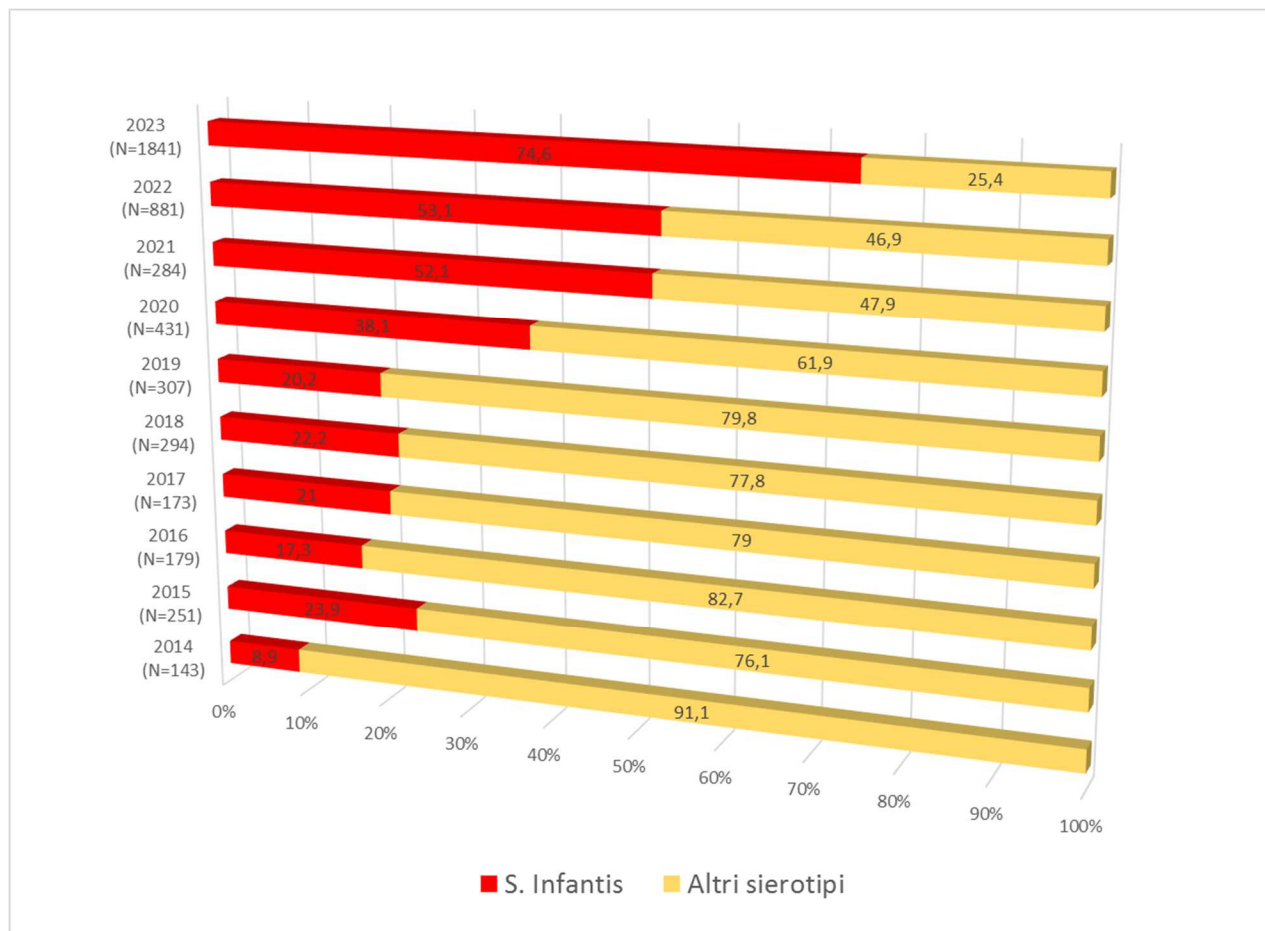
Grafico 7: Distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* di origine non umana per origine



Anche nel 2023 così come nel 2022 [1], è presente al primo posto tra i sierotipi di *Salmonella* di origine non clinica, maggiormente tipizzati, la *Salmonella* Infantis (Tabella19 e Grafico 7).

Per quanto riguarda questo sierotipo, le frequenze sono progressivamente aumentate a partire dal 2014 (Grafico 8) raggiungendo il picco più alto appunto quest'anno con un totale di 1373 isolati. L'aumento esponenziale di *S. Infantis* è riconducibile anche all'intensificarsi delle attività di sierotipizzazione dei ceppi consegnati settimanalmente presso il CRRPE dal laboratorio privato Eco Control e isolati nel contesto delle attività di autocontrollo condotte presso la produzione primaria avicola.

Grafico 8: Frequenza di *S. Infantis* rispetto al totale dei sierotipi per anno (N)

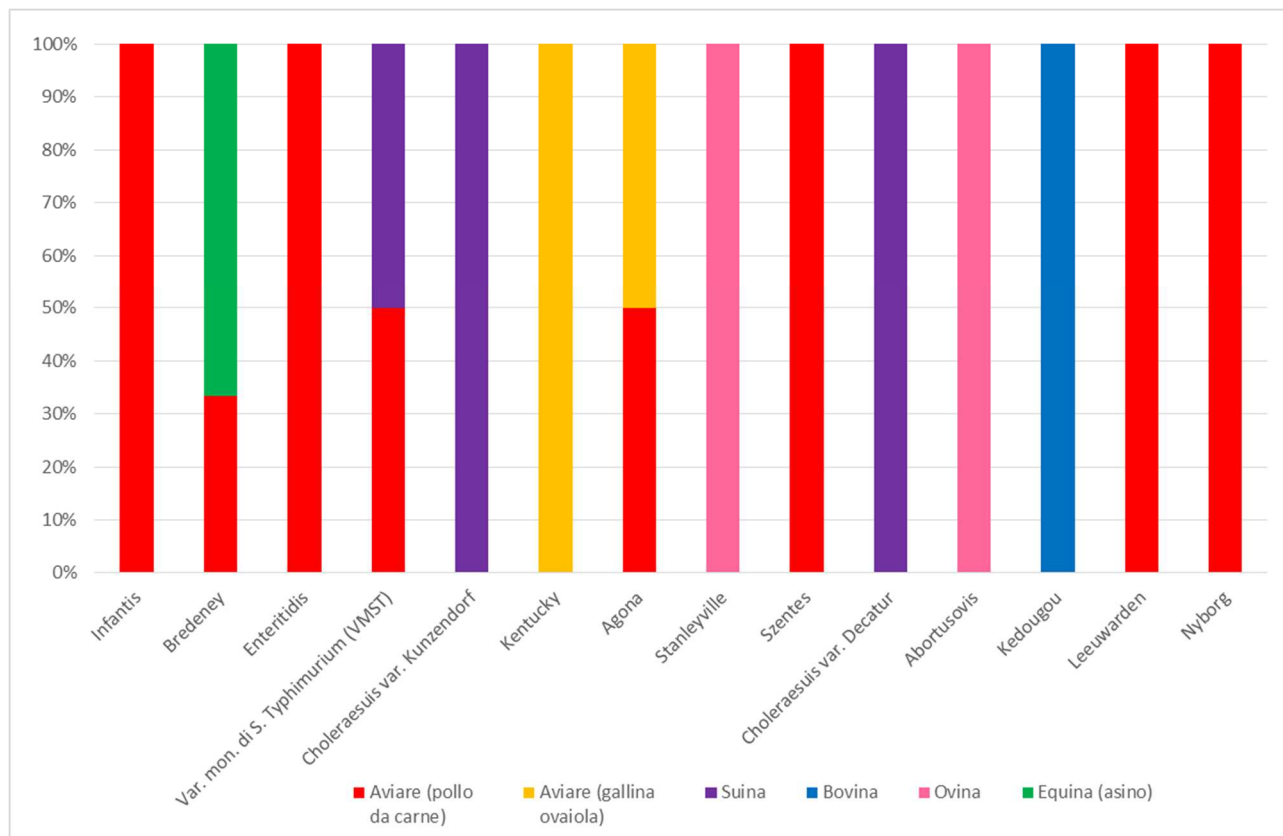


2.1.1 Ceppi di *Salmonella* isolati da matrice animale

Nella tabella 20 e nel grafico 9 è riportata la distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* isolati da campioni di origine animale (feci, organo) suddivisi per specie di origine.

Tabella 20: Distribuzione dei sierotipi di <i>Salmonella</i> di origine animale								
Sierotipo	Aviare (pollo da carne)	Aviare (gallina ovaioia)	Suina	Bovina	Ovina	Equina (asino)	N.	%
Infantis	16	-	-	-	-	-	16	32
Bredeney	3	-	-	-	-	6	9	18
Enteritidis	4	-	-	-	-	-	4	8
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	2	-	2	-	-	-	4	8
Choleraesuis var. Kunzendorf	-	-	3	-	-	-	3	6
Kentucky	-	3	-	-	-	-	3	6
Agona	1	1	-	-	-	-	2	4
Stanleyville	-	-	-	-	2	-	2	4
Szentes	2	-	-	-	-	-	2	4
Choleraesuis var. Decatur	-	-	1	-	-	-	1	2
Abortusovis	-	-	-	-	1	-	1	2
Kedougou	-	-	-	1	-	-	1	2
Leeuwarden	1	-	-	-	-	-	1	2
Nyborg	1	-	-	-	-	-	1	2
Totale	30	4	6	1	3	6	50	100

Grafico 9: 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, *S. Choleraesuis* var. Kunzendorf e var. Decatur per il suino, nonché della specie-specificità, per l'ovino, della *S. Abortusovis*.

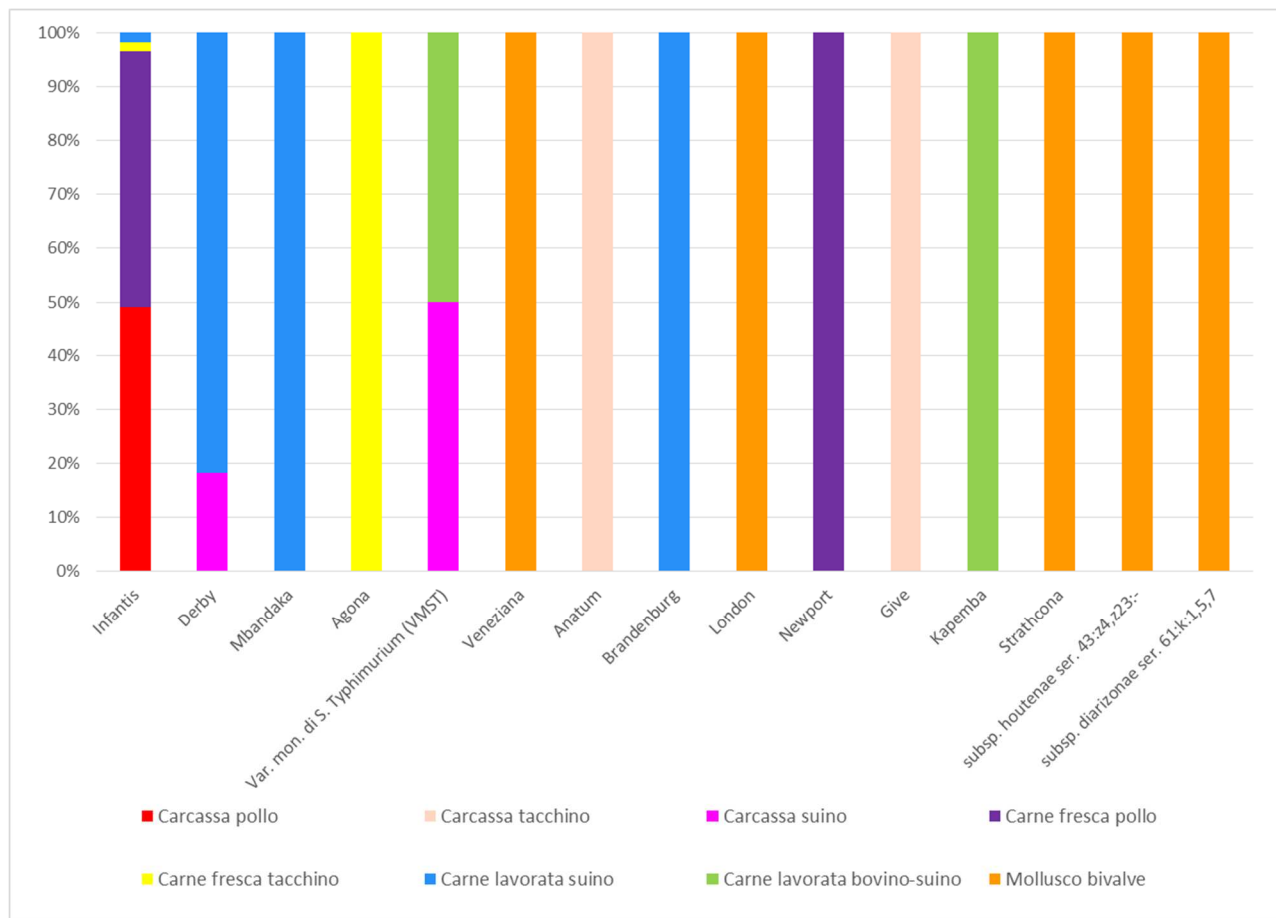
Per quanto riguarda il sierotipo Bredeney, si associa generalmente alla specie suina tuttavia anche quest'anno il suo isolamento nel pollo da carne conferma definitivamente il suo ingresso anche nella filiera avicola.

2.1.2 Ceppi di *Salmonella* isolati da matrice alimentare

Nella tabella 21 e nel grafico 10 è mostrata la distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* isolati da matrice alimentare.

Sierotipo	Carcassa pollo	Carcassa tacchino	Carcassa suino	Carne fresca pollo	Carne fresca tacchino	Carne lavorata suino	Carne lavorata bovino-suino	Mollusco bivalve	N.	%
Infantis	28	-	-	27	1	1	-	-	57	58,8
Derby	-	-	2	-	-	9	-	-	11	11,4
Mbandaka	-	-	-	-	-	11	-	-	11	11,4
Agona	-	-	-	-	5	-	-	-	5	5,2
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	-	-	1	-	-	-	1	-	2	2,1
Veneziana	-	-	-	-	-	-	-	2	2	2,1
Anatum	-	1	-	-	-	-	-	-	1	1
Brandenburg	-	-	-	-	-	1	-	-	1	1
London	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1
Newport	-	-	-	1	-	-	-	-	1	1
Give	-	1	-	-	-	-	-	-	1	1
Kapemba	-	-	-	-	-	-	1	-	1	1
Strathcona	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1
subsp. <i>houstenae</i> ser. 43:z4,z23:-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 61:k:1,5,7	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1
Totale	28	2	3	28	6	22	2	6	97	100

Grafico 10: Distribuzione dei sierotipi per matrice alimentare



Rispetto al 2022 [1], nel 2023 il numero di stipiti isolati da matrici alimentari è notevolmente diminuito passando da 196 a 97 positività totali. 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. Derby* e la *S. Mbandaka*. Il primo e il secondo rappresentano i sierotipi peculiari rispettivamente nel pollo e nel suino.

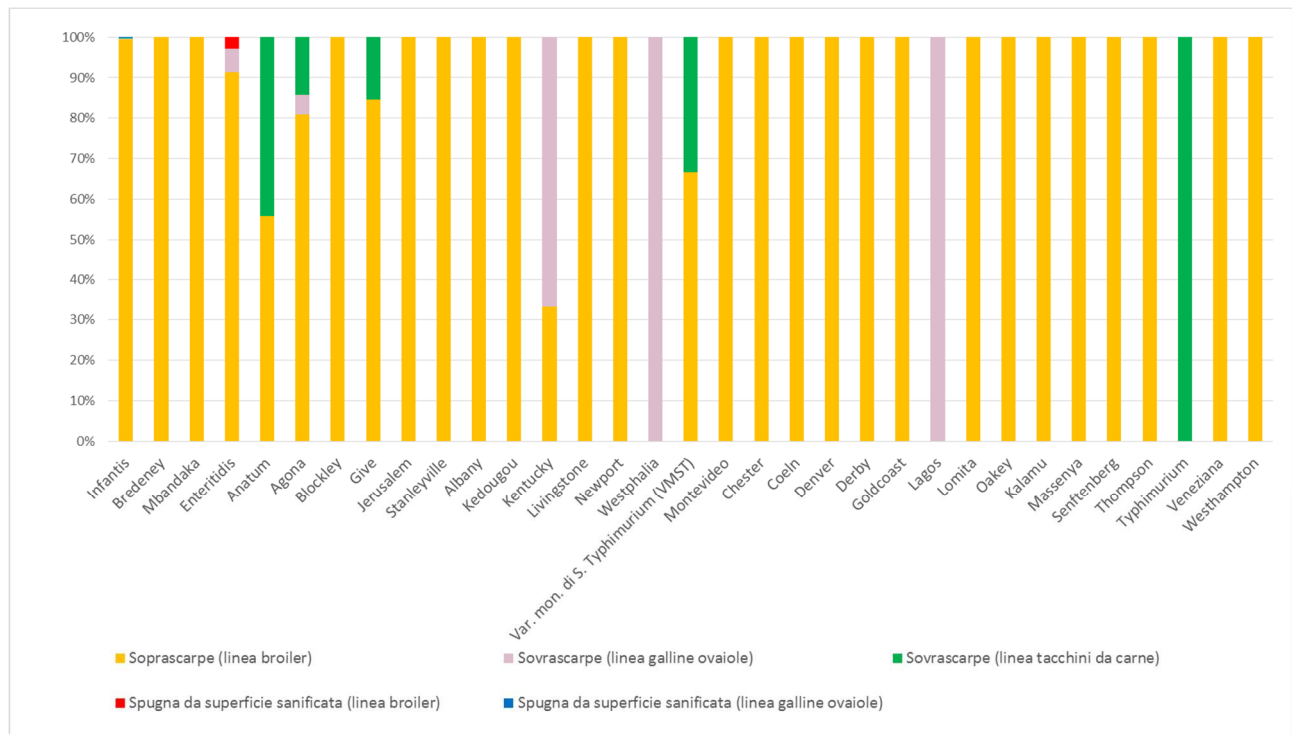
Per quanto riguarda la *S. Mbandaka* invece, le positività riferibili a questo sierotipo, che per il 2023 si attesta come il terzo principalmente riscontrato (Tabella 19) sono notevolmente aumentate rispetto al 2022 in cui si sono registrate in totale solo 3 positività da sovrascarpe prelevate presso allevamenti broiler [1]. Come confermano i dati estrapolati dal report Enter-Vet 2021 [13] a cura del Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, si tratta di un sierotipo isolato, a livello nazionale, dal pollo. Nel 2022 è stato anche responsabile di un multi-country outbreak in alcuni Paesi EU/EEA, in UK e in Israele riconducibile, su base epidemiologica, al consumo di carne di pollo [14]. Nella nostra regione per il 2023 si è associato al suino (n=11 ceppi da carne lavorata) (Tabella 21) e al broiler (n=40 ceppi da sovrascarpe) (Tabella 22).

2.1.3 Ceppi di *Salmonella* isolati da matrice ambientale (veterinaria)

Le *Salmonelle* isolate da matrici ambientali sono rappresentate nella tabella 22 e nel grafico 11 suddivise per sierotipo e fonte di isolamento.

Tabella 22: Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale (veterinaria)							
Sierotipo	Soprascarpe (linea broiler)	Sovrascarpe (linea galline ovaiole)	Sovrascarpe (linea tacchini da carne)	Spugna da superficie sanificata (linea broiler)	Spugna da superficie sanificata (linea galline ovaiole)	N.	%
Infantis	1366	2	3	1	1	1373	82,3
Bredeney	81	-	-	-	-	81	4,6
Mbandaka	40	-	-	-	-	40	2,3
Enteritidis	32	2	-	1	-	35	2,1
Anatum	19	-	15	-	-	34	2
Agona	17	1	3	-	-	21	1,3
Blockley	13	-	-	-	-	13	0,8
Give	11	-	2	-	-	13	0,8
Jerusalem	7	-	-	-	-	7	0,4
Stanleyville	7	-	-	-	-	7	0,4
Albany	4	-	-	-	-	4	0,2
Kedougou	3	-	-	-	-	3	0,2
Kentucky	1	2	-	-	-	3	0,2
Livingstone	3	-	-	-	-	3	0,2
Newport	3	-	-	-	-	3	0,2
Westphalia	-	3	-	-	-	3	0,2
Variante monofasica di S. Typhimurium (VMST)	2	-	1	-	-	3	0,2
Montevideo	2	-	-	-	-	2	0,1
Chester	1	-	-	-	-	1	0,1
Coeln	1	-	-	-	-	1	0,1
Denver	1	-	-	-	-	1	0,1
Derby	1	-	-	-	-	1	0,1
Goldcoast	1	-	-	-	-	1	0,1
Lagos	-	1	-	-	-	1	0,1
Lomita	1	-	-	-	-	1	0,1
Oakey	1	-	-	-	-	1	0,1
Kalamu	1	-	-	-	-	1	0,1
Massenya	1	-	-	-	-	1	0,1
Senftenberg	1	-	-	-	-	1	0,1
Thompson	1	-	-	-	-	1	0,1
Typhimurium	-	-	1	-	-	1	0,1
Veneziana	1	-	-	-	-	1	0,1
Westhampton	1	-	-	-	-	1	0,1
Totale	1624	11	25	2	1	1663	100

Grafico 11: Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale veterinaria



Al primo posto in frequenza compare la *S. Infantis* con 1373 ceppi a fronte dei 358 del 2022 seguita da *S. Bredeney* e *S. Mbandaka* rispettivamente con 52 e 3 ceppi nel 2022 [1]. In merito all'incremento di ceppi di *S. Mbandaka*, si rimanda a quanto detto precedentemente al paragrafo 2.1.2.

2.1.4 Ceppi di *Salmonella* isolati da matrice ambientale (non veterinaria)

Tabella 23: Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale (non veterinaria)				
Sierotipo	Sugna su superficie (esercizio commerciale)	Spugna su superficie (mangimificio)	TOTALE	%
Enteritidis	3	-	3	37,5
Ochiogu	-	2	2	25
Agona	-	1	1	12,5
Anatum	-	1	1	12,5
Typhimurium	-	1	1	12,5
Totale	3	5	8	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 mangimificio.

2.1.5 Ceppi di *Salmonella* isolati da matrice ambientale (fluviale)

Tabella 24: Distribuzione dei sierotipi di origine fluviale		
Sierotipo	Acque di superficie destinate alla potabilizzazione	%
Veneziana	4	18,4
Stanleyville	3	13,8
Coeln	2	9,1
Napoli	2	9,1
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	2	9,1
Agama	1	4,5
Apeyeme	1	4,5
Blockley	1	4,5
Kapemba	1	4,5
Kentucky	1	4,5
Newport	1	4,5
subsp. <i>enterica</i> ser. 6,7:k:-	1	4,5
subsp. <i>houtenae</i> ser. 44: z4,z23: -	1	4,5
subsp. <i>salamae</i> 42:z:1,5	1	4,5
Totale	22	100

Le positività riscontrate sono tutte relative a campioni di acque di superficie prelevati da fiumi della provincia di Pesaro-Urbino in ingresso al potabilizzatore.

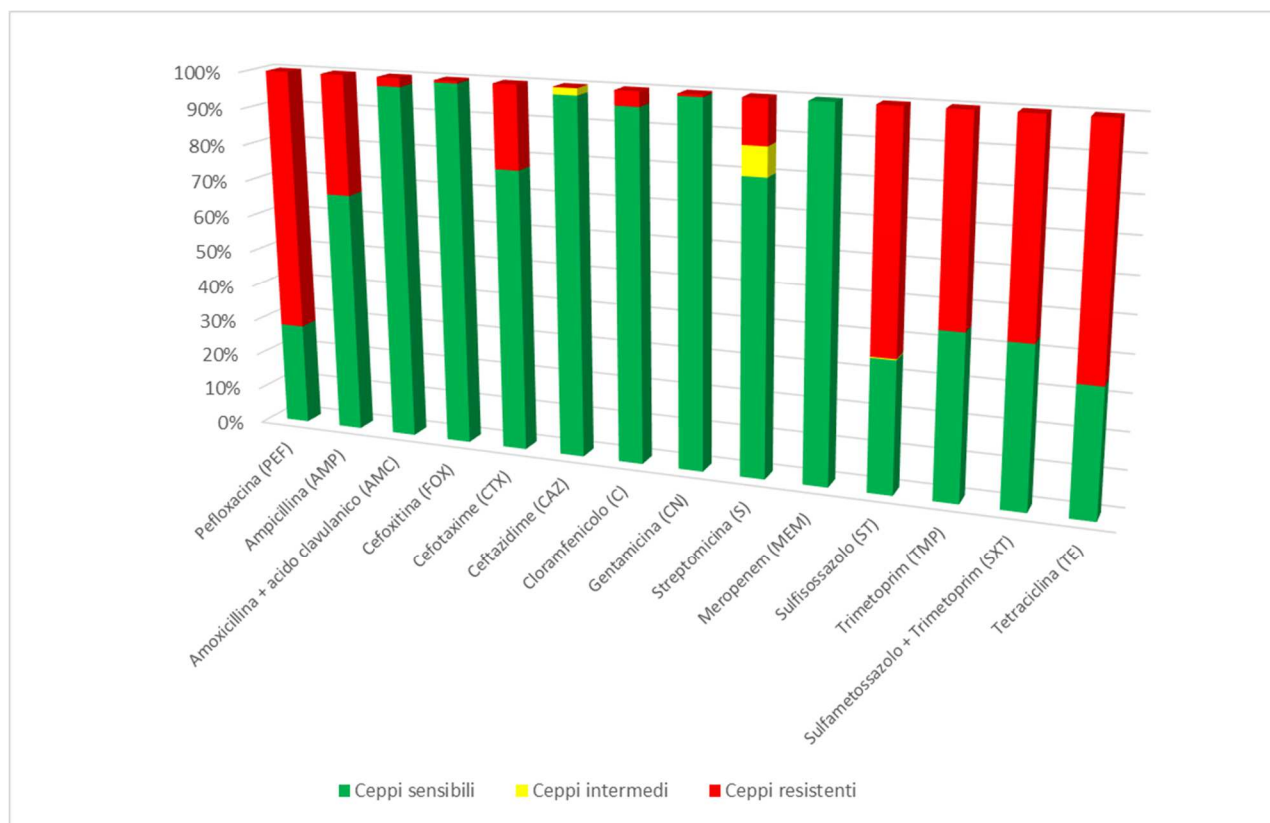
2.2 Antibiotico-resistenza nei ceppi di *Salmonella* di origine veterinaria (alimentare, ambiente veterinario, animale)

Visto il considerevole numero di *Salmonelle* isolate solo in ambiente veterinario nell'ambito della produzione primaria avicola (sovrascarpe per un totale di 1373 ceppi) registrato nel 2023, 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, 33th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2023*) 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. Anche per quanto riguarda i ceppi di origine alimentare si è deciso di eseguire l'antibiogramma solo su un ceppo per campione.

In totale sono stati testati per l'antibiotico-resistenza 674 ceppi su 1819 totali dei quali 591 provenienti dalla produzione primaria e 83 isolati da matrice animale e alimentare.

Tabella 25 e Grafico 12: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=674 ceppi)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	28	-	72
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	66,9	-	33,1
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	97,6	-	2,4
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	99,4	-	0,6
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	77,3	-	22,7
Ceftazidime (CAZ)	98	1,9	0,1
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	96	-	4
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	99,4	-	0,6
Streptomicina (S)	80,1	7,9	12
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	-
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	35,9	0,3	63,8
Trimetoprim (TMP)	44,8	-	55,2
Sulfametossazolo + Trimetoprim (SXT)	43,6	-	56,4
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	34,7	-	65,3



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 [3], 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 pefloxacin dei ceppi di origine veterinaria/alimentare marchigiani (72%) sia nella tipologia di matrice di origine di tali ceppi resistenti (l'89,5% dei ceppi marchigiani risultati resistenti proviene da campioni isolati da broiler, tacchini e ovaiole).

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 22,7% e lo 0,1% 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 pefloxacin e cefotaxime ha riguardato il 21,4% dei ceppi (144 su 674 totali) appartenenti quasi totalmente al sierotipo *Infantis* (143 *S. Infantis* + 1 *S. Enteritidis*).

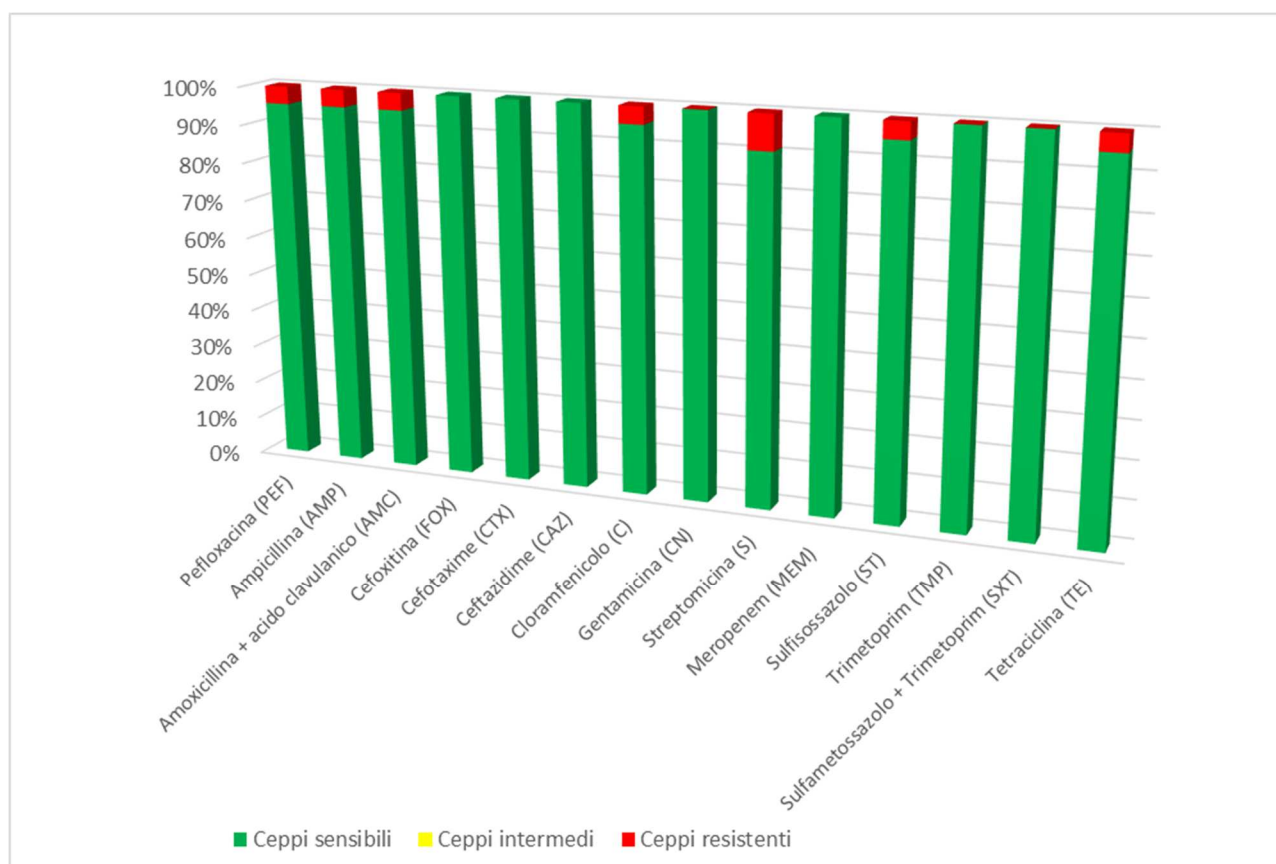
Anche nel 2023 non si è registrata alcuna resistenza ai carbapenemi nei ceppi di origine animale in linea con quanto riportato nel report EFSA-ECDC.

2.3 Antibiotico-resistenza nei ceppi di *Salmonella* di origine ambientale (acqua di superficie)

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 26 e Grafico 13: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=17)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacin (PEF)	95,5	-	4,5
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	95,5	-	4,5
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	95,5	-	4,5
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	100	-	-
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	100	-	-
Ceftazidime (CAZ)	100	-	-
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	95,5	-	4,5
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	100	-	-
Streptomycin (S)	90,9	-	9,1
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100		
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	95,5	-	4,5
Trimetoprim (TMP)	100	-	-
Sulfametossazolo + Trimetoprim (SXT)	100	-	-
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	95,5	-	4,5



Come si può osservare dalla tabella e dal grafico precedenti (Tabella 26 e Grafico 13), le percentuali di resistenza nei ceppi di origine ambientale sono fortunatamente pressoché nulle dal momento che 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 Allerte Europee per *Salmonella* di origine non clinica

Così come precedentemente descritto per la parte clinica, Il Centro di Riferimento Regionale Patogeni Enterici, regione Marche riceve anche dal Coordinamento Enter-Vet del Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi di origine non umana dell'IZSVE, le allerte europee diramate dai vari Paesi Membri e riferibili alla circolazione di cloni di *Salmonella* isolati a partire da matrice veterinaria, alimentare e ambientale.

Nel corso del 2023 le allerte diramate e condivise dal CNR con i vari Centri di Riferimento Regionali, hanno riguardato, come accaduto per la parte clinica, la circolazione europea di *S. Strathcona* e *S. Enteritidis* ST11.

Relativamente all'allerta da *S. Strathcona* la positività riscontrata nella regione Marche a partire da vongole e le successive analisi di caratterizzazione, sono state precedentemente discusse al paragrafo 1.1 1.1 Ceppi di *Salmonella* di origine umana.

Per quanto riguarda invece l'allerta da *S. Enteritidis* ST11 legata al consumo di prodotti avicoli, nessuna sequenza dei ceppi di *S. Enteritidis* marchigiani potenzialmente sospetti, isolati da matrice animale (cervello pulcini), hanno mostrato correlazione genomica con le sequenze relative ai tre sottocluster europei di *S. Enteritidis* ST11.

2.5 Ceppi di *Campylobacter* di origine non umana

Quarantanove sono i ceppi di *Campylobacter* spp. isolati nel corso del 2023 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 [15] 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 [16] 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 [17], 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 27 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 Fermo.

Tabella 27: 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	142	49	35%

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 e all'implementazione della piattaforma IRIDA-ARIES tramite l'invio dei ceppi.

Si ringraziano il Dipartimento di Malattie Infettive dell'ISS (rete Enter-Net), il Centro di Riferenza Nazionale per le salmonellosi dell'IZSve (rete Enter-Vet), il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Campylobacter* dell'IZSAM e il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes* dell'IZSAM (rete SEAP) per il supporto nelle analisi di caratterizzazione genomica.

CRRPE Marche

Bibliografia

1. Napoleoni, M.; Staffolani, M.; Silenzi, V.; Blasi, G.; Rocchegiani, E. 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. **2023**, *Sanità Pubblica Veterinaria*.
2. Müller, L.; Kjelsø, C.; Frank, C.; Jensen, T.; Torpdahl, M.; Søborg, B.; Dorleans, F.; Rabsch, W.; Prager, R.; Gossner, C.M.; et al. Outbreak of *Salmonella* Strathcona Caused by Datterino Tomatoes, Denmark, 2011. *Epidemiol. Infect.* **2016**, *144*, 2802–2811, doi:10.1017/S0950268816000121.
3. European Food Safety Authority (EFSA); European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in Zoonotic and Indicator Bacteria from Humans, Animals and Food in 2020/2021. *EFSA* **2023**, *21*, doi:10.2903/j.efsa.2023.7867.
4. Magiorakos, A.-P.; Srinivasan, A.; Carey, R.B.; Carmeli, Y.; Falagas, M.E.; Giske, C.G.; Harbarth, S.; Hindler, J.F.; Kahlmeter, G.; Olsson-Liljequist, B.; et al. Multidrug-Resistant, Extensively Drug-Resistant and Pandrug-Resistant Bacteria: An International Expert Proposal for Interim Standard Definitions for Acquired Resistance. *Clinical Microbiology and Infection* **2012**, *18*, 268–281, doi:10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x.
5. Maury, M.M.; Bracq-Dieye, H.; Huang, L.; Vales, G.; Lavina, M.; Thouvenot, P.; Disson, O.; Leclercq, A.; Brisse, S.; Lecuit, M. Hypervirulent *Listeria Monocytogenes* Clones' Adaption to Mammalian Gut Accounts for Their Association with Dairy Products. *Nat Commun* **2019**, *10*, 2488, doi:10.1038/s41467-019-10380-0.
6. Camargo, A.C.; Moura, A.; Avillan, J.; Herman, N.; McFarland, A.P.; Sreevatsan, S.; Call, D.R.; Woodward, J.J.; Lecuit, M.; Nero, L.A. Whole-genome Sequencing Reveals *Listeria Monocytogenes* Diversity and Allows Identification of Long-term Persistent Strains in Brazil. *Environmental Microbiology* **2019**, *21*, 4478–4487, doi:10.1111/1462-2920.14726.

7. European Food Safety Authority (EFSA); European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) The European Union One Health 2022 Zoonoses Report. *EFSA* **2023**, *21*, doi:10.2903/j.efsa.2023.8442.
8. Chen, Y.; Luo, Y.; Carleton, H.; Timme, R.; Melka, D.; Muruvanda, T.; Wang, C.; Kastanis, G.; Katz, L.S.; Turner, L.; et al. Whole Genome and Core Genome Multilocus Sequence Typing and Single Nucleotide Polymorphism Analyses of *Listeria Monocytogenes* Isolates Associated with an Outbreak Linked to Cheese, United States, 2013. *Appl Environ Microbiol* **2017**, *83*, e00633-17, doi:10.1128/AEM.00633-17.
9. Lee, S.; Chen, Y.; Gorski, L.; Ward, T.J.; Osborne, J.; Kathariou, S. *Listeria Monocytogenes* Source Distribution Analysis Indicates Regional Heterogeneity and Ecological Niche Preference among Serotype 4b Clones. *mBio* **2018**, *9*, e00396-18, doi:10.1128/mBio.00396-18.
10. Montero, D.; Boderó, M.; Riveros, G.; Lapierre, L.; Gaggero, A.; Vidal, R.M.; Vidal, M. Molecular Epidemiology and Genetic Diversity of *Listeria Monocytogenes* Isolates from a Wide Variety of Ready-to-Eat Foods and Their Relationship to Clinical Strains from Listeriosis Outbreaks in Chile. *Front. Microbiol.* **2015**, *6*, doi:10.3389/fmicb.2015.00384.
11. Ohtani, K.; Shimizu, T. Regulation of Toxin Production in *Clostridium Perfringens*. *Toxins* **2016**, *8*, 207, doi:10.3390/toxins8070207.
12. Stenfors Arnesen, L.P.; Fagerlund, A.; Granum, P.E. From Soil to Gut: *Bacillus Cereus* and Its Food Poisoning Toxins. *FEMS Microbiol Rev* **2008**, *32*, 579–606, doi:10.1111/j.1574-6976.2008.00112.x.
13. Cibiñ, V.; Tassinato, C.; Cento, G.; Ciot, L.; Pestelli, P.; Barco, L. Enter-Vet Report Dati 2021 2023.
14. European Centre for Disease Prevention and Control, European Food Safety Authority Multi-country Outbreak of *Salmonella* Mbandaka ST413, Possibly Linked to Consumption of Chicken Meat in the EU/EEA, Israel and the UK. *EFSA* **2022**, *19*, doi:10.2903/sp.efsa.2022.EN-7707.
15. European Food Safety Authority; European Centre for Disease Prevention and Control The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2015. *EFSA* **2016**, *14*, doi:10.2903/j.efsa.2016.4634.
16. European Food Safety Authority 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* **2010**, *8*, doi:10.2903/j.efsa.2010.1503.
17. Scientific Opinion on Quantification of the Risk Posed by Broiler Meat to Human *Campylobacteriosis* in the EU. *EFSA Journal*, doi:10.2903/j.efsa.2010.1437.