



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 2024 nella Regione Marche

Data on zoonotic bacteria isolated from human clinical cases, animal, food and environmental samples in the year 2024 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 presents data on zoonotic bacterial strains isolated in 2024 from human, animal, food, and environmental sources in the Marche Region.

A total of 202 *Salmonella* spp., 150 *Campylobacter* spp., and 6 *Yersinia enterocolitica* strains, isolated from human infection cases, were submitted to the CRRPE of the Marche Region at IZSUM, as part of the Enter-Net surveillance network. Additionally, 9 *Escherichia coli* STEC, 3 *E. coli* EAEC, 8 *E. coli* EPEC, 2 *E. coli* ETEC, 1 *Brucella melitensis*, 1 *Bacillus cereus*, and 7 *Clostridium perfringens* strains, also from human infections, were submitted to CRRPE.

In parallel, 648 *Salmonella* spp. and 28 *Campylobacter* spp. strains isolated from non-human sources were analyzed by CRRPE.

For human-derived isolates, the report details frequency, age group distribution, hospitalization rate, source of isolation, and potential foodborne origin. Non-human isolates are categorized according to their source and origin.

The report also includes results from antimicrobial susceptibility testing conducted on *Salmonella* strains, both human and non-human in origin, as well as on a selection of *Campylobacter* strains from human cases.

Riassunto. Il presente rapporto presenta i dati relativi ai ceppi batterici zoonotici isolati nel 2024 da fonti umane, animali, alimentari e ambientali nella Regione Marche.

Un totale di 202 ceppi di *Salmonella* spp., 150 di *Campylobacter* spp. e 6 di *Yersinia enterocolitica*, isolati da casi di infezione umana, sono stati inviati al CRRPE della Regione Marche presso l'IZSUM, nell'ambito della rete di sorveglianza Enter-Net. Inoltre, sono stati inviati al CRRPE anche 9 ceppi di *Escherichia coli* STEC, 3 di *E. coli* EAEC, 8 di *E. coli* EPEC, 2 di *E. coli* ETEC, 1 di *Brucella melitensis*, 1 di *Bacillus cereus* e 7 di *Clostridium perfringens*, sempre isolati da casi di infezione umana.

Parallelamente, sono stati analizzati dal CRRPE 648 ceppi di *Salmonella* spp. e 28 ceppi di *Campylobacter* spp. isolati da fonti non umane.

Per gli isolati di origine umana, il rapporto dettaglia la frequenza, la distribuzione per fasce d'età, il tasso di ospedalizzazione, la fonte di isolamento e la probabile associazione con alimenti. Gli isolati di origine non umana sono invece classificati in base all'origine e alla fonte di isolamento.

Il rapporto presenta inoltre i risultati delle prove di sensibilità agli antimicrobici eseguite su tutti i ceppi di *Salmonella* di origine umana e non umana, nonché su un set 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	6
1.2 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE UMANA	13
1.3 ALLERTE EUROPEE PER <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE CLINICA	16
1.4 CEPPI DI <i>CAMPYLOBACTER</i> DI ORIGINE UMANA	17
1.5 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>CAMPYLOBACTER</i> DI ORIGINE UMANA	19
1.6 CEPPI DI <i>YERSINIA ENTEROCOLITICA</i> DI ORIGINE UMANA	20
1.5 CEPPI DI ORIGINE UMANA APPARTENENTI AD ALTRE SPECIE	22

2. ZOONOSI A TRASMISSIONE ALIMENTARE: ISOLATI DI ORIGINE NON UMANA 24

2.1 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE NON UMANA	25
2.1.1 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE ANIMALE	30
2.1.2 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE ALIMENTARE	32
2.1.3 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE AMBIENTALE (VETERINARIA)	34
2.1.4 CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> ISOLATI DA MATRICE AMBIENTALE (ACQUA)	36
2.2 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE VETERINARIA (ALIMENTARE, AMBIENTE VETERINARIO, ANIMALE)	37
2.3 ANTIBIOTICO-RESISTENZA NEI CEPPI DI <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE AMBIENTALE (ACQUA DI SUPERFICIE E DI POZZO)	39
2.4 ALLERTE EUROPEE PER <i>SALMONELLA</i> DI ORIGINE NON CLINICA	41
2.5 CEPPI DI <i>CAMPYLOBACTER</i> DI ORIGINE NON UMANA	43

Introduzione

Nel corso del **2024**, i Laboratori periferici che collaborano con il Centro di Riferimento Regionale Patogeni Enterici (CRRPE) regione Marche e le sezioni marchigiane dell'IZSUM hanno conferito **1044** stipiti batterici al CRRPE. La maggior parte sono rappresentati dal genere *Salmonella* (79,4%) e, a seguire, dal genere *Campylobacter* (17%) (Tab.1 e Tab. 2).

Tabella 1: Stipiti isolati nel 2024 nella regione Marche suddivisi per origine											
Ceppi batterici	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Brucella melitensis</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>Bacillus cereus</i>	<i>Clostridium perfringens</i>	TOTALE
Origine umana	202	150	1	6	9	3	8	2	1	7	389
Origine veterinaria	33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	33
Origine alimentare (alimentazione umana)	91	28	-	-	-	-	-	-	-	-	119
Origine alimentare (alimentazione animale)	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
Origine ambientale (veterinaria)	475	-	-	-	-	-	-	-	-	-	475
Origine ambientale (acqua)	25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	25
Totale	829	178	1	6	9	3	8	2	1	7	1044

Tabella 2: Ceppi batterici di *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. e altri patogeni isolati nel 2024 e nel 2023 nella regione Marche

Ceppi batterici	N. 2024	%2024	N. 2023	%2023
<i>Salmonella</i> spp.	829	79,4	2122	90,4
<i>Campylobacter</i> spp.	178	17	184	7,8
Altri patogeni	37	3,6	43	1,8
Totale	1044	100	2349	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 eterogena: 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 2024 solamente tre 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 mancata ricerca di questo patogeno a seguito di richiesta di coprocultura.

Per quanto riguarda gli altri patogeni attenzionati dalla rete Enter-Net (*Yersinia* spp., *Vibrio* spp. e *Aeromonas* spp.), 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. Nella tabella 4 vengono riportati altri ceppi batterici caratterizzati nel corso del 2024 presso il CRRPE la cui sorveglianza non è parte della rete Enter-Net.

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

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

Laboratorio	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Yersinia</i> <i>enterocolitica</i>	TOTALE
AST PU Presidio di Pesaro e Fano	12	-	-	12
AST PU Presidio di Urbino	18	16	-	34
AST AN Presidio di Senigallia	11	23	1	35
AST AN Presidio di Jesi	18	5	2	25
AST AN Presidio di Fabriano	4	1	-	5
AOU Ospedali Riuniti Ancona	28	9	1	38
INRCA Ancona e Osimo	1	2	-	3
AST MC Presidio di Macerata	27	7	-	52
AST MC Presidio di Civitanova M.		13	-	
AST MC Presidio di S. Severino M.		2	-	
AST MC Presidio di Camerino		3	-	
AST FM Presidio di Fermo	20	15	-	35
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	38	28	2	68
Laboratorio analisi cliniche Gamma (Fano, PU)	2	-	-	2
Laboratorio analisi cliniche BioLab (Montecchio di Vallefoglia, PU)	-	6	-	6
Laboratorio analisi cliniche Selemar (Urbino)	1	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Scorcelletti (Senigallia, AN)	1	2	-	3
Laboratorio analisi cliniche del Piano (Ancona)	9	16	-	25
Laboratorio analisi cliniche MZ (Fabriano, AN)	3	-	-	3
Laboratorio analisi cliniche Clinica Villa Pini (Civitanova Marche, MC)	1	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Delta (Porto Recanati, MC)	2	-	-	2
Laboratorio analisi cliniche Gamma (Tolentino, MC)	1	-	-	1
Laboratorio analisi cliniche Qualis Lab-Serroni (Fermo)	2	-	-	2
Laboratorio analisi cliniche Qualis Lab-Ormodiagnostica (Grottammare, AP)	2	-	-	2
Laboratorio analisi cliniche Qualis Lab-Biotest (Pagliare del Tronto, AP)	1	-	-	1
Totale	202	148	6	356

Tabella 4: altri ceppi batterici di origine umana caratterizzati presso il CRRPE nel 2024

Laboratorio	<i>Escherichia coli</i> STEC	<i>Escherichia coli</i> EAEC	<i>Escherichia coli</i> EPEC	<i>Escherichia coli</i> ETEC	<i>Brucella melitensis</i>	<i>Bacillus cereus</i>	<i>Clostridium perfringens</i>	TOTALE
AOU Ospedali Riuniti Ancona	6	-	-	2	-	-	-	8
AST AN Presidio di Fabriano	1	-	2	-	-	-	-	3
AST FM Presidio di Fermo	2	3	6	-	-	-	-	11
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	-	-	-	-	1	1	7	9
Totale	9	3	8	2	1	1	7	31

1.1 Ceppi di *Salmonella* di origine umana

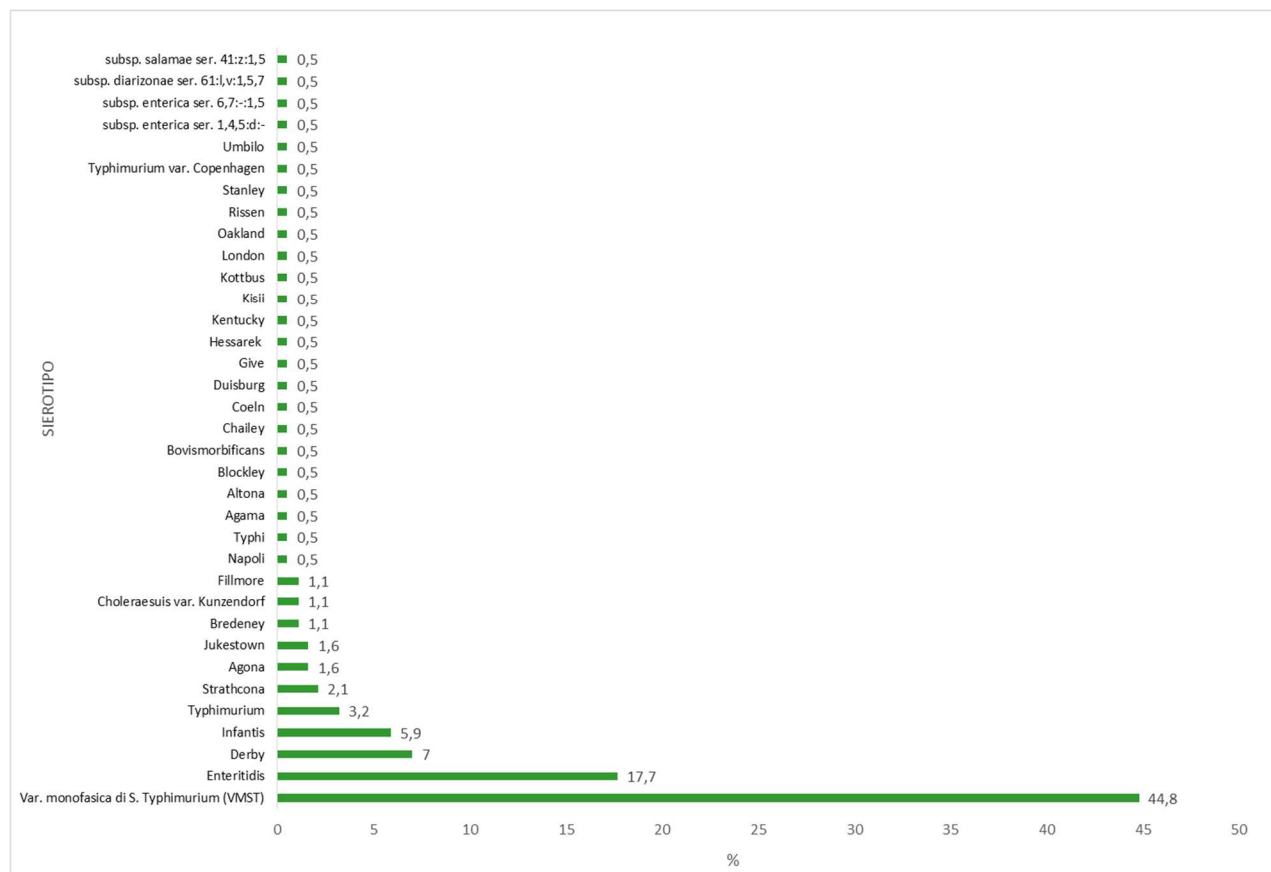
Nella tabella 5 e nel grafico 1 sono riportati l'elenco e la distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* isolati da casi clinici umani negli anni 2024 e 2023. In questa tabella, il totale indicato, relativo al 2024, è rappresentativo dei ceppi isolati a seguito di prima coprocoltura. Le positività riscontrate in caso di successivi controlli eseguiti dallo stesso paziente (nel 2024 sono stati 15 i ceppi risultanti da secondi e terzi controlli su un totale di 202 ceppi di *Salmonella* spp. sierotipizzati nel corso del 2024) non sono state riportate in questa tabella.

Tabella 5 e Grafico 1

Specie <i>enterica</i>	N. 2024	% 2024	% 2023
Sierotipo			
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	83	44,8	20,5
Enteritidis	33	17,7	47,8
Derby	13	7	2,8
Infantis	11	5,9	2,1
Typhimurium	6	3,2	2,8

Strathcona	4	2,1	3,2
Agona	3	1,6	0,4
Jukestown	3	1,6	-
Bredeney	2	1,1	1,6
Choleraesuis var. Kunzendorf	2	1,1	-
Fillmore	2	1,1	-
Napoli	2	0,5	1,2
Typhi	1	0,5	0,8
Agama	1	0,5	-
Altona	1	0,5	0,4
Blockley	1	0,5	-
Bovismorbificans	1	0,5	-
Chailey	1	0,5	-
Coeln	1	0,5	0,4
Duisburg	1	0,5	-
Give	1	0,5	-
Hessarek	1	0,5	-
Kentucky	1	0,5	-
Kisii	1	0,5	-
Kottbus	1	0,5	-
London	1	0,5	-
Oakland	1	0,5	-
Rissen	1	0,5	0,4
Stanley	1	0,5	-
Typhimurium var. Copenhagen	1	0,5	0,4
Umbilo	1	0,5	-
subsp. <i>enterica</i> ser. 1,4,5:d:-	1	0,5	-
subsp. <i>enterica</i> ser. 6,7:-:1,5	1	0,5	-
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 61:l,v:1,5,7	1	0,5	-

subsp. <i>salamae</i> ser. 41:z:1,5	1	0,5	-
Altri sierotipi	-	-	15,6
Totale	187	100	100



Nel 2024, i primi due sierotipi di *Salmonella* maggiormente riscontrati nella regione Marche sono rappresentati dal sierotipo VMST (44,8%) seguito da *S. Enteritidis* (17,7%).

Tale dato si pone come ogni anno per la regione Marche ma in generale per l'Italia, eccezion fatta per il 2023 (*S. Enteritidis* 47,8% e VMST 20,5% [1]), in netto contrasto con quanto riportano i dati europei secondo cui, il numero maggiore di casi di salmonellosi è riconducibile al sierotipo Enteritidis (24019 casi nel 2023), seguito da Typhimurium (3015 casi nel 2023) e da VMST (1738 casi nel 2023) [2].

Per quanto riguarda la VMST, 11 ceppi sugli 87 totali, sono risultati ascrivibili ad un cluster riferibile al periodo luglio-settembre. Tali ceppi hanno presentato il profilo di resistenza antibiotica, ACSSuTGmTmpSxt. La condivisione dell'informazione della circolazione di questo clone nella regione Marche, inizialmente identificato su base fenotipica tramite il profilo R-type, con i colleghi del CRRPE dell'Emilia-Romagna, ha premesso di scoprire che anche in Emilia-Romagna si stava monitorando la circolazione di un ceppo di VMST che presentava dall'analisi della sequenza genomica in silico, gli stessi determinanti genetici di resistenza osservati a livello fenotipico nei ceppi marchigiani. Gli 11 ceppi marchigiani sono stati sequenziati e sono risultati sovrapponibili a quelli dell'Emilia-Romagna per un totale di 87 ceppi riferibili ad un unico cluster, 76 isolati in Emilia-Romagna e 11 nelle Marche. L'informazione è stata condivisa con i referenti del Ministero e

della rete Enter-Net e successivamente, tramite la rete Enter-Net l'allerta è stata diramata alle altre regioni italiane con richiesta di condivisione all'ISS degli isolati di VMST anche in base al peculiare profilo di suscettibilità agli antibiotici indicato. Sono stati perciò successivamente analizzati in cgMLST presso l'ISS, 88 isolati di VMST (40 provenienti dal Veneto, 33 dalla Provincia autonoma di Trento, 8 dalla Provincia autonoma di Bolzano, 5 dal Lazio, 1 dalla Campania).

43 ceppi di cui 25 dal Veneto, 8 dalla Provincia Autonoma di Bolzano, 6 dalla Provincia Autonoma di Trento, 4 dal Lazio isolati nel periodo luglio-settembre, hanno correlato con i ceppi del cluster Emilia-Romagna-Marche e hanno presentato un profilo genotipico e fenotipico di resistenza sovrapponibile a quello inizialmente indicato.

Al suddetto cluster, per quanto riguarda le Marche, si è aggiunto anche il ceppo di VMST isolato dalla coprocultura di un gatto domestico di proprietà di uno degli 11 casi clinici marchigiani, quest'ultimo risultato positivo per VMST da emocoltura e deceduto.

Dalle indagini epidemiologiche condotte sui casi non sono risultati alimenti sospetti. Durante il periodo delle indagini, nella regione Marche, da spiedini misti (bovino, suino, pollo, tacchino, latte UHT, uovo pastorizzato, pane grattugiato, formaggio grattugiato, sale, pancetta arrotolata, pomodori) campionati nel contesto del PNI dal SIAOA dell'AST di Macerata il 17/09/2024 presso un laboratorio lavorazione annesso all'esercizio commerciale di Recanati è stato isolato, da tutte e cinque le U.C., lo stesso ceppo di VMST con il medesimo profilo R-type dei casi clinici (ACSSuTGmTmptSxt) tuttavia le analisi genomiche hanno escluso che lo spiedino potesse essere la sorgente di contaminazione.

Rappresentano un dato interessante i 4 isolati di *S. Strathcona*, che si aggiungono agli 8 isolati nel 2023, 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 [3] in occasione della quale tale alimento fu indicato come potenzialmente responsabile, anche se esclusivamente su base epidemiologica. Di seguito si riportano gli aggiornamenti relativi ai ceppi isolati nel 2023 e non condivisi nel precedente report del 2023.

In Italia, in totale, sono stati segnalati 62 casi di *S. Strathcona* riferibili a campioni clinici con data di prelievo compresa tra il 1° gennaio e il 12 dicembre 2023. Il numero massimo di casi è stato osservato tra la fine di agosto e la fine di settembre; successivamente è stata registrata una diminuzione del numero dei casi, anche se un secondo picco è stato osservato a metà ottobre [4].

I casi di *S. Strathcona* sono stati segnalati da dodici regioni italiane. Il tasso di notifica più alto è stato riportato dalle Marche (2,7 casi per 1.000.000 di abitanti), seguito dal Veneto (1,8) e dalla Provincia Autonoma (PA) di Trento (1,8). I tassi più bassi sono stati riportati dalla Puglia (0,1), seguita dalla Campania (0,2) e dalla Liguria (0,3). Il maggior numero di casi è stato segnalato dal Veneto (17, 27%), seguito da Marche (8, 13%), Lazio (8, 13%) e Lombardia (8, 13%). Solo quattro regioni hanno inviato i questionari compilati dalle ASL somministrati ai casi notificati: Veneto (12 casi su 17 casi riportati), Marche (7 casi su 8 casi riportati), Lazio (2 casi su 8 casi riportati) e Puglia (1 caso su 1 caso riportato).

L'analisi epidemiologica ha indicato la mancanza di una chiara fonte comune di infezione tra i casi riportati senza che nessun alimento specifico sia risultato come causa definitiva.

Dei 62 ceppi umani di *S. Strathcona* isolati in Italia nel 2023, 38 sono stati sottoposti a WGS e sulle sequenze ottenute è stata effettuata un'analisi cgMLST. Inoltre, sono stati inclusi nell'analisi due isolati umani associati ai focolai di *S. Strathcona* in Germania del 2023 (id: 23-05042, disponibili nell'evento Epi-Pulse 2023-FWD-00090) e in Danimarca del 2011 (evento Epi-Pulse 2011-FWD-00034, collegamento epidemiologico con i pomodori datterino di produzione italiana), e un isolato ambientale da acque superficiali campionate in Trentino nel 2023, per un totale di 41 profili di *S. Strathcona* [4].

A causa dell'elevato livello di clonalità di questo sierotipo, è stato applicato un cut-off stretto di 3 AD (alleles difference) che ha permesso di identificare due cluster: uno composto dall'isolato di riferimento proveniente dalla Germania e da 8 isolati umani italiani, e l'altro composto da 15 isolati umani italiani e dall'isolato ambientale di Bolzano. L'isolato umano danese dell'epidemia del 2011, invece, non è stato assegnato a nessuno di questi cluster. I risultati delle indagini genomiche suggeriscono che alcuni casi italiani sono correlati a quelli tedeschi, mentre la maggior parte di essi non è correlata, e che i focolai del 2011 (Danimarca) e del 2023 (Germania) non sono collegati. Si può perciò ipotizzare che vi siano più fonti di infezione, probabilmente collegate a fonti ambientali che hanno determinato i casi del 2023.

Per quanto riguarda i 6 ceppi marchigiani su 8 totali registrati nel 2023:

- 3 hanno presentato omologia con il ceppo di riferimento della Germania e mostrato 11 AD dal ceppo di riferimento della Danimarca
- 1 ha presentato omologia con un ceppo proveniente dal Piemonte e un ceppo proveniente dal Veneto, tutti e tre rispettivamente a 5 AD dal ceppo di riferimento della Germania e a 14 AD dal ceppo di riferimento della Danimarca
- 1 è risultato ascrivibile a un cluster di 15 ceppi totali (10 ceppi dal Veneto, 3 ceppi dal Friuli-Venezia Giulia, 1 ceppo dal Trentino-Alto Adige) che ha mostrato 5 AD dal ceppo di riferimento della Germania e 14 AD dal ceppo di riferimento della Danimarca
- 1 ceppo ha mostrato 10 AD dal ceppo di riferimento della Germania e 19 AD dal ceppo di riferimento della Danimarca

Per quanto riguarda invece il ceppo di *S. Strathcona* isolato da vongole prelevate nel contesto della sorveglianza delle acque per la molluschicoltura in provincia di Ancona a novembre 2023 e non incluso in questo report, abbiamo ricevuto comunicazione da parte del Centro di Referenza Nazionale per le salmonellosi di origine veterinaria e alimentare dell'IZSVE che il suddetto ceppo dista 3 AD dal ceppo di riferimento della Germania e che quindi può essere incluso nel cluster costituito da 8 ceppi clinici italiani (3 dei quali marchigiani) e appunto dal ceppo di riferimento dell'epidemia della Germania del 2023.

L'analisi dei ceppi di origine clinica isolati nel 2024 è tuttora in corso, con i dati disponibili ad oggi sembrerebbe maggiormente supportata l'ipotesi che la fonte di contaminazione sia sostanzialmente unica, sia pure di natura probabilmente non puntiforme, data anche la tipologia di matrici apparentemente coinvolte. Potrebbe perciò trattarsi di una fonte genericamente definibile come "ambientale". Ad esempio, una o più aree di coltivazione e/o irrigazione, che nel tempo possono essersi cross-contaminate.

La tabella 6 riporta la distribuzione degli isolati umani di *Salmonella* per classe di età.
 Anche quest'anno l'incidenza di casi nella classe di età inferiore a un anno è la più bassa.
 Cala notevolmente invece l'incidenza nella classe 15-64.

Tabella 6: Distribuzione degli isolamenti umani per classe di età				
Età (in anni)	N. 2024	% 2024	N. 2023	% 2023
< 1	1	0,5	8	3,2
1 – 5	42	22,5	56	22,4
6 – 14	39	20,9	46	18,4
15 – 64	46	24,6	73	29,2
> 64	59	31,6	67	26,8
Totale	187	100	250	100

Tabella 7: Matrici di isolamento				
Matrice	N. 2024	% 2024	N. 2023	% 2023
Feci	174	93	226	90,4
Sangue	7	3,7	15	6
Urine	5	2,7	5	2
Liquido sinoviale	1	0,5	-	-
Liquido da drenaggio (ascesso splenico)	-	-	1	0,4
Bile	-	-	1	0,4
Bronco aspirato	-	-	1	0,4
Tampone ferita	-	-	1	0,4
Feci e sangue	-	-	-	-
Totale	187	100	250	100

Come indicato nella Tabella 7, la quasi totalità dei ceppi di *Salmonella* è stata isolata da feci, ad eccezione di 13 campioni isolati da diversa matrice.

Per quanto riguarda i 7 ceppi isolati da sangue, sono riconducibili rispettivamente a VMST (n=2), a *S. Typhimurium* (n=1), a *S. Typhi* (n=1), a *S. Choleraesuis* var. Kunzendorf (n=1), a *S. Jukestown* (n=1), a subsp. *enterica* ser. 6,7:-:1,5 (n=1).

I 5 ceppi isolati da urinocoltura sono riconducibili a *S. Derby*, *S. Enteritidis*, *S. Infantis*, VMST e *S. Typhimurium*.
 Il ceppo isolato da liquido sinoviale è riconducibile a *S. Choleraesuis* var. Kunzendorf.

Per quanto riguarda le percentuali di ospedalizzazione e non (Tabella 8), in 30 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 circa la metà del totale dei casi per i quali tale informazione è disponibile (n=157).

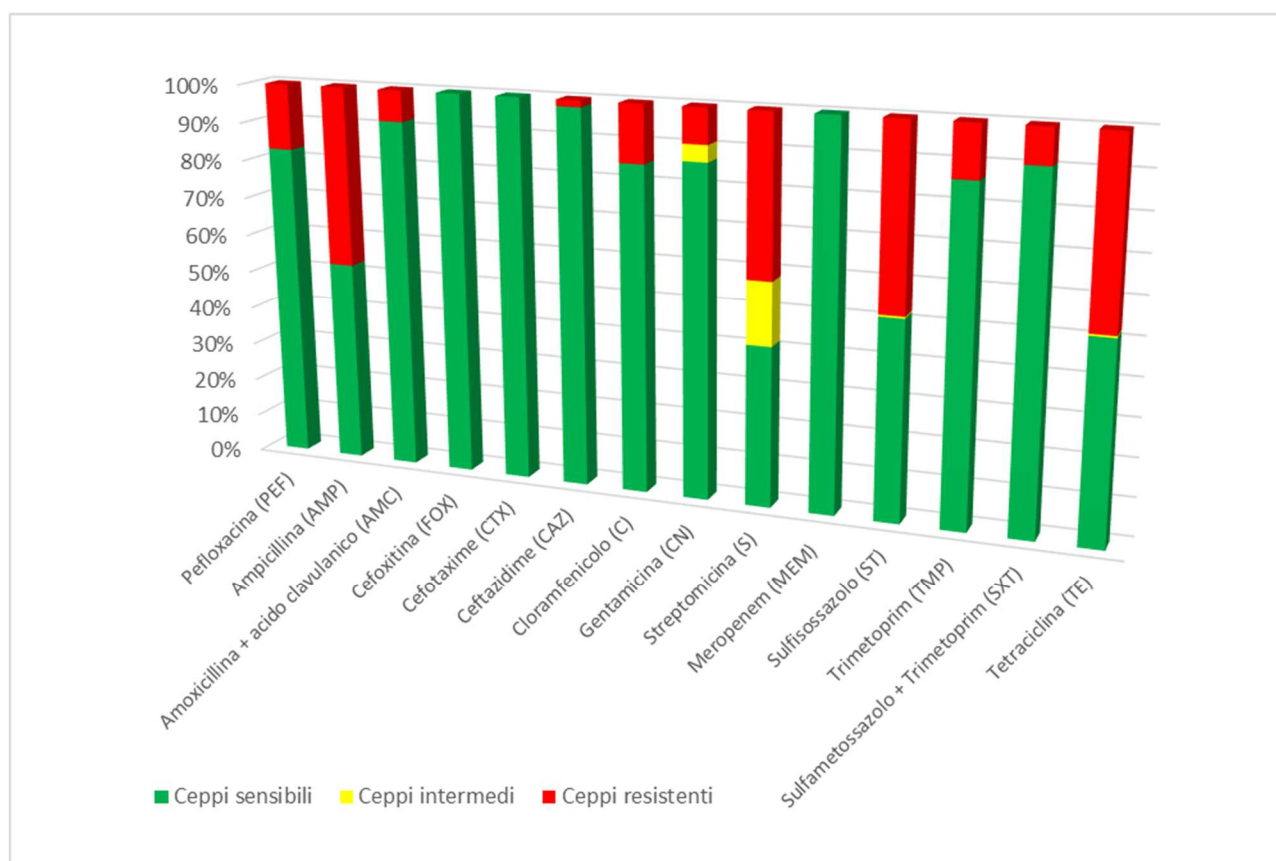
Tabella 8: Ospedalizzazione				
Ospedalizzazione	N. 2024	%2024	N.2023	%2023
Sì	73	39	90	36
No	84	44,9	134	53,6
Non noto	30	16,1	26	10,4
Totale	187	100	250	100

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, 34th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2024*).

Tabella 9 e Grafico 4: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n ceppi= 187)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTERMEDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	82,8	-	17,2
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	52,9	-	47,1
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	91,9	-	8,1
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	100	-	-
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	100	-	-
Ceftazidime (CAZ)	98,3		1,7
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	85,1		14,9
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	86,6	4,3	9,1
Streptomicina (S)	41,7	16,6	41,7
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	-
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	51,9	0,5	47,6
Trimetoprim (TMP)	86,5	-	13,5
Sulfametossazolo + Trimetoprim (SXT)	90,9	-	9,1
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	51,9	0,5	47,6



Secondo i dati del report congiunto EFSA-ECDC sull'antibiotico-resistenza dei batteri zoonotici e indicatori nell'uomo, animali e alimenti, relativo al periodo 2022-2023 nei 28 Stati Membri e pubblicato a febbraio 2024 [5], 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 2013-2022 si sia verificato un calo della resistenza all'ampicillina e alle tetracicline negli isolati clinici in 15 Paesi europei.

Dalla tabella 9 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 2024, il primo sierotipo isolato da fonte umana nella regione Marche. L'aumento di incidenza della resistenza per la Pefloxacin è riconducibile all'elevato numero di ceppi di *S. Enteritidis* tipizzati nel 2024, sierotipo quest'ultimo che è risultato nella maggior parte dei casi, resistente a tale antibiotico.

Ad eccezione di questa ultima resistenza riferibile al focolaio multi-cluster, la tendenza 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.

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 (22,1%) e maggiormente osservata nei sierotipi Kentucky (63,7%) e VMST (68,2%).

Per quanto riguarda le Enterobatteriacee, si considera multi-resistente (MDR multidrug-resistant) sulla base della definizione pubblicata dall'ECDC nel 2011 [6], 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 2024 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=187)



Come si può osservare nel Grafico 5, la percentuale dei ceppi che rientrano nella definizione di multi-resistenti è pari al 48% del totale a differenza di quanto ottenuto nel 2023 (23%) [1] ed in linea con quanto ottenuto nel 2022 (52%) [7]. Il considerevole calo di ceppi MDR nel 2023 è stato riconducibile al consistente numero di ceppi di *S. Enteritidis* (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 (Pefloxacin) (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 2024 le allerte ricevute hanno riguardato:

- **Allerta relativa a *S. Mikawasima* nel periodo ottobre - novembre 2024**

Vari casi in Paesi Europei probabilmente legati a viaggi nelle Canarie.

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

- **Prosecuzione allerta relativa a *S. Strachona* del 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.

- **Allerta relativa a *S. Umbilo* dalla metà di luglio 2024 in poi**

Pubblicazione di un'allerta RASSF attivata in seguito ad un focolaio di tossinfezione alimentare che ha coinvolto diversi paesi Europei, dalla metà di luglio in poi.

Lotti di rucola proveniente dall'Italia sono risultati positivi a *S. Umbilo*.

Nella regione Marche, si è registrato un solo caso riferibile a questa allerta riconducibile a una bambina di sette mesi residente nella provincia di Ancona.

1.4 Ceppi di *Campylobacter* di origine umana

Per quanto riguarda le positività per *Campylobacter* di origine umana, nel 2024 sono state confermate dal CRRPE un totale di 150 positività, due delle quali riferibili a secondi controlli eseguiti dagli stessi pazienti per cui il numero effettivo di positività per *Campylobacter* è pari a 148 (Tabella 10). 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 2024, così come accaduto nel 2023 [1], la fascia di età maggiormente colpita sia stata la classe 15-64 (Tabella 11).

La matrice di isolamento ha riguardato quasi nella totalità dei casi il campione feci (Tabella 12) ad eccezione di due campioni isolati da sangue (uno dei quali positivo per *C. fetus* subsp. *fetus* notoriamente isolabile solo da sangue) mentre l'ospedalizzazione si è resa necessaria nel 22,3 % dei casi (Tabella 13).

Tabella 10: isolati di *Campylobacter* spp. di origine umana

Laboratorio	<i>Campylobacter jejuni</i>	<i>Campylobacter coli</i>	<i>Campylobacter fetus</i> subsp. <i>fetus</i>	<i>Campylobacter</i> spp.	TOT
AST PU Presidio di Urbino	16	-	-	-	16
AST AN Presidio di Senigallia	20	3	-	-	23
AST AN Presidio di Jesi	5	-	-	-	5
AST AN Presidio di Fabriano	1	-	-	-	1
AOU Ospedali Riuniti Ancona	6	2	1	-	9
INRCA Ancona e Osimo	1	-	-	1	2
AST MC Presidio di Macerata	5	-	-	2	7
AST MC Presidio di Civitanova M.	9	2	-	2	13
AST MC Presidio di S. Severino M.	2	-	-	-	2

AST MC Presidio di Camerino	2	1	-	-	3
AST FM Presidio di Fermo	13	-	-	2	15
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	24	3	-	1	28
Laboratorio analisi cliniche BioLab (Montecchio di Vallefoglia, PU)	6	-	-	-	6
Laboratorio analisi cliniche Scorcelletti (Senigallia, AN)	2	-	-	-	2
Laboratorio analisi cliniche del Piano (Ancona)	14	2	-	-	16
Totale	126	13	1	8	148

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

Età (in anni)	N. 2024	%2024	N. 2023	%2023
≤ 1	8	5,4	4	3
2 - 5	20	13,5	12	9
6 -14	18	12,2	18	13,5
15 - 64	76	51,4	67	50,4
> 64	26	17,5	32	24,1
Totale	148	100	133	100

Tabella 12: Matrici di isolamento

Matrice	N.	% 2024
Feci	146	98,6
Sangue	2	1,4
Totale	148	100

Tabella 13: Ospedalizzazione

Ospedalizzazione	N.	% 2024
Sì	33	22,3
No	86	58,1
Non noto	29	19,6
Totale	148	100

1.5 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=59 *C. jejuni* e n=5 *C. coli*) inviati dal CRRPE per ulteriori caratterizzazioni.

Tabella 14: esiti di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n ceppi=64)

Antibiotico	<i>Campylobacter jejuni</i>			<i>Campylobacter coli</i>		
	S	I	R	S	I	R
Ciprofloxacina (CIP)	22	-	37	1	-	4
Eritromicina (ERI)	58	-	1	4	-	1
Gentamicina (CN)	59	-	-	5	-	-
Tetraciclina (TE)	22	-	37	1	-	4
Cloramfenicolo (C)	59	-	-	5	-	-
Ertapenem (ER)	54	-	5	3	-	2
TOTALE CEPPI TESTATI	59			5		

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 2022-2023 [5] nei 24 Stati Membri e nei 2 non Membri, 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 molto 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 più alta in *C. coli*.

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

1.6 Ceppi di *Yersinia enterocolitica* di origine umana

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

denominata Yst. Essa agisce stimolando la produzione di guanylato-ciclasasi nelle cellule epiteliali intestinali e, nella sua conformazione molecolare, pare molto simile alla tossina termostabile degli stipiti enterotossigeni di *E. coli* [8].

Nel 2024 sono stati caratterizzati presso il CRRPE 6 ceppi di *Y. enterocolitica* che sono stati analizzati in PCR per la ricerca del gene *ail* così come illustrato nella tabella 15.

Tabella 15: positività o negatività al gene <i>ail</i>			
Laboratorio	<i>ail</i> +	<i>ail</i> -	Totale
AOU Ospedali Riuniti Ancona	1	-	1
AST AN Presidio di Jesi	-	2	2
AST AN Presidio di Senigallia	1	-	1
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	1	1	2
Totale	3	3	6

Nella tabella 16 è invece riportata la distribuzione dei casi per classe di età.

Tabella 16: Distribuzione degli isolamenti umani per classe di età		
Età (in anni)	N. 2024	N. 2023
< 1	-	-
1 - 5	1	-
6 - 14	3	-
15 - 64	1	1
> 64	1	-
Totale	6	1

Il profilo di suscettibilità antibiotica ha rilevato la resistenza di 3 ceppi all'ampicillina, di 1 ceppo all'ampicillina e alla streptomina, di 1 ceppo all'ampicillina, al cloramfenicolo, alla streptomina, al sulfisossazolo e alla pefloxacin. Un unico ceppo è risultato totalmente sensibile al pannello di antibiotici testato.

1.5 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 2024 (Tabella 4: altri ceppi batterici di origine umana caratterizzati presso il CRRPE nel 2024) presso i laboratori ospedalieri marchigiani e inviati al CRRPE per ulteriori analisi di caratterizzazione.

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 [9]. 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 dei ceppi di *C. perfringens* isolati nel corso del 2024 nella regione Marche. Si tratta di 7 ceppi isolati rispettivamente, 5 da feci e 2 da emocoltura. Confermati in Maldi-Tof e sottoposti a Multiplex PCR per la determinazione del tossinotipo, sono risultati positivi per il tossinotipo A (n=6) e per il tossinotipo A produttore di β_2 tossina (n=1).

Tabella 17: isolati di <i>C. perfringens</i> di origine umana (n=7)		
Laboratorio	Tossinotipo A	Tossinotipo A Produttore di β_2 tossina
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	6	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 una 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 [10].

Di seguito vengono riportati i dettagli del ceppo di *Bacillus cereus* isolato nel corso del 2024 nella regione Marche confermati in Maldi-Tof e sottoposto a PCR per la ricerca dei geni codificanti per la tossina emetica (cereulide).

Tabella 18: isolato di *B. cereus* di origine umana (n=1)

Laboratorio	Matrice isolamento	Cereulide
AST AP Presidio di Ascoli P. e S. Benedetto del T.	Sangue	Negativo
TOTALE	1	0

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

Come è possibile osservare dalla tabella che segue (Tabella 19), 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 19: Numero di isolati di origine non umana distinti per struttura			
Strutture	<i>Salmonella</i>	<i>Campylobacter</i>	Totale
IZSUM	117	28	145
ARPAM			24
➤ Dipartimento Pesaro	23	-	
➤ Dipartimento Macerata	1	-	
LABORATORI PRIVATI			507
➤ Eco Control (Fermo)	475	-	
➤ Carnj soc. coop. agricola (Cingoli, MC)	10	-	
➤ Intertek (Fermo)	17	-	
➤ Analisi Control (Corridonia, MC)	2	-	
➤ CIA Lab (Ascoli P.)	1	-	
➤ Qualichem (Caldarola, MC)	1	-	
➤ Laboratorio Sanità Pubblica Repubblica di San Marino	1	-	
Totale	648	28	676

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) e ambientale fluviale (acque superficiali). Rispetto al 2023 [1], nel 2024 si registra un calo degli isolati di *Salmonella* da matrice animale e da ambiente veterinario, quest'ultimo dovuto al fatto che a partire da aprile 2024, non sono stati più conferiti al Centro dal laboratorio privato Eco Control, i ceppi per le attività di sierotipizzazione, isolati in produzione primaria nell'ambito dei piani di autocontrollo.

Tabella 20: Isolati di *Salmonella* di provenienza non umana distinti per origine

Origine	N. 2024	% 2024	N. 2023	% 2023
Alimentare (alimentazione umana)	91	33	97	5,3
Alimentare (alimentazione animale: mangime)	3	1,1	1	0,1
Animale	33	12	50	2,7
Ambientale veterinario	475	44,8	1663	90,3
Ambientale non veterinario	-	-	8	0,4
Ambientale fluviale	25	9,1	22	1,2
Totale	627	100	1841	100

Tabella 21: Isolati di *Salmonella* origine non umana distinti per origine e sierotipo

Sierotipo	Alimento	Animale	Ambiente veterinario	Ambiente fluviale	Mangime	N°	%
Infantis	47	-	417	-	2	466	74,3
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	9	4	-	-	-	13	2,1
Derby	10	-	-	2	-	12	1,9
Veneziana	2	1	-	9	-	12	1,9
Blockley	-	-	10	-	-	10	1,6
Anatum	-	-	8	-	-	8	1,3

Jerusalem	-	-	8	-	-	8	1,3
Kentucky	-	4	3	-	-	7	1,1
Bredeney	6	-	-	-	-	6	1
Rissen	6	-	-	-	-	6	1
Stanleyville	-	1	2	3	-	6	1
Schwarzengrund	-	6	-	-	-	6	1
Enteritidis	-	4	1	-	-	5	0,8
Senftenberg	-	-	5	-	-	5	0,8
Typhimurium	2	1	-	1	-	4	0,6
Abaetetuba	-	-	3	-	-	3	0,5
Agona	-	3	-	-	-	3	0,5
Give	-	-	3	-	-	3	0,5
Mbandaka	-	-	3	-	-	3	0,5
Napoli	-	-	-	3	-	3	0,5
subsp. <i>salamae</i> ser. 41:z:1,5	-	1	2	-	-	3	0,5
Choleraesuis var. Kunzendorf	-	2	-	-	-	2	0,3
Isangi	-	-	2	-	-	2	0,3
Jukestown	-	-	-	2	-	2	0,3
Muenster	-	1	1	-	-	2	0,3
subsp. <i>salamae</i> ser. 38:-:Z ₃₅	2	-	-	-	-	2	0,3
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 38:l,v:Z ₃₅	1	-	-	1	-	2	0,3
Abortusovis	-	1	-	-	-	1	0,2
Brandenburg	1	-	-	-	-	1	0,2
Coeln	-	-	1	-	-	1	0,2
Choleraesuis	-	1	-	-	-	1	0,2
Farmingdale	1	-	-	-	-	1	0,2
Fischerhuetten	-	1	-	-	-	1	0,2
Kapemba	1	-	-	-	-	1	0,2
Korlebu	-	-	1	-	-	1	0,2
Kottbus	-	-	-	1	-	1	0,2
Livingstone	-	-	1	-	-	1	0,2
London	1	-	-	-	-	1	0,2
Muenchen	-	-	1	-	-	1	0,2
Mishmarhaemek	-	1	-	-	-	1	0,2
Nanergou	-	-	1	-	-	1	0,2
Newport	-	-	-	1	-	1	0,2

Skansen	-	-	-	1	-	1	0,2
Strathcona	-	-	-	1	-	1	0,2
Tennessee	-	-	1	-	-	1	0,2
Westphalia	-	-	1	-	-	1	0,2
subsp. <i>enterica</i> ser. -:r:1,5	1	-	-	-	-	1	0,2
subsp. <i>enterica</i> ser. 4,5:l,v:-	-	1	-	-	-	1	0,2
subsp. <i>salamae</i> ser. 42:z:1,5	-	-	-	-	1	1	0,2
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 14:z ₁₀ :z	1	-	-	-	-	1	0,2
Totale	91	33	475	25	3	627	100

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

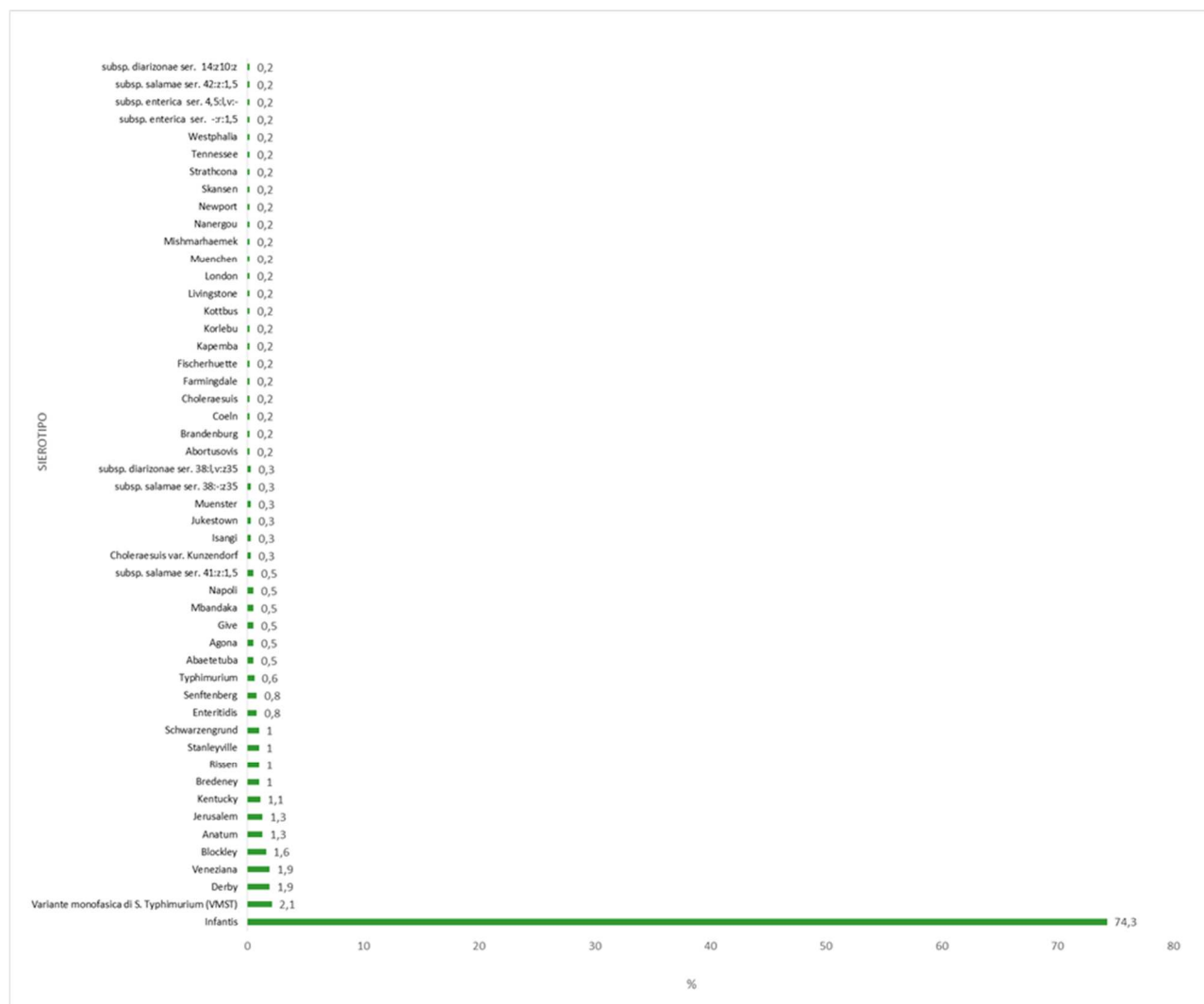
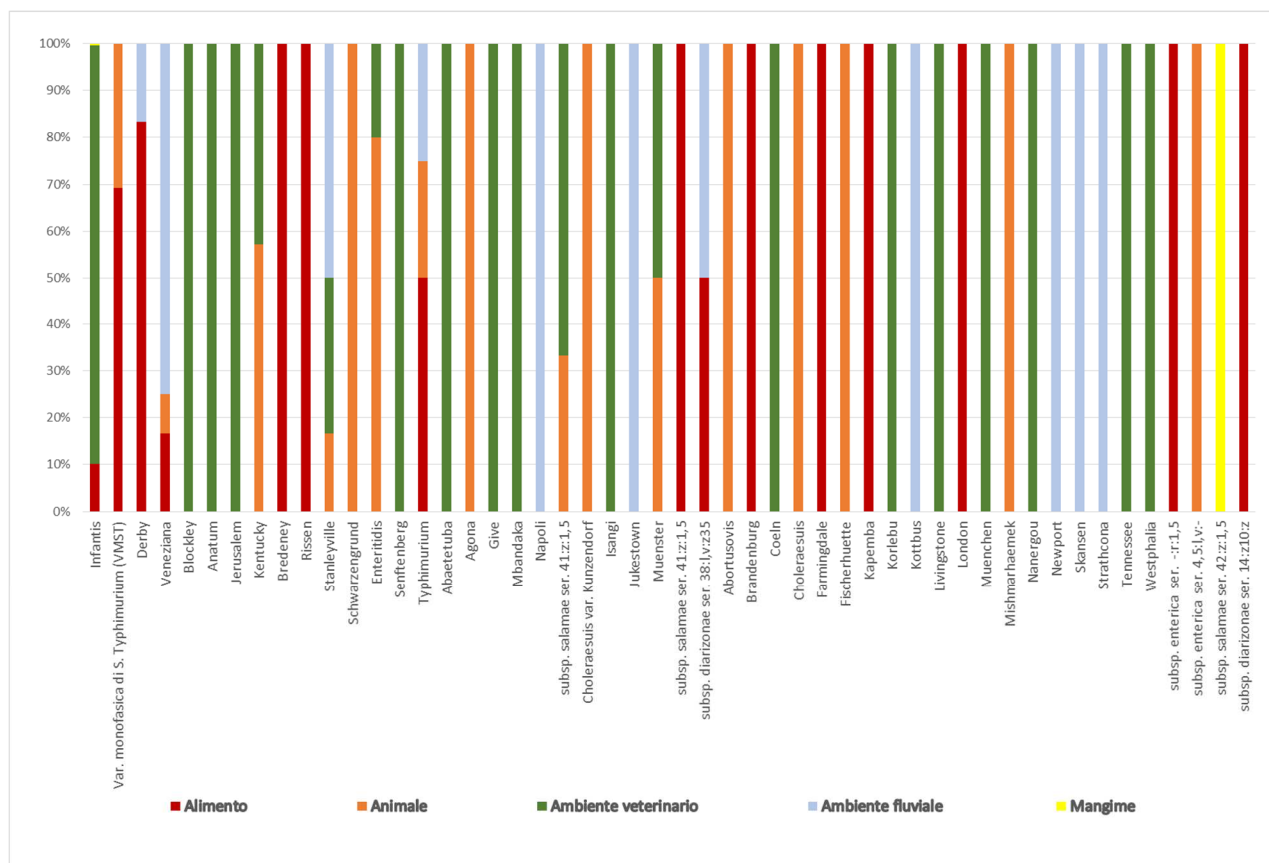


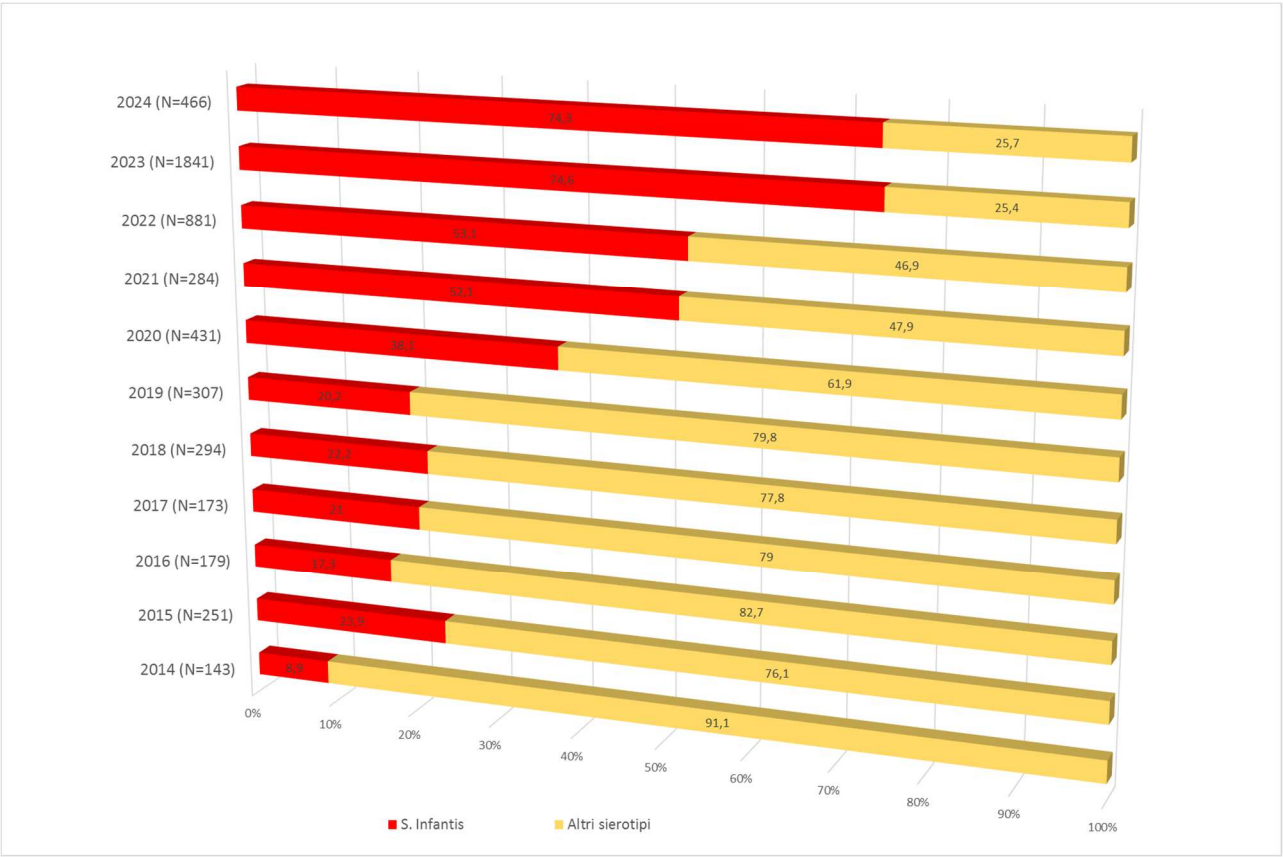
Grafico 7: Distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* di origine non umana per origine



Anche nel 2024 così come nel 2023 [1], è presente al primo posto tra i sierotipi di *Salmonella* di origine non clinica, maggiormente tipizzati, la *Salmonella* Infantis (Tabella 21 e Grafico 6).

Per quanto riguarda questo sierotipo, le frequenze sono progressivamente aumentate a partire dal 2014 (Grafico 8) raggiungendo il picco più alto nel 2023 con un totale di 1373 isolati riconducibile soprattutto 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. Nel 2024, come precedentemente anticipato, questa attività si è interrotta alla fine del mese di marzo e ciò giustifica il numero inferiore di isolati di *S. Infantis* per il 2024 rispetto al precedente anno.

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

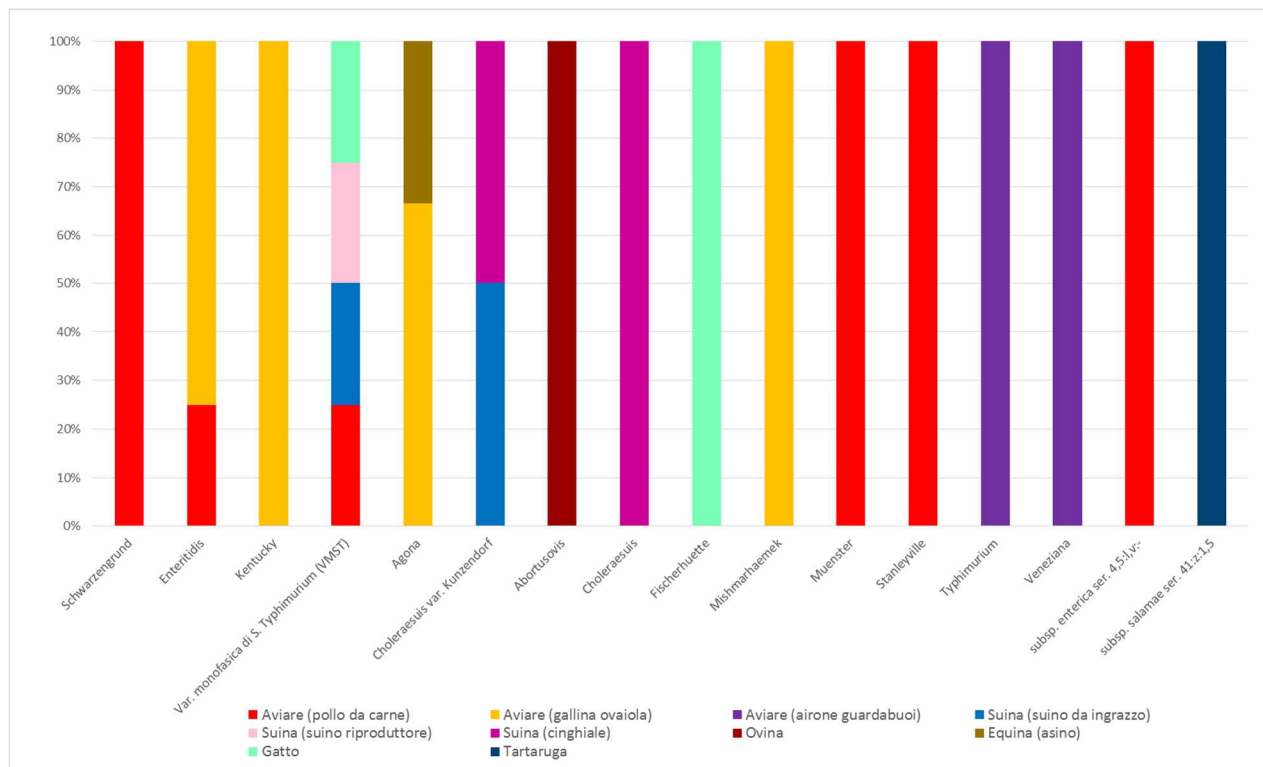


2.1.1 Ceppi di *Salmonella* isolati da matrice animale

Nella tabella 22 e nel grafico 9 è riportata la distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* isolati da campioni di origine animale (feci, organo, linfonodo) suddivisi per specie di origine.

Tabella 22: Distribuzione dei sierotipi di <i>Salmonella</i> di origine animale												
Sierotipo	Aviare (pollo da carne)	Aviare (gallina ovaioia)	Aviare (airone guardabuoi)	Suina (suino da ingrasso)	Suina (suino riproduttore)	Suina (cinghiale)	Ovina	Equina (asino)	Gatto	Tartaruga	N.	%
Schwarzengrund	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	18,2
Enteritidis	1	3	-	-	-	-	-	-	-	-	4	12,1
Kentucky	-	4	-	-	-	-	-	-	-	-	4	12,1
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	1	-	-	1	1	-	-	-	1	-	4	12,1
Agona	-	2	-	-	-	-	-	1	-	-	3	9,1
Choleraesuis var. Kunzendorf	-	-	-	1	-	1	-	-	-	-	2	6,1
Abortusovis	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1	3
Choleraesuis	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	3
Fischerhuetten	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	3
Mishmarhaemek	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	3
Muenster	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	3
Stanleyville	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	3
Typhimurium	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	3
Veneziana	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	3
subsp. <i>enterica</i> ser. 4,5:l,v:-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	3
subsp. <i>salamae</i> ser. 41:z:1,5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	3
Totale	11	10	2	2	1	2	1	1	2	1	33	100

Grafico 9: Distribuzione dei sierotipi per specie animale di origine



Salmonella Schwarzengrund, sierotipo maggiormente riscontrato nei campioni di origine animale provenienti dal pollo da carne, rappresenta un sierotipo emergente la cui incidenza, a livello globale, è aumentata negli ultimi anni nel pollo, nel tacchino e nell'uomo [11,12]. Le prime positività riscontrate dal 2008 nella regione Marche per questo sierotipo in ambito non clinico sono riferibili agli anni 2010 (da sovrascarpe presso allevamento tacchini e da carne di tacchino), 2011 (da sovrascarpe presso allevamento tacchini e da acqua superficiale) e 2015 (da carne fresca pollo). Nessuna positività dal 2008 ad oggi per quanto riguarda invece i campioni di origine clinica.

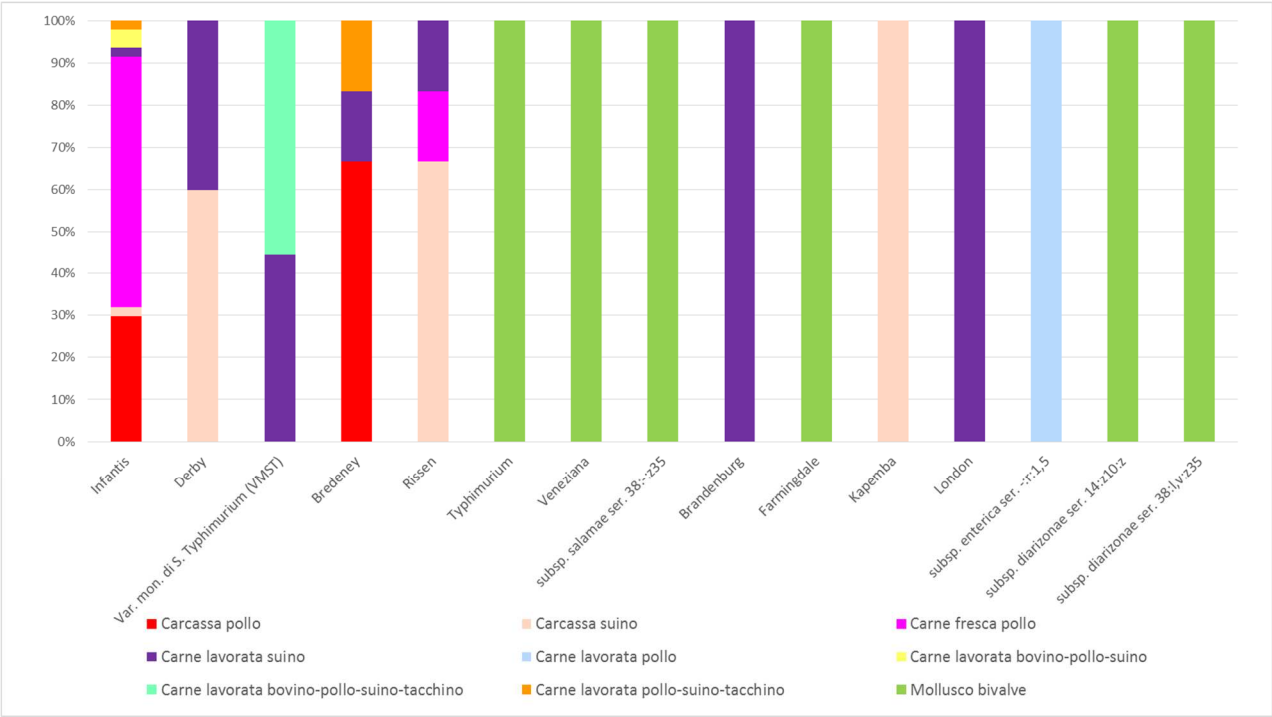
Per quanto riguarda gli altri sierotipi, nessuna anomalia circa le associazioni sierotipo-specie di origine di isolamento riscontrate ma solo conferme del particolare adattamento di alcuni sierotipi per determinate specie animali come *S. Kentucky* per la gallina ovaioia, *S. Infantis* per il pollo da carne, *S. Choleraesuis* var. Kunzendorf per il suino, nonché della specie-specificità, per l'ovino, della *S. Abortusovis*.

2.1.2 Ceppi di *Salmonella* isolati da matrice alimentare

Nella tabella 23 e nel grafico 10 è mostrata la distribuzione dei sierotipi di *Salmonella* isolati da matrice alimentare.

Tabella 23: Distribuzione dei sierotipi di <i>Salmonella</i> da matrice alimentare											
Sierotipo	Carcassa pollo	Carcassa suino	Carne fresca pollo	Carne lavorata suino	Carne lavorata pollo	Carne lavorata bovino-pollo-suino	Carne lavorata bovino-pollo-suino-tacchino	Carne lavorata pollo-suino-tacchino	Mollusco bivalve	N.	%
Infantis	14	1	28	1	-	2	-	1	-	47	51,6
Derby	-	6	-	4	-	-	-	-	-	10	11
Variante monofasica di <i>S. Typhimurium</i> (VMST)	-	-	-	4	-	-	5	-	-	9	9,9
Bredeney	4	-	-	1	-	-	-	1	-	6	6,6
Rissen	-	4	1	1	-	-	-	-	-	6	6,6
Typhimurium	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2	2,2
Veneziana	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2	2,2
subsp. <i>salamae</i> ser. 38:-:Z ₃₅	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2	2,2
Brandenburg	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	1,1
Farmingdale	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	
Kapemba	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	1,1
London	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	1,1
subsp. <i>enterica</i> ser. -:r:1,5	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	1,1
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 14:Z ₁₀ :Z	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1,1
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 38:l,v:Z ₃₅	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1,1
Totale	18	12	29	13	1	2	5	2	9	91	100

Grafico 10: Distribuzione dei sierotipi per matrice alimentare



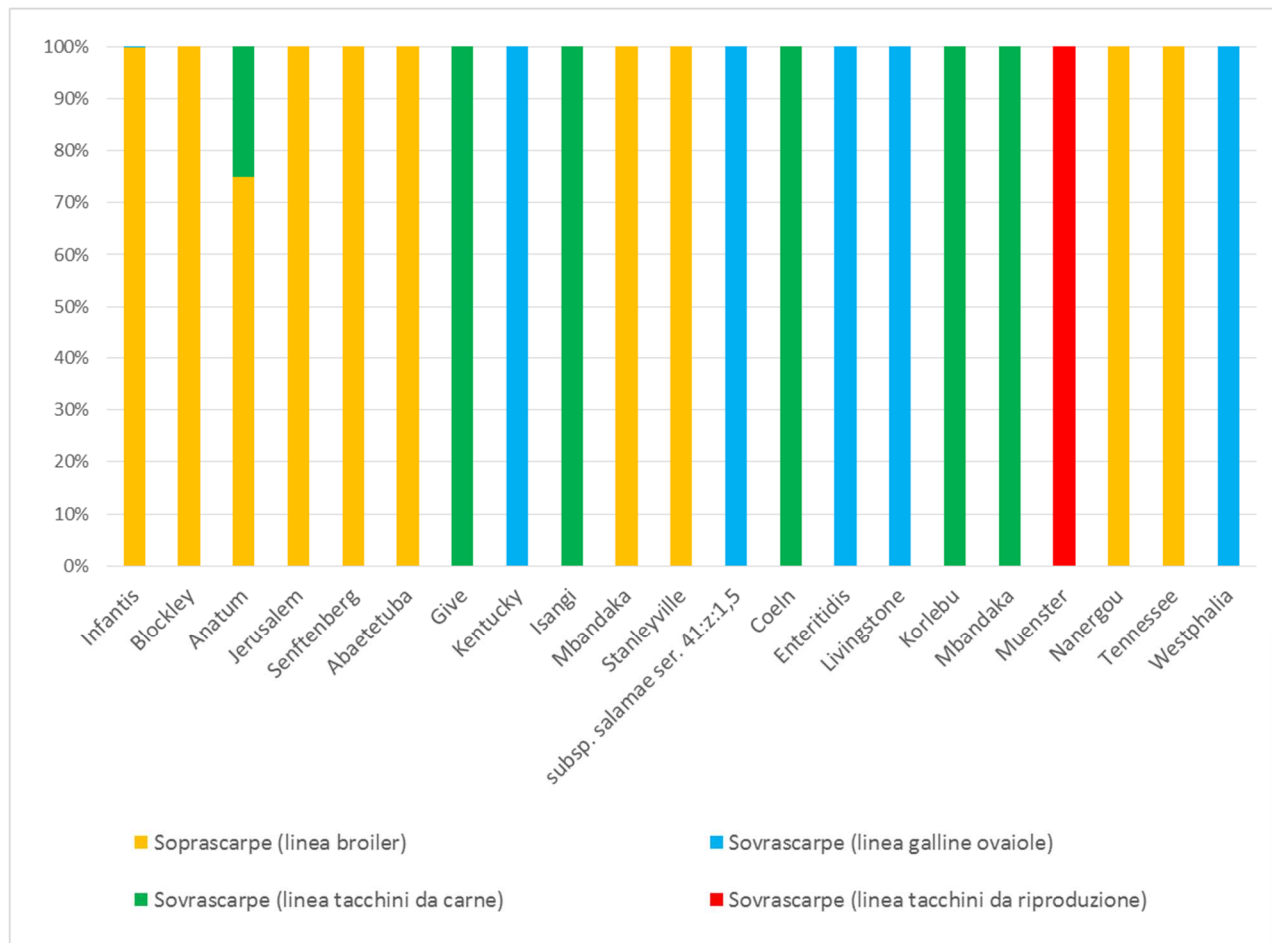
Rispetto al 2023 [1], nel 2024 il numero di stipiti isolati da matrici alimentari si è mantenuto costante (N=97 nel 2023). Il pollo e il suino risultano essere le matrici alimentari da cui deriva il maggior numero di isolati; i sierotipi maggiormente diffusi sono la *S. Infantis* (sierotipo peculiare del pollo da carne), la *S. Derby* e la VMST (sierotipi peculiari del suino).

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

I ceppi di *Salmonella* isolati da matrici ambientali sono riportati nella tabella 24 e nel grafico 11, suddivisi per sierotipo e fonte di isolamento.

Tabella 24: Distribuzione dei sierotipi di <i>Salmonella</i> da matrice ambientale (veterinaria)						
Sierotipo	Soprascarpe (linea broiler)	Sovrascarpe (linea galline ovaiole)	Sovrascarpe (linea tacchini da carne)	Sovrascarpe (linea tacchini da riproduzione)	N.	%
Infantis	416	1	-	-	417	87,7
Blockley	10	-	-	-	10	2,1
Anatum	6	-	2	-	8	1,7
Jerusalem	8	-	-	-	8	1,7
Senftenberg	5	-	-	-	5	1,1
Abaetetuba	3	-	-	-	3	0,6
Give	-	-	3	-	3	0,6
Kentucky	-	3	-	-	3	0,6
Isangi	-	-	2	-	2	0,4
Mbandaka	2	-	-	-	2	0,4
Stanleyville	2	-	-	-	2	0,4
subsp. <i>salamae</i> ser. 41:z:1,5	-	2	-	-	2	0,4
Coeln	-	-	1	-	1	0,2
Enteritidis	-	1	-	-	1	0,2
Livingstone	-	1	-	-	1	0,2
Korlebu	-	-	1	-	1	0,2
Mbandaka	-	-	1	-	1	0,2
Muenster	-	-	-	1	1	0,2
Nanergou	1	-	-	-	1	0,2
Tennessee	1	-	-	-	1	0,2
Westphalia	-	1	-	-	1	0,2
Totale	455	9	10	1	475	100

Grafico 11: Distribuzione dei sierotipi di origine ambientale veterinaria



Al primo posto in frequenza compare la *S. Infantis* con 417 ceppi, la cui quasi totalità (416 su 417 totali) isolata a partire da sovrascarpe prelevate presso allevamenti di broiler, ad ulteriore riprova della capacità adattativa che questo sierotipo ha sviluppato per il pollo da carne.

2.1.4 Ceppi di *Salmonella* isolati da matrice ambientale (acqua)

Tabella 25: Distribuzione dei sierotipi di origine fluviale			
Sierotipo	Acque di superficie destinate alla potabilizzazione	Acqua di pozzo	%
Veneziana	9	-	36,0
Napoli	3	-	12,0
Stanleyville	3	-	12,0
Derby	2	-	8,0
Jukestown	2	-	8,0
Kottbus	1	-	4,0
Newport	1	-	4,0
Strathcona	1	-	4,0
Typhimurium	1	-	4,0
subsp. <i>enterica</i> ser. 6,8:b:1,2	1	-	4,0
subsp. <i>diarizonae</i> ser. 38:l,v:z35	-	1	4,0
Totale	24	1	100

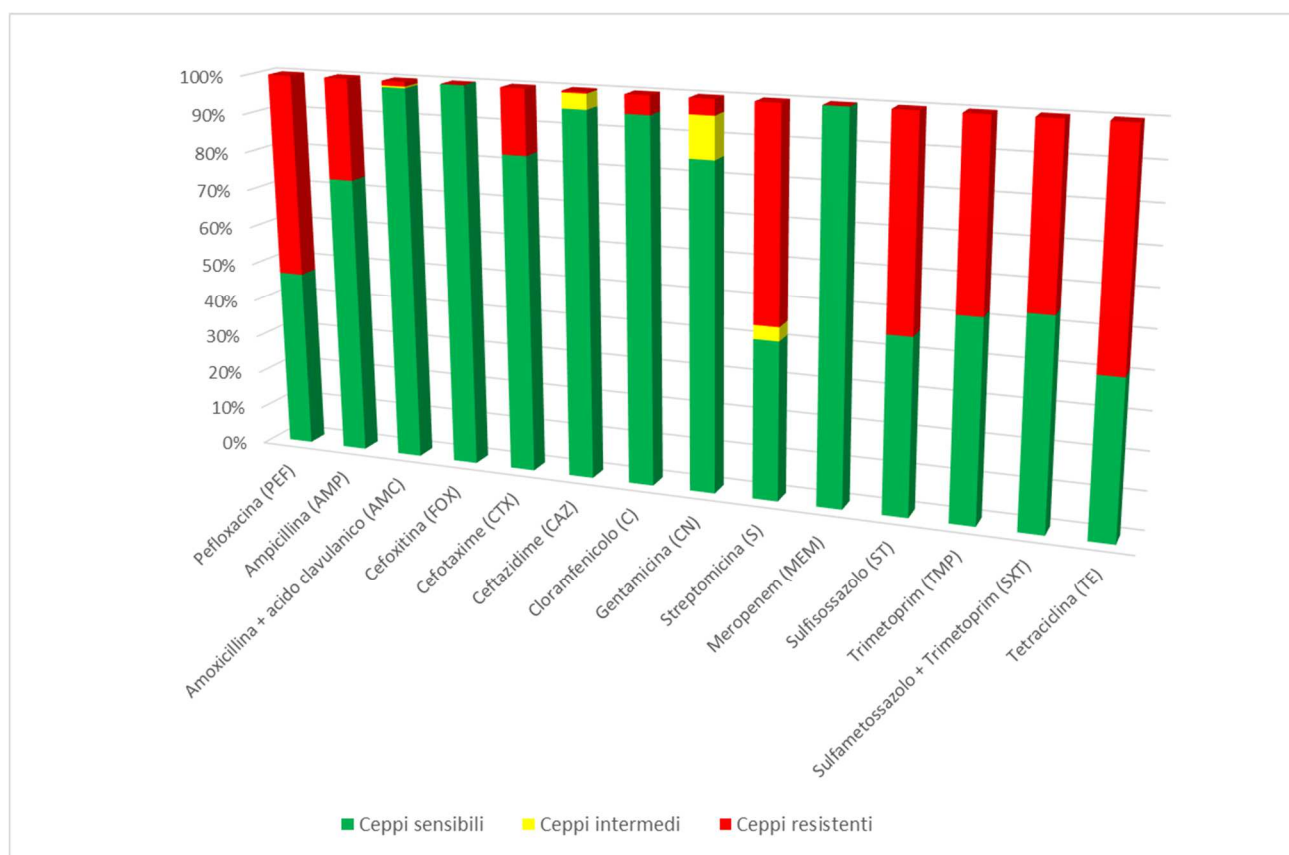
Le positività riscontrate riguardano esclusivamente campioni di acque di superficie prelevati da fiumi della provincia di Pesaro-Urbino, in ingresso al potabilizzatore, ad eccezione di quella ottenuta da acqua di pozzo di proprietà di un residente della Repubblica di San Marino. Tale campionamento si è reso necessario a seguito del riscontro di positività di quest'ultimo per VMST da emocoltura. Tuttavia, dal campione di acqua del pozzo è stata isolata una *Salmonella* della sottospecie *diarizonae*.

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

Visto il considerevole numero di ceppi di *Salmonella* isolati solo in ambiente veterinario nell’ambito della produzione primaria avicola (sovrascarpe per un totale di 475 ceppi) registrato nel 2024, 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, 34th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2024*) 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 249 ceppi su 648 totali dei quali 124 provenienti dalla produzione primaria e 125 isolati da matrice animale, alimentare e mangime.

Tabella 26 e Grafico 12: Percentuali di sensibilità, di resistenza e di esito intermedio agli antibiotici testati (n=249 ceppi)

CLASSI DI ANTIBIOTICI	% CEPPI SENSIBILI	% CEPPI INTEREDI	% CEPPI RESISTENTI
FLUOROCHINOLONI			
Pefloxacina (PEF)	47,0	-	53,0
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	73,5	-	26,5
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	98,4	0,4	1,2
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	100	-	-
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	83,1	-	16,9
Ceftazidime (CAZ)	95,6	4,0	0,4
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	95,2	-	4,8
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	85,1	10,8	4,0
Streptomicina (S)	41,4	3,6	55,0
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	-
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	45,8	-	54,2
Trimetoprim (TMP)	52,2	-	47,8
Sulfametossazolo + Trimetoprim (SXT)	54,2	-	45,8
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	41,0	-	59,0



Secondo il report EFSA-ECDC sulla resistenza antibiotica in ceppi di origine umana, animale e alimentare nel periodo 2022-2023 e pubblicato a marzo 2025 [5], i livelli di resistenza ad ampicillina, sulfonamidi e tetracicline vanno da moderati a molto alti nei ceppi di *Salmonella* isolati da animali da reddito (soprattutto broiler) 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 galline ovaiole, polli da carne, tacchini da ingrasso nel 2022 dato anche questo che trova riscontro sia nella percentuale di resistenza alla pefloxacina dei ceppi di origine veterinaria/alimentare marchigiani (53%) sia nella tipologia di matrice di origine di tali ceppi resistenti (il 97,1% 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 2022-2023, con poche eccezioni. Nei ceppi marchigiani la resistenza al cefotaxime e al rappresenta il 16,9% del totale delle resistenze.

La resistenza combinata ai fluorochinoloni e alle cefalosporine a livello europeo è risultata molto bassa negli isolati da animali da reddito ma peculiare in alcuni sierotipi di *Salmonella*, come *S. Kentucky* e *S. Infantis*. Negli isolati marchigiani la resistenza combinata a pefloxacina e cefotaxime ha riguardato il 16,5% dei ceppi (41 su 249 totali) riferibili tutti al sierotipo *Infantis*.

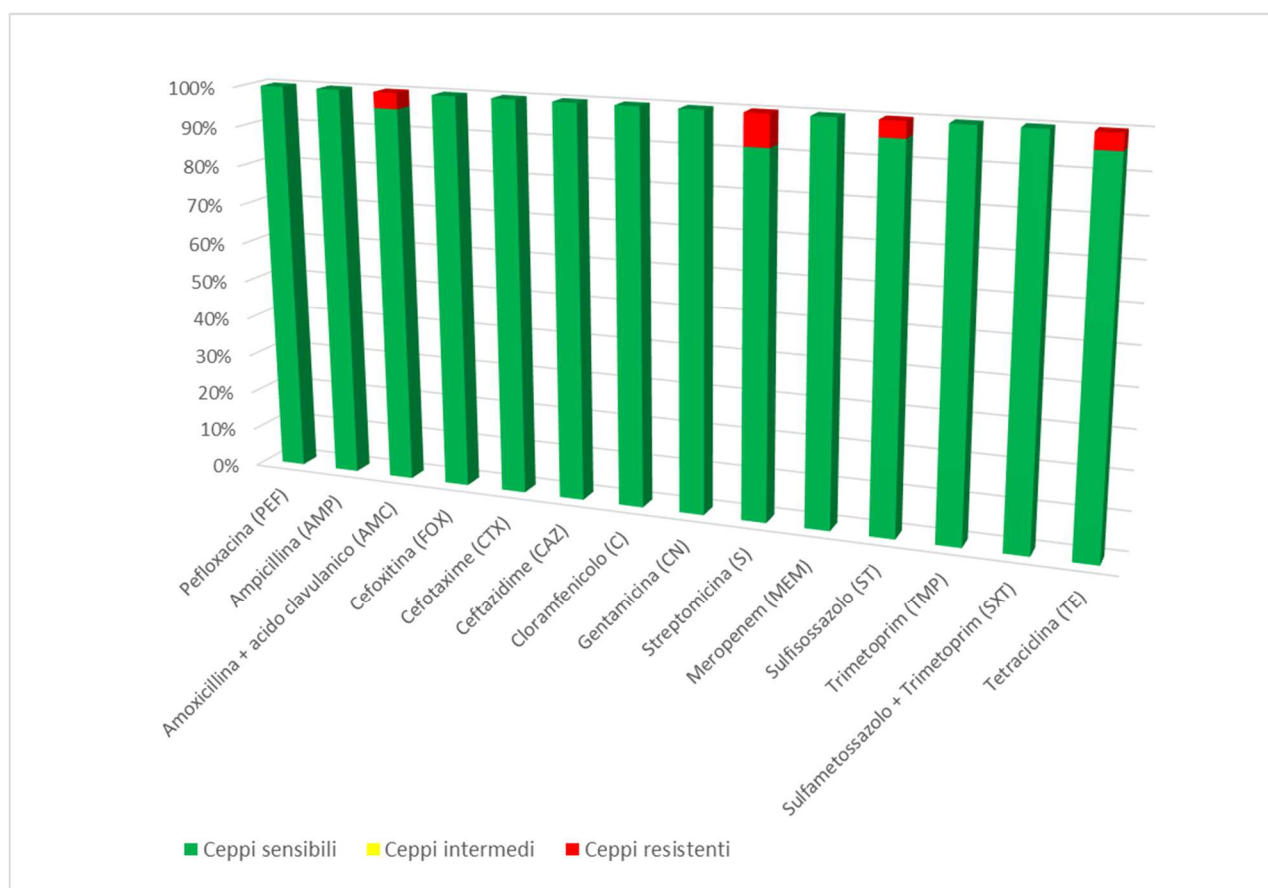
Anche nel 2024 non si è registrata alcuna resistenza ai carbapenemi nei ceppi di origine animale in linea con quanto riportato nel report EFSA-ECDC.

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

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, 34th ed.; CLSI Supplement M100; CLSI: Wayne, PA, USA, 2024*).

Tabella 27 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)	100	-	-
BETA LATTAMICI			
Ampicillina (AMP)	100	-	-
Amoxicillina + acido clavulanico (AMC)	96	-	4
CEFAMICINE			
Cefoxitina (FOX)	100	-	-
CEFALOSPORINE			
Cefotaxime (CTX)	100	-	-
Ceftazidime (CAZ)	100	-	-
FENICOLI			
Cloramfenicolo (C)	100	-	-
AMMINOGLICOSIDI			
Gentamicina (CN)	100	-	-
Streptomicina (S)	92	-	8
CARBAPENEMI			
Meropenem (MEM)	100	-	-
INIBITORI PATHWAY FOLATO			
Sulfisossazolo (ST)	96	-	4
Trimetoprim (TMP)	100	-	-
Sulfametossazolo + Trimetoprim (SXT)	100	-	-
TETRACICLINE			
Tetraciclina (TE)	96	-	4



Come si può osservare dalla tabella e dal grafico precedenti (Tabella 27 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 favorire 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 interesse 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 2024 le allerte ricevute hanno riguardato:

- **Allerta relativa a *S. Mbandaka* a marzo 2024**

In data 21 marzo 2024, EFSA ha pubblicato un Rapid Outbreak Assessment (ROA) di aggiornamento sull'episodio di tossinfezione da *S. Mbandaka* ST413, collegata al consumo di prodotti a base di carne di pollo che coinvolgeva, già dal settembre 2021, diversi stati dell'Unione Europea e il Regno Unito e che ha contato diversi nuovi casi di infezione nell'uomo nel Regno Unito nei primi mesi del 2024. Il Centro di Referenza Nazionale (CRN) per le Salmonellosi, attraverso la rete Entervet, ha chiesto ai diversi IIZZSS di condividere eventuali ceppi di *S. Mbandaka*, isolati nel periodo 2023-2024, per verificare, attraverso l'analisi cgMLST, l'eventuale coinvolgimento nel focolaio di tossinfezione.

Gli isolati (N=22, dei quali N=17 inviati dal CRRPE Marche e isolati da sovrascapre prelevate presso allevamenti di broiler), sono stati inviati al CRN Salmonellosi (IZSVE) per le analisi di sequenziamento dell'intero genoma e successiva cluster analysis mediante approccio core genome MLST (cgMLST) come descritto nel documento EFSA 'Guidelines for reporting Whole Genome Sequencing – based typing data through the EFSA One Health WGS System'. Gli isolati sono stati confrontati con quattro sequenze rappresentative del focolaio, disponibili nel database European Nucleotide Archive (ENA):

- Due sequenze dal Regno Unito: SRR16920742 (Ottobre 2021) e SRR19087024 (Aprile 2022)
- Due sequenze dalla Finlandia: ERR10225555 e ERR10225556

Oltre ai ceppi inviati dagli IIZZSS, il CRN ha individuato ed incluso nell'analisi ulteriori 29 ceppi, isolati nel territorio di competenza nel periodo 2022-2024.

L'analisi del cgMLST ha permesso di osservare che i ceppi di *S. Mbandaka* ST413 inviati dai diversi IIZZSS e isolati dal CNR nel contesto delle proprie attività, non correlano con le sequenze rappresentative del focolaio, cioè, mostrano una distanza allelica superiore a 5, valore soglia indicato nel ROA EFSA.

- **Allerta relativa a *S. Umbilo* a settembre 2024**

Il 24 settembre 2024 il CRN condivideva con i laboratori della rete Enter-net, un'allerta RASF attivata in seguito ad un focolaio di tossinfezione alimentare per *S. Umbilo*, che aveva coinvolto diversi paesi Europei, dalla metà di luglio in poi.

Le autorità dei paesi coinvolti, in seguito ad indagini sulla tracciabilità alimentare, avevano campionato vari alimenti, riscontrando positività per tale sierotipo per due lotti di rucola proveniente dall'Italia. Nella regione Marche, a quella data, non era stata registrata alcuna positività per tale

sierotipo da campioni di origine animale, alimentare o ambientale ma solo da uomo (vedi 1.3 Allerte Europee per Salmonella di origine clinica).

Il Ministero della Salute ad ottobre 2024 ha chiesto alle Regioni di programmare ed eseguire entro il 31/12/2024 almeno un campione tra i prodotti di prima gamma (rucola e spinacini) per la ricerca di *S. Umbilo*.

La regione Marche recependo la nota ministeriale ha chiesto a ciascuna AST di provvedere, entro metà dicembre, ad eseguire almeno un campione tra i prodotti di prima gamma. Dalle analisi eseguite non è risultata alcuna positività.

- **Prosecuzione allerta relativa a *S. Strathcona* del periodo agosto - novembre 2023**

Il Ministero della Salute a settembre 2024 ha chiesto alle Regioni di programmare ed eseguire entro il 31/12/2024 almeno un campione di pomodorini ciliegini e datterini (sia confezionati che sfusi, di origine nazionale o provenienti da altri Paesi) per la ricerca di *S. Strathcona*.

La regione Marche, recependo la nota ministeriale, ha chiesto a ciascuna AST di provvedere, entro metà dicembre, ad eseguire almeno un campione pomodorini ciliegini e uno di datterini in commercio. Dalle analisi eseguite non è risultata alcuna positività.

2.5 Ceppi di *Campylobacter* di origine non umana

Ventotto sono i ceppi di *Campylobacter* spp. isolati nel corso del 2024 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 [13] 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 [14] 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 [15], 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 26 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 28: Distribuzione degli isolati di <i>Campylobacter</i> di origine veterinaria			
Pelle del collo	TOT. Campioni di pelle analizzati nel 2024	Positività (n> 1000 UFC/g)	Percentuale positività
Lab. Controllo alimenti Tolentino e Fermo	85	28	33%

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.

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

CRRPE Marche

Bibliografia

1. Napoleoni, M.; Staffolani, M.; Silenzi, V.; Beneitez, E.E.; Blasi, G.; Rocchegiani, E. *Dati Relativi a Batteri Zoonotici Isolati Da Casi Clinici Umani, Da Campioni Di Origine Animale, Alimentare e Ambientale Nell'anno 2023 Nella Regione Marche*;
2. European Food Safety Authority (EFSA); European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) The European Union One Health 2023 Zoonoses Report. *EFSA* **2024**, *22*, doi:10.2903/j.efsa.2024.9106.
3. 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.
4. Villa, L.; Lucarelli, C.; Artuso, I.; Sacco, C.; Rosu, M. Report *Salmonella* Strathcona Nel 2023 in Italia.
5. European Food Safety Authority; European Centre for Disease Prevention and Control The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in Zoonotic and Indicator Bacteria from Humans, Animals and Food in 2022–2023. *EFSA* **2025**, *23*, doi:10.2903/j.efsa.2025.9237.
6. 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.
7. 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*;
8. Cattabiani, F. "Alcuni Aspetti Della Patogenicità Di *Yersinia Enterocolitica*".; Vol. Ann. Fac. Vet. di Parma (Vol. XXII, 2002) – pag. 313 – 321;.
9. Ohtani, K.; Shimizu, T. Regulation of Toxin Production in *Clostridium Perfringens*. *Toxins* **2016**, *8*, 207, doi:10.3390/toxins8070207.
10. 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.

11. Duc, V.M.; Shin, J.; Nagamatsu, Y.; Fuhiwara, A.; Toyofuku, H.; Obi, T.; Chuma, T. Increased *Salmonella* Schwarzengrund Prevalence and Antimicrobial Susceptibility of *Salmonella Enterica* Isolated from Broiler Chickens in Kagoshima Prefecture in Japan between 2013 and 2016. *J. Vet. Med. Sci.* **2020**, *82*, 585–589, doi:10.1292/jvms.20-0096.
12. Felix, M.A.; Han, J.; Khajanchi, B.K.; Sanad, Y.M.; Zhao, S.; Foley, S.L. Salmonella Enterica Serovar Schwarzengrund: Distribution, Virulence, and Antimicrobial Resistance. *Microorganisms* **2025**, *13*, 92, doi:10.3390/microorganisms13010092.
13. 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.
14. 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.
15. 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.