

Enter-Vet

Report Dati 2022

Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi
Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie

Enter-Vet – Report 2022

A cura di:

Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi

SCS1- Microbiologia generale e sperimentale

SCS4 - Epidemiologia Veterinaria

Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie

Viale dell'Università n. 10 - 35020 Legnaro (PD)

La preparazione del report è stata curata da:

Elena Barbagli, Clara Tassinato[§] e Veronica Cibir (SCS4 – Epidemiologia, servizi e ricerca in sanità pubblica veterinaria)

Giulia Cento, Sara Petrin, Alessia Tiengo e Lisa Barco^{1*} (SCS1 – Microbiologia generale e sperimentale)

*Direttore della Struttura Microbiologia generale e sperimentale (SCS1) e direttore del Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi

[§]A partire dal 08/05/2024 non più nello staff di IZSve

Data di pubblicazione: 10 dicembre 2024

Il report è disponibile nel sito dell'IZS delle Venezie al seguente link:

<https://www.izsvenezie.it/temi/malattie-patogeni/salmonella/enter-vet/>

è inoltre disponibile nella piattaforma Moodle per Enter-Vet

Qualsiasi utilizzo dei dati qui citati dovrà fare specifico riferimento al presente report

Sommario

Introduzione.....	4
Elenco dei Laboratori di Riferimento	5
Gestione dei dati e riepilogo delle notifiche.....	7
Dati relativi alla distribuzione dei sierotipi	13
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione animale.....	20
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione alimento	22
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione mangime	25
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione ambiente	27
Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione acqua.....	30
Dati relativi alla distribuzione dei profili MLVA	32
Conclusioni.....	35

Introduzione

Il report presenta i dati relativi ai ceppi di *Salmonella* isolati da matrici veterinarie nel 2022, raccolti dai laboratori di riferimento della rete Enter-Vet e trasmessi al Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi (CRNS).

La raccolta dei dati dal 2017 avviene tramite un gestionale *web-based*, che rappresenta uno strumento funzionale e strategico per la sorveglianza epidemiologica sia a livello locale che nazionale ma anche sovranazionale, consentendo infatti al CRNS di rispondere in modo abbastanza rapido alle richieste da parte di EFSA e Commissione Europea.

Il CRNS ringrazia tutti i colleghi degli Istituti Zooprofilattici Sperimentali appartenenti della rete Enter-Vet che hanno partecipato alla realizzazione di questa raccolta di informazioni, a partire dal personale che esegue le analisi di laboratorio a chi effettua la revisione della presente pubblicazione.

Un ringraziamento particolare è da rivolgere ai colleghi che hanno curato la gestione della piattaforma *web-based* e a coloro che hanno inserito i dati nel sistema, dimostrando notevole spirito di collaborazione. Ulteriormente vi ringraziamo per le vostre segnalazioni, commenti e suggerimenti, che vi invitiamo a continuare a trasmetterci, in quanto rappresentano per noi occasioni di miglioramento a beneficio di tutti e della sorveglianza epidemiologica.

Riteniamo che la confidenza con il gestionale da parte di chi lo alimenta sia oramai consolidata e che il sistema abbia raggiunto un soddisfacente livello di stabilità.

In considerazione anche della importanza crescente dei dati che emergono dalle analisi di laboratorio nel rintracciare le potenziali fonti di focolai epidemici di salmonellosi nell'uomo, si ritiene che i tempi siano maturi per impegnarsi collegialmente nell'aumentare la qualità dei dati raccolti così da renderli più facilmente utilizzabili nel contesto di valutazioni epidemiologiche.

Da parte nostra cercheremo di impegnarci a far crescere ulteriormente il sistema utilizzando nel migliore dei modi le risorse che abbiamo a disposizione.

Buon lavoro a tutti!

Per il Coordinamento della rete Enter-Vet



Elenco dei Laboratori di Riferimento

1. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta

Laboratorio Controllo Alimenti
Via Bologna, 148 10154 Torino
Tel. 011 2686233 - 335 | Fax 011 2473450

Referenti:

Dott.ssa Lucia De Castelli - lucia.decastelli@izsto.it
Dott.ssa Clara Tramuta - clara.tramuta@izsto.it
Dott.ssa Michela Fabbri - michela.fabbri@izsto.it

2. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lombardia ed Emilia-Romagna

Reparto Tecnologie Biologiche Applicate - Laboratorio Batteriologia Specializzata
Via A. Bianchi, 9 25124 Brescia
Tel. 030 2290323 - 268

Referente:

Dott. Mario D'Incau - mario.dincau@izsler.it

3. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche (Perugia)

Laboratorio di Microbiologia degli Alimenti
Via G. Salvemini, 1 06126 Perugia
Tel. 075 343269 | Fax 075 35047

Referenti:

Dott.ssa Roberta Ortenzi - r.ortenzi@izsum.it
Dott.ssa Alessia Zicavo - a.zicavo@izsum.it
Dott.ssa Sara Primavilla - s.primavilla@izsum.it

4. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Umbria e Marche (Macerata)

Via Maestri del Lavoro 7, 62029 Tolentino (MC)
Tel. 0733 262206 | Fax 0733 262069

Referenti:

Dott.ssa Giuliana Blasi - g.blasi@izsum.it
Dott.ssa Monica Staffolani - m.staffolani@izsum.it
Dott.ssa Maira Napoleoni - m.napoleoni@izsum.it
Dott.ssa Elena Rocchegiani - e.rocchegiani@izsum.it

5. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lazio e Toscana

Microbiologia degli alimenti
Via Appia Nuova, 1411 00178 Roma
Tel. 06 79099423 | Fax 06 79340724

Referenti:

Dott. Stefano Bilei - stefano.bilei@izslt.it
Dott. Antonio Battisti - antonio.battisti@izslt.it
Dott.ssa Alessia Franco - alessia.franco@izslt.it
Dott.ssa Teresa Bossù - teresa.bossu@izslt.it
Dott.ssa Maria Laura De Marchis - marialaura.demarchis@izslt.it

6. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Abruzzo e Molise

Reparto di Batteriologia e Igiene dei prodotti lattiero caseari
Campo Boario, 64100 Teramo

Tel. 0861/332463-461-411 | Fax 0861/332251

Referenti:

Dott. Giuliano Garofalo - g.garofolo@izs.it

Dott.ssa Romina Romantini – r.romantini@izs.it

Dott.ssa Katuscia Zilli - k.zilli@izs.it

Dott.ssa Lisa Di Marcatonio - l.dimarcatonio@izs.it

7. Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Mezzogiorno

Coordinamento di Sicurezza Alimentare

U.O.C. Controllo degli Alimenti e Sicurezza alimentare

U.O.S. Tipizzazione Salmonelle

Via Salute, 2 80055 Portici (Na)

Tel. 081 7865127 – 128 – 194

Referenti:

Dott.ssa. Anna Balestrieri - anna.balestrieri@izsmportici.it

Dott.ssa Maria Rosaria Carullo - mariarosaria.carullo@izsmportici.it

Dott.ssa Immacolata La Tela - immacolata.latela@izsmportici.it

tipizzazionialmonelle@izsmportici.it

8. Istituto Zooprofilattico Sperimentale Puglia e Basilicata

Struttura Semplice Microbiologia degli alimenti

Via Manfredonia, 20 71100 Foggia

Tel. 0881 786319 | Fax 0881 786362

Referenti:

Dott.ssa Elisa Goffredo - elisa.goffredo@izspb.it

Dott.ssa Maria Emanuela Mancini - maria.mancini@izspb.it

Dott.ssa Simona Faleo - simona.faleo@izspb.it

Dott.ssa Gilda Occhiochiuso - gilda.occhiochiuso@izspb.it

9. Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia

Settore Diagnostica Specialistica – Laboratorio di Batteriologia Speciale

Via Rocco Dicillo, 4 90129 Palermo

Tel. 091 6565305 | Fax 091 6570803

Referenti:

Dott.ssa Chiara Piraino - chiara.piraino@izssicilia.it

Dott. Franco Sciarba – franco.sciarba@gmail.com

Dott.ssa Concetta Napoli – concetta.napoli@izssicilia.it

10. Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sardegna

Sede centrale di Sassari – Dipartimento di Sanità animale

Laboratorio di Batteriologia Speciale

Via Duca degli Abruzzi, 8 07100 Sassari

Tel. 079 2892327 | Fax 079 2892324

Referenti:

Dott. Stefano Lollai - stefano.lollai@izs-sardegna.it

Dott.ssa Vittoria D'Ascenzo – vittoria.dascenzo@izs-sardegna.it

Gestione dei dati e riepilogo delle notifiche

Il sistema Enter-Vet, attivo dal 2002, ha la finalità di raccogliere, a livello nazionale, i dati relativi alla caratterizzazione dei ceppi di *Salmonella* spp. isolati da campioni di origine veterinaria, nonché i correlati dati epidemiologici. In questo report vengono presentati i dati relativi al 2022.

I nodi della rete Enter-Vet sono rappresentati dagli Istituti Zooprofilattici Sperimentali (IIZZSS), con il coordinamento del Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi (CRNS).

Gli IIZZSS riportano su base volontaria nel gestionale messo a disposizione dal CRNS i dati relativi alle analisi di tipizzazione ed ulteriori caratterizzazioni dei ceppi di *Salmonella* spp. ed inviano al laboratorio CRNS una selezione di ceppi. In particolare per quanto riguarda il 2022 era previsto l'invio a CRNS almeno di:

- tutti i ceppi di *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* e variante monofasica di *S. Typhimurium* isolati da campioni prelevati in ambito PNCS (Piano Nazionale di Controllo delle Salmonellosi negli avicoli) da campioni ufficiali;
- tutti gli isolati da campioni prelevati nell'ambito del Piano Nazionale Alimentazione Animale (PNAA);
- tutti gli isolati da campioni prelevati nel contesto dell'Export di alimenti verso gli USA;

come previsto dai rispettivi piani.

Si è inoltre concordato l'invio al CRNS: dei ceppi per cui il laboratorio di origine ha evidenziato difficoltà alla sierotipizzazione, dei ceppi isolati nel contesto di focolai per ulteriori caratterizzazioni (ad esempio analisi PFGE e/o WGS), dei ceppi di *S. Enteritidis* e *S. Typhimurium*, dei ceppi rari e/o con formule antigeniche non congruenti con quanto riportato nello schema di Kauffmann-White-Le Minor.

I dati 2022, comprensivi delle informazioni epidemiologiche, sono stati trasmessi attraverso il gestionale web-based disponibile dal 2017 e gestito dal CRNS. È importante ribadire che, date le sue caratteristiche, questo sistema di sorveglianza passiva, pur permettendo di ottenere indicazioni sulla frequenza di isolamento dei sierotipi di *Salmonella* spp. ed evidenziare sierotipi emergenti in specifici contesti, non consente una affidabile valutazione di trend.

L'identificazione del sierotipo viene effettuata, indipendentemente dal metodo utilizzato (sia esso agglutinazione a vetrino o metodo molecolare), dai laboratori afferenti alla rete sulla base dello schema di Kauffmann-White-Le Minor.

La determinazione del profilo MLVA dei sierotipi *S. Typhimurium* e la variante monofasica di *S. Typhimurium* è eseguito secondo la procedura fornita dall'*European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC)* nel 2011, mentre per quanto riguarda *S. Enteritidis*, la procedura di riferimento è descritta nel documento tecnico prodotto da *ECDC* nel 2016, secondo la metodica descritta da Hopkins et al., 2011. Questa analisi viene svolta dal CRNS o presso altro laboratorio del circuito degli IIZZSS.

La tipologia di campioni di origine veterinaria da cui viene isolata *Salmonella* spp. è prevista nel gestionale Enter-Vet è variegata, ma si può ricondurre alle seguenti macro-categorie: animali, alimenti, mangime, ambiente, acqua.

Il gestionale permette di raccogliere, oltre alle informazioni relative all'esito delle analisi cui è stato sottoposto l'isolato, anche i seguenti metadati: origine del campione, data di prelievo e analisi, motivo dell'accertamento, e indicazioni relative alla proprietà del ceppo. Inoltre, in fase di

inserimento dei dati nel gestionale, viene richiesto di indicare se il ceppo è stato inviato o meno al CRNS e se è o meno conservato presso il laboratorio.

I dati nel report vengono descritti attraverso tabelle e grafici. Le tabelle vogliono esprimere il maggior livello di dettaglio possibile dei dati (anche se necessariamente, non potendo inserire sempre tutti i dati in alcuni casi vengono posti dei limiti per rendere le tabelle leggibili, ciononostante in caso di necessità di approfondimenti alcune interrogazioni sui dati possono essere effettuate su richiesta). I grafici vogliono esprimere una immediata lettura della distribuzione delle informazioni più significative, ovvero più frequentemente rappresentate.

In riferimento all'anno 2022, sono stati raccolti dati per un totale di 4561 isolati, cui hanno contribuito tutti i laboratori della rete Enter-Vet (**Tabella 1**). Il numero di isolati registrati è inferiore rispetto al numero di isolati riportati nel 2021 (4918). Rispetto all'anno precedente, risultano in aumento i ceppi registrati dall'IZS Umbria e Marche (538 nel 2022 vs 286 nel 2021), dall'IZS Lazio e Toscana (338 nel 2022 vs 217 nel 2021), dall'IZS del Mezzogiorno (218 nel 2022 vs 157 nel 2021) e dall'IZS della Sardegna (73 nel 2022 vs 58 nel 2021), mentre è in calo il numero di isolati riportati dall'IZS delle Venezie (814 nel 2022 vs 1651 nel 2021) e dall'IZS Abruzzo e Molise (79 nel 2022 vs 110 nel 2021). Il contributo proveniente dagli altri laboratori si mantiene invece costante.

La significativa decrescita dei dati relativi a IZSve è conseguenza del lavoro di pulizia dei dati orientate ad evitare ridondanze e dati non utili ai fini della sorveglianza in quanto privi di metadati sufficienti.

In **Tabella 2** i dati sono organizzati sulla base del luogo prelievo; la maggior parte dei ceppi registrati (43,9%) deriva dal luogo prelievo "Allevamento", come già osservato anche nel 2019, 2020 e 2021, seguito da "Esercizio commerciale" (19,0%), in aumento rispetto all'anno precedente, e da "Macello" (11,7%). Rispetto al 2021, è diminuita considerevolmente la percentuale di isolati riconducibili a luogo prelievo "Studio consulenza/Lab. Analisi" (5,5% nel 2022 vs 18% nel 2021), mentre sono in aumento le percentuali di isolati riconducibili a "Stabilimento di produzione" (3,71%) e "Laboratorio lavorazione" (2,59%). Le percentuali di isolati riconducibili agli altri luoghi prelievo sono rimaste pressoché invariate.

Come osservato nel 2021, un numero importante di isolati (8,1%), presenta come luogo prelievo "Altro". Questa percentuale costante ma consistente è legata al fatto che il luogo prelievo del campione è diverso dai luoghi opzionabili, a dimostrazione che il contesto epidemiologico degli isolati è sempre più vario. Andando nel dettaglio dei ceppi con luogo prelievo "Altro", si può osservare che nel 30,5%, nel 20%, nel 19,5% e nell'11,4% dei casi il motivo accertamento per questi isolati corrisponde rispettivamente a "Piano monitoraggio/controllo regionale/locale", "Altro", "Diagnostica" e "Piano controllo alimenti". Per quanto riguarda la specie animale di origine, nel 13,5% dei casi il dato non è disponibile, in quanto il campione appartiene alle categorie "Acqua", "Ambiente", "Mangime" e "Non noto" oppure, se si tratta di campione "Animale" o "Alimento", sono state inserite le opzioni "Specie animale non precisata" e "Specie animale non attribuibile". Nel 17% dei casi, gli isolati associati a luogo prelievo "Altro" sono riconducibili a "Cinghiale", mentre il 12,7% e il 10% degli isolati è riconducibile rispettivamente alle specie "Pollo" e "Mammifero selvatico".

Laboratorio Enter-Vet di riferimento	N° ceppi
IZS LOMBARDIA ED EMILIA ROMAGNA - BRESCIA	1646
IZS DELLE VENEZIE - PADOVA	814
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. MACERATA	538
IZS LAZIO E TOSCANA - ROMA	338
IZS PUGLIA E BASILICATA - FOGGIA	270
IZS DEL MEZZOGIORNO - PORTICI	218
IZS PIEMONTE, LIGURIA E VALLE D'AOSTA - TORINO	208
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. PERUGIA	203
IZS DELLA SICILIA - PALERMO	174
IZS ABRUZZO E MOLISE - TERAMO	79
IZS DELLA SARDEGNA - SASSARI	73
Totale	4561

Tabella 1. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per laboratorio Enter-Vet di riferimento

Luogo prelievo	N° ceppi
ALLEVAMENTO	2004
ESERCIZIO COMMERCIALE	866
MACELLO	534
ALTRO	370
STUDIO CONSULENZA / LAB. ANALISI	251
STABILIMENTO DI PRODUZIONE	169
LABORATORIO LAVORAZIONE	118
AMBITO MARE/LAGUNA	46
LABORATORIO SEZIONAMENTO	46
MANGIMIFICIO	44
COMMERCIO ALL'INGROSSO	37
NON INDICATO	32
RISTORAZIONE COLLETTIVA	25
CENTRO DI SPEDIZIONE	7
CASEIFICIO	6
CANILE	4
CENTRO DEPURAZIONE	1
MEZZO DI TRASPORTO	1
Totale	4561

Tabella 2. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per luogo prelievo

In **Tabella 3** i dati sono organizzati per **motivo sopralluogo**. Si evince che più della metà dei ceppi è stata isolata nel contesto dei controlli ufficiali (55,27%), nello specifico il 17,6% degli isolati deriva da campioni prelevati nell'ambito del Piano Nazionale di Controllo delle Salmonellosi (PNCS), il 7,9% è riconducibile a campioni testati contestualmente a piani di monitoraggio locali/regionali, lo 0,68% dei ceppi è stato isolato nell'ambito del Piano Nazionale Alimentazione Animale (PNAA) e nello 0,55% dei casi gli isolamenti sono riconducibili ad indagini effettuate a seguito di tossinfezioni alimentari. Il 18,9% degli isolati riportati deriva da campioni prelevati contestualmente ad attività di autocontrollo, incluse quelle previste dal PNCS; il 16,6% dei ceppi è stato isolato durante l'attività diagnostica e lo 0,79% nel contesto di attività di ricerca.

Rispetto al 2021, una percentuale considerevolmente inferiore di isolati (8,1% nel 2022 vs 22,3% nel 2021) è stata riportata con motivo accertamento "Altro". Andando nel dettaglio di questi isolati, si evince che la maggior parte di questi deriva dal luogo prelievo "Allevamento" (50,8%) e "Macello" (10,3%) e che di conseguenza il 54,6% e il 33,2% dei ceppi è associato rispettivamente a tipologia campione "Animale" e "Alimento".

La **Tabella 4** mostra i dati organizzati per **tipologia di campione**. La maggior parte degli isolati deriva da "Animale" e da "Alimento" (rispettivamente il 46,8% e il 44,1%), analogamente a quanto osservato nel 2021 (anche se nell'anno precedente la maggior parte dei ceppi era riconducibile a campioni alimentari). Gli isolati riconducibili ad "Ambiente" (2,2%) e "Mangime" (1,5%) sono lievemente in aumento rispetto al 2021, mentre sono in calo i ceppi riconducibili a campioni di acqua (0,55%).

Il numero di isolati riconducibili a campioni di origine non nota è considerevolmente diminuito rispetto al 2021 (4,8% nel 2022 vs 19,6% nel 2021). Come osservato per il 2021, andando nel dettaglio di questi isolati, si evince che nell'85% dei casi il motivo sopralluogo è "Autocontrollo: altro" e "Autocontrollo: settore alimentare" mentre il luogo prelievo indicato è "Studio consulenza/lab. Analisi". Si tratta presumibilmente di ceppi batterici conferiti agli IZZSS da enti che non appartengono al SSN e di conseguenza i metadati a corredo degli isolati non risultano recuperabili.

In **Tabella 5** è riportata la distribuzione degli isolati per **specie animale**. Si precisa che, in fase di registrazione dei dati sul gestionale Enter-Vet, è possibile inserire la specie animale a cui è riconducibile l'isolato solamente nei casi in cui il campione d'origine appartenga alle categorie "Animale" e "Alimento".

Al fine di rappresentare al meglio i dati, gli isolati per i quali sono state indicate come specie animali d'origine "Pollo", "Broiler", "Gallina ovaiola", "Pollo riproduttore" e "Cappone" sono stati accorpate sotto la categoria "*Gallus gallus*"; i ceppi associati alle specie "Suino ingrasso" e "Suino riproduttore" sono stati raggruppati nella categoria "Suino", mentre quelli associati alle specie "Tacchino da carne" e "Tacchino da riproduzione" sono stati inglobati nella categoria "Tacchino". La categoria "Misto" fa invece riferimento agli isolati riferibili a più di una specie. Le categorie di specie animale riscontrate con una frequenza inferiore a 10 sono state trattate come "Altro".

Come già verificatosi nel 2021, la maggior parte dei ceppi registrati (51,5%) proviene da campioni la cui specie d'origine è *Gallus gallus*, seguiti dagli isolati riconducibili alle specie bovina (14,4%) e suina (12,8%). Per 98 e 22 isolati la specie animale indicata è "Non precisata" e "Non attribuibile". Andando nel dettaglio di questi ceppi, si osserva che in più dell'80% dei casi sono stati isolati da campioni di alimento. Più della metà degli isolati con specie non precisata e non attribuibile (54,2%) deriva da campioni prelevati nell'ambito di attività ufficiali, nei luoghi prelievo "Esercizio commerciale" (30,5%), "Laboratorio lavorazione" (11%) e "Stabilimento di produzione" (9,3%),

mentre il 30,5% deriva da campioni prelevati in autocontrollo. Il luogo prelievo “Altro” è indicato nel 22% degli isolati registrati con specie animale non precisata o non attribuibile.

Il **Grafico 1** riporta i dati organizzati per **specie animale** ed espressi in percentuale (sono raffigurate solo le 10 specie più rappresentate). Nel 2022 il comparto avicolo registra una percentuale di isolati superiore a quella osservata nel 2021 (51,5% nel 2022 vs 48,6% nel 2021). La percentuale di isolati riferibili alla specie “Bovino”, la seconda specie più rappresentata, risulta invece in lieve calo rispetto al 2021 (14,4% nel 2022 vs 16,3% nel 2021). La stessa situazione si verifica per la specie “Suino”, che nel 2021 era associata al 13,5% degli isolati.

Motivo sopralluogo	N° ceppi
PIANO CONTROLLO ALIMENTI	1300
PIANO NAZIONALE DI CONTROLLO DELLE SALMONELLOSI NEGLI AVICOLI	801
DIAGNOSTICA	758
ALTRO	370
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO REGIONALE/LOCALE	364
AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	343
AUTOCONTROLLO: ALTRO	269
AUTOCONTROLLO: PIANO NAZIONALE DI CONTROLLO DELLE SALMONELLOSI NEGLI AVICOLI	252
RICERCA	36
PIANO NAZIONALE ALIMENTAZIONE ANIMALE	31
INDAGINE IN CASO DI TOSSINFEZIONE ALIMENTARE	25
NON NOTO	12
Totale	4561

Tabella 3. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per motivo sopralluogo

Tipo campione	N° ceppi
ANIMALE	2136
ALIMENTO	2010
NON NOTO	219
AMBIENTE	102
MANGIME	69
ACQUA	25
Totale	4561

Tabella 4. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per tipo campione

Specie	N° ceppi
<i>Gallus gallus</i>	2135
BOVINO	597
SUINO	530
TACCHINO	225
CINGHIALE	70
OVINO	70
MOLLUSCO BIVALVE	60
MAMMIFERO SELVATICO	54
VOLATILE SELVATICO	44
BUFALO	35
MISTO	29
RETTILE	25
CANE	23
UCCELLO	22
ITTICA	21
ANATRA	12
VOLPE	12
SPECIE ANIMALE NON PRECISATA	98
SPECIE ANIMALE NON ATTRIBUIBILE	22
ALTRO	62
Totale	4146

Tabella 5. Isolamenti di *Salmonella* spp. suddivisi per specie (dato disponibile solo per campioni della tipologia “Animale” e “Alimento”)

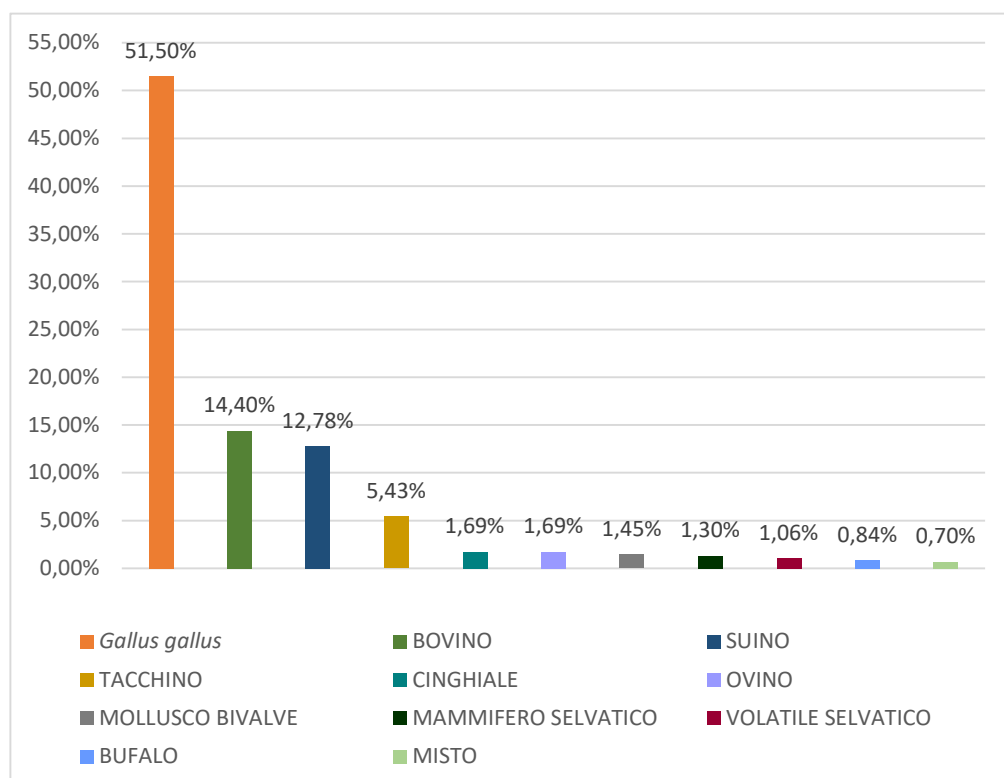


Grafico 1. Distribuzione isolati nel 2022 per specie (dato disponibile solo per campioni della tipologia “Animale” e “Alimento”); sono raffigurate solo le 10 specie animali più rappresentate e la categoria “Misto”

Dati relativi alla distribuzione dei sierotipi

Analisi di dettaglio in merito alla distribuzione dei sierotipi sono effettuate per isolati di *Salmonella* appartenenti alla specie *enterica* subspecie *enterica* che rappresenta la quasi totalità degli isolati, come si evince dalla **Tabella 6**.

Osservazioni di modifiche negli anni (*trend*) in merito alla frequenza di distribuzione dei sierotipi devono necessariamente tenere conto del fatto che sono possibili delle variazioni nel tempo anche significative nel numero di isolati sottoposti a sierotipizzazione per specie animale e/o matrice e/o motivo sopralluogo.

Tipo campione	<i>S. enterica</i> subsp. <i>enterica</i>	<i>S. enterica</i> subsp. <i>diarizonae</i>	<i>S. enterica</i> subsp. <i>salamae</i>	Non identificato	<i>S. enterica</i> subsp. <i>houtenae</i>	<i>S. Bongori</i>	<i>S. enterica</i> subsp. <i>arizonae</i>	<i>S. enterica</i> subsp. <i>indica</i>	Totale
ANIMALE	2072	29	14	6	9	4	2	0	2136
ALIMENTO	1988	8	2	7	1	4	0	0	2010
NON NOTO	216	0	0	3	0	0	0	0	219
AMBIENTE	102	0	0	0	0	0	0	0	102
MANGIME	68	0	0	0	1	0	0	0	69
ACQUA	23	1	0	0	0	0	0	1	25
Totale	4469	38	16	16	11	8	2	1	4561

Tabella 6. Dati suddivisi per specie e subspecie di *Salmonella* spp. declinati per tipologia di campione

In **Tabella 7** è riportata la distribuzione degli isolati per **sierotipo**. I sierotipi isolati con frequenza inferiore a 10 sono stati raggruppati in un'unica categoria denominata "Altro sierotipo". Gli isolati per i quali non si è giunti a una tipizzazione completa (22) o per i quali non è stato fornito il sierotipo (44), sono stati invece esclusi dalla tabella.

Nel **Grafico 2** i dati dei sierotipi sono espressi in percentuale rispetto al totale (comprensivo anche degli isolati per i quali il sierotipo non è stato identificato) e sono rappresentati solo i 10 sierotipi più frequentemente identificati in modo da poter apprezzare con immediatezza la frequenza di distribuzione degli stessi. Si osserva che nel 2022 il sierotipo più frequentemente isolato è *S. Infantis* (31,1%), analogamente a quanto riscontrato nel 2019 (26,4%), 2020 (24,1%) e 2021 (38,3%). Il secondo sierotipo più rappresentato nel 2022 è variante monofasica di *S. Typhimurium* (8,61%), seguito da *S. Enteritidis* (6,9%), riportato in percentuale maggiore rispetto al 2021, e da *S. Typhimurium* (6,6%). Tra i dieci sierotipi più frequentemente identificati, figurano, inoltre, similmente a quanto osservato per gli anni precedenti, *S. Agona* (4,6%), *S. Kentucky* (4,1%), *S. Dublin* (3,9%), *S. Derby* (3,7%), *S. Bredeney* (3,5%) e *S. Anatum* (1,9%).

In **Tabella 8** i dati relativi ai sierotipi sono stati organizzati per **tipologia di campione** (vengono rappresentati solo i sierotipi riscontrati con una frequenza superiore a 20). Nella maggior parte dei casi i ceppi sono riconducibili a campioni di origine animale (45,6%) od alimentare (45,3%).

Sierotipo	N° ceppi
S. Infantis	1374
Var. monofasica di S. Typhimurium	381
S. Enteritidis	307
S. Typhimurium	294
S. Agona	203
S. Kentucky	183
S. Dublin	174
S. Derby	165
S. Bredeney	153
S. Anatum	87
S. Choleraesuis	76
S. Livingstone	62
S. Give	59
S. Mbandaka	55
S. Rissen	51
S. Abortusovis	46
S. Veneziana	44
S. Thompson	43
S. Brandenburg	36
S. London	36
S. Newport	34
S. Senftenberg	29
S. Choleraesuis var. Kunzendorf	28
S. Blockley	27
S. Napoli	21
S. Kasenyi	20
S. Muenster	17
S. Gallinarum	16
S. Bovismorbificans	15
S. Agama	14
S. Corvallis	14
S. Isangi	14
S. Kottbus	14
S. Braenderup	13
S. Coeln	12
S. Sandiego	12
S. Goldcoast	11
S. Havana	11
S. Litchfield	11
S. Mikawasima	11
S. Montevideo	11
S. Chester	10
S. Kedougou	10
Altro sierotipo*	199
Totale	4403

Tabella 7. Numero di ceppi registrati per sierotipo nel 2022 con frequenza pari o maggiore di 10 (sono esclusi i ceppi per cui non si è giunti ad una tipizzazione completa). *raggruppa sierotipi isolati con una frequenza inferiore a 10

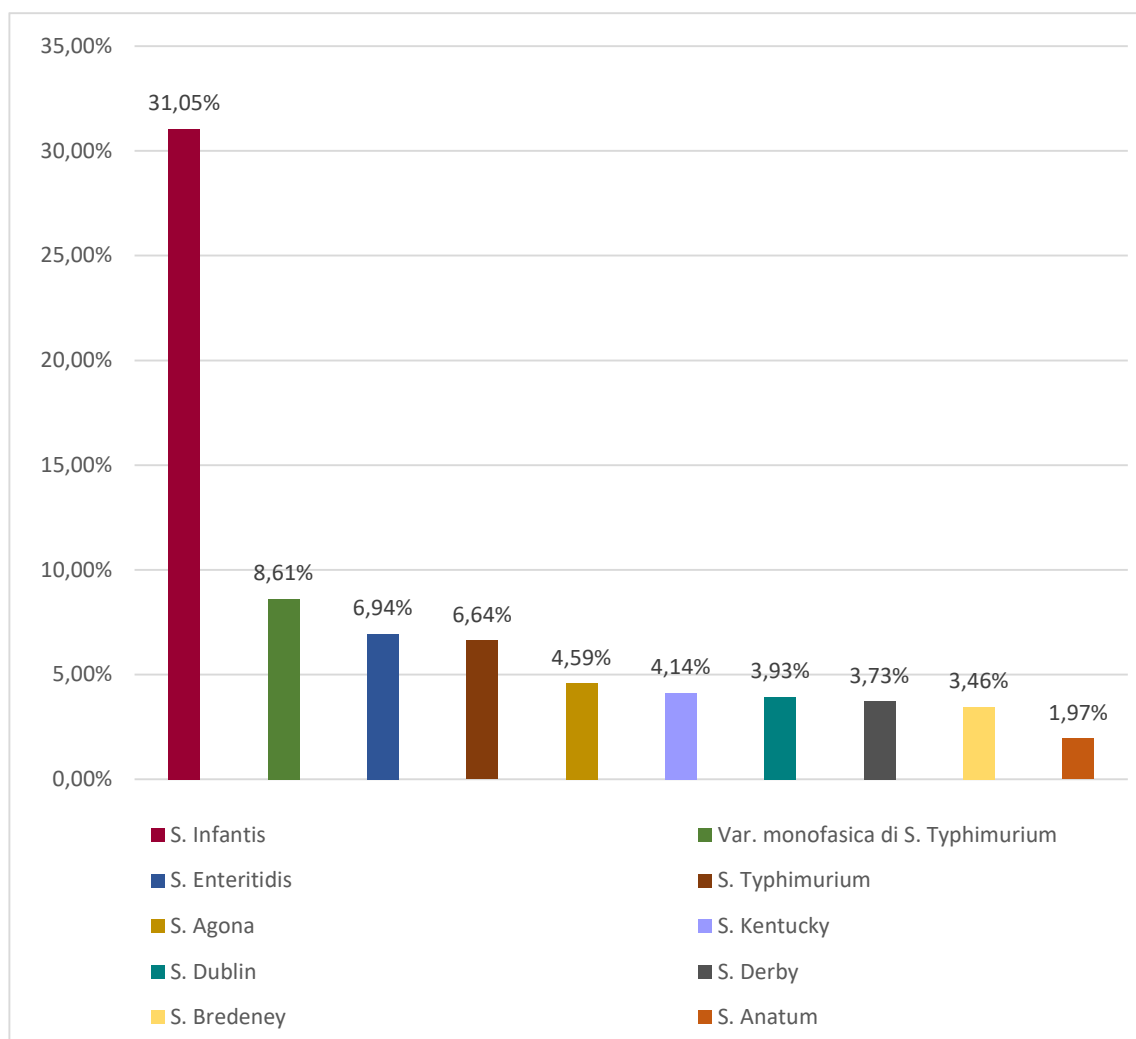


Grafico 2. Distribuzione isolati nel 2022 appartenenti a subspecie *enterica* per sierotipo

Sierotipo	ANIMALE	ALIMENTO	NON NOTO	AMBIENTE	MANGIME	ACQUA	Totale
S. Infantis	379	864	87	36	6	2	1374
Var. monofasica di S. Typhimurium	134	198	37	6	5	1	381
S. Enteritidis	177	89	19	22	0	0	307
S. Typhimurium	215	59	5	7	5	3	294
S. Agona	103	84	8	3	4	1	203
S. Kentucky	160	20	1	1	1	0	183
S. Dublin	133	39	0	2	0	0	174
S. Derby	12	140	12	0	0	1	165
S. Bredeney	76	58	9	9	1	0	153
S. Anatum	40	41	5	0	1	0	87
S. Choleraesuis	63	12	0	1	0	0	76
S. Livingstone	30	25	1	0	6	0	62

S. Give	32	18	7	0	2	0	59
S. Mbandaka	42	10	0	0	3	0	55
S. Rissen	8	34	5	2	1	1	51
S. Abortusovis	46	0	0	0	0	0	46
S. Veneziana	30	6	1	0	1	6	44
S. Thompson	23	16	1	3	0	0	43
S. Brandenburg	5	29	1	0	0	1	36
S. London	9	24	1	0	1	1	36
S. Newport	8	24	1	0	0	1	34
S. Senftenberg	14	9	3	0	3	0	29
S. Choleraesuis var. Kunzendorf	26	2	0	0	0	0	28
S. Blockley	21	4	1	1	0	0	27
S. Napoli	19	2	0	0	0	0	21
S. Kasenyi	15	0	0	5	0	0	20
<i>Non identificato</i>	10	10	1	0	0	1	22
Totale	1830	1817	206	98	40	19	4010

Tabella 8. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* declinati per tipo di campione

In **Tabella 9** i sierotipi identificati con una frequenza superiore a 30 sono rappresentati per **luogo prelievo** (sono presi in considerazione solo i luoghi prelievo indicati con una frequenza superiore a 30) e in **Tabella 10** per **motivo sopralluogo** (sono presi in considerazione solo i motivi sopralluogo indicati con una frequenza superiore a 30). In questo contesto è stata attribuita l’etichetta sierotipo “non identificato” per i 22 ceppi appartenenti alla specie *S. enterica* subsp. *enterica* per cui è stato selezionato il campo “sierotipo non identificato”.

Osservando i dati delle Tabelle 8, 9 e 10, si evince che, analogamente a quanto osservato per gli anni precedenti, *S. Infantis* viene isolato in contesti differenti da diverse matrici e luoghi, indice della forte capacità di adattamento di questo sierotipo, anche se esso è riconducibile principalmente a campioni di alimento (il 62,9% dei ceppi di *S. Infantis* nel 2022 è stato isolato a partire da campioni alimentari). Dalle tabelle viene confermata anche la grande ubiquità di sierotipi come *S. Typhimurium*, *S. Enteritidis* e variante monofasica di *S. Typhimurium*, identificati anch’essi in diversi contesti e matrici differenti. Viceversa, alcuni sierotipi, come *S. Kentucky*, *S. Dublin*, *S. Choleraesuis* e *S. Abortusovis*, vengono isolati quasi sempre da campioni di origine animale nel contesto dell’allevamento, mentre altri sierotipi, come *S. Derby* e *S. Rissen*, sono isolati nella maggior parte dei casi da campioni di origine alimentare.

Sierotipo	ALLEVAMENTO	ESERCIZIO COMMERCIALE	MACELLO	ALTRO	STUDIO CONSULENZA/ LAB. ANALISI	STABILIMENTO DI PRODUZIONE	LAB. LAVORAZIONE	AMBITO MARE/LAGUNA	LAB. SEZIONAMENTO	COMMERCIO ALL'INGROSSO	Totale
S. Infantis	408	573	131	46	109	35	28	6	10	10	1356
Var. monofasica di S. Typhimurium	139	38	69	39	26	24	21	6	10	2	374
S. Enteritidis	170	34	14	25	19	12	11	3	10	1	299
S. Typhimurium	189	11	22	38	11	5	4	5	1	1	287
S. Agona	100	37	21	13	10	5	6	4	1	0	197
S. Kentucky	166	6	5	4	0	0	1	0	0	0	182
S. Dublin	140	3	20	3	1	4	2	0	1	0	174
S. Derby	23	29	55	9	10	15	7	7	3	2	160
S. Bredeney	75	23	27	5	9	9	2	0	0	2	152
S. Anatum	38	17	12	3	6	4	2	0	1	0	83
S. Choleraesuis	65	0	1	2	1	5	0	0	1	1	76
S. Livingstone	29	13	3	1	1	3	3	0	2	3	58
S. Give	28	4	4	6	6	3	2	0	0	5	58
S. Mbandaka	38	4	1	1	0	0	2	0	0	1	47
S. Rissen	10	7	20	1	5	5	1	1	0	0	50
S. Abortusovis	46	0	0	0	0	0	0	0	0	0	46
S. Veneziana	14	1	0	24	0	0	0	2	0	0	41
S. Thompson	19	7	5	1	1	0	4	0	0	0	37
S. Brandenburg	8	4	9	5	0	6	2	0	2	0	36
S. London	8	4	8	5	1	6	0	1	2	0	35
S. Newport	3	8	8	8	2	2	1	1	0	1	34
Non identificato	12	2	3	1	1	2	0	0	0	1	22
Totale	1728	825	438	240	219	145	99	36	44	30	3804

Tabella 9. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* declinati per luogo prelievo

Sierotipo	PIANO CONTROLLO ALIMENTI	PNC3	DIAGNOSTICA	AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	PIANO MONITORAGGIO/ CONTROLLO REGIONALE/ LOCALE	ALTRO	AUTOCONTROLLO: ALTRO	AUTOCONTROLLO: PNC3	Totale
S. Infantis	633	235	25	95	141	36	100	103	1368
Var. monofasica di S. Typhimurium	97	4	111	59	23	47	29	0	370
S. Enteritidis	44	103	22	31	20	31	17	29	297
S. Typhimurium	26	7	142	14	21	65	7	4	286
S. Agona	60	76	16	7	11	9	10	7	196
S. Kentucky	17	103	18	8	0	5	7	25	183
S. Dublin	9	3	127	1	0	30	2	0	172
S. Derby	82	4	2	36	7	17	12	2	162
S. Bredeney	51	46	4	12	4	2	10	22	151
S. Anatum	28	35	1	11	2	0	5	4	86
S. Choleraesuis	4	0	65	1	0	6	0	0	76
S. Livingstone	21	16	2	2	1	4	4	9	59
S. Give	12	7	17	2	6	6	7	0	57
S. Mbandaka	5	35	0	3	0	4	1	2	50
S. Rissen	18	3	0	8	6	6	6	1	48
S. Abortusovis	0	0	42	0	2	2	0	0	46
S. Veneziana	4	5	2	1	12	11	4	3	42
S. Thompson	13	12	6	1	2	1	3	0	38
S. Brandenburg	11	0	5	13	1	2	4	0	36
S. London	6	1	4	11	3	6	2	1	34
S. Newport	18	1	5	2	5	0	3	0	34

<i>Non identificato</i>	5	2	9	0	3	2	1	0	22
Totale	1164	698	625	318	270	292	234	212	3813

Tabella 10. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* declinati per motivo sopralluogo (PNCS corrisponde a Piano Nazionale di Controllo delle Salmonellosi negli Avicoli)

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione animale

In **Tabella 11** sono riportati i dati relativi ai ceppi isolati da **animali** declinati per specie. Sono rappresentati solo i sierotipi e le specie animali indicati con frequenza maggiore di 10 e sono esclusi i ceppi privi di informazione sulla specie o sul sierotipo. Le categorie avicole della specie *Gallus gallus* sono in questo caso mantenute separate, mentre alla categoria “Suino” sono state accorpate “Suino da ingrasso” e “Suino da riproduzione”, e nella categoria “Tacchino” sono stati raggruppati “Tacchino da carne” e “Tacchino da riproduzione”.

Rispetto al 2021, risultano in aumento i ceppi di *S. Infantis* isolati da campioni animali (27,6% nel 2022 vs 22,9% nel 2021): nell’81% dei casi, si tratta di ceppi isolati nell’ambito del PNCS. Osservando la distribuzione dei sierotipi non specie-specifici, emergono interessanti considerazioni. Si può evincere per esempio come *S. Infantis* e *S. Kentucky* siano più frequentemente isolati dalla specie *Gallus gallus* (rispettivamente al pollo da carne e alla gallina ovaioia). Si osserva inoltre che *S. Typhimurium* e variante monofasica di *S. Typhimurium* sono stati isolati prevalentemente a partire da campioni di specie bovina e che la maggior parte dei ceppi di *S. Enteritidis* notificati è riconducibile alla specie *Gallus gallus* e alla categoria “mammifero selvatico”, come osservato anche per gli anni precedenti.

Infine, in **Tabella 11** sono riportati 26 ceppi di *S. Choleraesuis* var. *Kunzendorf*, 19 dei quali isolati da cinghiali quasi tutti campionati in Veneto (provincia di Treviso) e Friuli-Venezia Giulia, plausibilmente nell’ambito delle attività di sorveglianza passiva della peste suina africana. A tale riguardo, si ricorda che nel valutare questi dati bisogna sempre tener conto che le specie sottoposte a campionamento dipendono strettamente dal motivo del sopralluogo, che, fatta eccezione per attività regolamentate, come il PNCS, può subire variazioni nel tempo e nello spazio.

Nel **Grafico 3** sono illustrate le matrici di origine animale da cui sono stati isolati i 10 sierotipi più notificati. Nella categoria “Organo” sono state incluse le matrici “Milza”, “Muscolo”, “Pool di organi”, “Fegato” e “Linfonodi”. Si osserva come *S. Infantis*, *S. Kentucky*, *S. Enteritidis*, *S. Agona* e *S. Bredeney* siano maggiormente riconducibili a matrici previste dal PNCS (sovrascarpe). Alcuni sierotipi, come *S. Dublin*, *S. Choleraesuis* var. *Kunzendorf* e *S. Abortusovis*, sono invece isolati quasi esclusivamente o con frequenza significativa in organi della specie di elezione (rispettivamente bovino, suino e ovino).

Sierotipo	BOVINO	BROILER	POLLO	GALLINA OVAIOLA	SUINO	TACCHINO	OVINO	CINGHIALE	VOLATILE SELVATICO	MAMMIFER O SELVATICO	BUFALO	UCCELLO	POLLO RIPRODUTT ORE	CANE	Totale
<i>S. Infantis</i>	4	188	142	18	4	5	0	0	1	1	1	10	1	2	377
<i>S. Typhimurium</i>	146	4	7	8	3	0	0	1	13	5	3	7	1	3	201
<i>S. Enteritidis</i>	5	49	44	42	1	0	1	2	0	12	2	1	2	3	164
<i>S. Kentucky</i>	0	1	50	105	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	159
Var. monofasica di <i>S. Typhimurium</i>	77	0	4	0	26	2	0	0	8	4	0	1	0	3	125
<i>S. Dublin</i>	130	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	132
<i>S. Agona</i>	8	9	11	14	0	55	0	0	0	1	1	0	0	1	100
<i>S. Bredeney</i>	1	39	26	1	1	1	0	0	5	0	0	0	1	1	76
<i>S. Choleraesuis</i>	0	0	1	0	61	0	0	0	0	0	0	0	0	0	62
<i>S. Abortusovis</i>	0	0	0	0	0	0	45	0	0	0	0	0	0	0	45
<i>S. Mbandaka</i>	0	13	23	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	42
<i>S. Anatum</i>	0	12	2	5	0	20	0	0	0	0	0	0	0	0	39
<i>S. Give</i>	8	3	3	3	0	0	0	5	0	0	10	0	0	0	32
<i>S. Livingstone</i>	0	14	12	1	0	0	0	0	0	0	2	0	1	0	30
<i>S. Veneziana</i>	0	4	0	2	0	0	0	3	2	5	0	1	5	1	23
<i>S. Choleraesuis</i> var. <i>Kunzendorf</i>	0	0	0	0	6	0	0	19	0	1	0	0	0	0	26
<i>S. Thompson</i>	0	2	16	1	0	0	0	0	0	0	2	1	1	0	23
<i>S. Blockley</i>	0	14	1	0	0	0	0	0	0	2	0	0	4	0	21
Totale	379	353	342	206	103	83	46	30	30	31	21	21	18	14	1677

Tabella 11. Sierotipi appartenenti a specie enterica subspecie enterica isolati da campioni animali declinati per specie

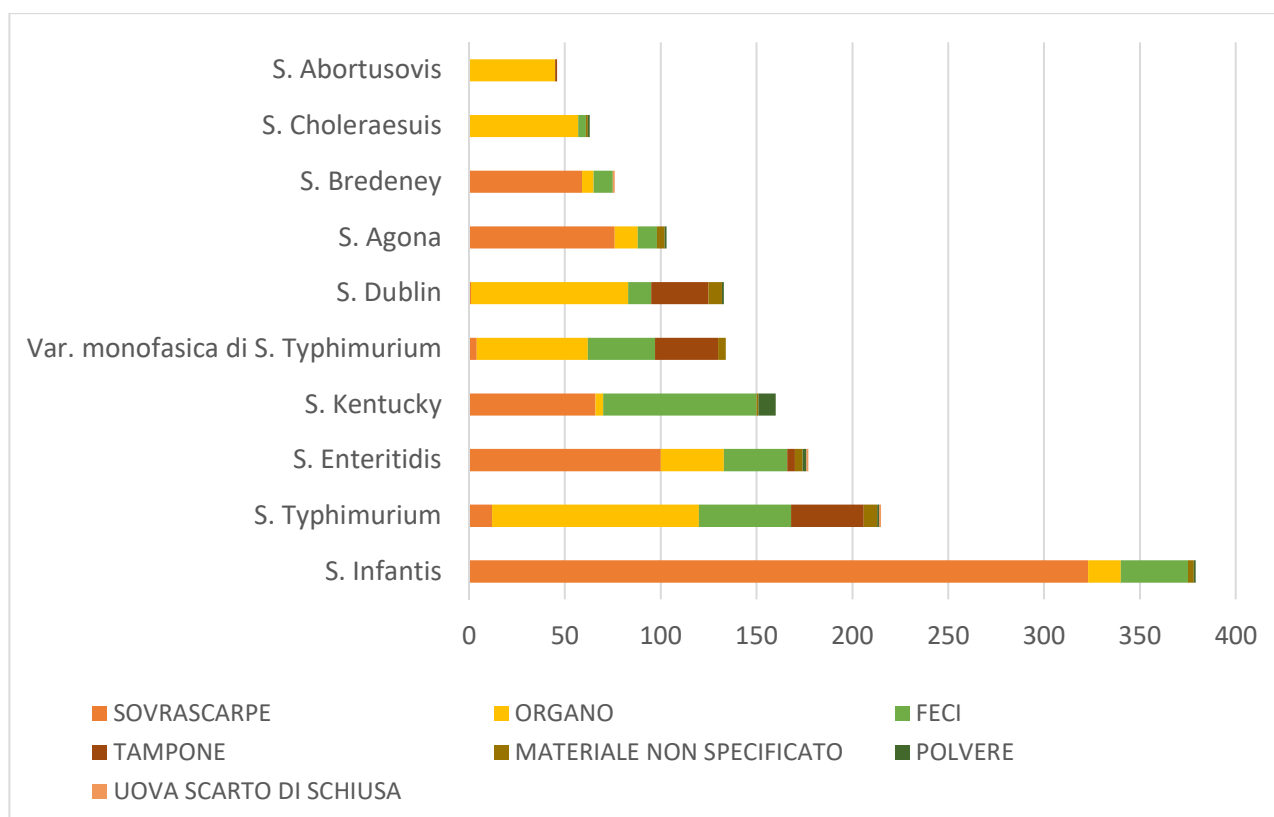


Grafico 3. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni animali declinati per matrice

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione alimento

In **Tabella 12** sono riportati i dati relativi ai ceppi isolati da **alimenti** declinati per specie (sono inclusi solo i dati sui sierotipi isolati con una frequenza maggiore di 10, e sono esclusi i sierotipi riconducibili a più di una specie animale e quelli riferibili a specie animale non precisata e non attribuibile). Nella categoria “Altro” sono state incluse le specie animali riportate con frequenza pari a 1 (“Cinghiale”, “Coniglio”, “Mammifero” e “Quaglia”).

Si può notare come la maggioranza dei ceppi di *S. Infantis* (92,8%) e *S. Enteritidis* (79,8%) siano quasi esclusivamente isolati da alimenti di origine avicola. La quasi totalità degli isolati di *S. Dublin* proviene da alimenti di origine bovina, mentre il 79,3% dei ceppi di variante monofasica di *S. Typhimurium*, l’82,3% dei ceppi di *S. Derby*, l’84,8% dei ceppi di *S. Rissen* e l’84% dei ceppi di *S. Brandenburg* sono stati isolati da alimenti di origine suina. A differenza di quanto osservato per il 2021, invece, *S. Typhimurium* è stato isolato con maggiore frequenza a partire da alimenti di origine bovina (46,4%), mentre nel 28,6% e nel 12,5% dei casi è stato isolato rispettivamente da alimenti di origine suina e da molluschi bivalvi. Nell’elenco riportato in Tabella 12, inoltre, figura *S. Corvallis*, un sierotipo poco comune in Europa, ma frequentemente isolato in Asia ed implicato in casi umani di importazione. Nove dei 10 ceppi notificati sono riferibili a carne o carcassa di pollo, mentre 1 ceppo è riconducibile a carcassa di ovino.

Nel **Grafico 4** a ciascun sierotipo viene associata la matrice alimentare da cui sono stati isolati i ceppi. Sono presi in considerazione solo i sierotipi isolati con frequenza maggiore di 10 e sono state escluse le categorie di matrici indicate con frequenza inferiore a 10: “Latte crudo” (9), “Formaggio” (5), “Uova” (3), “Prodotti a base di uova” (2) e “Prodotti vegetali” (1).

La matrice “Carne” è quella più frequentemente associata al sierotipo *S. Infantis*, seguita dalle matrici “Carcassa”, “Prodotti a base di carne” e “Frattaglie”. Come già evidenziato, *S. Infantis* è isolato maggiormente in alimenti riconducibili alla specie “Pollo” e allo stesso tempo è il sierotipo più frequentemente identificato a livello di produzione primaria, denotando una grande capacità di persistere nelle fasi di lavorazione della carne.

Si evidenzia inoltre come *S. Typhimurium* venga isolato a partire da una gamma piuttosto diversificata di matrici alimentari, anche se più frequentemente riscontrato in fase di produzione primaria, e quindi a livello di matrici animali, piuttosto che in campioni di alimento.

SIEROTIPO	POLLO	SUINO	TACCHINO	BOVINO	MOLLUSCO BIVALVE	ITTICA	OVINO	AVICOLI GENERICI	EQUINO	FARAONA	GALLINA OVAIOLA	ANATRA	ALTRO	Totale
S. Infantis	777	11	13	11	10	8	1	0	0	0	1	0	0	832
Var. monofasica di S. Typhimurium	2	138	2	24	5	1	0	0	0	0	0	0	2	174
S. Derby	2	102	5	9	4	1	0	0	1	0	0	0	0	124
S. Enteritidis	67	0	1	9	4	0	0	3	0	0	0	0	1	85
S. Agona	15	3	51	1	3	1	1	0	0	1	1	0	0	77
S. Typhimurium	2	16	1	26	7	1	0	0	1	0	0	1	1	56
S. Bredeney	46	3	8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	57
S. Anatum	7	3	20	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	34
S. Dublin	0	1	0	36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	37
S. Rissen	3	28	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	33
S. Brandenburg	3	21	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	25
S. Livingstone	20	4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	25
S. London	1	16	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	20
S. Newport	7	2	10	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	22
S. Kentucky	16	0	2	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	20
S. Give	7	3	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16
S. Thompson	13	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	15
S. Choleraesuis	1	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12
S. Corvallis	9	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	10
S. Mbandaka	7	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10
<i>Non identificato</i>	1	3	0	4	0	1	0	0	0	0	0	0	0	9
Totale	1006	368	114	131	39	14	3	3	3	3	3	2	4	1693

Tabella 12. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni di alimento declinati per specie

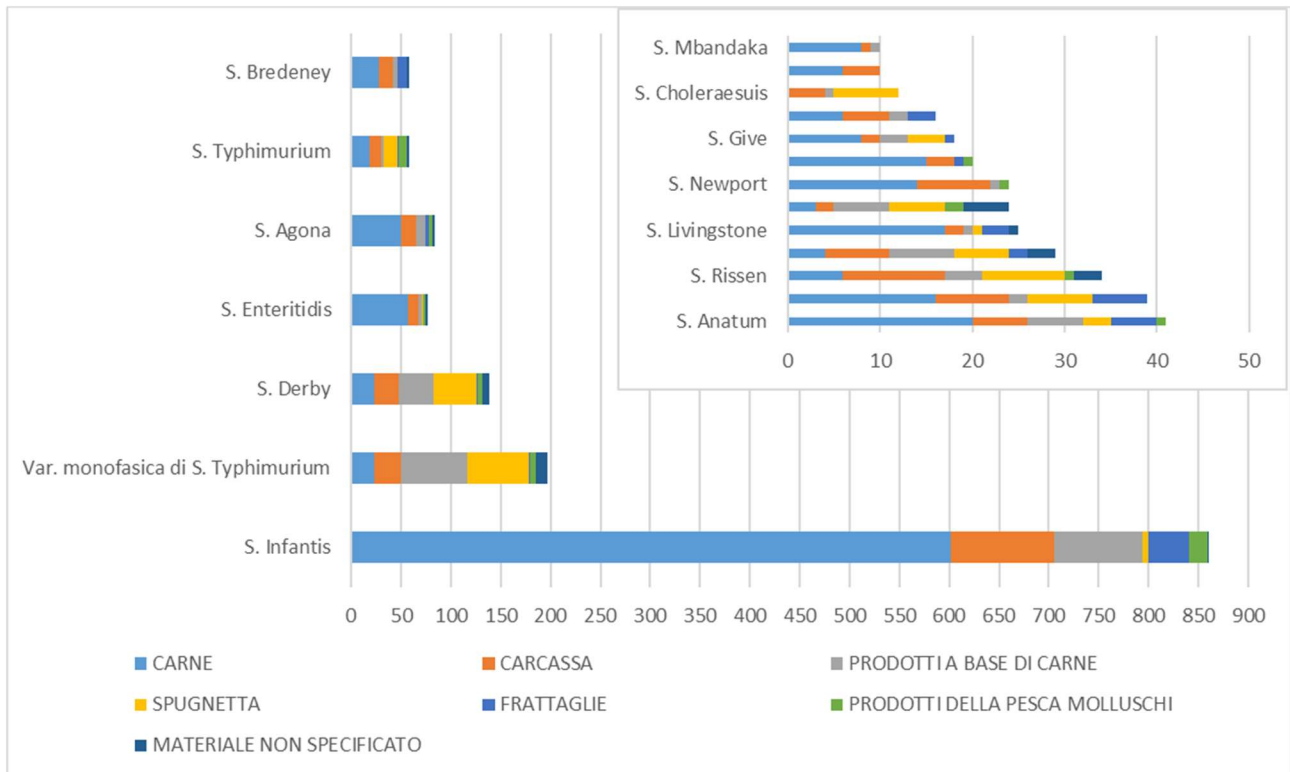


Grafico 4. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni di alimento declinati per matrice (sierotipi isolati con frequenza maggiore di 10). Nell’immagine in primo piano sono valorizzati i sierotipi isolati con frequenza maggiore di 50.

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione mangime

In **Tabella 13** sono riportati i dati sui sierotipi relativi ai ceppi isolati da tipologia di campione **mangime** declinati per le tre sottocategorie di matrice: “Mangime per animali d’affezione”, “Mangime semplice” e “Mangime composto”. La maggior parte dei ceppi di *Salmonella* sono stati isolati a partire da “Mangime semplice” (72,1%), seguito da “Mangime composto” (17,6%) e “Mangime per animali d’affezione” (10,3%).

Nel 2022, i sierotipi più frequentemente isolati in campioni di mangime sono *S. Tennessee*, *S. Infantis*, *S. Livingstone*, *S. Typhimurium* e la sua variante monofasica. Tra questi, solo *S. Infantis* e *S. Livingstone* risultano essere tra i sierotipi maggiormente identificati anche nel 2021, ma *S. Typhimurium* risultava essere tra i sierotipi isolati con maggiore frequenza anche nel 2020.

Andando nel dettaglio dei ceppi di *S. Tennessee*, il sierotipo maggiormente identificato, si osserva che sono stati tutti isolati in contesti e luoghi differenti: in 3 casi, si tratta di ceppi isolati nell’ambito del Piano Nazionale Alimentazione Animale (PNAA), 2 isolati sono associati a motivo accertamento “Piano di monitoraggio/controllo regionale/locale” e 2 isolati derivano da attività condotte in autocontrollo.

Il PNAA è l’ambito nel quale è stata isolata la maggior parte dei ceppi (40,6%), seguito dai motivi “Altro” (24,6%) e “Autocontrollo: altro” (20,3%) (**Tabella 14**). Il sierotipo più isolato nell’ambito del PNAA risulta essere *S. Typhimurium*. Tutti i ceppi di *S. Typhimurium* notificati sono stati isolati da

campioni di mangime semplice prelevati in mangimificio (in 4 casi su 5 lo stabilimento di provenienza dei campioni è il medesimo).

I restanti sierotipi isolati nell'ambito del PNAА sono riportati in **Tabella 15**.

Sierotipo	MANGIME SEMPLICE	MANGIME COMPOSTO	MANGIME ANIMALI D'AFFEZIONE	Totale
S. Tennessee	4	2	1	7
S. Infantis	3	3	0	6
S. Livingstone	6	0	0	6
S. Typhimurium	5	0	0	5
Var. monofasica di S. Typhimurium	3	1	1	5
S. Agona	3	1	0	4
S. Isangi	1	0	2	3
S. Mbandaka	2	0	1	3
S. Minnesota	3	0	0	3
S. Montevideo	3	0	0	3
S. Senftenberg	3	0	0	3
S. Cerro	2	0	0	2
S. Give	0	2	0	2
S. Orion	2	0	0	2
S. Taksony	2	0	0	2
S. Anatum	0	0	1	1
S. Bareilly	0	1	0	1
S. Bredeney	0	1	0	1
S. Chester	1	0	0	1
S. Jerusalem	0	0	1	1
S. Kentucky	1	0	0	1
S. Liverpool	1	0	0	1
S. London	1	0	0	1
S. Rissen	1	0	0	1
S. Stanleyville	0	1	0	1
S. Veneziana	1	0	0	1
S. Waycross	1	0	0	1
Totale	49	12	7	68

Tabella 13. Sierotipi da campioni di mangime declinati per matrice

Motivo sopralluogo	N° ceppi
PIANO NAZIONALE ALIMENTAZIONE ANIMALE	28
ALTRO	17
AUTOCONTROLLO: ALTRO	14
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO REGIONALE/LOCALE	5
NON NOTO	2
AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	1

DIAGNOSTICA	1
PIANO CONTROLLO ALIMENTI	1
Totale	69

Tabella 14. Ceppi notificati riferibili a mangime declinati per motivo sopralluogo

MOTIVO SOPRALLUOGO: PNAA	
Sierotipo	N° ceppi
S. Typhimurium	5
S. Tennessee	3
S. Agona	2
S. Give	2
S. Infantis	2
S. Anatum	1
S. Bredeney	1
S. Cerro	1
S. Chester	1
S. Jerusalem	1
S. Livingstone	1
S. London	1
S. Montevideo	1
S. Orion	1
S. Senftenberg	1
S. Stanleyville	1
S. Taksony	1
S. Veneziana	1
Var. monofasica di S. Typhimurium	1
Totale	28

Tabella 15. Ceppi notificati riferibili a mangime con motivo sopralluogo Piano Nazionale Alimentazione Animale (PNAA)

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione ambiente

Nella **Tabella 16** sono riportati i sierotipi isolati da campioni ambientali. Il numero di ceppi isolati a partire da campioni ambientali è in aumento rispetto agli anni precedenti (102 ceppi nel 2022 vs 64 ceppi nel 2021 vs 86 ceppi nel 2020). Diversamente da quanto osservato nel 2021, quando il sierotipo più frequentemente isolato da campioni ambientali risultava essere S. Derby, nel 2022 il

primo sierotipo in termini di frequenza di isolamento è *S. Infantis* (35,3%), seguito da *S. Enteritidis* (21,6%) e *S. Bredeney* (8,8%).

Dalla **Tabella 17**, che esprime il numero di ceppi notificati **per motivo sopralluogo**, si osserva che la maggior parte dei campioni ambientali sono stati collezionati nell'ambito di controlli ufficiali: PNCS (55,9%), indagini in caso di tossinfezione alimentare (10,8%), piani di controllo sugli alimenti (2,9%) e piani di monitoraggio locali (2,9%). Il 20,6% dei ceppi è riconducibile ad attività di autocontrollo, il 2,9% ad attività diagnostica e il 3,9% è associato a motivo sopralluogo "Altro". Andando nel dettaglio degli 11 ceppi registrati con motivo accertamento "Indagine in caso di tossinfezione alimentare", si evince che 6 di questi (3 ceppi di *S. Infantis* e 3 ceppi di variante monofasica di *S. Typhimurium*) sono stati isolati tramite tamponi ambientali prelevati in esercizi commerciali e che 2 ceppi derivano da stabilimenti di produzione (1 ceppo di variante monofasica di *S. Typhimurium* e 1 ceppo di *S. Enteritidis*). I restanti 3 ceppi derivano dai luoghi prelievo "Macello", "Ristorazione collettiva" e "Altro".

Il **Grafico 5** illustra i dati relativi ai sierotipi declinati **per motivo sopralluogo**. Si evidenzia che la maggior parte dei ceppi di *S. Infantis* e *S. Enteritidis* sono stati isolati nell'ambito del PNCS, principalmente in occasione di controlli ambientali a seguito di disinfezione dei capannoni per precedenti positività, mentre *S. Bredeney* risulta isolato più frequentemente nel contesto di attività di autocontrollo. A differenza di quanto osservato per il 2021, nel 2022 nessun isolato risulta riferibile al motivo sopralluogo "Ricerca".

Sierotipo	N° ceppi
<i>S. Infantis</i>	36
<i>S. Enteritidis</i>	22
<i>S. Bredeney</i>	9
<i>S. Typhimurium</i>	7
Var. monofasica di <i>S. Typhimurium</i>	6
<i>S. Kasenyi</i>	5
<i>S. Agona</i>	3
<i>S. Thompson</i>	3
<i>S. Dublin</i>	2
<i>S. Rissen</i>	2
<i>S. Blockley</i>	1
<i>S. Choleraesuis</i>	1
<i>S. Isangi</i>	1
<i>S. Kentucky</i>	1
<i>S. Litchfield</i>	1
<i>S. Mikawasima</i>	1
<i>S. Schwarzengrund</i>	1
Totale	102

Tabella 16. Sierotipi appartenenti a specie *enterica* subspecie *enterica* isolati da campioni ambientali

Motivo sopralluogo	N° ceppi
PIANO NAZIONALE DI CONTROLLO DELLE SALMONELLOSI NEGLI AVICOLI	57
AUTOCONTROLLO: SETTORE ALIMENTARE	13

INDAGINE IN CASO DI TOSSINFEZIONE ALIMENTARE	11
AUTOCONTROLLO: ALTRO	5
ALTRO	4
AUTOCONTROLLO: PIANO NAZIONALE DI CONTROLLO DELLE SALMONELLOSI NEGLI AVICOLI	3
DIAGNOSTICA	3
PIANO CONTROLLO ALIMENTI	3
PIANO MONITORAGGIO/CONTROLLO REGIONALE/LOCALE	3
Totale	102

Tabella 17. Ceppi notificati riferibili ad ambiente declinati per motivo sopralluogo

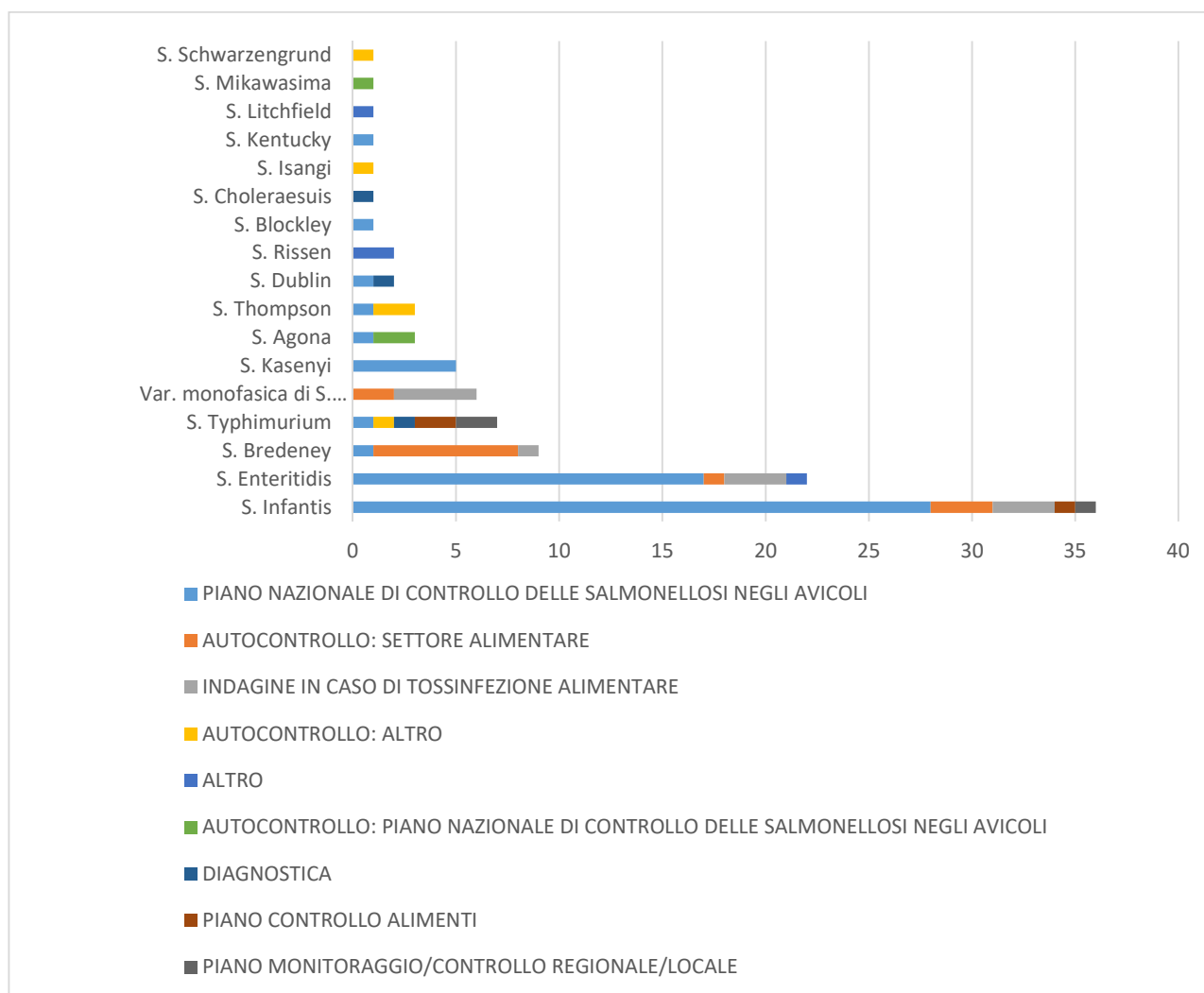


Grafico 5 Distribuzione dei sierotipi isolati da acqua declinati per motivo sopralluogo

Distribuzione dei sierotipi per tipo di campione acqua

In **Tabella 18** sono riportati i dati relativi ai ceppi isolati da acqua declinati per le macrocategorie: “Acqua di superficie”, “Acqua di mare”, “Acqua potabile” e “Non noto”. Sono stati isolati in tutto 23 ceppi appartenenti a diversi sierotipi, in ulteriore diminuzione rispetto agli anni precedenti (30 ceppi nel 2021; 42 ceppi nel 2020; 69 ceppi nel 2019). “Acqua di superficie” è la matrice dalla quale è stata isolata la maggior parte dei ceppi (65,2%), mentre non risultano isolati associati alla matrice “Acqua di acquario”.

Il sierotipo più frequentemente identificato nel 2022 è, analogamente al 2021, 2020, 2019 e 2018, *S. Veneziana* (26,1%), seguito da *S. Typhimurium* (13%) e *S. Coeln* (8,7%). Quattro dei 6 ceppi di *S. Veneziana* notificati risultano isolati da acque superficiali prelevate dai fiumi Metauro e Conca, in provincia di Pesaro e Urbino, mentre 2 ceppi derivano da campioni di acqua potabile, di cui uno prelevato in un allevamento avicolo della Lombardia.

Nel **Grafico 6** sono riportati i dati sui sierotipi isolati da acqua distribuiti **per motivo sopralluogo**. Osservando il grafico, si evince che la quasi totalità degli isolati di *S. Veneziana* (4 isolati su 6) è riconducibile al contesto “Autocontrollo: altro”, che è anche il motivo sopralluogo più frequentemente registrato in generale.

Sierotipo	ACQUA SUPERFICIE	ACQUA MARE	ACQUA POTABILE	NON NOTO	Totale
<i>S. Veneziana</i>	4	0	2	0	6
<i>S. Typhimurium</i>	1	1	1	0	3
<i>S. Coeln</i>	2	0	0	0	2
<i>S. Infantis</i>	1	0	0	1	2
<i>S. Agona</i>	0	0	0	1	1
<i>S. Brandenburg</i>	1	0	0	0	1
<i>S. Derby</i>	0	1	0	0	1
<i>S. Litchfield</i>	1	0	0	0	1
<i>S. London</i>	1	0	0	0	1
<i>S. Newport</i>	1	0	0	0	1
<i>S. Orion</i>	1	0	0	0	1
<i>S. Rissen</i>	1	0	0	0	1
Var. monofasica di ST	1	0	0	0	1
<i>Non identificato</i>	0	1	0	0	1
Totale	15	3	3	2	23

Tabella 18. Sierotipi da campioni di acqua declinati per matrice

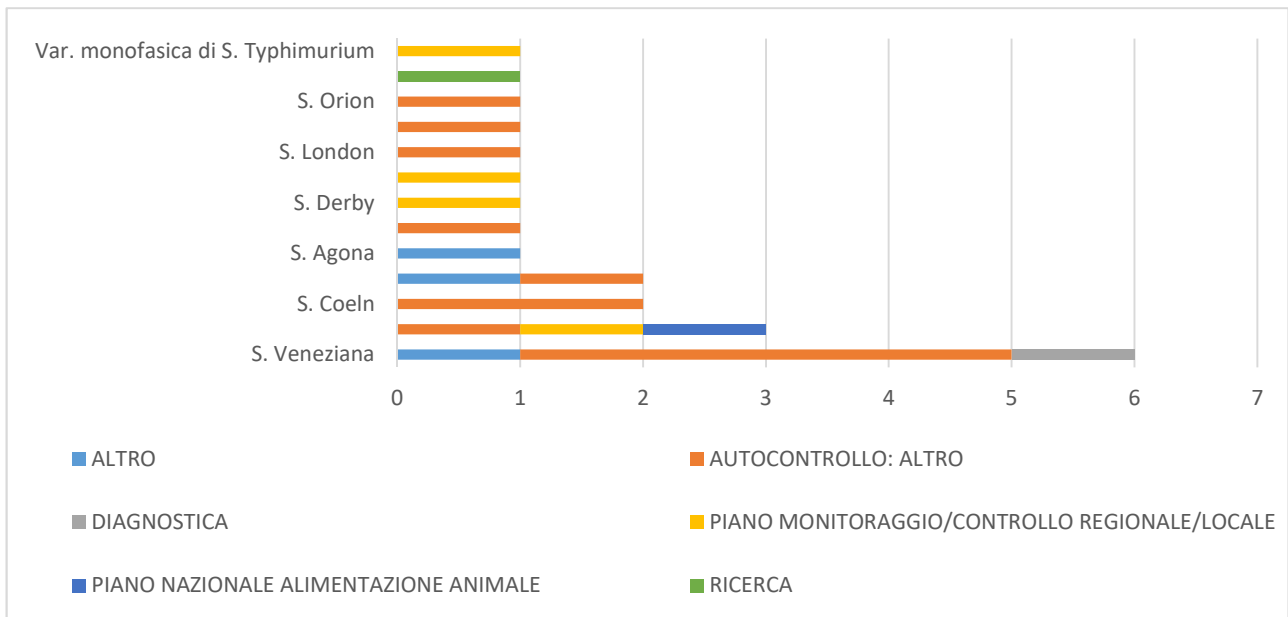


Grafico 6. Sierotipi notificati riferibili ad acqua declinati per motivo sopralluogo

Dati relativi alla distribuzione dei profili MLVA

In questa sezione vengono riportate le frequenze di distribuzione dei **profili MLVA** relativi a *S. Typhimurium*, variante monofasica di *S. Typhimurium* e *S. Enteritidis*. Nel gestionale Enter-Vet sono riportati i profili MLVA per un totale di **263** ceppi, di cui 94 riferibili a variante monofasica di *S. Typhimurium*, 32 riferibili a *S. Typhimurium* e 137 a *S. Enteritidis*. In **Tabella 19** vengono indicati i laboratori cui sono riconducibili ceppi con profilo MLVA registrato nel gestionale distribuiti per i tre sierotipi. Si rileva che alcuni esiti relativi al profilo MLVA non siano stati inseriti a sistema, come anche in alcuni casi si evidenzia la trascrizione di profili errati (i profili errati sono comunque conteggiati ma inglobati nella categoria “altro profilo” nelle tabelle).

Laboratorio Enter-Vet di riferimento	S. Enteritidis		S. Typhimurium		Var. monofasica di S. Typhimurium		Totale complessivo	
	N° ceppi	N° ceppi con profilo MLVA	N° ceppi	N° ceppi con profilo MLVA	N° ceppi	N° ceppi con profilo MLVA	N° ceppi	N° ceppi con profilo MLVA
IZS ABRUZZO E MOLISE - TERAMO	6	0	1	0	4	0	11	0
IZS DEL MEZZOGIORNO - PORTICI	10	4	8	3	13	11	31	18
IZS DELLA SARDEGNA - SASSARI	1	0	1	0	4	0	6	0
IZS DELLA SICILIA - PALERMO	11	0	4	0	1	0	16	0
IZS DELLE VENEZIE - PADOVA	77	47	74	24	90	53	241	123
IZS LAZIO E TOSCANA - ROMA	11	0	17	0	16	0	44	0
IZS LOMBARDIA ED EMILIA ROMAGNA - BRESCIA	61	9	144	1	172	0	377	10
IZS PIEMONTE, LIGURIA E VALLE D'AOSTA - TORINO	3	0	15	0	21	0	39	0
IZS PUGLIA E BASILICATA - FOGGIA	22	0	14	0	5	0	41	0
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. PERUGIA	13	9	4	1	26	8	43	18
IZS UMBRIA E MARCHE - SEZ. MACERATA	92	9	12	4	29	22	133	94
Totale complessivo	307	137	294	32	381	94	982	263

Tabella 19. Isolati per cui è disponibile profilo MLVA declinati per sierotipo e laboratorio di origine

Profili MLVA ceppi di S. Enteritidis

Nel 2022 sono stati identificati 13 profili MLVA differenti in 137 ceppi di *S. Enteritidis*. Di questi, un profilo MLVA è comune a 113 ceppi, un profilo è stato registrato con frequenza pari a 4, due profili con frequenza pari a 3, cinque profili con frequenza pari a 2, e 4 profili con frequenza pari a 1. In **Tabella 20** sono riportati i profili MLVA comuni a 2 o più ceppi di *S. Enteritidis*, declinati per specie cui sono riferibili gli isolati. In “Altro profilo” sono inclusi tutti i profili identificati con frequenza pari a 1. Il profilo identificato con maggior frequenza nel 2022 è, come per il 2021, 3-10-5-4-1, seguito da 3-12-5-5-1 e 3-11-5-4-1. Il profilo 3-10-5-4-1 è molto frequentemente riportato negli avicoli, ed è associato a un focolaio di *S. Enteritidis* che nel 2022 ha interessato la filiera del pollo da carne. Un numero così elevato di ceppi associati al profilo 3-10-5-4-1 è da imputare al rafforzamento delle attività di sorveglianza messe in atto per contenere la diffusione di *S. Enteritidis* a livello di produzione primaria e lungo la filiera alimentare.

PROFILO MLVA	POLLO	SPECIE NON PRECISATA	GALLINA OVAIOLA	AVICOLI GENERICI	MOLLUSCO BIVALVE	MAMMIFERO	Totale compl.
3-10-5-4-1	84	18	4	4	3	0	113
3-12-5-5-1	4	0	0	0	0	0	4
3-11-5-4-1	2	0	1	0	0	0	3
3-9-5-4-1	1	0	0	2	0	0	3
2-10-7-3-2	0	0	1	1	0	0	2
2-11-7-3-2	0	0	2	0	0	0	2
2-9-7-3-2	1	0	1	0	0	0	2
3-10-4-5-1	2	0	0	0	0	0	2
3-10-5-3-1	2	0	0	0	0	0	2
<i>Altro profilo</i>	3	0	0	0	0	1	4
Totale compl.	99	18	9	7	3	1	137

Tabella 20. Profilo MLVA degli isolati di *S. Enteritidis* declinati per specie cui sono riferibili i ceppi

Profili MLVA ceppi di *S. Typhimurium*

Nel 2022 sono stati identificati 19 profili MLVA differenti in 32 ceppi di *S. Typhimurium*. Di questi, un profilo è comune a 8 ceppi, 1 profilo è comune a 3 ceppi, 4 profili sono comuni a 2 ceppi e i restanti 13 profili sono stati registrati con frequenza pari a 1. La **Tabella 21** riporta i profili MLVA identificati in 2 o più ceppi, declinati per specie cui sono riferibili gli isolati. In “Altro profilo” sono inclusi tutti i profili identificati con frequenza pari a 1. Nella categoria “Altro”, sono state raggruppate le specie animali associate a un solo ceppo provvisto di profilo MLVA (“Bufalo”, “Gallina ovaiaola”, “Ittica”, “Mollusco bivalve” e “Quaglia”).

Profilo MLVA	BOVINO	POLLO	VOLATILE SELVATICO	SPECIE NON PRECISATA	SUINO	ALTRO	Totale
2-23-13-11-212	5	0	0	3	0	0	8
2-20-9-7-212	1	0	0	0	0	2	3
2-15-NA-NA-211	0	1	0	0	0	1	2
2-20-13-11-212	2	0	0	0	0	0	2
2-20-13-9-212	2	0	0	0	0	0	2
<i>Altro profilo</i>	3	2	4	1	2	1	15
Totale	13	4	4	4	2	5	32

Tabella 21. Profilo MLVA degli isolati di *S. Typhimurium* declinati per specie cui sono riferibili i ceppi

Profili MLVA ceppi di variante monofasica di S. Typhimurium

Nel 2022 sono stati identificati 46 profili MLVA differenti in 94 ceppi di variante monofasica di S. Typhimurium. Di questi, un profilo è riportato con frequenza pari a 10, un profilo con frequenza pari a 9, un profilo con frequenza pari a 8, un profilo con frequenza pari a 6, un profilo con frequenza pari a 4, due profili con frequenza pari a 3, 12 profili con frequenza pari a 2 e i restanti 27 profili sono notificati con frequenza pari a 1. I profili MLVA più frequentemente registrati sono 3-14-10-NA-0211 e 3-14-11-NA-211. In **Tabella 22** sono riportati i profili MLVA comuni a 2 o più ceppi declinati per specie cui sono riferibili gli isolati. In "Altro profilo" sono inclusi tutti i profili identificati con frequenza pari a 1. Nella categoria "Altro" sono raggruppate le specie animali associate a un solo ceppo con profilo MLVA ("Cane", "Coniglio", "Gatto", "Ittica", "Uccello" e "Volatile selvatico").

Profilo MLVA	SUINO	SPECIE NON PRECISATA	BOVINO	MOLLUSCO O BIVALVE	POLLO	ALTRO	Totale
3-14-10-NA-211	1	4	1	4	0	0	10
3-14-11-NA-211	7	2	0	0	0	0	9
3-13-10-NA-211	8	0	0	0	0	0	8
3-13-11-NA-211	2	2	1	0	0	1	6
3-12-10-NA-211	3	0	0	1	0	0	4
3-11-11-NA-211	3	0	0	0	0	0	3
3-11-9-NA-211	2	0	1	0	0	0	3
3-11-12-NA-211	2	0	0	0	0	0	2
3-11-12-NA-211	2	0	0	0	0	0	2
3-12-10-NA-211	0	1	1	0	0	0	2
3-12-11-NA-211	0	0	0	0	0	2	2
3-12-16-NA-211	2	0	0	0	0	0	2
3-12-16-NA-211	2	0	0	0	0	0	2
3-13-8-NA-211	0	0	1	0	0	1	2
3-13-9-NA-211	2	0	0	0	0	0	2
3-14-9-NA-211	2	0	0	0	0	0	2
3-15-11-NA-211	2	0	0	0	0	0	2
3-15-12-NA-211	2	0	0	0	0	0	2
3-15-9-NA-211	1	0	0	0	1	0	2
<i>Altro profilo</i>	19	3	2	0	1	2	27
Totale	62	12	7	5	2	6	94

Tabella 22. Profilo MLVA degli isolati di variante monofasica di S. Typhimurium comuni a due o più ceppi declinati per specie cui sono riferibili gli isolati

Conclusioni

I dati relativi agli approfondimenti sulle caratteristiche degli isolati di *Salmonella* da matrici di origine veterinaria corredati da informazioni di tipo epidemiologico hanno permesso di ottenere un quadro generale dei principali ceppi circolanti in specifici contesti nel 2022. Eventuali richieste di dati specifici, e che per motivi logistici non sono stati riportati, possono essere trasmesse al CRNS, che sarà lieto di soddisfare eventuali curiosità.

Si raccomanda di tenere sempre in considerazione, nell'osservare i dati, che essi sono il risultato di un sistema di notifica basato su sorveglianza passiva e quindi soggetti a fisiologiche fluttuazioni nelle notifiche da parte dei laboratori partecipanti alla rete, come anche influenzati dalle specifiche attività implementate dai laboratori stessi. L'evidenza di trend deve quindi essere opportunamente contestualizzata.

Va tuttavia evidenziato che il sistema Enter-Vet rappresenta una fonte importante di informazioni; consente infatti di rispondere in modo rapido alle richieste di dati da parte di EFSA e Commissione Europea, contribuendo così in modo efficace alla sorveglianza epidemiologica e alla raccolta di informazioni in occasione di focolai che interessano più paesi europei.

Il CRNS con la costante collaborazione dei laboratori della rete Enter-Vet continuerà ad adoperarsi per ottimizzare il sistema di raccolta di informazioni, così da rendere i dati disponibili più facilmente interpretabili e maggiormente informativi.

Lo staff del Centro di Referenza Nazionale per le Salmonellosi