

## SINTESI

*Yersinia enterocolitica* approccio One-Health: indagine sulle fonti di trasmissione all'uomo a partire da isolati pervenuti dal territorio nazionale

Parole chiave: *Yersinia enterocolitica*, caratterizzazione molecolare, fonti di trasmissione

Le zoonosi sono patologie naturalmente trasmissibili dagli animali all'uomo attraverso il consumo di alimenti contaminati la cui gravità è estremamente variabile. I dati EFSA relativi alla prevalenza di agenti zoonotici, che nel 2020 individuano in *Y. enterocolitica* (Ye) il terzo agente eziologico a livello europeo di malattie a trasmissione alimentare, rappresentano la base su cui costruire programmi di controllo lungo le filiere dei prodotti di origine animale e vegetale. La difficoltà di attuare piani di sorveglianza per meglio comprendere l'epidemiologia di tale enteropatogeno, dotato di spiccata attitudine invasiva, deriva dalle scarse conoscenze in relazione ai suoi meccanismi multifattoriali di patogenicità e alle modalità di infezione dei serbatoi animali e di interazione con la filiera alimentare. Tali difficoltà, da imputare principalmente all'utilizzo esclusivo di un metodo di riferimento microbiologico lungo, laborioso e poco sensibile, sono state in parte superate grazie alla pubblicazione di un parere dell'EFSA (2007) che suggeriva di sviluppare metodi molecolari per una rapida ricerca di Ye in campioni alimentari, ambientali e clinici e che nel 2015 ha portato all'emanazione di un metodo di riferimento basato sulla real time PCR (ISO/TS 18867).

Seguendo le indicazioni dell'EFSA, in un precedente progetto di ricerca che ha visto la proficua collaborazione di IZSLT, ISS, IZSME e IZSLER, sono state sviluppate metodologie molecolari innovative per valutare la prevalenza di Ye patogena lungo la filiera suinicola. Inoltre, considerando che alla specie Ye appartengono stipi caratterizzati da una notevole variabilità negli attributi di virulenza e che solo alcuni bio-serotipi sono patogeni per l'uomo e gli animali, il lavoro si è focalizzato sulla caratterizzazione molecolare di differenti geni di virulenza. Le piattaforme sviluppate sono state utilizzate per valutare sia ceppi di Ye isolati da campioni clinici, alimentari e ambientali che campioni prelevati lungo la filiera suinicola, permettendo così una rapida valutazione della reale prevalenza del microrganismo in tali matrici.

Il presente progetto ha permesso di indagare la prevalenza del patogeno in ulteriori matrici alimentari e di implementare metodologie molecolari innovative per definire nuovi approcci di identificazione e caratterizzazione dei ceppi di Ye circolanti sul territorio italiano.

